Celera Sequence No. : 142000013384069
CCGGCCAGCTGAACGTGGTGGGCGCCGTGGGACTGGGCATCGCCTTTGTCCAGCTGTTCGGGCTGATCACCTCGATGCTGCTGTTCTGCACGGTG
AAGCACAAGCGGGCCTCGGACACCTACAAGTCATACTCCCCGTCGATTGATCCTCAGACCCGCACCAGCAGTTGGGAAGATTGAACGCGCCTGTG
ACGGTGGTAGGCGGACTTCTAAATTGGGGGGTTGCAGTCGGCCTCCCGAACTCCCTGTCGCTATCTCTATTCCTTTTGTTAACTCTCTTAGTTTC
TAATTTATTCTGCGAAATGTGCCAAAAATTAATTTAATTCAAAGTGTATTTTTTTTTGTTTTTTTGTTTGTAATCTGTAGGCGGAGACAAGTCGA
AACAAAATTGAACTGGCAGCAAAATGACAAATTCGCACTGGGCACAGTGTGAACATGTCATATTGCTGCCGGTGAAACAATCACATATTTAGTTA
GCAGTGTATCCATATTGTGATGTGCTCTCTAGTAGTATAGTATAAGGCCCAAGGCCCGAAACGCACCTGGAACAGGGTATAGTGCGTTCCATACT
TATCAGGCTGGCTGCTTAGCTGCAAGAGTACCTGACACATATATACAGCTAGTGTGAGTCGGAATCCTTGGACCTGGATATGCTTATGCTCGTAA
CCCTTCAACTAAACCAATATATCAACTACAATATATATTTATATATAATTATATAATACTTATGTTACTTTATGGAAATCTGTAGTATTCGAAAT
AGCAGAAACCGCAACTGCCCGAAAAGCGCGAGGAAAGCGAGAAGAGAAGAGAAAAGAAAAGAAGAGAAGACGAAGTGGAGAAAGAGGGAGCAAAT
AGTTAAAGCAAATATTACATTACTACTATGCGTATGATTATTTTATTCATACATACAAATATTTATATCGAAATGCATTCCTAAACAACATGTTC
GTGTTAAGTTACAAAATAAATTAAAGTATTTATTTAAATTACACGCCTTCTCAAAGGCCCACCAATTTGCCTCCTATGATATCCAATTGAGCCGT
GATCCCCTTCGTCACGCTGCGCGCCAACTCTTTGGGCTTCTGCAAGAGAGAAATGGGGGGAAGAGAGTGGTCAAGAGAGGGAAAGCTGGCACTGG
AACTGACCTTGCTCAAAGCGAAGCGCAAGCGCACACGACGAGCGACTAATTGCATAAGCAGTGCCAGCGGGTCGTGGTACTGTCAATCTGGCTTG
AAAATAGCCAAGACTCAAGGACTTGCAGTAATACTGACAGCTAAGGCCGTAAGTTGATAGGCTCTTTCGTACGCATGTTTAAAGTATTGTTTAAA
TTTTGTTTGGCTGCTGAGCCGGTGCATCGCTGGGACCATTATGCAACGTGTGTGCGAATGGATTGACCAAGAAACAGGGCAAACAAACAAACCAA
ACACAATGGTCGCAATTTCGGCACTCCCTCACCTGAATAAAGGTGTTGAGCAGGTTGGAAAAGGCCTCGTAGCCGTTGACAATGGATCGCGAGAT
GCCGTCGAACATGTCACCGTTGTTGCCGTACTTCTCGTGCTCACTGATGGAGTCCAAAATGGGAACGGGCTGAAATCAAAACTGGGTCCTAGTGG
CTCTGGTCTTTGGTGGATATATATATGTATCACATCACTTACCTGCGCCAAATCGGCCAGCCTCTTTTGACTGTTGTCGTACACGCTCAGCACCT
TCGAGGGAATGGCCTCCTGCTCTAGATTCACCGATTCCGCCGTTTTAGCCGGAGTGGGCAGGAGAGAGATCTGCCGAAAAATAAGGGGAAGTCAC
TTGGATTTTTAAAGTATACCTCGGTTACTCACCTTGAACCCGGCGTCGCTGGCCTGCGCGTGGGTGGATTCCGCGGAGCTGTCGGCGGCATCGAA
AGCATCCTGGGCTCCGAAGTCGGCGGCCGAGACGCGGGCGTCGATGGGCGTGGCGCCATCGGGCGTGGCAGGAGCTATGGGCGTGGCACAGATGC
AGCGCATCATGGCCAAGAGCAGCAGCAGAGTATTCATCTTTTGAAGTTGCAGCATTTTCGTTAGTATGTGCGGAGAAGGGGGAAAGGGCCCAACT
ATGTGGTTTTATAACAAGGTGAAAACTTCCAAATCCAAATCCCAGGTTGAGCTTCGATCCGAAGTCTCTCGAGTCCAAAATTCAACTGAATAGCT
GCGTCTGCGCAACGATTTTATTGGTTTAACCCGACCACGAGAGTCGCCGCTTTGGACATTGAGCCACGATCGTTTTGGCTTTAGTTTGGGTTTCA
GTTGAGCACAGGTTTTCAGGGGGCAATCGGGGGTTAGCGCCTCGTGGAGCCGCTGCATAGTTATGTGTGATTATTACGTTGCATAAAATGCAAAC
TCTTTCAACGAAAATATTTTATTAAAATAATATAAATTTAATAAGATTGACCACAGAAGATTTAATTTGAATGTTTAAAATTATCTGGGATATTT
GATTCATTTAAGTAGTTCACTTAGTTCACTCTTGTTCAAAGCTCCAAGGCTTGTTCAACTTTAGGAAAACTAAAATTTTATCTAATATCTTCTTT
ATATCGCGAGAGCCGCCTAAATTTTTTCCTACAGTGTAGTGTATTGATCGTTATCGTAATGACAACAACAAATAGTCATAAAACTGTAACAATAA
CAACATAGGCGAAATCTGCAACTTGTTGCTGTCAACAAATGTTGCCGTCATTCTGTCGCAACAATGAGGAAGGAAACTCGGCTTACTTGGTTTAC
TCAGTTAGTTGGTCAATCGGTAGCCTCATCCCCCATCTACTCCCGCCAGTCCATCAGTAAAACCCCCGCGACACATATGCTGGTTGTGCAATTAC
GACCACACTGAAAGAAATTCAATACAATGACGTAAACATCGCCTGAACTAAAACACTTTTTATTGATAGGAAAATGAGTTTTCTCGTTTGCACGG
ATTTTTTGCCAGTGAATTTGTCAGGCAACAACACCACCGCCGCCCACTTTTACATTTCATGCAACTCAATCAATTAAGAGAGAGAGAGTTACTCA
GCAACAAGGC
(SEQ ID NO: 1)

Exon: 2050..1838
Exon: 1780..1658
Exon: 1589..1458
Exon: 1084..1001
Start ATG: 2050 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT18623
ATGCTGCAACTTCAAAAGATGAATACTCTGCTGCTGCTCTTGGCCATGATGCGCTGCATCTGTGCCACGCCCATAGCTCCTGCCACGCCCGATGG
CGCCACGCCCATCGACGCCCGCGTCTCGGCCGCCGACTTCGGAGCCCAGGATGCTTTCGATGCCGCCGACAGCTCCGCGGAATCCACCCACGCGC
AGGCCAGCGACGCCGGGTTCAAGATCTCTCTCCTGCCCACTCCGGCTAAAACGGCGGAATCGGTGAATCTAGAGCAGGAGGCCATTCCCTCGAAG
GTGCTGAGCGTGTACGACAACAGTCAAAAGAGGCTGGCCGATTTGGCGCAGCCCGTTCCCATTTTGGACTCCATCAGTGAGCACGAGAAGTACGG
CAACAACGGTGACATGTTCGACGGCATCTCGCGATCCATTGTCAACGGCTACGAGGCCTTTTCCAACCTGCTCAACACCTTTATTCAGAAGCCCA
AAGAGTTGGCGCGCAGCGTGACGAAGGGGATCACGGCTCAATTGGATATCATAGGAGGCAAATTGGTGGGCCTTTGA
(SEQ ID NO: 2)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MLQLQKMNTLLLLLAMMRCICATPIAPATPDGATPIDARVSAADFGAQDAFDAADSSAESTHAQASDAGFKISLLPTPAKTAESVNLEQEAIPSK
VLSVYDNSQKRLADLAQPVPILDSISEHEKYGNNGDMFDGISRSIVNGYEAFSNLLNTFIQKPKELARSVTKGITAQLDIIGGKLVGL*
(SEQ ID NO: 3)

Celera Sequence No. : 142000013384666
GCTGTCATAATGGCATAAAAGATTGAGATGGAAAACAAATTCATAGATAGCGAACAAATTGATGGTTACACTGCTAGAAAATTTTTTTTTAGATT
TAGTAGCATACTTTAAAGAAATATGCAGTTATATCCTAATAGGATTAGTTATTAAGCTCCGTTTTTTTTTTGTTCTCTTTAAAAGTTTTAGTTTT
TTTAGATATAAATAATGGCGTTCTTTGTACACATTTTTCTCTGTGCACATTAAACGGCTCTATTTGCAATTGAACTGCAATAGTAACAGTCACGA
AAGGCAGTCAAAAACAAAGAAAAACGGCACTTCAAGTGCGCAATGGCCTCATTTTTGGGGGCAGTAAATGTAGCGCGTAGCCAAATTGCTCTGCA
TTTCGAAATATCAGACATTGCAATTATCTATCGAGTATTCACTAAATGTAGTTAATTTTGTAAGCTTTGGCTTTCGAGCTTTCAAAATTGGCGCG
TACTTTTAACAGTAACTGTTAGCAGTGTACTGTTAAGTCTGCATGCGATCTGGCAGCTCAGTTATAGAATTATTTTTGGCCAAACCAGAGTAACT
CATTTCGCTCTTGGATTGAAGATGTTTTTAAGGCCGCTTTAATGGCGTTGACAATTACAAAATTTCGAACTTCGAGGGGGATGGTGGTGGCCGTA
CAGCCCACAGTGGTGTTGAGCCCCAAAATACCAGATTCCCAGGATAACGAAAAGGTAATCAAAAATCTGTCAAATGTATAAACTCTCATCCTATT
TGTTACAATTCGGCGTTGCCAAATCGTGAAAAGGTGCTATTGACCAGCTGTTTTGTGAAATACGTGATACGTACGGGCTGAGCACAATTTGTTTA
AAATTTAAATCATGATAAAGTAGGTAATTATATTTACTTATTTGCACAGAAACCGTTTTCAAAATCGGAGCCGGGAAATGCAACTGTGAGAGTTA
ATGCAGGTGGTATAGTTCTTAACAAAATACCAGCGATTATAAGGCCAAGTATGAAGAGAGCAGCAACAACAAAGATGACTGGAGCCACGGCTGCG

FIGURE SHEET 1

GGAGCAACAACAACAACATCGTCAACAGGTGCAGTGGGATGTGAGTAACAACCAATCGAACACTAATATGAAATATAAACAAATGGTTTTTAAAT
ATTGTTCTTATACTTTAGATCCCGTTCTCAAAACACCCAAGTATGTGGTTCAGACTAGTCCGAGTGGATCCTCTGGCCATCAGCTCCAGATGCTG
GCGAGGAAGGACACTCAAAGTCTGGGAGTGGCCATCAATTCACTGCCGCCCAACACAATCATCAAAGCAACCACAAGACCTTCACAAACAGCGCC
TTTGACACCAAACTCAGCGGCTGTCACGCCAAGCACGCCGAGCAGTAGCAGGAATTCCACTCAGTCCACACCAACTGTGGTACCTGATGCGAGAG
TTTCCTCCGCCGTGCGCCAAGCTGTGTTCATCAAGAGGGAGCTACCCCAGCCGCAGAGGAGCATGCGAAATATGACACTTGGTTTGGTGGAACAG
GCGCCACTGCTTCATTTGGGTGTTGCGCCACAGCACCTGTCACTGCTGAAACGCCATATCTGCCGCAATGCTAATGTCACCCACTTGGACTGTTG
CTTGACTCTAAGGAAACTCAAACAAAACGAGCACTTCGCCCTGTTGGCCGAGCACTTTGAGCTGAGCGAATCAGATGTCGAGGACACATTTAAGC
GCACCCTTATCAAGCTGGCCCGTTACCTCCGTCCACTGATTCGTTGGCCAGATGCACGGCATCACAACGAGCGCTTCAAACATACCCCACTGAAC
TACCGAGCCAACCTGTTGCATGTACGCTCGTTGATCGAGTGTGTGGAAACGGACGTGCCGATAGATCTGGGATTGGGCAGCGGCAGCTATAAGTT
CATATTGTGCATCAATACAAATGGTAGTTTTTAGCGTAAACAGCGTACTTTCATTAACACTTCCCTCGCTTTTCAGGCATCATCAGCTATGTGTC
TAGCGCCTTTCCTGGTAGTTGCGATGATCTTCAATTGTTTGAGGCCAGCAGATTTCGGGATGTCATTCCCAATTACCTAACACTATGCGCGGAAC
CAGGCAAAGCAGTACGCCGTGCTCGCAGGTCGGGCTTCGGAGATCCTCACGACTCAGCGGATGAGGATGAGGCGGCGGCGGAACCAAAGCGATCA
CTTACCAAATTCGAGGCACAGCGTTTGAGTGGCCAGCTAGCAAGCCAGCAATCCCTATCCGTTGTAGACGGAGCACTGACTTCCAAGCGGGCTCC
AGCGATTCAACTACCCACATTCAACGCACAAGAACCCGCCTGTAGAGCCCAAATGAGAGATATGATAGATTATTTAAGGGAATTCCGCATGCTGG
ATAATTCGGCTATTAAGCAAAAGTCATTGCTGGGTTATCTTGATGAAATGATCGTGGTGGCTGCGGGTCTATGCAACCTTAAGCGCCAAGAGTTG
GAATCTTAAATAAGAAGTGCCATCCGCGAAGGTCTGTTTAAAGGCCAACCAGATGTTATTGTCCTAGTTATTTTAAGAATTTAATTTAATGTATT
GTTAATGCAATGTAGAAACTGACTATTAACAAGTACGATTAAAAGGGTATATTTTAAAGTATTTCAAAGAATAAACACTACGTGGTCATTCAAGA
GGTTTTTGCTTTTATCTGGAAACATACTCAAGTGCCTTATTTTCGAAAACATTATTAGTTTCTCGATTTCCACAGTCGTACTTGTCCTCTTGTTT
GTTCAGCTTCCCCATAGTTAAACACTTGCAGTTGTATTTCTTTTATATTTTTGCTTTATTTACTTTACAAAAATACAAGCAAAACTAAGTACATA
TTCAATGAAAGTTGTTCAATGAACCAGGGCAACATTGCCAATCGGAGTTTGCAATATTTGAATTTGAAGAATACGCGTATGTCGTACAATGTATA
GATATTCCAAGGGTAGGTGCTCCATCATATCCGTTTACTCTACCATCGTTGGTCGCTCTTTCTCTTAGGGGGTAATAATTAAAAACTTGCTTAGT
TAATAAGTGACTCTTCGTACTAATAGCTAAACATATTGTATATTGTGTGGTGTGGTGTATGCCTGACAAAACCAGCTCTAGCTCCTCATCCTGAC
ATTATAACAAGTAGTTGGTTGGGCTACCCTTTTCGTCTCAGAGCTTCTGAATGATGTCGAACTTCTTCTTGAGGTCCACACTCTCGTTCTTGGGA
TCGTACTTCTTCTTGGATGCCAATTTGGCGCGCATTTCGGCGGCCGTCATTGGTAAATGCAAGGTGCCCGCCTTATAGCCACTGGTCGGTGGGGG
TGGTGTAGTGGGTGTGGTCATGCCATTTGTACCATTTCCATTGGTGTTATAAACACTGCCATTGTTGTTGATGCCAGCCTTAGTAGCGGACGGCG
GTGGCGGTGTGCTCATCAAAGTGTTATTATTAATCGGCGATGAGGGTTTACTTCCATTT
(SEQ ID NO: 4)

Exon: 1001..1085
Exon: 1159..1923
Exon: 1977..2479
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT20444
ATGAAGAGAGCAGCAACAACAAAGATGACTGGAGCCACGGCTGCGGGAGCAACAACAACAACATCGTCAACAGGTGCAGTGGGATATCCCGTTCT
CAAAACACCCAAGTATGTGGTTCAGACTAGTCCGAGTGGATCCTCTGGCCATCAGCTCCAGATGCTGGCGAGGAAGGACACTCAAAGTCTGGGAG
TGGCCATCAATTCACTGCCGCCCAACACAATCATCAAAGCAACCACAAGACCTTCACAAACAGCGCCTTTGACACCAAACTCAGCGGCTGTCACG
CCAAGCACGCCGAGCAGTAGCAGGAATTCCACTCAGTCCACACCAACTGTGGTACCTGATGCGAGAGTTTCCTCCGCCGTGCGCCAAGCTGTGTT
CATCAAGAGGGAGCTACCCCAGCCGCAGAGGAGCATGCGAAATATGACACTTGGTTTGGTGGAACAGGCGCCACTGCTTCATTTGGGTGTTGCGC
CACAGCACCTGTCACTGCTGAAACGCCATATCTGCCGCAATGCTAATGTCACCCACTTGGACTGTTGCTTGACTCTAAGGAAACTCAAACAAAAC
GAGCACTTCGCCCTGTTGGCCGAGCACTTTGAGCTGAGCGAATCAGATGTCGAGGACACATTTAAGCGCACCCTTATCAAGCTGGCCCGTTACCT
CCGTCCACTGATTCGTTGGCCAGATGCACGGCATCACAACGAGCGCTTCAAACATACCCCACTGAACTACCGAGCCAACCTGTTGCATGTACGCT
CGTTGATCGAGTGTGTGGAAACGGACGTGCCGATAGATCTGGGATTGGGCAGCGGCAGCTATAAGTTCATATTGTGCATCAATACAAATGGCATC
ATCAGCTATGTGTCTAGCGCCTTTCCTGGTAGTTGCGATGATCTTCAATTGTTTGAGGCCAGCAGATTTCGGGATGTCATTCCCAATTACCTAAC
ACTATGCGCGGAACCAGGCAAAGCAGTACGCCGTGCTCGCAGGTCGGGCTTCGGAGATCCTCACGACTCAGCGGATGAGGATGAGGCGGCGGCGG
AACCAAAGCGATCACTTACCAAATTCGAGGCACAGCGTTTGAGTGGCCAGCTAGCAAGCCAGCAATCCCTATCCGTTGTAGACGGAGCACTGACT
TCCAAGCGGGCTCCAGCGATTCAACTACCCACATTCAACGCACAAGAACCCGCCTGTAGAGCCCAAATGAGAGATATGATAGATTATTTAAGGGA
ATTCCGCATGCTGGATAATTCGGCTATTAAGCAAAAGTCATTGCTGGGTTATCTTGATGAAATGATCGTGGTGGCTGCGGGTCTATGCAACCTTA
AGCGCCAAGAGTTGGAATCTTAA
(SEQ ID NO: 5)

Start ATG: 1

MKRAATTKMTGATAAGATTTTSSTGAVGYPVLKTPKYVVQTSPSGSSGHQLQMLARKDTQSLGVAINSLPPNTIIKATTRPSQTAPLTPNSAAVT
PSTPSSSRNSTQSTPTVVPDARVSSAVRQAVFIKRELPQPQRSMRNMTLGLVEQAPLLHLGVAPQHLSLLKRHICRNANVTHLDCCLTLRKLKQN
EHFALLAEHFELSESDVEDTFKRTLIKLARYLRPLIRWPDARHHNERFKHTPLNYRANLLHVRSLIECVETDVPIDLGLGSGSYKFILCINTNGI
ISYVSSAFPGSCDDLQLFEASRFRDVIPNYLTLCAEPGKAVRRARRSGFGDPHDSADEDEAAAEPKRSLTKFEAQRLSGQLASQQSLSVVDGALT
SKRAPAIQLPTFNAQEPACRAQMRDMIDYLREFRMLDNSAIKQKSLLGYLDEMIVVAAGLCNLKRQELES*
(SEQ ID NO: 6)

Celera Sequence No. : 142000013384697
TCGATTTGTTTATAGTCTTTAGCGGCTCATTGTCACCAATTTTTGCTCTCTTGCGAAAGATGTGAACTTGGGCGCAATATTGATTTTTCGATTTT
GGCTCATTGCTCGCATCACCGGGTGTTGTGCAAGATTCCCATTTGGGTCAGGCTCGGGAAAATGGGAAAGCTCTGGAATGGGGAAATGCGCATCT
TTTTCACTTACCACAATGAGAATGCAGGTGACCAGTAGGCCGTACTTCCAGGGTGTTATGGGAAACGACTTCTCCATGTTGCCACAATGTCGCAC
GTGAGTTTCCTTGGCAGTTATGCTTGTGAACCAAAGTATCTGGCTGCCGATAGAATGGAAGATATGACCTCCGAGTTCCGGAAACTCGCTCGATT
CGCACTATGCCACTGGCTTAGGGCAGGGCATTGTTTACTTGCGCCCAGAGTAGGTCTACACCCACATTAAACTGGGCTCGGAGCTCTGAGCCCTA
TTTCGGATTGGAACTCGTGGTGTTGATGCCACAAAAGCTGCCCTGCGACTGAGCGAAAAAATGAGAGACCCAAGGGCCCCTCTCGAATCTGAACT
TTTTGGTCTGGCGCGTTCTGCGTTCGCTGGCAAACTGAAAGCGGGAAAAGTTTTGTTTTTCTCTCTTCCCGTGAGGACTGTTGTTCCCCAATCAA
AATAAACCACACAGAGCGCACTCGCTCTCTCAAAAGAGAGCGTTGCACTTGGGTCAGAGCTCCAAGTCATGTCGACTGGCGTTTCCACACGGTGG

Sequence 2 of 2 - Page 2 of 2 - 2/2/2005 2:32:23 PM

FIGURE SHEET 2

TGTTTTCGAATTCTTATCGGGTCTGTCATGAGCGTACATATGTGAACTGCTGAATGATTGAATGGATTCGAGCTTAAGCAATTAGGAAAATATTA
ATGTATCCAGAGGTTTTTAGCACCGATGAAGCTATTAAACAACACAACCAAGGTTTAATTCTTTTTTCTTTCTTTTACGAGAGTGATGATGATGG
TGACAGTTTTGTGGAAGATTGCCTAGAATGCTGTGAATACCAGCAACGATTCACCGAGTTGCTATGCATTCTAGCGCTCCTTTAGCGGCTTTGAT
CTCCAGCTCCATTTTGATGGTGTTTATCAGGTGCACATTGGTGGCTCGATCCTTTCCTTCTCGGTGGCGGATGTCAGACTTGCCGGTGCCAATGT
GCACATTCAAGGCGTCGTTTCTGATTAAATTCTTGGTGCACAGATAACAAGGATAGGCCACCTCGCCAATGACCTCGATCTGGATGATTGAATTA
TTGGCCTCACTCAGGGACTTTTGCAGCGTGTCAATCTCCTCCAGGGCCGCCGTATGCGCCTGAGGCTGGCATACTGAGACATCACAAAGGACTTG
ACAATGTCACTGTCCAGAATGTGTCCAGTGAAGCCTCCGAAAGGTGGGCACTAGCTCGAAGTTTTGCTCCCTGAGAATCCTCTCCGTTTCATGGG
ATCCTGCCAGAAATGCCGTTGTGAAGTAAGTGATAACTATTATTTTTATAATTTTCCATACCCATAAGCCTCCAATCCAGTGGACCATCAGGATA
CTATCTATTGAATATTTGCCCTTAAATCCCATTTCTCTGAAAATAAATCAGCCACTTCTTCTTCGCCTTTTTTTTTTTTTTGGTTTGGGTATTGA
CCGATATTTCTTTTTGTGTATCGATATTGGGTCGAAAAACAAGGCATATCGATATATTATTATCTAATTATCAAGCCGCCAACGCCAAAATGTCT
GCTACGTTAAACTTAGAAGACGCTACAAAAAATCAACCAACAGTGCGAGGTTGCAATTGCAACGCTAAAAGGAAGGAGTTTTTTCCTCCAATTTA
AAAAAAGAGTCTGGCGGCTGAACACATCAGAATCACTTTGAGCAGACTCCTGAGCTTTTTAAGGGATAAACACATGCTTTTGGCAATTATTGTCG
ACGACGAAAGCATGAACATCCCCAGCCGCACGCTGCGTGTCCACTGCTCTATGACATGGAGCACTGTCTGGCAAACTTTCGGAGATACTGTGAAG
GCCACTGGACTAACCCCAGGAATGGGCCAACTGTGTGTACGTGGAGGAACAATGCGGAAATTTAAAGCGGAGATGATAATGATTCGCAACTGGAG
ACTCTTCAGTGTAAGCGGAGAAGATTTCTTCTTAAGCTTATTGAAAGTGAAACAACTTAAAGACTTCGAGTTTCGATGCAGTGTTGCGATGAAGA
AACAGGGGTTTGGTCCTCTTCCTCCTATTAGGGCAAGTAAAAAACGTTTGCAAAGTTAAAATATTTGTATACTTTCAGGAAGAGCTTCCAGCTTC
CGCCTGCGAGGCTGAGCCTTCCTTTGTGTCCGTCGCTGATCCTGACCACACCTAAACATATTCTGGCACCGACCTGCGATCAGCATATGTAAGCG
GTCCGTTGCTCCAGCAGCCACATTTTGTACCAGTACCGCCCCCGTCCGACCACGAGCAGCAGCACCACCAGCAGATGCAACCGCGACCCCTACAG
CAGCAGGTCAGTTACGTCAATCCAACTTGCCACCCAATTCCGT
(SEQ ID NO: 7)

Exon: 1513..1487
Exon: 1300..1001
Start ATG: 1513 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT31974
ATGGTCCACTGGATTGGAGGCTTATGGCCTCAGGCGCATACGGCGGCCCTGGAGGAGATTGACACGCTGCAAAAGTCCCTGAGTGAGGCCAATAA
TTCAATCATCCAGATCGAGGTCATTGGCGAGGTGGCCTATCCTTGTTATCTGTGCACCAAGAATTTAATCAGAAACGACGCCTTGAATGTGCACA
TTGGCACCGGCAAGTCTGACATCCGCCACCGAGAAGGAAAGGATCGAGCCACCAATGTGCACCTGATAAACACCATCAAAATGGAGCTGGAGATC
AAAGCCGCTAAAGGAGCGCTAGAATGCATAGCAACTCGGTGA
(SEQ ID NO: 8)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MVHWIGGLWPQAHTAALEEIDTLQKSLSEANNSIIQIEVIGEVAYPCYLCTKNLIRNDALNVHIGTGKSDIRHREGKDRATNVHLINTIKMELEI
KAAKGALECIATR*
(SEQ ID NO: 9)

Celera Sequence No. : 142000013384626
GCAGCAACTAAGTTTGGAGGCATCGGAGAAAAACGAGGAGCGACTGTTGCTGGCCAAGCATTTGTCCGAAAAGACGAAGATGTACGAACTGACCA
AGCAGAAGCTGGAGGATGTTCAGGGTGACTTTGAGGCTACCCAGCACAAGCATGCCACCGTGCTGAAAGAGCTCCATCGCGAGCTGAACAAGTAC
AAAAGGGGAATTACGGAACCGAAGACACCAATCAGCTACTGCAGCAACTGTCAGCAGGCGATCAATGGGTATCCAACGGAGAATCCTCAACAACG
GAGTCATAGTCGCTCCAGTAGCCACGGCAGCATGCACAGCGGCAGTCGACGGGCCAGCGAGTCTTCCGAATCGGAAACGGTGGCCAGTAGTGCCA
CCACCGTGCAACAGCCGCCACCGCAGCAAGATCTCCAGGCGGTACCGTCCAAAAAAGTCCTCGTAGAGCGAATTCTGCGACTGCAGCAGGCCACT
GCCCGCCAAACCGAACGGATCGAGTTCCTGGAGAACCACACGGCCGCTCTGGTGGCCGAGGTGCAGAAGAAATCCAAGGTGGTGCAGCACTACAT
GCTCAGGGATCAGACTGCCGGCGCATTAACCACATCGCGGAGCGATCAGAACAAAAGCGAGTTGGTCAAGTACGGAAATGGTATCATGGCAGCCA
TCTATGGTGGTGGATCATCGAAGACGGGAGGCGAGAATAAAGCCATGTCCCTCGAACTTTCTCTAGAGATTAACAAGAAACTGCAAGCTGTGCTC
GAGGATACGCTCTTGAAGAATATTACGCTGAAAGAGAACCTCGATGTGTTGGGACTCGAAGTGGATAATCTCACGAGGAAATTGCGCTCCCTGGA
GGGCAGTTGCAAGTAAATGCCAGTCTTCTTATTCCATAGTATTCCATTCCAGAGTCTAACCCGCGTGTAGATAGTGTACAAATCAAATGTTCGTA
TGTTTAAGTGTATAATATATGTATTTAATATTTCAACAACGTCCCCAGGCTTATAATAATCCTTCGTAAAGCTTGGCGCTCACGGGTTTCGGCTG
GCCCACACCAAGGGCAAAGTTAACAGTTGGCTTTTCTCCATCCTTGGCTAATCTGGCCATTTTGTTGTCGGTCAGTTTGTAGTGGACCTTCATCT
GGGGATTGGGGTTGCCCGTTTCCTCCGATACCAGTTCGCGGAGCAGAGGCGGAAGTTCAATCTTGGTGGGCAGTATCACTGGTTCAACCTTCTTC
TTGTTGTTCAGATACTTTGCTTCCTGATCCTGCGGCACCAGTTCGTAGTCCGCCTTATAGCTGGTGCTGTAGATTTCCACAGGCTTTGGCTGCGT
TACGCCGCGCCACGTTTTCTCCACAGTGACCCGCACCTTGCGGATCTCGCCGGGCTGCTCGTCCACGGACTGCACCTTCAGAATCCGCATGTAGC
AGGGCTCCGGATATCGCTGGAACATGTTACGTATTAGCAGACGGCCCACACCCCAGTTGGGCAGGTTTGAGACCAGCTCCCACAGCGTGTTGCCG
CGAAAGTCTGTGGTGCGACCGATGTACTTGATCACTTTTTGGGCCATTTTACTGGGTTATTTCACTATTTTAATTGAATTTTTGTTGCAAGTTAT
AAAAACAGTGAGTTTGCCACTCACAGGGAAGGTCGAACAGCTGTGCCGGCTGGCTTAACAGGGCTGTTAAAACTTAACAGAAGGCTGTTATGAAC
AGTAAATTGTGTGTGTTGGCAATGCTGCGCGGCGATTTTAAAACCAGTTAAATTTTGAAAAAATTAAATAATTTTTAACTTCCCAAATAATAAA
TGAAAACACACACACACATTTAAAATTTTAGTAACTAATAATCGCTTTAAAAGGTTTTAATCATGTTCTTGTCTCCTAGATCCAGATGTTTTGTC
TAGTATAATATTTATTTTTAAAACAATTTGGTTTTTTTCAGAGATTTAAAGATCACCTAATATTTAAGGAATATTTAAATAATATTTATACATCT
TTAAGTGCTGATAACTCACAGCCGCATGAGTCTGACTTGAATGCATTCATTATATTTACATAAATATGACTTTCAAACTAAGTTTAATATATAAA
ATCTAGTGATAGTTAATCCCTCACTAATATGGAGCTCGAATATGTTCGGATAGTTCCTCTCCTCCGCCAGTGTGTCCCACTTCCCCGCCACTGGT
GTCTAGGTGCTCATCGTAGGACTCCTCCTCGCCACCCAACTCCTGACCATCGTGCCCGTGGGCTGATGGATTCGTGCTCTCATGCAATCCGATCG
TGGCATGCTGGGCCGCCTTGGATGCATTCACCTGAGCCGCAGCTGCGGAATTGGCCGCCTTAAGGGCGGACTCCTTGGTGGCCGCATAGTCTACG
CGCGCCTGGTGCAACTGCTCCTCAACCTGCTCTAATCGGTTCTTGGACTGACCCACCATCTGGGATTGGGAGGCCAGTTGATTGTTCACCTCCGT
GGAGGTTTGCTCAGCCTGTTCGGCCACGGATTTGGCATTATTTACCGCAGCTGTGAGCACGGATATGTGATGATGCGCCGCTTGTGCCGTTTGCT
GTGCCAATCTCGCGGAGATCTTGGCCGCCTTCAGTTGCTCTAGCTCACGGGACAGAGATCTTTGGGCCTCGGCTGCCTGCTGCTCCAACTCCTGG
AGAACAACCTGCTTGCCCACCAGAGCCGCTTGTGCAGTGGCCGCCGCCTGAGAAGCCGCTTGGGCCAGTGTATTCTGGGCTATATAGGCCGCCTG
CTTGGCAGCTGCATGCTGGTTGGTCACTGCACTGTGAGCCTGATCCGCCGATCCCTGGGCAATGGAACGCAGGCCGCTGCCAATGCTATAGCCAC

FIGURE SHEET 3

CGGATCCCTTGCTGGAAACTGAGGAGCTACCTCCCGATGTGGTGTAGTAGCTTTTGGTGCTATGTTGTGGCTTCTCTGGCTCGGGAGGCTCTACT
GCCGGCAGATGGGGCTCAAAGTAACCACCTTGGTGGATTGGTGGCGGTTGCTGCGGTCGGTAGTGATAGCCATTCCTCTTGTGCAGGCGACCCAA
GGCATTGGACAAAAGGAGCACTAAAGGTATTTGGATATAAAATAAGATTTAACGTGGTTTTTTAACCGAATAGGAATCCTAAGTTAGGACCTAAG
TAGGATTTAAGTTTTCAATATCCTGGTGTCTTTGTATCTATTTCTTTATAATTTGTATCTCTATATGTATATAAGACAAGTTCAAGGGATGTTGA
AGATTTCCGAAGAGAATCTATTCGATTCGGGTATGAGAATAGTAATCTTCACTTTTCAACTCTTGGAATTTAATTTTTAAAGAACGGATCACTAC
AACTTTTCACTTTGTTATAAAAGGGTATTCCCCGGCTTACCCAAAACAAGCTGGGCGAGAAGAAAACGTAATCCTTGGCCGTACATTTCGCTAGC
GCTGCTGGAACTGCATTGAACTTCAAATTGAATGGAAGTGTACAATTTATAAGTCTTTCAGAGCCGCCAGCCGAGCATAAAGTTTATCAAGTTGC
GGAAAGTCTGTTGCGGTTTTTAAATTTAACTGATCGCGGGCATGTTATGATTTTCCATCTCCAAGCTATTTGAATAGCTCTGCCCACTATTTGGA
GAGCTGGGTCCACACACATGGCACCTTTACACCCATTTCCATCCATACCATCCCATCGAGGAAGTTTAAAGTGACCGCCTTTGAGCCACAAAATA
TGGTGGCGTTTTTTTTTTTAATGGTTCGTTGGCACGCTTGTTTGAACCAAACGGACAGTGTAAAGTGGTCGGTCTGCTCGGGTTTGTTAATGTTTT
AAATTTAATTTGCATTTTATGTGCTGCACTACTTTGTAATTGAACCTTAAGTGGCTCTTTTGACGGGATTCAAGGTGCAACGATGCAGGGAAAGC
CATTTGAGGGATTACGCTTTCGTTTAGATTAACTAGCCCACGAAATTTGGCAATTTACGAACGGGGGAATTTTCCAATCAAAATTTGAATATTTT
TTTAATTGAAAAATTATATAATGCTAATAT
(SEQ ID NO: 10)

Exon: 3411..3366
Exon: 3060..2115
Exon: 1571..1001
Start ATG: 3411 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT32256
ATGTACGGCCAAGGATTACGTTTTCTTCTCGCCCAGCTTGTTTTGGTGCTCCTTTTGTCCAATGCCTTGGGTCGCCTGCACAAGAGGAATGGCTA
TCACTACCGACCGCAGCAACCGCCACCAATCCACCAAGGTGGTTACTTTGAGCCCCATCTGCCGGCAGTAGAGCCTCCCGAGCCAGAGAAGCCAC
AACATAGCACCAAAAGCTACTACACCACATCGGGAGGTAGCTCCTCAGTTTCCAGCAAGGGATCCGGTGGCTATAGCATTGGCAGCGGCCTGCGT
TCCATTGCCCAGGGATCGGCGGATCAGGCTCACAGTGCAGTGACCAACCAGCATGCAGCTGCCAAGCAGGCGGCCTATATAGCCCAGAATACACT
GGCCCAAGCGGCTTCTCAGGCGGCGGCCACTGCACAAGCGGCTCTGGTGGGCAAGCAGGTTGTTCTCCAGGAGTTGGAGCAGCAGGCAGCCGAGG
CCCAAAGATCTCTGTCCCGTGAGCTAGAGCAACTGAAGGCGGCCAAGATCTCCGCGAGATTGGCACAGCAAACGGCACAAGCGGCGCATCATCAC
ATATCCGTGCTCACAGCTGCGGTAAATAATGCCAAATCCGTGGCCGAACAGGCTGAGCAAACCTCCACGGAGGTGAACAATCAACTGGCCTCCCA
ATCCCAGATGGTGGGTCAGTCCAAGAACCGATTAGAGCAGGTTGAGGAGCAGTTGCACCAGGCGCGCGTAGACTATGCGGCCACCAAGGAGTCCG
CCCTTAAGGCGGCCAATTCCGCAGCTGCGGCTCAGGTGAATGCATCCAAGGCGGCCCAGCATGCCACGATCGGATTGCATGAGAGCACGAATCCA
TCAGCCCACGGGCACGATGGTCAGGAGTTGGGTGGCGAGGAGGAGTCCTACGATGAGCACCTAGACACCAGTGGCGGGGAAGTGGGACACACTGG
CGGAGGAGAGGAACTATCCGAACATATTCGAGCTCCATATTATAAAATGGCCCAAAAAGTGATCAAGTACATCGGTCGCACCACAGACTTTCGCG
GCAACACGCTGTGGGAGCTGGTCTCAAACCTGCCCAACTGGGGTGTGGGCCGTCTGCTAATACGTAACATGTTCCAGCGATATCCGGAGCCCTGC
TACATGCGGATTCTGAAGGTGCAGTCCGTGGACGAGCAGCCCGGCGAGATCCGCAAGGTGCGGGTCACTGTGGAGAAAACGTGGCGCGGCGTAAC
GCAGCCAAAGCCTGTGGAAATCTACAGCACCAGCTATAAGGCGGACTACGAACTGGTGCCGCAGGATCAGGAAGCAAAGTATCTGAACAACAAGA
AGAAGGTTGAACCAGTGATACTGCCCACCAAGATTGAACTTCCGCCTCTGCTCCGCGAACTGGTATCGGAGGAAACGGGCAACCCCAATCCCCAG
ATGAAGGTCCACTACAAACTGACCGACAACAAAATGGCCAGATTAGCCAAGGATGGAGAAAAGCCAACTGTTAACTTTGCCCTTGGTGTGGGCCA
GCCGAAACCCGTGAGCGCCAAGCTTTACGAAGGATTATTATAA
(SEQ ID NO: 11)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MYGQGLRFLLAQLVLVLLLSNALGRLHKRNGYHYRPQQPPPIHQGGYFEPHLPAVEPPEPEKPQHSTKSYYTTSGGSSSVSSKGSGGYSIGSGLR
SIAQGSADQAHSAVTNQHAAAKQAAYIAQNTLAQAASQAAATAQAALVGKQVVLQELEQQAAEAQRSLSRELEQLKAAKISARLAQQTAQAAHHH
ISVLTAAVNNAKSVAEQAEQTSTEVNNQLASQSQMVGQSKNRLEQVEEQLHQARVDYAATKESALKAANSAAAAQVNASKAAQHATIGLHESTNP
SAHGHDGQELGGEEESYDEHLDTSGGEVGHTGGGEELSEHIRAPYYKMAQKVIKYIGRTTDFRGNTLWELVSNLPNWGVGRLLIRNMFQRYPEPC
YMRILKVQSVDEQPGEIRKVRVTVEKTWRGVTQPKPVEIYSTSYKADYELVPQDQEAKYLNNKKKVEPVILPTKIELPPLLRELVSEETGNPNPQ
MKVHYKLTDNKMARLAKDGEKPTVNFALGVGQPKPVSAKLYEGLL*
(SEQ ID NO: 12)

Celera Sequence No. : 142000013384830
TATAGTATGGTAGACTTAATAACAGTTGGCGTTCTTTGTTAACCCATTAGTGCCGCTTTGTCAACTGATGTATGCGATTGGCCGCTCAAACGCCA
CGTAATTGCTTCAATCTGAGAGCCCCGCTATAACCTACAAAGTGCCGCTGATTAGCGGCATCTTTTGCTGGCCTAGCGGTACCTGGCACCCTACT
ATGTTGGGGTATTTTCGGTACTCAAGTACCCTACTCACCCCTCGCCCTGCGGCTTCAGCGCCAGCTCCTTGAAGTTCTCCACCGTCTTGGGCACC
GTCTTGCCGAACAGACCGATCTCGATGCGACCAGCGGGCTCGCCGCCAATGGTGATGTCAAAGAAAACCTACGCAATCGGAAGCGGTTTATTATT
AACAAGTCATCTCACTTGATTTATGGCGCAGCAAATGTGTGTGTGTGTTTGTGTGTGTATGTACGTGGTGTATGCAGAATGTAAGGACGAAAGTC
CAAGGAGCACGCACCTTCTCGGTCACTTTGGGACCCTTGCTATCGTCGGCAACAACGACGCCGGCCACCAGGGCTACCACGAAAACGGATAAGAA
CAGCTTCATCGTTCTAAATATTCACAGCGCTTCAGTTTATTCCTCAAGCGACGTCGCCAATGGATATTTCACGACTGAATTTTCGGTTTCTGTTA
GTGATGTAAGAAAACTTTGTTGCATCGCCAATCGATGTTTTCCATCGTTTTTTATGTTTTTGTCGAAATATCGATGCTTAAGTGTGACCATTCGA
TGACGATGTCTGATGATCACACATTCGGGCGGAAAATTCAAATTCAAATAGTTAATACGCCGAAAGCATAAGTTAAGGTTTTCGTACGAAGGAAC
AAAGTAAGTTCGAAGAGTTGACTTTATTGGTATAGTTTTTAATATTTTAGGGATTAGAAGTCCAGTTTGCATTAGCACGTAGCATTCTCTCTTGT
TTTATTGACGGTTCTGTACACAAAAAGTAAGTAAAAAAATATGCTTTTATTTATTGGTGTACTGCTATTTGCGTCTGAGATTTGTCCATATCCTT
GGCTGCCTTCTCTGCTCTCTTCTTCTCCCTGCTGGCCAGAACTTTCTCCCTGGATTTCTGGGCCCTTTCAGCGCAATCCTTGGGTCGTGTCTTCA
GGGTCATATCATCCACGGCCGCCTGTTTACGGGCTGATCTCGAAATGCATCGTTCCATGCAGCTGATGGGCACAAATCTTCCAATGAAGCAACCG
CAGTGTGAACAATAGTGATTGATGTCCTGGCGGCCAGACCATTTTTTACTGAAATAAAGTGAACATTACGAAAGATTTATAAAGCTTCATGCAGA
TGGCCAACCAAAGTTTTGTGAATCCCAGAAATCTCTGCAGGCAAGTGACCAACTCCAGTTGCACCAAACTGGTTCCAGACTTCTCACACGAAGGA
CAACGGATCCAGGTGGGCTCCTCCTTCAGGTATCCCACTTGTGGCTTGTGGCTGACAATGATGGCCACAATCTGCGGTTCGTCCACGGTCATGAT
GCGAGTTCCAGCGAGAACGATCGGTGACTGAAAGATGGATCAAATTTGGAGAGATCATGGGAGGGAAAATCAAAATCAGAATCACTCTCCCGATT
TCTCTTAACCGAGGCGTTGGTCTGGTAATTAAGTTAGTGCATGGAAATCAAATGAGTTATTCTCTCTGCGTTACAAATGCCATTGGATGTACAGT

GTAAAAAGTATAGTGTACATTTTGAGCATTACACATTAAATAGTAAACTTTTATTCGTTTCAAACAGCAGTATATTTATTATTATTATTGAATAT
AAATTAAATGACAAAACTGATCTACATTTGTTCATTGTGTTATAATAATTCGGATCCGATGATCCTTCTTCAGTGGGTATCTAAAGTTGTGGACG
GCGGTATACGCCCAGGTACTCCCCGCAGGCACCGCAGTGATGCCTCTTGGTGCAGCAACGCAGCCAGGAACGCACCACACGGGTCTTGGCCTTGG
TCCTGCAATAAGGACACGTAATGTCGTTGGGGCCGGGGCCCACGGCAAAGTAAAGTGGTTTCGGATCCTGAGCCATTTCGCACCGAAAGATGTTG
ACTGCTTTAAAAACAAACGCAGACTGAGGCTAGCGAAGAGAAATTGTAGGAATAAAATGTTCAAATGATATGCAAAGAGAAAAAAATCGGCCCAA
AAAAGAGAAAATGTGATATTTTTGGCTTTATTTTTGTTTCGATGGTATTGCAGTAGTGGGTGGGAAATTGAGTGTTTAGAAGAATTTTAATAAAT
ATGTGAACAATGCTGCCTAGGCGGTGGTTGCCTTCAATTTGAGTGGTTGCCTCCTCTTCATGGAACGTCCAAAGTAACAGCCGCAATTGCCGCAG
TAATGACTTCGATCGGTTTGTTTGCACGGCACATAGTAATTAAAGCAGCAGCAGCAGCAGAAGGTCCTGTAAAAGTATTTTATAAGTTTACGTTT
CCAAGAAATAGGAGAAAGTAAGGCAACCTACACAAAAAGACATCCCACAATGCGGTTTAGTTCACTGGCCCACCACTTCAGATCATTTTGCACCA
CACTCAGATCCTTGATTCCGCAGGCGGGGCACTCGATCTCCACGGGCTCGCGTGGCAGGTTGAGAAAAGTGCCTGCCAGGGGCGTGGCAAAGTTC
TCGTAGATCTTGCGCTCCTTTCGGTCCTCCAGAGCCTTGGCCTCCCGCTCCCTGATCTCCTGCTGCGTTTCCGCTTCCTTCTCCGGCAGCGTTGT
CGTCATGATCGCTCAACAATCGAACTGAAAGCGAAACGCTGCCAAGCACGCTGGCAACCTGTTTCCAAACTCAAAAGAGAACGTGAGTGCACAGA
GAGAAATAATATGGAATTTTTGGCCAATATATTCCCCCGGTTTTCCGCCCAAAAATATGCAGTTTTTTTGATCGAAAAAGTAAAAATAATGAGCC
AAATATGGAATGGGTTACATCGTTGAATTCATAATACAATTTTCTATCGACTGGTGTTGAAGCCTTAGATTTTCAAATTTTCGCCTTTTTTTGCA
TAATATCATGATGTTACCCCTTATAAAAAATGCGAAAATTAAAAAAAAAAAAATTTTGAAATCAAACTAAAAAGTATTTTCCTTCGTTAGTTTGC
TTAATTAGGTGCACAAAACAGTATTTATCATAGCATTGTGACTCTTTTTTCTGAACTTATGGAAAAAACACTGTTTATTGAAAATGTACTTGTGA
TAACTTTGAGTTTTTGAAAAAAAAAAAAAACTATGAATAAATTCTCAACAGTTAAGCTATATAAAAAAAGTATACTTTTGTTCTCAAATAGTGTTT
AAACAAGTACAGGTTTTATTTCTGTAAGTGTATTTTCCAACTCTGGCAAAGAGTATGAGTATGATTTTTGAAAGAGCATAGAAAGAGCAGCGGCG
AAATTGATTTACAGTGTGTCTTTAATTGAGTTAGACGCGTAATAGAATTATAGAACAGATAAATATTTGGCATTAATTTCGATTTAATTGGTCCG
CGGGATGGGCTACTTGGCCTTGCGCTGGATTCCCACTTTGCCGCCACACGAGCTGCAGTAAACGCCCTTGGTGGTCCACTCCCGATTGCAACCGC
ACCAGGTGCACACGCAGCAGATCCAGAAGAGCGGAAAGATGCTGGAAAATGAAATGGAATAGTTGGTGCAAGGAACGAGATCCCAGACAGTAGAT
GTCCCCTTACCAGGATAGCAGGCTGAGGCAGAAACTGGCGTCCTTGCAGCTGGCTG
(SEQ ID NO: 13)

Exon: 2761..2519
Exon: 2119..1910
Exon: 1547..1339
Exon: 1283..1001
Start ATG: 2761 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT32884
ATGACGACAACGCTGCCGGAGAAGGAAGCGGAAACGCAGCAGGAGATCAGGGAGCGGGAGGCCAAGGCTCTGGAGGACCGAAAGGAGCGCAAGAT
CTACGAGAACTTTGCCACGCCCCTGGCAGGCACTTTTCTCAACCTGCCACGCGAGCCCGTGGAGATCGAGTGCCCCGCCTGCGGAATCAAGGATC
TGAGTGTGGTGCAAAATGATCTGAAGTGGTGGGCCAGTGAACTAAACCGCATTCCTCAGTCTGCGTTTGTTTTTAAAGCAGTCAACATCTTTCGG
TGCGAAATGGCTCAGGATCCGAAACCACTTTACTTTGCCGTGGGCCCCGGCCCCAACGACATTACGTGTCCTTATTGCAGGACCAAGGCCAAGAC
CCGTGTGGTGCGTTCCTGGCTGCGTTGCTGCACCAAGAGGCATCACTGCGGTGCCTGCGGGGAGTACCTGGGCTCACCGATCGTTCTCGCTGGAA
CTCGCATCATGACCGTGGACGAACCGCAGATTGTGGCCATCATTGTCAGCCACAAGCCACAAGTGGGATACCTGAAGGAGGAGCCCACCTGGATC
CGTTGTCCTTCGTGTGAGAAGTCTGGAACCAGTTTGGTGCAACTGGAGTTGGTCACTTGCCTGCAGAGATTTCTGGGATTCACAAAACTTTGTAA
AAAATGGTCTGGCCGCCAGGACATCAATCACTATTGTTCACACTGCGGTTGCTTCATTGGAAGATTTGTGCCCATCAGCTGCATGGAACGATGCA
TTTCGAGATCAGCCCGTAAACAGGCGGCCGTGGATGATATGACCCTGAAGACACGACCCAAGGATTGCGCTGAAAGGGCCCAGAAATCCAGGGAG
AAAGTTCTGGCCAGCAGGGAGAAGAAGAGAGCAGAGAAGGCAGCCAAGGATATGGACAAATCTCAGACGCAAATAGCAGTACACCAATAA
(SEQ ID NO: 14)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MTTTLPEKEAETQQEIREREAKALEDRKERKIYENFATPLAGTFLNLPREPVEIECPACGIKDLSVVQNDLKWWASELNRIPQSAFVFKAVNIFR
CEMAQDPKPLYFAVGPGPNDITCPYCRTKAKTRVVRSWLRCCTKRHHCGACGEYLGSPIVLAGTRIMTVDEPQIVAIIVSHKPQVGYLKEEPTWI
RCPSCEKSGTSLVQLELVTCLQRFLGFTKLCKKWSGRQDINHYCSHCGCFIGRFVPISCMERCISRSARKQAAVDDMTLKTRPKDCAERAQKSRE
KVLASREKKRAEKAAKDMDKSQTQIAVHQ*
(SEQ ID NO: 15)

Celera Sequence No. : 142000013384826
GGTCACCTGCTGGCGGATCTGTTTTTGCAACTTCTGCATCTGCAGCATGAGCAGAGCCTCGTTTCGCATCTGGCGGTAGGAGTAATCCATTTTGG
CCAGTACCAACAGGATCTTAGTATTATGCCTGCGACGAATTTAACTAGTGCATGAGCTTTCAGTTCATTTCCACCTTACTTACTGCAGACGCGGC
TCGGTGAGGATTGAATAGAAAAGAACGCCGGCGGCTGAAATCTGACAGAGATTAGAGGTGTCCACGACGTAGATCAGCTTCTTGACATCCTCGAA
ATACTGCCTCCACAAGGGGGCCATACTCCCTCCAATTTCCAGGATCTGTATGGACTTGGGCAGATTTTTACCGCCATGAGGAATGTTAGCTGGAG
CTTCTGAGGGAGGAGGCTTATTTTTATCCCCATTTGGCGATTTTGTTGGGAAATGGATTCGGTAAATCCCAGTGCCAATGGTGGGCATGGAAAAC
GTGGTCTCATCGATGGATTCCGGATCCTGTAAAGCTTTCAAAAGGTGCGTTTTGCCCGCTCTTTTGGGGCCCAAGCAAATGCAGGTGGACATTTT
TGCTTTTACTTGGATTTTATTTATGGATCTAACAAAGGTAGCCTTGGTTACCAAAGTTTATTAATTAATTAATTAAATTAAAATTGTAAAAGTTA
GTTCAGTAAGCACGTACATGTTGTTATTTCTGGCTTATTTTATATATAAAATATTTACAAATGGTTGAACATTTAATATCAATCGCGTAATCGAA
ATCTTGTGTCAGTAGTTCAATTATTTTCTGCATGATGGCGCTCTCAGGAAATCAGTGCAAACGTTTGAACTGCGTGCTTCGGGAGTCACGAAACT
CGGAACCATTCGGCCACACTTCATATTAGCACATCAATGCATAATGACTATCGATAAAACATCGATGTATTTTTCATCGTTTTTTCATGCTGTCT
CATCGTAAACAATATCAACATTGTTAAACGCTTTTAAATTCTCTCAAAAAATGAACCACACAGCAAACAAACCTCGACAAATCGGATTCGACAGG
CAGTTCTCAGCGGACGTGAACGGCGTTCCCACGGAGATAGTGTTCCACTGCTTTGCCAAGAAGTGGTTCTTAGTCATAACGCAGCTCGGCAAGAT
TCCCGGCATCTACAACGTGCACTTCGATGTCAAAAAGGACGAAAGAGTGGTTCCCTATTTGCACGGACCCGTGGACAATCCGGAGTTCCACGTAT
CGGTGCCAATCACGATGAACTGCTGCTTGGGCTTGGACACCGACGAGACTCGCAGCGCCATACAGTTTCTGGTCAACAGAACCGGACTCCACAAG
TGCCCGACGGAGTTCGTGGTGGGCTTGGGTCTCAAGAAAATCGACGGACCCAATCTTCGTGCCCTAGCTAAGGTCCTCGAGGAGACGTTATTCTA
GTCTGCGTTCGTTATATCCAATAAATATTAGCTGTGACAGTTTTTGTAAAAAAAACCTTGAACATTTTAATCGTAGCCTTCAACCCGGCTGACCA
AATTATTGGCCATTCTACTGCAACCTCTTTCATGTGCTTAAAAACCCAAAATAGAATCTACTCACAAAAAGGCAGTGGAATGACCAATAACATAG

TAAACCATAATAATTCTGCACCGTTGTGAAAGGAATGAGTCTCGATAATTTTTTAGCAAACGTCTTCTATATTTCCTCACATTTGTACATTAAAA
ACGTGTACGCAGGTCGGGAAACGGGTACACGTCCACCTCTCGAGGATTACAGCACAAACACAACGGATGTCCGGTTGTCGAGAAGTTCTCTAGAG
GATTTAGTCGAACAGACCGAAGCCCATGTCGTCGTCAGACTGGTCGGACTCCTCCTCCTTCTTCTTCTCCTCCTTCTTGGACTCGGCGGCTGGAG
CAGCGGCGGCGGCAGCAGGGGCAGCACCACCGGCGGGAGCGGCACCAACTCCGGATCCGATGTTGGTGATCAGGTCCTTGACGTTGATGCCCTCC
AGGGCCTTGGCGAAGAGACCGGGCCAGTAGGGCTCCACCTCGACGTTGGCGGCCTTCAGGATGGTGTTGATCTTCTCACCCTGGTGAATCCAAAA
AATAAGATCAGCACAAGTTGCAGCAGTGCGAAAGAAACCATAGGACCCGCAAATTGTCCAATACTTCCGGCCGATGGCCGCGGCTTTGGAGGATT
TGCTTCGTCCCCGATTGCAATATCGAAAAACTTACGGTGACGGCGACATCGTCATCGACGAGGATGAGGGAGGCGTAGACGCAGGCGAGCTCGGC
TTTGGTGGACATGTCGAAGTGCTGTGGCTAATCACTGATTGTGCAAGTTGCCAAAAATTAATTGTTTATAACAAATGGCCTTAGCTCGGGACGAG
AACAAGCACGCTGGTCAAAATCCTAAACCGGAAAGAGCAGTTGATATGCAG
(SEQ ID NO: 16)

Exon: 1001..1426
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT33132
ATGAACCACACAGCAAACAAACCTCGACAAATCGGATTCGACAGGCAGTTCTCAGCGGACGTGAACGGCGTTCCCACGGAGATAGTGTTCCACTG
CTTTGCCAAGAAGTGGTTCTTAGTCATAACGCAGCTCGGCAAGATTCCCGGCATCTACAACGTGCACTTCGATGTCAAAAAGGACGAAAGAGTGG
TTCCCTATTTGCACGGACCCGTGGACAATCCGGAGTTCCACGTATCGGTGCCAATCACGATGAACTGCTGCTTGGGCTTGGACACCGACGAGACT
CGCAGCGCCATACAGTTTCTGGTCAACAGAACCGGACTCCACAAGTGCCCGACGGAGTTCGTGGTGGGCTTGGGTCTCAAGAAAATCGACGGACC
CAATCTTCGTGCCCTAGCTAAGGTCCTCGAGGAGACGTTATTCTAG
(SEQ ID NO: 17)

Start ATG: 1

MNHTANKPRQIGFDRQFSADVNGVPTEIVFHCFAKKWFLVITQLGKIPGIYNVHFDVKKDERVVPYLHGPVDNPEFHVSVPITMNCCLGLDTDET
RSAIQFLVNRTGLHKCPTEFVVGLGLKKIDGPNLRALAKVLEETLF*
(SEQ ID NO: 18)

Celera Sequence No. : 142000013384809
TACAACTCAGTCGCCGCACTTTAACAACAATATTTTATTTTTGTGTGTATTATTCAAATAGGTATACCTTCCGACAGCTCTAAGTCCAGTTCGGC
GAGCTTCTCGCGGACGTAGCCAGGCAGCGAGGCAGTGTGCTCCATGGCAGATGAAAAGTGTGGCTTTAGGGTTTTGTTCTATCCTCTTCCTTGGA
GGATTCGTCTAAACTTTGGCTGGTCGCAGTACACAAACACACCCAGACACCGCTACTTTCCCACTTCGTTGTCAAAAATCGATCGATTTGCCATT
TATTCTATTTCACATTTTGCCGACGCAAATAAATACATCCGTACTTGCGCAGCACCAGTACTTTGGGTTAGTTAGAAAACACGATATTACGAATG
TCTTTTACGAATTTGCACAATGAAAGTAAACAAAGAAAAATAGCAGTACAAATCGATTTTATGAACTAGCGAAAAATTGATAACTATTTCTTCAT
ACTCTTGGGACAACGGCCTTTTTCAATTTTCGAGATGCGGTCACACTGCCCAAGTAATCGAACCACGAATTTAAGTGTTATTTTTAATGATATTA
GGCATAGAACCATTACAATTAAAAAGCTCTATTATTTATTACTTTAATCGCTTGTCTCTTAAAATTCGATTCAACAAAAGCAATTGGTGGCATTT
TGCTAGGTAGCCCTGAAATACTGTAGAGACTATCGATATCTGCACCTAAGGCGCCTATTATCACATTCGGATTACGAAGACAAAGACATGCGAAA
CCTGGATACGATTAGTGGCGAAGAAAAGCAAAGTCCTGCCAACTTAGTCTAAATTGTTTCTAAGCCGGCTGCCTATACGCCTGCGTTTTGAGCAA
AGCGGTAGTATCTTTTTCGGAACCATCGATAGCTTGTCATCTCCAGTAAAAATGCGTGAGTTTATTTAAAAAAAACGCTAGGCATACAACTAATT
ATTCTTATGATGCAGAGAACTTGAAGATCCAAGAGGAAGTCAATTCATTGATGCGTCTAGGCCAGCACTTCGATGACCAGTTAAAGCTGGCTAGC
GTCGAGTTGGGCGATTTCTCGGACGATGACCTGGCGCTCCTTGACAAATGCGCCCAATATTATTCACTTTTGCACATTCACGACATCAATCTGAA
CTACTTGCGCGACTTCTATTGTGCCAAGAAGAGGGAATGCATAGAAAACCGGCAGACCACAGTGCAGCAACGCGTAGAGCTGCAGCGCATCCTCT
CGTCCATCGAGGAGGCGACTAGGGACGTAGTTATGTTGGAGAGGTATTGGTGAACAAATCCCTTTAATAGTTGAATCCCTGACCAAAACCATTCT
TCTGCAGATTTAATGCTGCTGCGGAAGAGCGGCTCATCCCGGATATCGTCGTAATGCAGCGAAACGCCCAACAGCTTGCAACAAAACAGGCCTTA
CTGGACCGGCAAAAAACCCTTAAGATCCCAAAGGATTTTAGCATTGAAAGTGTCATCGAGAAGGTAGATTCGCTGGAGCAGCGCTAAAGAAGTGA
ATTGCTTTCGTTTTTAAAAAATTATTTAATTGTATTTACTCAGTAATGCAAAACACTTTACAAAAACATAAAATCTGCAAATTTTAAAGATGAAT
GTTGAGGTTTACAACTTGGAACACTACACAATCAGAGGGTGCACTTATTTTGGTTATTGTACGCATTTTAAAAACGTTCCAATTGTTGCTAGGTT
GTGTCAAATATTTATTTAAAGTATCATGATAGGAAAACTAGAAGACCAAATAATAATTTGCCAGCTGCTTAAAGCATACAAAAAGTGTACCGTGT
TCTTCCATGCCATTGCTCATATGTATGTATTTGTGTATTTCCAATGTGGTATATGTATCATATATATTGGTGTATAGATAGAATTAGTAATTTCA
TATTCTTTAAGTTCTTGCTTGTTGTTATGTATATAAAGGGCGGGTATGTGGCAGACAATCTTTTCGGCTAGCAACGCGCTCCACGCCACAGGCCT
ACTCCACGTTTCCGGGCATCTTTTAGCGGAACTCGGGCGCATCATCTTGCGTTATGTCACCGTACTTCCAGATGGCCAGATGCGCGACCCGAGCT
GCTTCCTGCGCGGCTTTGTACTGGTCCACTAGTTCCTTGAGCTTCCGCTCTCCACGCTGTTCGGCCAGAACAAGGCCCTCGGCTACAAGCTGCTT
TCCAAAATCGACTTTAGTAGTTGGATCGCGAAGAGTGGCCAAGTTCGGCGACCCAGTCACCTTTAGCTCGACATTGAGTTGAACCTTATGGTTCA
AAACGTCTTCGGAAAAGGCACGCAAGGCTTCTTCCTTATCTTCGTTGTCAGTTGGCAGGGCGACTAAGGCCAAAGCATACTCCGTAGCGTAGGGC
TTTTCGCTGCTGAAGGCTGGTGGCAGGGCTGCCAAACGGTTGGTCGGAAGTGTCTAAAAATGGAAACGAGTGTTAATACTGCCAGGAAAAAATCA
CAATGGTTTTGGTATGAGTGTGTCGCAACTCGAATACTTTTG
(SEQ ID NO: 19)

Exon: 1001..1278
Exon: 1338..1512
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT33406
ATGCGTCTAGGCCAGCACTTCGATGACCAGTTAAAGCTGGCTAGCGTCGAGTTGGGCGATTTCTCGGACGATGACCTGGCGCTCCTTGACAAATG
CGCCCAATATTATTCACTTTTGCACATTCACGACATCAATCTGAACTACTTGCGCGACTTCTATTGTGCCAAGAAGAGGGAATGCATAGAAAACC
GGCAGACCACAGTGCAGCAACGCGTAGAGCTGCAGCGCATCCTCTCGTCCATCGAGGAGGCGACTAGGGACGTAGTTATGTTGGAGAGATTTAAT
GCTGCTGCGGAAGAGCGGCTCATCCCGGATATCGTCGTAATGCAGCGAAACGCCCAACAGCTTGCAACAAAACAGGCCTTACTGGACCGGCAAAA
AACCCTTAAGATCCCAAAGGATTTTAGCATTGAAAGTGTCATCGAGAAGGTAGATTCGCTGGAGCAGCGCTAA
(SEQ ID NO: 20)

Start ATG: 1

MRLGQHFDDQLKLASVELGDFSDDDLALLDKCAQYYSLLHIHDINLNYLRDFYCAKKRECIENRQTTVQQRVELQRILSSIEEATRDVVMLERFN
AAAEERLIPDIVVMQRNAQQLATKQALLDRQKTLKIPKDFSIESVIEKVDSLEQR*
(SEQ ID NO: 21)

Celera Sequence No. : 142000013384556
CATTCCCGAATTGGAGGAAGTATTCACGAAGGCATTCCTCATCGTGGTTATCCTTAAGACCGCCTACGAACAGCTTCTTCACGGATATATTGGTC
TCGCGCGATTCGCGTTCGGGACGGGGCAGAGCACGCTTGGCTTCCACAGTTCTGGAAGCGAAAGGCCTCATGGTATAGATCTATTCTTGGTACGA
TATGATCCCCCACCAAGTCTATACTCACTTGCCGTCGATGATGTGCGGACGGTTCTCCTGGGCCCTGTCGACCATGAGAGACTTTGTGTAGGTGA
TGAAGCCGAAGCCGCGAGATCTCTTGGTGGCAGCATCGCGCATCACCACAACATCGACCACCTTGCCCCACTGGCCGTAGAACAACTTCAGGTTC
TCCTCGGTGGTGTACGGGGCCAGCCCGCCGATGAAGAGCTTACGCAAGTGCTCCAGCTCGCATATGTCCTACCGGTGCAGAGGTGGTAAGTGGGT
TAGCCAAGTGGGTTGGCATGTGGTGAAGGGTGGTATGTGTGAAGGGAAACAAATATAGGTGCGTCACTTGCCAAGCCGCATACATGCACAGAAAG
GTACGCGTATGTACTTACATCTTCCTCGCGATCTGCAAGCACAATCACATCGGCGGACTCGTCCGATAGGGGCTCATCCTTCACCATTGTGTTAG
CAAATTAATTATCACTAAATTTAACCGAAATTAAGAAACGAAAACGACCAGTTTGCACGTCGAACGGTTGAAGCGAAGTGAAAATTGTGCTGTCA
GGAAGCGAATCATTGATTCGATACACCCACTCTCTCTGTTTGTTATCGATAAGTTGGTTAGGGGTATTCTTGAAATTTCTAAAGTGCCAAGTTTC
TTTACTATCGTAATAATAAATACATACACGAATTGGATATGCGATAGCTGTCAAATTGTAATATAGTTTTTCAGAAGCAAAGCGAAAACCGCCAA
CGTATACTAGCCCCTTTATGCATTCAATTGAGTATTCAACTTAAGTTCTAATGTCGGATTCGCCCCATGAGGAGCACCGCTTGTGCGGTCTGGGG
AATCACACGCTGAGGTCCCCGTACCGCGTAATCAGAAATCCGCACCTGCTGAAGTTTGGCCAGCTGATAAACTCGGAGCTGCGGTCTCAGCCACT
GTGCCTCTCGTGCTACACGCAACTGATCCAGCTCTACCGGCTGAAGAACAACAATGCGAAGAGACACCTGGCAAATAGACAGGCAGCCAGTGCTA
TTCTCTCGAGGAGCAGTAGTGAGAAATCTCATGAGTCCGCGGCTAGTGTGTCCACAACACAATCCTCGGAGGAGCAAGAATCAACCACTAGCGCA
GCGCCGGCGGCGGCGGCTCAAAGAGCAGGAAGCCAGTTGGTTGAGTCCAATTCTTCCGACGATACACTTTTCTCCGATGACTACGATCCCAGCTC
GAATCTGAGTTTGAATGCCGTGAATGGAACGCGGCTACCGAATGTCCAACCAATTCCGAAAAGGCGCCAGTTTGTGCATCTAAATCGTGAAGCTA
TGGCCATTTATCTGGCGGGAACTACTGGGGGATAATGTTTGTTTCATTTAGGATATTTTCATAAATTAAATTTGAAATAACACTGTTACCATCTA
TGTAACCATCTATCGATAGTTTCCGCCATGTTATTAGCAGCAGAAACAGCTGGCTGAGCACCAGGGCTGCATTATTGTTTGTTAGTTTTGCTGTT
TGGTTTTTAACAAATTTCCTGGTTTTCCCTCAAAAACCCTCTCTTATATAAATAAATCAAGTGCAAAATGCTGAGTCCATAACAACACACGTAAG
TTTGTTGGCAAGCAGTGAGTGATTTCTTCGAAAAGTGCAATTCCTGCAATCTGTTATGTTTTCACAATGACTTTTATTCGATCTTAATCTAAACA
GTTTAAAGCTCAAATAAATGTAATCAATTAGCAAGTATTAGCAAATGTTAATAGGCGTTGTTGTTTCTCGACGTCGCTGCTGCTGCTGTTGT
TGTTGTTTTTGTTGTTGCTGGCGCTGGAACTGGTCATCGATGTCGATGAAATTGGCATCCTGCGTGTTATCCTTGGGCAGCGCTGCCGGCGTCGC
TGCCGCGGCATAGTAGTTTAGGCCCACGCCCACCGCCACGCCCCCAGTGACGCCTCCGGGGGGCATGGTCGTGGCAGCCTGACCCATTATAGAGC
TCATAAAACCATTGGCCACGACAAAGTTTCTGAAAAATTGATTACATCAATGTACAAAATAATTTCGAGCAACCCCCTCCGGCCCAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAATATGGAAAAAAATGATATCGTCTAATTGGGTCTGTGTGCGCATAAATGTCGTAAAATTAATTTCGTGTTAATTTCAT
GTTGGCCATCAATTAAACTAGTGACATTTCACTAAATTACTTCCGTTTCGAAAATGCAGGTATAAATACCCAGTTAAAATCCTCTTCACGAGCTA
TTCATCAACCATTAATTTATGTTCATTTAATATTATTTAACTCAATCAAAATCGATGATATCTTTGTACATATGAAACAGAAAAA
(SEQ ID NO: 22)

Exon: 1001..1555
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT33871
ATGTCGGATTCGCCCCATGAGGAGCACCGCTTGTGCGGTCTGGGGAATCACACGCTGAGGTCCCCGTACCGCGTAATCAGAAATCCGCACCTGCT
GAAGTTTGGCCAGCTGATAAACTCGGAGCTGCGGTCTCAGCCACTGTGCCTCTCGTGCTACACGCAACTGATCCAGCTCTACCGGCTGAAGAACA
ACAATGCGAAGAGACACCTGGCAAATAGACAGGCAGCCAGTGCTATTCTCTCGAGGAGCAGTAGTGAGAAATCTCATGAGTCCGCGGCTAGTGTG
TCCACAACACAATCCTCGGAGGAGCAAGAATCAACCACTAGCGCAGCGCCGGCGGCGGCGGCTCAAAGAGCAGGAAGCCAGTTGGTTGAGTCCAA
TTCTTCCGACGATACACTTTTCTCCGATGACTACGATCCCAGCTCGAATCTGAGTTTGAATGCCGTGAATGGAACGCGGCTACCGAATGTCCAAC
CAATTCCGAAAAGGCGCCAGTTTGTGCATCTAAATCGTGAAGCTATGGCCATTTATCTGGCGGGAACTACTGGGGGATAA
(SEQ ID NO: 23)

Start ATG: 1

MSDSPHEEHRLCGLGNHTLRSPYRVIRNPHLLKFGQLINSELRSQPLCLSCYTQLIQLYRLKNNNAKRHLANRQAASAILSRSSSEKSHESAASV
STTQSSEEQESTTSAAPAAAAQRAGSQLVESNSSDDTLFSDDYDPSSNLSLNAVNGTRLPNVQPIPKRRQFVHLNREAMAIYLAGTTGG*
(SEQ ID NO: 24)

Celera Sequence No. : 142000013384172
TATCTATACTCGCAGATGCACTAGCCTAAAAACGCAGCTATGTTATTTTTATATCTGTCACCCATACAGCAAAAGGGTACACGACTTGCAGAAAA
GTATGTTCAAGAAGAAGGACTCTTTAAAATGCATATATACATCACTAACTATGTATATATATCATATAGATTCTATAGAATTTGTTATGTACAAT
GGTTTTCTACATCTTAGCTAGGAAAATACGCAAGCAACAACTTTAGAACATTGTCTAATAACCAGATATTAAGAATCAATTACATATGCTGAAAG
TTATCTTTTAGGATTTGTCATTTTATAGTCAGCTTAAATATGTGGCTGCACCGCCTTGAATGATATTTATTACTTAGCTATTCCCACTCACCAAT
CCCAAAAATTCACTCCAGAACGAGGGAGCCACCAATGCGCTACTGAAACTGGACGGAACCAGCGTGGGAAATCGCTCGATAGCCGTGCGTTTGGC
CAAGAACATTAAATATGTAAGCAAAGACCTTCGAGTCACCAAGCTAGCTATCCAAACTTCAAATCGATTCTGTTTCCTATATATATATAGGATGA
AACGCAGAAGCCAAAGCCGCGCCTGGATATACCGGCCTTGGGCACAGGTAAACGCGAGGAGAAGGTCAGCAAAACGGAGGCCATTCGGGCCATTG
AGGCCAAGCTGAAAATGTTGGAGCGCCAGACAGACGACAATCTCGAGCTGAATACAGCGGGCAGGGGCGAGGCCAACGTGCCCTTCATCCAGCGC
TATCAGTTTAACAAGGATCGCGACGGTTCGCAGCGCTACGGAAAGTCATCGGCTCCATATCATCACCAGCAGCGTCCCAAGCGCCACTAGGCTCA
ATCGACCCACACTCGACTTTGCCACCGTCTCACGCATTAGTCTGTAAAAATCATTAGTACTTAGGGCGCTACCTCAGCAGACGAGCCTTGCAGGT
GTAATTTACAATTAATTTATTAAAAAAAAAGGTACAATCAGAGCGAACGTCTATTTGGGTGCGAACAAGATCTTGCCGCGCATGTGATCGGGCAG

CGGCACGGTTCCGGGACAGGGCACCTGGCCGGGGATCTCGCAGATGCAGTGCCTGCCGCATCCGTAGCCAAAGTTGGCCGGATTGTCCTTGCTCT
CCTTTAGGCGCTCCTCTGCGTCCAGTTGCTCCCTGAAATTATGGAATAGGATGTGTATTAAGTTATAGCTTATGATGCTGAAAAGGTATCAGAAC
TGAGCTAGCTTCTTCTTAACTCCCAACTCATAGTTCTACAAAATGTGATACACGAATAGAATCTTGATGTGTGTTCTCACCGGGTTTTGCCCACC
ACCTTAACCAGGTGATCGATGATGTCGTTCCGATTCCGACTGTCCAAATCTATAAGCATATCGCGTCCATCGTCGAAGTAGCAGCGCACAAACGG
CGAGGGCGTCATGTTCTTCAGCGTGAGCACCTGGACCTCGGGATTCTTGAACTGGATCTGCGGTATGTTCCAGAAAACAAAGTCCCTGTGCGCAT
TGCATTTATTAGCGTATATTTCAGTTATTAGACAATTCTATGCCATAACTTACCGAGCGCCCGCGTGATGAGCACCATATGTGTTGTAGTTCACG
CTGAAAATGCGCACCTTGTCCTTCAGCACCAGCTTACCGGCATTCAGATACTTCAGGGTGCGGCGGATGGGCTCACGGCCCTTCATGAACGGCAT
TTTGCACTTTTAATTCAAATACGCCTAAGTAAAACAAAAGAAATCCAATAAAAGAGCGGCTGCTTGTGTAATGCGAACAGCTGATCGGTCGGCTA
GTGGCTCCCACAAGGCGCAAGCGGAACTATCGATATAAGCGCGGTATCGATGCAGACCAGAAATGTTTCCACTTAAAAGAAAAAATACGAATATT
TATATGTTTTTATATGGGCGTGGCAGTTTTGGGTGGTTTGTAGACGTAATAAAGAGACATCAGGAAGAAACCTGAGCTGCTTGCATAATCTTAAC
TTTCCAGCATTTGCTCTGACGAGCGTTAGAGTGGGTGTGGTAACATTTGGAAACAAACTTGCGTCTACGTCTCTAGAAGCTGCATGCTTCATCTC
AATATTCTAGCTTTTATAGTTCCTGAGATCGAGGCGTTCATACGGACAAATGGACAGACGGACAGGGTCGGAACAACTCGGCTATTGATCCTGAT
CAAGAATATATATACTATACATACGGAAACACTTCCTTCTGCCACTTACATACTTTTCAACGAATTTAAAATACCCTTTACTCCACGCGTAACGG
GTCTAAAAATGGGTAGAACTATTATTGACTAACATAATTAGAAAACGCGTTAAATCTTCAATCTTACATTTTTTAAATTAAAAAAAAATTTTTTT
TTTTGAGCATGGTCTAAAAAAGATAAATGCTTGCTTATATTTCATTTCAGTGGAGTACGTCTATTAAATGAAACAACACTTTCGATTTCTCTGGT
CATATATCGATAGATCCGTTAAGCCGAACCGGCTGGCTAATTTGTTTACCTCTTAAACTTAAACTTTAAAGCTTCTTATTCTACCACAATCAGCA
GGACATGGAAATAACACTCGCTCTGATAAAGCCGCACGTGCTGCGGAATACCTATGCAATGCAGCAGATCCGAGCCCTGATCTCCCAGAACTTCA
CCATTCTTGACCAGAAGGAGGTTTGCATTACGAAAGAACTATCTGAGCGA
(SEQ ID NO: 25)

Exon: 1710..1574
Exon: 1510..1316
Exon: 1172..1001
Start ATG: 1710 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT34069
ATGCCGTTCATGAAGGGCCGTGAGCCCATCCGCCGCACCCTGAAGTATCTGAATGCCGGTAAGCTGGTGCTGAAGGACAAGGTGCGCATTTTCAG
CGTGAACTACAACACATATGGTGCTCATCACGCGGGCGCTCGGGACTTTGTTTTCTGGAACATACCGCAGATCCAGTTCAAGAATCCCGAGGTCC
AGGTGCTCACGCTGAAGAACATGACGCCCTCGCCGTTTGTGCGCTGCTACTTCGACGATGGACGCGATATGCTTATAGATTTGGACAGTCGGAAT
CGGAACGACATCATCGATCACCTGGTTAAGGTGGTGGGCAAAACCCGGGAGCAACTGGACGCAGAGGAGCGCCTAAAGGAGAGCAAGGACAATCC
GGCCAACTTTGGCTACGGATGCGGCAGGCACTGCATCTGCGAGATCCCCGGCCAGGTGCCCTGTCCCGGAACCGTGCCGCTGCCCGATCACATGC
GCGGCAAGATCTTGTTCGCACCCAAATAG
(SEQ ID NO: 26)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MPFMKGREPIRRTLKYLNAGKLVLKDKVRIFSVNYNTYGAHHAGARDFVFWNIPQIQFKNPEVQVLTLKNMTPSPFVRCYFDDGRDMLIDLDSRN
RNDIIDHLVKVVGKTREQLDAEERLKESKDNPANFGYGCGRHCICEIPGQVPCPGTVPLPDHMRGKILFAPK*
(SEQ ID NO: 27)

Celera Sequence No. : 142000013384525
TTCGGCGCCACCGGCCCCTCTTCCTCAGTGGTCTCAGCTGCGGCGGGGTCTTCCTTTTTATCACTCGGCGTGCCAGGTCTTGCTGTGGATGGCGT
CGATTGTGTGGACTTTCGGTGGGCCCGGCTGGTTGTAGAGTTGGCGGTGCTGTTAGTAGTCGTGGTGCCAGTGCTCCCGGCTTCCGATTTGCTTC
CCGGTCCGGCGCTAGTTGTTGGTGTGCTGCTAGCGGTCGATTGCGAGGTGTTGCTATCCTTAGACGGCGTCGAGGCACGAGATTCGTTCCGCATC
TGTTCCATTTTCTTGGCCTTGGCGCTGCCTGGTATGTAAACACCTTAATTTACAACTCCAGGAATTGCGTTTGTTACTGAACTCACCTTTCTTAT
TATCCTTCTTGGAGCGCTCGCCGCACTGGCGAGCCAGTTCCTGACGTCGCTTGACGTTGTCATCGTTGTACTTGAGGACTCGGTTCTCGGGCACC
CACTCGTCCCAGCTGAAAATGAAATGGCTTTCATGCAGATCGGTGTTCATACTAGTAGCTTTGCTCACTTTTTACTCCAGCCCGCGTAGTGGATG
TAGTACTCAACCGGCGTCGCATCGGGTTTTGTTTTCAGAACCTTGGCCTCGTAGATGAGCGGTCCGTGGAAGCACAGAACCCGTTCCCCTGCAAA
TGGCGCCAATGTGTTTAATTTGATTTATAGTTGGGCTTAAGTTATTGCCCTACCATCCACGAACAGAGTGTTTGCATCGGTCCCCGTGCTATAGT
TTTCCACTTTAGCGGGTTTTACTTCTCCCATTTTATTTTCAATAATAGATAATTAACAAATCCTAGAGTGACCGTGCGTGACGCATAGGGCTATC
GGATGGGACAGTACCGATGCACTTATCGATTATTTACAGGGTATTGTCTTGGTAGATATTAACAATATTGATTTATTTATGACTATGTACATCAA
ACAGTCTGTTTTTATGGGTTGTTTTCTTAATGATTTTGAAGGCATCAAGTCTAGTGCTTCGCTGTCGTCGGCTGATCTTCCTGCTCCTCCCAGGG
ACGTGGACCGCGTTTGTTCTCCCAGTTCTCTATGTCCACGGACTTGACTTTGTCGTACTCCGACTCCAACGTCACATCCTTGCGGTTTTTCATGC
TTACGCCGTACTTTTTCATCTCCTCCGGCGTTACCGGCTGCTTCTTGGCGTACTGATACCTGTAAAGGGAGGAGACTCATGAGTTAGCTAAGGAT
TTCCCGGAGATTCTTGAATGCTAGCCTGAGGTTGGAGAACTGCTGCAGTCCAAAGGAGCCAGCCACCATCATGATGAGGAAGGGTATGCCATATT
TGAACGATTTTCGTGTGCTGTAATAGTTTAATTTATCCACGAGAGACATTGTTGTTATTTTGTGTTATGACATTTTGGCACATGCGGTTACACTG
CAAGTTGAGAACGAAGTGTGACCAGTTATATGATAATAAAAAAATTGGCGCAAAATTTGAACACCGATTTCTTATCATATGCAATGTAGTTATAT
TTTATTAAAATAACTTGGCGATAGTTTTAAAAATAATTGAATTTAAGCTAAACTATTAACAAGAATATTTAAAACATAACATTTTGTAATCGAAA
AAAGTTATTTTCAATTTGGCACACAGCACTTTATTTTAGCCACACACACTAGGCGCCTATGTCAATCAATTTGTGCAGCTGGTGTCGTCTTTGAA
AATAGTTGTCCTTGAATCCAAATCGAAAGATTTGTTGTCCCTGCCAAGTGCGAGCAAGTTCTGAATAATTGCAAAACATTGTTTTCCGGCGCACG
CCTAATGCCCACCATTTGCATGGGGTTCGACGATAAGTTCAAGGTCCCCGCCGTCTCTTTGGTTTTCAAATAATTGACACTGACAATGTTGAAGA
GCGCCAAAACGCTGTTCACATGCACACGACATTCGATCCGGATCACCTTGGCCAATTGCAGGCTTTGGCAAGGCAAGTAGCTCGCGGCGAAGATT
TCCTTTTGCTGCCCACAGCTCCAACCAGTTCGCGATCGCTGCGGCTTCATTCACAAGGAGCCGGCGCCAATTGAGTCATCAGAGGCACCCCCCCC
CCCCCTCCCGAGAGACTGGGATAGTCCCACACCCCTTTCCCAATAGATTATATTTCAGTTTGCAATGCACCCTACGCACAGTCTTTTAGTTGAGT
GATTTGCCCAATGGGAAATAATATCATTACAATTAAAAGACCAAGGTTTTCATTTAGTATTGAACCTGATGAGCCTACAATGAGCTACATACCTA
AGAAGTAAAACTTCTCCAACAACCCGT
(SEQ ID NO: 28)

Exon: 1307..1276

Exon: 1199..1001
Start ATG: 1307 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT34684
ATGATGGTGGCTGGCTCCTTTGGACTGCAGCAGTATCAGTACGCCAAGAAGCAGCCGGTAACGCCGGAGGAGATGAAAAAGTACGGCGTAAGCAT
GAAAAACCGCAAGGATGTGACGTTGGAGTCGGAGTACGACAAAGTCAAGTCCGTGGACATAGAGAACTGGGAGAACAAACGCGGTCCACGTCCCT
GGGAGGAGCAGGAAGATCAGCCGACGACAGCGAAGCACTAG
(SEQ ID NO: 29)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MMVAGSFGLQQYQYAKKQPVTPEEMKKYGVSMKNRKDVTLESEYDKVKSVDIENWENKRGPRPWEEQEDQPTTAKH*
(SEQ ID NO: 30)

Celera Sequence No. : 142000013383769
CAAAATATATGTGTATATCCATATTTCTATATATATATATATATATACATATAAATATAAAGGAAAACAAGAAAATGAGCAGTGCGAAATGTAGC
AAGTGGAATAGAAAATACTCTCACGCTCAACACTTTTCTAACCCGTTTGTAATGCATATCTGTAGGGCCTACCGTTTTTAATCTTCTATAAGAAC
TTTCCAACACTACCACGTCGACTGTGTGATGGAATGAGACTGTACTGAAGTTTTTTTTTTGAAATTTATGTAAATAGCAGCAATAGTAAATAGTA
TCTAAACATGTCTGCAATAGAGCATTCCCAAGTCGTCGCAAGGCAATTTTACATTTATTTATACATTTTTTTTTTTTGCAATTCTCTGTTGCATG
ATGGAAAAAGAAAGGCAACAAGAACATGCAAAGAAACGGCGAAATAAGAAGTGAAGAAGAAAAGCAGCGGCTATGAATGTGCAGTGTGTCCGTGT
GCATTTATGTATATGTATATGTAAGACTTTTGTGAGCGGGGGAGTAGTAGTGAAATGTAAGAAAATGAAGAGAAAATAGCACAACAATAATAAAC
AAGTGCAGCAAAAGGAGCAGGAGTCGAACTCCCTGGGAAGTAAAGCACTCTTCTGAAAACGGTTGATGGGGGTCTTCAAACCCCTATAATTCCAA
ATGCAATGCATCTACTGAGGATTGCAGTGAACTCTGTAATTAGGTTTAAATTGTCAATTTTTTTGAATCATTTATAGTTTGATGGGCAATTGCAT
TGATTGGATTCCTAAACCATAGAACACTTTTCGTGGACTATTAAACATTAGGATTAAATTTTAAATTTATTCATAGATATTAATATACATATTCA
AGACGTTCATATTTTAGTTGAAAATAAGAACGACCTTCAGTTATTTACTTTATTTATCTCCTTTAGTAAGCCCTTTGCAGCACTGTATTCGCTGC
CACTTCTTGCCATGCCTCTCGTAACACTACACGTAGTGCAACCCACTCACTATGCCCTTTGCAACACTCTCCCTGCCTTGGTATCCCAATCCCTG
AAATGGACTTACGTCTTCGGAGTCGTCCTGCGACTGTAGGTTCTCGGAAGAACTGGATGATTGCATTTGCTGCTGTTGTTGTTGTTGCTGTTGCG
AGTTCTGATGCTGCTGCTGCTGCGGATTCTGATGCTGCTGCTGCTGCGCGATGGCGTCGCTGTCGCTGGAGGAGGCCGTCGACGAGGAGGTGGCC
GCCGCTGCTGCAGAGGCGGCAACTGCGGCCGAGGCAGAGGCAGCGACGGCTGCAGCGGCCGCCGCCGACTGATGGAAGTTGGAATTATTTGTCAA
CTGCTCCGAGCAGCGGACGCACGTGGGTATGCTATAGCCGGGCACCTGGAACAACTGTAGGGCGGGGGAATAGAATAGAACAGAACAGGACACGT
GAATTAGAGAGTGCTTCCAATTGGAAAAAAAAAAACCAATAATGCTCTTTATTTATTGTGGCAACTCAATCTTATTCCACACATACCCTCCCCCTT
CCATGCCAACTAGCCCTTTCTCTTTTCCACCAACTAGAAATAAGAGCCAAGAAGATAAACACACGCACACACACAGGCACGCACACATGGAGAGC
GAAAAAGAAAGAAAAGAAACTACAATAACAACAGCACCAGCAGCTCGTTGCTTTGTTGTTGTTGTTTTCATTTCATGTTATTTTTTTTCTTCGGT
ACAACGTTTTGTTATTCTTTCGCTTTTTGTTTTGCTTTGCCGCCGCTCTGCCAGCGGCGGCGGCAGAGGCGTCGCCTACAAAAAAGGGGTTATTT
GGTAATTGTTTAAATAATGAACTAAAAACCAAGCAAAGTTAGATCTGTTTTGTTAGTTTTATAACCGCTTAACTTTAAATTTTTGGGCTTAGATG
CCCAATATAGTAAACCCTCTGTCACTAAATTAACGCGCAGCCACTGCGTATTTGGCTGCCTTGGCGCAATTTCTGTCATTTTGTTTTAATATGTA
TTTCTTTTTGTGCGGTTCATGGGCGGCGGGAGGGGGCTGAAAGAGGGGGGCCTGTTCGGGGGAATAGGTTGAAAAGGAGTCAAAGTGAAAAGCGA
GTGGCGAGCGTAAGCAAAATGTAAAAATAATATTTTTTCAAGTTGTCGGCTTGAACAACTTTTCGGGCTGAGTTGGCTAAAAATAAAAATTGTTC
AGCAATAGTTTGGGGTCGCATGTGTATGTGTATTTCTTATTTCTGTGTGTGTGCGTTTGTATGTGTGTGGGGAAAGGGGGGCAATGCGCGCGCTT
TTGAACCCCGCCCCCTGCGCCAACAACCCGCCCGCACAATAACAGTAGCGCGAATTCAATTGTTTAAACTCCACCAAAAGAAAAAAAATCAATAG
AAATAACAAAGTGTATATACCTAAATCACATGTGTGTATATCTTTTTTTTTTTGTTAACATACCGTTGCCGTTTGGAAGCACAATCTACAGATGG
TGTCCATTATAACAGTAAATAAGGAATAGGATGGGGAGCAGGAGAAGGAGGATGCACTTTGTTGCTGACTTTTGCCCCCTCTGCGGTCGTTGTTG
TTGTTGTTGTCGTCCTTCTCCCTCGCAATTTACCGCTATCTTTACCGGTTAACATTCAGCGCCGTTTTTCTTTTTCGTTTATTATTATTTAGTTC
GTTTTTTTTCTATCTTTTTCCTTTTCCTTCCTACTATAAGTTTGTGAACACGATCCAAACGATGTGTGGTTGTATTTGAAACTAACTTTTTGGAG
TTTGGTTTGCGTTTGGATTTCGGTGATCGCTATATGGCATATTATGATGGCAAAAACAAAAAAAAAACTATATAAATGATATAGAAATTTGATTT
ATACGATATTTTCGTGGTACACACACACACGCGCGTTGTTTATGTTTGCCTTGCACTTGCACATACAAGCAAAAATGCGGCGCTGTTGTTGTTGC
TGCTTCGAAGTTCTGCTTCTTTTTTTTTGCTTAATTCCTTTGCCCTTTTTTTTGGCGTAGTTACACGTGAAAAAAAAAACAAACCAGCGCGTTCGAA
TGCGTTTTTTTTTTGTATTTTACAATTCACGACGAAGTTTTTGTCCGTCGTCTTTTTTCCCTTTTTTTTGGGGCCCGATGTTATTGTTGCGCTGT
ATGCGTGAGCCGTGTGTGTGTATGTGTGGGGAAAAAACGAATACGATAAGAATACGCGGTATAGTTGTGCTGCTCTAACCCACAGGTTGGCTTGG
CCGGTGCTCCTTGGCCTGGCCTATCGATATTTCTATCGATTTCCGTAATCGAAAACGAGGCGGGTAATGGAATCGTTGTTGAAAACAAGTTTTTT
AATTTATTATTTATTTAATATTTAATTGCAAGTCCGAAAGATTTATTTTATCATAGGTTATTTTATTTAAATAATTGATGGTGTTTTTTAGGCAG
CCATAGAATCATGAACTTTATTTTACAACAGAATAAATATAAAATCATTTTACAGAA
(SEQ ID NO: 31)

Exon: 2477..2439
Exon: 1384..977
Start ATG: 2477 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT35541
ATGGACACCATCTGTAGATTGTGCTTCCAAACGGCAACGTTGTTCCAGGTGCCCGGCTATAGCATACCCACGTGCGTCCGCTGCTCGGAGCAGTT
GACAAATAATTCCAACTTCCATCAGTCGGCGGCGGCCGCTGCAGCCGTCGCTGCCTCTGCCTCGGCCGCAGTTGCCGCCTCTGCAGCAGCGGCGG
CCACCTCCTCGTCGACGGCCTCCTCCAGCGACAGCGACGCCATCGCGCAGCAGCAGCAGCATCAGAATCCGCAGCAGCAGCAGCATCAGAACTCG
CAACAGCAACAACAACAACAGCAGCAAATGCAATCATCCAGTTCTTCCGAGAACCTACAGTCGCAGGACGACTCCGAAGACGTAAGTCCATTTCA
GGGATTGGGATACCAAGGCAGGGAGAGTGTTGCAAAGGGCATAGTGAGTGGGTTGCACTACGTGTAG
(SEQ ID NO: 32)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MDTICRLCFQTATLFQVPGYSIPTCVRCSEQLTNNSNFHQSAAAAAAVAASASAAVAASAAAAATSSSTASSSDSDAIAQQQQHQNPQQQQHQNS
QQQQQQQQQMQSSSSSENLQSQDDSEDVSPFQGLGYQGRESVAKGIVSGLHYV*
(SEQ ID NO: 33)

Celera Sequence No. : 142000013384157
CACCTCCATCGCACCCACACACACCTGGCCGATGTTACAGCACGCACACACGGACACAAACACAGGCAAAGACACACAGTCAGGCAGTCGCAGAA
ATGGTAAAATTGCATGTGTGTTGCGCTGCGCACATTATTGAATTTTCCACGGCGAGATGACGACGACGACGGTGTGCAATTACTCACCTTGGCGT
CGATTGGACTTGACTGACAATCAAGGATGATGGGCGAGAGCAGTGCAAAGGAGTGTCCTTTGAAGTTCGCGAAGGATAACGGTACGGCGACGTCT
ACGGTAACGGAACGTAACGGAACAGATCGGTTCGGTTCGGATCTCGCACACACACACGCACGCACGGAGCAGCTGCTGAAAAGTGCCTGCTGCCT
GTTACCGTTTTCGGTAGAAAAAGAGAGAGACGACTGAACGGAACAGAACGGGAGAAAGGCTCCACGTGGTGGCGATGGCGTTTGGCACGGAACCC
GCGAAGCGGGAGAGGATTCGGTCGCCAATGCGTTAAGGTCACACTGGCACACGGGCGAGGGGCACACTGGCAGGGCCAGCGGATCAGCTAGTATC
GCTACGATTCAAGTCTTAAATAATTTGTAAAATGAAAGAAACATATAATATTTAATAGCATAAATAAGTTTAATTTCATAAAAGCAATAGTTTTG
ATTCGCTCAAAGCTGAATGCATTATATATTTCTATGTAATATAATATTGATATGCTGTATTCAGTACAAAGAAATTGAGACACTGAGACAATTTC
ATAAAAATTTGAAATACTTGTCAAACTTATTCTTTTAAGTGTTTCCAAAATATCTATAAATATTAAATAGCTTGAAGTGAACGTTAGAATATTTG
TTTTGGACACTAAACGATATATCAGCAGATAACGCCTTCGAAATTCGGTCACGTCCAAGTCCCGCATCGTCTGGCCTCACTAACCAAGTGTAAAC
AAAAGTTGTGTTGTGAAGTTGTTTTCCTTTGGTCCAAAAAGGAATTGGTCATGTCGAAGTTGAGCGACACTAAGATCCCGATCACGGAGTTCCTG
GAGGCATACCGTCGCCAGCCGTGCCTCTACAACACACTGCTGGACTCGTACAAGAATCGTGTGTCCCGGGAGGAGGCCTACGGAGCGATCATCCG
GTCCCTGAAGATACCCCAACTGACAGTGTCGGACATAAAGCTAAAGATCAAGAGCGTGCGTACCGTGTACTCTAAGGAGCTGCGCATCTGGATGC
GTGAGAAGGAGCTGGGCAGGACCTACGAACCAAAGTTGTTTTGGTTTAGGTTGGCCGACTCCTTTCTACGCTCCGTTTCCCTCTCCCACTGCAAA
AGGGTAGGATTTCACGATGTTCTTATGTCAATGTTAACCTCTGACCCACCACCAGCAGGGAAAAAATAACAGTTCCAGTGCTCAATTAACGACGA
TCAAATCGGATGAGACGAGCAAGCTTCTTTGCACTGCCGCCGCAGATATCACTATGAGCGAGGATGCGCTAGAGGAAGAGGATGCAGAGGTAAAT
GGCGAGCCGGAGGAGTGTCCTTTGGAGGAAAGCAGGCCAACAGCAAGCATCTGCAAAGATGATTCCACGCTCTGCCTGGCGGATCAACCACAGCA
GGAGCACTATTCTCAGGGGTGCAGCAGCTCCCAGCAGCTTCCTCACACGATGGCACAACGAAAATCAAAGTACATTACAAGTCTGGACTCGGCCG
GAGAGGATGATCTTATTATATTCGGCCAGAGCATCGCCTCTCAGCTGCGAACCATTCCGGATTCATATTCTCGGTCCGTGGCTAAGCTGCGTATC
CAGCAGGTGCTGTTCGAGGCTGAAACCGGGCAGTTTCAGAGCACCGAGGTCAATAGCACGCAACTCCAGAATACCTTTTAAACCATAAGTCTAAA
TTTAAACACTGTGCTCAGTTCTGGCAAAATCCCCAAAAATATGCCACCCTGGCCTAATTTCCAGGGGATATTTATCAACCCGTTTGCCATTCAGT
ATATGTAGTCAAGCTAGTTCTAAGGATTGACGGTTAAGTATAAAATGTAAATAAAAATGCTATCAAGTAATTACAAATTGCTAGCTAAAACAAGT
ACTTTGTAAGTAGTAATACATATGTGGGTTTAATTTTTGTATGGCGGAGGTTAATTCGCCTGAACTCCAAGTAATAATAAGCACATTTTAAAAAT
CAACGCATAAAATAAAATGACTAATTTAGTCATACATAAAAAACATATAACAATCAGAGTTGTACAATTATTAAACTTCCTCAATTTTCAAATCA
AAACCCGAATTTCAAAAAAAAGCAAATTATAGTGAATTATAACTATCGATACTTTTTGAACATTTATTCAAAAGTCACCATGCTGCGACTTACAA
CTTAAATTCGATTAAAGTGTTGTTTCATGCTCACACAACAAAATTTGTTGTTATTTTGCTAACATATTTATTAACACTTAACCATATCGATAGGC
AAAGCCGATTGTAATTCACAGTTGTCGTGGATTGGAGCGTTTGCAGTGTTTGGTCACACTATTTATGCTTGCATTTCGTCTGTGTAAATTTCATT
TCACAAAAACCGACATTGTTAAATTAAGCAAATAAGAGTGTTTAAGATCGAAGTGAGAAGAGCAGCAATATGCTGCATTTAAATATAATTGTGAG
TATGGCTAGTGGTATTTCCGAGAACGCATAAACACGCACACATACATTGGTGCGAGAAAAGACTCGCGGAAACAGGCACACGCACGCACACAGCC
AAATTCTCACCCACTGCATTGTTTCTGTTCTGACAGTGGCAATTTCTTTTCGCTACTCTCTTTTCGTCTATTTTTTTTCTTGTGCTGTATTACAG
TCACCAATGTAGTTTTCTTTAACTTTTAAATACGCT
(SEQ ID NO: 34)

Exon: 1001..1333
Exon: 1386..1886
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT35724
ATGTCGAAGTTGAGCGACACTAAGATCCCGATCACGGAGTTCCTGGAGGCATACCGTCGCCAGCCGTGCCTCTACAACACACTGCTGGACTCGTA
CAAGAATCGTGTGTCCCGGGAGGAGGCCTACGGAGCGATCATCCGGTCCCTGAAGATACCCCAACTGACAGTGTCGGACATAAAGCTAAAGATCA
AGAGCGTGCGTACCGTGTACTCTAAGGAGCTGCGCATCTGGATGCGTGAGAAGGAGCTGGGCAGGACCTACGAACCAAAGTTGTTTTGGTTTAGG
TTGGCCGACTCCTTTCTACGCTCCGTTTCCCTCTCCCACTGCAAAAGGCAGGGAAAAAATAACAGTTCCAGTGCTCAATTAACGACGATCAAATC
GGATGAGACGAGCAAGCTTCTTTGCACTGCCGCCGCAGATATCACTATGAGCGAGGATGCGCTAGAGGAAGAGGATGCAGAGGTAAATGGCGAGC
CGGAGGAGTGTCCTTTGGAGGAAAGCAGGCCAACAGCAAGCATCTGCAAAGATGATTCCACGCTCTGCCTGGCGGATCAACCACAGCAGGAGCAC
TATTCTCAGGGGTGCAGCAGCTCCCAGCAGCTTCCTCACACGATGGCACAACGAAAATCAAAGTACATTACAAGTCTGGACTCGGCCGGAGAGGA
TGATCTTATTATATTCGGCCAGAGCATCGCCTCTCAGCTGCGAACCATTCCGGATTCATATTCTCGGTCCGTGGCTAAGCTGCGTATCCAGCAGG
TGCTGTTCGAGGCTGAAACCGGGCAGTTTCAGAGCACCGAGGTCAATAGCACGCAACTCCAGAATACCTTTTAA
(SEQ ID NO: 35)

Start ATG: 1

MSKLSDTKIPITEFLEAYRRQPCLYNTLLDSYKNRVSREEAYGAIIRSLKIPQLTVSDIKLKIKSVRTVYSKELRIWMREKELGRTYEPKLFWFR
LADSFLRSVSLSHCKRQGKNNSSSAQLTTIKSDETSKLLCTAAADITMSEDALEEEDAEVNGEPEECPLEESRPTASICKDDSTLCLADQPQQEH
YSQGCSSSQQLPHTMAQRKSKYITSLDSAGEDDLIIFGQSIASQLRTIPDSYSRSVAKLRIQQVLFEAETGQFQSTEVNSTQLQNTF*
(SEQ ID NO: 36)

Celera Sequence No. : 142000013384734
TACCTTTGGACCGACCGGGAGCTGTTGATGCACCTCCAGAACTACACTCCCCTGATCCTTCTCATCGATTTCGTGGAGAAGACCCGAACCAAGCG
CTTCTATGAGAGCTCCGAGCGCTATGAGATACTCATGCTGGTCTTCATCATGCGCAAGGGAGCGCCGTTTTGTGAGAACAAGCGCTTTCCAGCGG
AGTACTGGGTTAATCTATCGGTGGGACCAATTGCCGAGGCGTTTGACCGTCTGCAGGCGGCCATCGATATACCGGATCCCCAGCTGCCGATCCAC
ATGAGCGTTACAGATTTGACCAGCTGGAAGCAAATGTTCGACCTGGCCATGCTGGATATACGGCGTTTTGCGTACTACACCGATCCCTTGCAGCT
GGCCGATGCGGGCGTCTTTAACCGGATCACCTTTGAGCAGCGATTCGGAATGCAGTGGCAGGAGTAATGGGAATTGATGCACGTTACTGGATATA

TATTCACGGGAAACAGCATGTAAGCACACCATCAGCACCAACACACTTTCCCAAATTGGGATGGATCGTGGGGAAGGCTACTGCATAAATCCGAA
CGAAAGCATTTAGTTAAGTATTAATAGGACGCACTAGAGCGCAACCGATCCATCCAATCCCACATAGACAGAGTTATTTGTTGCGTTAATGTCCC
TGCATAGCGAAATCTACTGTGCCTTCTCCAAAAACTCCAGATCCTTCTGCATTCCTTTCCCTCCAATCCGTCAACTTCATCTCTCCTCCGACTCC
TCAAATGTATCTGTAATACAAGCGACGTGTAGGACCCAAAATGCTTTAATGGAAATAAACGTTAGTTACTGTTCAAACGCCTGCCTATTTATCTT
TGTAAAATAGCGATAAATCATTCACAACACGCATTACTCACTATAAAAATAGCACTATGTACACTATGAAACTACACCTATGTTCCTAATGCGAA
TTCAACGAGATCCTCGACAGTCCCATTCTTAGGGATCGGATCATCCAGCCTCATGGCTGCCGCTTAGGAGCGCGATCCCGGTCAAAGATGCCCAG
CAGTTTCCCACGAGTCATCTCCATTGCCTCACGCAGTCCCAGCTGGTAAATTTCATCATGCATTGACTTTATTTTATCGATCAGATCCTCGGGAG
GGAGCTGGGCTAGTTCTGGAATAGAAAAGTAGGTAATGGATATGCTATTCTTTAATATACTATTCTTAAATCTCATTGACTTTGCAGCTACTTAC
CATTAATCTTAACCATATCATCATCGGTCAGATTGCTGGTGTAGTTGGTGCTGCGCGTGTACATCGGCGTGTCGCTCATGGAGAGGAACTCGTCC
ATTCCGGGAACTGGAGCAATCGAAAATAAAGATATGCGTTAAAAATGGCGCCAATTTCTTCGTGCTCACGTTTTCTACACTTACAACGCTCTGGC
CATTGGACAGGTGAGGGTCGCAGAGTTTCCATGGAGATGAGCTCGTCTTCCGGCGTTATGGGCCGCTCCTTGACCTCCGGGACATCCTTTTCGGC
CAATAACGTACTACTGCTGGACGCTGAAGCCTTCTCCACTTCCTCGTCCGCCGCTTTTAGAATGGTTTCTGCAAGAAAACCTCGTTTTATGGCGC
CTTTCATGTGATTTAAATATTTACTCACCTGTAGAAAGCAAATCCGTAGTTGTCTCTGCGTTGCTCATCGCGGATAATGTTGAAAAACTCCAAAA
ACTATTGAAAATAAACACGGAAAGATGCCAAAAAATCCGTGGGCTAATCACTTGCCACCTCGTTAAACAAAAACTATAGCGTTGCCACTTTCAAC
AATCACTATCGAATACTATCGATTTACCGCCAAGCCAGTGCTAGAAAGCACCAGGAAGTATAAAACAACTGATATTTTTGGTAAACAAAGAACTG
TTGTTATTGCTTTTCCTGGTTTTATTAATAGAAGTTAAAAATAAATGGCACAACAATTAGGAAATGAGCGTGCCTCGACTTATACTAAATTCAGA
GTGGAGAGCAGGCGTCGTAGCAGAGAAACGCGAACCTCTCCGCGACCTCTATCGTGCTCTCTTTTCCACTCACGGTCGTTTAACGGCGCATAGAG
ACAACTCTGCGCTAGGTCGCCTGCTCTCGTTCGCTCTGGCGCGCAAACGGCACTTGGCACACTTCGCACAGTGGCGCCAAAAAATATGTGCCCGT
AAAAAGCACATGTGCTGCGCAGTAGTTGTCCAGAACAACACAACACGGATGTCTAACCAGTTATTGAAATAAACTTATTCAAGAACATCTTAATA
ATAATATAAAATCTTAAGGAATAACAATATCTTATCAAGTTTTTATCAATTGGCGCCGCCGCCTGGTAGCACTGTTCGCATACGCAGACTTTTGG
CCACCACTGTTTTCCCATGCGCCCTCGCACTTTCTTTCGGTTTTTCATTCGCTGCTCCGCTCTCACTCAGTCAACAAGCACTCATACACACGCGC
TCACCTGTTCCGCCGCCCCGCTACCCCGTCTCTCGACATTACTGCGACCGCTCCCGTTCCGTTTCATTATTTTTTTTGTCGCTGTCATTCAGTTG
CCGTTTTAACTTCGCCGCGCGAGAAGCGGAAACTTTTGCCAGTCCGCTCGAGGAAAATAGAAAAATACTGCAGTGCTGCTGCAGTCGTGCAGCTC
GTACATTTCGTTTCGTTTCGTTT
(SEQ ID NO: 37)

Exon: 1683..1644
Exon: 1588..1415
Exon: 1340..1236
Exon: 1155..1001
Start ATG: 1683 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT36029
ATGAGCAACGCAGAGACAACTACGGATTTGCTTTCTACAGAAACCATTCTAAAAGCGGCGGACGAGGAAGTGGAGAAGGCTTCAGCGTCCAGCAG
TAGTACGTTATTGGCCGAAAAGGATGTCCCGGAGGTCAAGGAGCGGCCCATAACGCCGGAAGACGAGCTCATCTCCATGGAAACTCTGCGACCCT
CACCTGTCCAATGGCCAGAGCGTTTTCCCGGAATGGACGAGTTCCTCTCCATGAGCGACACGCCGATGTACACGCGCAGCACCAACTACACCAGC
AATCTGACCGATGATGATATGGTTAAGATTAATGAACTAGCCCAGCTCCCTCCCGAGGATCTGATCGATAAAATAAAGTCAATGCATGATGAAAT
TTACCAGCTGGGACTGCGTGAGGCAATGGAGATGACTCGTGGGAAACTGCTGGGCATCTTTGACCGGGATCGCGCTCCTAAGCGGCAGCCATGA
(SEQ ID NO: 38)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MSNAETTTDLLSTETILKAADEEVEKASASSSSTLLAEKDVPEVKERPITPEDELISMETLRPSPVQWPERFPGMDEFLSMSDTPMYTRSTNYTS
NLTDDDMVKINELAQLPPEDLIDKIKSMHDEIYQLGLREAMEMTRGKLLGIFDRDRAPKRQP*
(SEQ ID NO: 39)

Celera Sequence No. : 142000012757653
GGAACTGGCCAGGGCGCCAATAACTGCGTGTAAAGATTTGGCCTGACTTTCGGCCGAGGGCGGGTATTCCGTAGACTGTATCAGATCCTTTGTGC
CCAGGTGGGTCGAGACGTGAGCAAGCGTTTCGGTGCTAAGTAGATAACTGGCGATCGCCTGGAGTCCTTCATTAGGGACCTTCGGTAACTGGTGC
TGCAGGAAGGCCTCAACGTAGGCACGGGCAATTTGTTGGCCCTTCTCGACCAGATCGCTATTGTGAGGCATCTGGAGGTCAGACTCCTCAATGCC
TAGCTGCCGACGACGATCCTCCTCCCGCTCTGCAAACGATTTCTCTGTAAAAGCACGCTGCAGCTCCGACAATTCAAAGGATTCGCCCAAACGCT
TGCCGAACGCGAAGAGCTCCGATCGCTGGTTCCACTCCACGAACCCAGAACGCCGCTCTGGCTTTTGTGGTCCTAGTTTCTTCTGCCGGTGGGCG
AGCTCACGTAACGTTGGCGAAACCCATCGCTTGATGTGGCGCCTCGTTTGCACTGCCGAAAATCACGATTACTGACTGGCATTAGGTGAATCCGG
GTTACTCACCAGTCGGTGAGCCCTCCAAGAGCTTGACACGAGCCAGGAGACCAACAGCACTGCGTAAGAATGACATCTTTAAAGCGATCTTAAAA
ATAAGTAACGAATATGTTTTCGCGCATGGGAACTAGTGTTGCACGGGTTTTTGTGGCAGTGATGGCAGTCTAACCGTAAATATAATTTTATAACT
TATAACTTAACTTATACATTTTAATAATATTTGTTTCTTGTTGTTTCTATATTTATTCAGAGATGTATAATTAAAAAAAAATAATAATAACTAAA
TATGTTTCTTTATGAATTATAATTTTATCATTTAATCGAGTAATTATAACGAAAAATACTTTCAGCTTTTTATTTAGCGTTTTGTAGCTAAAAGG
CGCCAGTACTAAATTGCGTTGGTGGCACCCGCTCGTTTTCCAACACTCCCGCAATAGACGCCATGTACATGTCTGTGTTTGTGTATGCGCCAAGA
AAATTTAAGTCGCGGAATATTAACAAGGAATCCCTGCCAGAAACAGGGCATTGAGAGACCACAGAAGAAAATATACCCAACATGGCACTGCAGAC
ATACGGGGACAAGCCGGTGGCCTTCCAGCTGGAGGAGGGCGGCGAGTACTACTACGTGGGCTCGGAAGTGGGCAACTACATGCGCCACTTCCGCG
GCATTCTGTACAAGAAGTACCCGGGAATGACCCGCATCGTCCTGTCCAACGAGGAGCGCAAGCGGCTGGCTGAGTCCGGCCTCAGCTCCCACATC
TTAGCCAGCTCTGTATCGCTGCTCCGCGCCGTAGAGGTGGATGATATCATGGCCGGCAACGATGAAAAGTAAGTGGGCGTCTTACCTAAGTAATG
TCCCCAGAATAGTAACTAAATAGGGCCTTTCCTAAAAATTCCAATTAACTTCGTTGATATCTACTTCCTACTAGTCCTACTTAAACGTTTGTTTT
TAAATGTTTAATCCAATGGTATCAAGTAATCCTTTTATCAAATATAAGACATGTGTACATTTGGCTGAAGATTCTTCATTTTAGTAACATTGTTA
ATGACCACTTAGTTAAAAACCACTTATCATTCTGAAGTGAAGACGTATACAAACACACATAGCCACACACTGCCCAGTTATTTTGAAAAAATATG
GAAAAATGTCATAGACATTTTTGGCAAAGCTGCCACAATAGTCTGTATGATTGACAACGATTTCCAATTGAGCACGGAGAATTGTATTATTGTCA
GAATGTTGGGTAAATTTTGCCTGCTTGCAGGGCCAATCAGTCAATTTGCTAACAGTTGATTTAACTAACCATGAATCTCCGTCCCAGGTATCGCG
CCGTCTCCGTGAACACTTCCGATACGCCAGTGCCGCGGGAGAGCAAGTCAAAGAAGCAGCCACAGTATGTGCCCACGATGCCGAACTCCAGCCAC

Sequence Listing - Page 2 - 09/30/2003 10:58:58 PM

CTGGACGCAGTGCCACAGGCCACGCCAATCAACCGAAACCGAGTGCACACGAAGAAGGTTCGCACATTCCCGATGTGTTTCGACGACACGGATCC
CACGGCTAGCCTGGAGAATGCGGCGCAGAAGGAGTGCCTGGTGCCCATTCGACTGGACATGGAGCTAGAGGGTCAAAAGCTGCGCGACACCTTCA
CGTGGAACAAGAACGAGAGCATGATTACTCCGGAGCAGTTTGCCGAGGTGCTGTGCGACGACCTGGACCTCAATCCCCTGCCCTTTGTGCCGGCT
ATTGCACAGGCCATCCGACAGCAGATCGAAGCCTTTCCCAACGATCCCCCCATCCTCGAGGAGACCTGCGACCAGCGGGTCATTGTTAAGCTGAA
CATTCACGTGGGCAACACCTCGCTCGTCGACCAGGTCGAGTGGGACATGTCCGAGAAGAACAACAACCCCGAGGAGTTTGCCATTAAACTCTGTG
CGGAATTGGGATTGGGAGGAGAGTTTGTTACGGCCATTGCCTACAGCATTAGGGGTCAGCTATCGTGGCACTGTCGAACGTACGCCTTCAGCGAG
GCCCCTCTATCAACGATTGATGTGCCCTTCCGGAATCCCAGCGACGCTGACGCATGGGCGCCATTCCTAGAGACGCTTACCGACGCCGAAATGGA
GAAGAAAATCCGCGACCAGGACCGCAACACGCGCAGAATGCGACGACTGGCCAATACCACAACTGGTTGGTGATCTTCCGCCGATCCAGCAATGT
GTCACTAATGTAATCCTCCTATTAAGTACCATTATGCATCCCAAATAAATGTGTGTCTGTCGATTTTAAAACCTATTGTCTTCTACGCGCTACTT
CCAAAAAAAAATAGTTCCAAACGATGTTACAAAATAAGCTGATACTCTTTACTGCTTACGCTAAACTCGAATCCTTATTCTACATTATCCAATACT
AACTTTCTGCCGAATCGGGCTTGTCTTGGTCCTGATCGCCGTCGTAGAACTCGTTCTTAGCATCAACCAGCTTGTCCTCATCGGCTACGGATATT
CGCACGTCGGGATCACTCGCCTCCTCCCGGTTGCTGCGCAGCTCCTCCAAGTCCACATCAGGCGGGGTCTGCACCATTTGGACGCTGGGCGAGTG
CTGGCACATCTTAAGGTTTTCATACACATGCTTAACGATGAGTTCAAGATACTGCTTTGAGTTAGCATTATCTTGGCGTGAGTTAATCTCTGGAT
GGAGTGTAAAGTCGGGGGCGAAAAAGTCGTAATACTCGGTGGCGGGTAGGTCATTTTCAATGTCTTGGTCCACCAGCAGCGAGGTCTCGTGCGTC
CAGCAGCGGGCCACGTTCCGTAAGGTGTAGCCACCGCCTCCGACCACCAATGTGGGTACGTTCAGTTCCTTCACAAATTTGACACACTCACCATG
TCCCTTGGTGCTCAGGGAGAAGCAACCTAGTCGATCTCCAGCTAGTGAATCCGCGCCACACTGCAAAACGATAGCCGTGGGCCGGTAGAAGTCCA
TAATGGCAGAAATTATGGGTTTGAACACCTGAAAATAGCTCTGGTCATCAATGCCCTCCTTTAGCGGCACATTAACGCTGTAGTATCGTCCCGAT
TCGGCGCCTATCTCGTACATGTCTCCCGTGCCGGGAAAAAAGTAGTTTCCGTATTTGTGGAACGAAGCCGTCATCACTCGGTCCGTAAGGTAGAA
CGCCTCCTGCACCCCGTCGCCGTGGTGCACATCGATGTCGATGTAGAGCACCCGAGGATGGTACTTAAGCAGCTCCAGAATGCCGATGACGATGT
CATTCACGTAGCAGAATCCGCTTGCC
(SEQ ID NO: 40)

Exon: 1001..1398
Exon: 1893..2826
Start ATG: 1127

Transcript No. : CT1273
GCAATAGACGCCATGTACATGTCTGTGTTTGTGTATGCGCCAAGAAAATTTAAGTCGCGGAATATTAACAAGGAATCCCTGCCAGAAACAGGGCA
TTGAGAGACCACAGAAGAAAATATACCCAACATGGCACTGCAGACATACGGGGACAAGCCGGTGGCCTTCCAGCTGGAGGAGGGCGGCGAGTACT
ACTACGTGGGCTCGGAAGTGGGCAACTACATGCGCCACTTCCGCGGCATTCTGTACAAGAAGTACCCGGGAATGACCCGCATCGTCCTGTCCAAC
GAGGAGCGCAAGCGGCTGGCTGAGTCCGGCCTCAGCTCCCACATCTTAGCCAGCTCTGTATCGCTGCTCCGCGCCGTAGAGGTGGATGATATCAT
GGCCGGCAACGATGAAAAGTATCGCGCCGTCTCCGTGAACACTTCCGATACGCCAGTGCCGCGGGAGAGCAAGTCAAAGAAGCAGCCACAGTATG
TGCCCACGATGCCGAACTCCAGCCACCTGGACGCAGTGCCACAGGCCACGCCAATCAACCGAAACCGAGTGCACACGAAGAAGGTTCGCACATTC
CCGATGTGTTTCGACGACACGGATCCCACGGCTAGCCTGGAGAATGCGGCGCAGAAGGAGTGCCTGGTGCCCATTCGACTGGACATGGAGCTAGA
GGGTCAAAAGCTGCGCGACACCTTCACGTGGAACAAGAACGAGAGCATGATTACTCCGGAGCAGTTTGCCGAGGTGCTGTGCGACGACCTGGACC
TCAATCCCCTGCCCTTTGTGCCGGCTATTGCACAGGCCATCCGACAGCAGATCGAAGCCTTTCCCAACGATCCCCCCATCCTCGAGGAGACCTGC
GACCAGCGGGTCATTGTTAAGCTGAACATTCACGTGGGCAACACCTCGCTCGTCGACCAGGTCGAGTGGGACATGTCCGAGAAGAACAACAACCC
CGAGGAGTTTGCCATTAAACTCTGTGCGGAATTGGGATTGGGAGGAGAGTTTGTTACGGCCATTGCCTACAGCATTAGGGGTCAGCTATCGTGGC
ACTGTCGAACGTACGCCTTCAGCGAGGCCCCTCTATCAACGATTGATGTGCCCTTCCGGAATCCCAGCGACGCTGACGCATGGGCGCCATTCCTA
GAGACGCTTACCGACGCCGAAATGGAGAAGAAAATCCGCGACCAGGACCGCAACACGCGCAGAATGCGACGACTGGCCAATACCACAACTGGTTG
GTGATCTTCCGCCGATCCAGCAATGTGTCACTAATGTAATCCTCCTATTAAGTACCATTATGCATCCCAAATAAATGTGTGTCTGTCGATTTTAA
AA
(SEQ ID NO: 41)

Start ATG: 127

MALQTYGDKPVAFQLEEGGEYYYVGSEVGNYMRHFRGILYKKYPGMTRIVLSNEERKRLAESGLSSHILASSVSLLRAVEVDDIMAGNDEKYRAV
SVNTSDTPVPRESKSKKQPQYVPTMPNSSHLDAVPQATPINRNRVHTKKVRTFPMCFDDTDPTASLENAAQKECLVPIRLDMELEGQKLRDTFTW
NKNESMITPEQFAEVLCDDLDLNPLPFVPAIAQAIRQQIEAFPNDPPILEETCDQRVIVKLNIHVGNTSLVDQVEWDMSEKNNNPEEFAIKLCAE
LGLGGEFVTAIAYSIRGQLSWHCRTYAFSEAPLSTIDVPFRNPSDADAWAPFLETLTDAEMEKKIRDQDRNTRRMRRLANTTTGW*
(SEQ ID NO: 42)

Name: Snf5-related 1
Classification: transcription_factor
Gene Symbol: Snr1
FlyBase ID: FBgn0011715

Celera Sequence No. : 142000013384244
GTCGTTGAGGGTCTCTATGTATATGCGGTACTCGCGGTTCTTGCGCTCTCTCGGAATATCGAAGACGTGGTCAAAGGACATAAGGTAAGTGATAT
AGTCCAGTTTCTCCACCGACCGCAAGTTGAGGTACAGCTCGTAGCACTCGTTGAGGTCCAGATAGCGACCGCCGCCCTCCTCGTCAGTGAACTCC
ACTAGGGCACTCATGTCGTCCGGATTGTTGTACACCCGAATCATCTCGTCGAACTCGACGGACAGCGGCACGCTGACCTCCGCCGGATGGGACTT
GTAGAACTGCTTGATTTGCTTGAGGCGGGCGTAGAACTCATTGAACTCGTTGGGCCCCGAAAGAGCGGCAATCTCCGCCTTTCGTTCATTGTCCT
TGTCCTCGTAGAGATCGCGTAGCTGGGACGTAGAGTTGTGATGCAGTTCCATGAGGTATTTAAGCCGGTGCTCCGAATGGATGCGCTCCTTTTCG
CCCGGCTTTTTGGTCGCATGCTCGTCCACCATCAGTTTGACCAGGCGCTCGCGCTCCTCGTGTAGGCGCCGCTGTTGCTCCAGGAGCGTCTCCAT
GGCTCTTGAATGCGAGGATTTAATGCGGGGAAATATCAAATGGAGGCCTTTCACTTAGCGAAATCCCGAAGAAAACACAACTTTTCGTCAGCGTG
TGTACATTAAAAAATACACTTACAATAAAGCAGGGATGGCTTATATTGTCACATCATATTATTGTCAGGTTATTATACTCCGATCACACTGGCAA
TTAATGTGGATTTCGGGAATGCAGATGTATCAAATTAACGCTCGATTATTCGAGTAATATAGTAATGATATTTAAAGAGCCAAATTGATTTTTCA
TTATCATATATAGATTATATCGCATGATTTTTCTACCTAGTCGATTAAAGTGAAGCCTCTGTTACAAATGCGATAACAATTACATCGTCTATCGG
TGGTCTGACAGCGACAACAAATACACATTTTTACCCTCGCAATCGCAGGGTCACACTTTCGTGAAATCATATGATCGATTTGCAGTGAAAATTTT
CAGACGTTGGGCAGAAGGCAAAAGTAACTTATCGTTTTCCACTTTCCTCGTGTTGGGCCGCCGTTTCCAACTCAGTTCGGCTGTGAATGTATTAG

CTTAATTAAATTTCAATTATTTCCAGGCACGGTTGTTGTACGTGGGCTTCTTTAAAACACTTGAATTTCCTTTCGGTTTGTGCAGTGAAAAAAAT
CAGTCAAAATGGCACTGAGCGATGCTGATGTACAAAAGCAGGTAATTGAAAACTTGGATTGGGAACGGGCAGGCGATCAAGGTCGTAGGGAAACA
AGCAAAACGAGAGGCTTCGTTTGCCTTTTTGCCTTTGCAATTTGCCTTTGCAATAAAGATGGCGAAGTCATGGGATCTCCCAGGTCATGTGAACT
TTTCACCGCCAGTAGTCCAATTAGACTGACATCCTTCCAAATCGGCCCGGTCATTTGGGAGTTGCCGGAGTTTTGACATATTTGTTGGCTAATGA
AGACACATCAATTTATTTGTCCAGATAGTTTGCGTAAAAAGTGAGTAAAAATTCGTGCTGGTCATGTGACACGGCCCCCGCATTGGAGCAATGTG
TTGGAGCGAGACGACTAGCCCTGCACCCCACACTCGTACTCTCTGTCACACGACCAGCGGACCCCTTACGTTATCAAAACTTTAACGAAAATAAA
TAGAGGCTAGGGTCTTGGACGTCTCCCTTTTCCATTTATCATGTCCAGTTATCATGTGACACACAGGCAACTACTAAACAGGACGACTGTTTCAG
ATCAAGCACATGATGGCGTTCATTGAGCAGGAGGCCAATGAGAAAGCCGAGGAGATCGATGCCAAGGCCGAGGAGGAGTTCAACATTGAGAAGGG
ACGCCTGGTCCAGCAGCAGCGTCTCAAGATCATGGAATACTACGAGAAGAAGGAGAAGCAAGTTGAGCTGCAGAAGAAGATTCAGTCCTCCAACA
TGCTCAACCAGGCTCGTCTGAAGGTGCGTGTCGTCCAGTTGGTGGCCCTAACATATACCGGAAAACACCTTATTTTTAATCATTCGTAATGTACC
CTGTAGGTGCTGAAAGTGCGCGAGGACCATGTGAGCAGCGTGCTGGATGATGCCCGCAAGCGTCTCGGCGAGGTCACCAAGAATCAGTCCGAGTA
CGAGACTGTGCTGACCAAGCTCATCGTCCAGGGCCTGTTCCAGATCATGGAGCCCAAGGTGATCCTGCGCTGCCGCGAGGTGGACGTCCCCCTGG
TACGTAACGTCCTGCCTGCCGCTGTGGAGCAATACAAGGCCCAGATCAATCAGAACGTCGAGCTGTTCATCGACGAGAAAGACTTCCTCTCTGCT
GATACCTGCGGTGGTGTTGAGCTGCTGGCCCTCAACGGACGCATCAAGGTGAGTACTGTCCTTTCGGTGGAGAGAGAGCAATCCCAACTGATCTA
ACAAACCACTTCAGGTGCCCAATACGCTGGAGTCCAGATTAGACCTCATTTCGCAGCAGCTGGTGCCCGAGATTCGTAACGCACTTTTCGGCCGC
AACGTCAATCGCAAATTCACCGACTAAATTCTATAAGTGCAAAACAAAACATAACTAACCAGAAAGAGAACCAGCATCAACACCTATTCAGCAGG
AACAGTTCAAGTTATTACAACAGAAGCTCCACCCACTAAATATTGAACCCAAGTAAACTTATCCTTTGGCAGTCAGGAGGCAACAGCTAGGATTA
TATTTGATTGCAAAATACTTTTGCCGTTGTCTTTGTAAAGTGAAATTGAAACACTCAAGAACATTTCGGTCCTTGTGTACGCAACAGTTTTAATA
GTAACCACACTAAACGCGCATATATATTCTCCGATATATATGTCTGTATGCCAATACTTATTATATAGTTTAGAGGACACGATCCTAGGAGCATA
CGAAAGCATAATACGAGTTTGTTAAAGTTTGTTCGTTTTTTTTTTACATATGCACATATTTCTGAGCAGTAGGTCTAGATATGTGCTTATATTGT
ATACATACACTTTAAAATTTTGCATACATTCCTGTCCAAGAATTTTTATTTCAGTTTTCCCCTCGTTTATTGTACATTATTTTCTGTAGTCTTTG
TTAACTTTTTATATGTCTATGTCGTTTATGTTCGTAATTATCAAGTGCAGCGTTCAGGAGGAACAACGGCAGTGGATCGCCCCTTTTACAGAGCC
GCTGGCAGGTTGCGCATGCGACCACACAGCATTGTTGCTCAGCGAAGCACCGAAATGGACCTAAACCCCCGATTTCGCTTCTTCGAGGGCAACGG
ACGCTTGTGCAACTGCCACTGGCTCAACGAAAGCCCCGAAAATCATCAATGTCTGTTGTTGTTGAGATACCGAGAGTAGAGAATACACACTGCTT
AGCACGCGACACTTAATACCCATTCATTACACATGCACCAACGACGATGAAGTTTTGCCAAGTAGCTAAGTTTGTTGACCTGACCATCAAGTGCA
GCTTTCACACCCTCATATAACTACTTAAAGAAAATATAGAAAAATGGAAATTAGTTTTGCAATTTAGGGGACTGCCGAACTGCCACCGTTTCCAC
CTGACGCTGCGCCATCATATCAGGCTCTAAAAATCAACACACCATGTTCAAACACACGACTAGCATACAGGAGCAGGAGCTACAGTAAATTTGAA
CCTTGTATTCGCATGTTCGCCAATGTTCATAGTGTATTCTTCAAGCTCATTTTCTAACCAAGTTACCAAGTT
(SEQ ID NO: 43)

Exon: 1001..1068
Exon: 1167..1276
Exon: 1806..2018
Exon: 2097..2423
Exon: 2485..2777
Start ATG: 1244

Transcript No. : CT1531
TCACACTTTCGTGAAATCATATGATCGATTTGCAGTGAAAATTTTCAGACGTTGGGCAGAAGGCAAAAGCACGGTTGTTGTACGTGGGCTTCTTT
AAAACACTTGAATTTCCTTTCGGTTTGTGCAGTGAAAAAAATCAGTCAAAATGGCACTGAGCGATGCTGATGTACAAAAGCAGATCAAGCACATG
ATGGCGTTCATTGAGCAGGAGGCCAATGAGAAAGCCGAGGAGATCGATGCCAAGGCCGAGGAGGAGTTCAACATTGAGAAGGGACGCCTGGTCCA
GCAGCAGCGTCTCAAGATCATGGAATACTACGAGAAGAAGGAGAAGCAAGTTGAGCTGCAGAAGAAGATTCAGTCCTCCAACATGCTCAACCAGG
CTCGTCTGAAGGTGCTGAAAGTGCGCGAGGACCATGTGAGCAGCGTGCTGGATGATGCCCGCAAGCGTCTCGGCGAGGTCACCAAGAATCAGTCC
GAGTACGAGACTGTGCTGACCAAGCTCATCGTCCAGGGCCTGTTCCAGATCATGGAGCCCAAGGTGATCCTGCGCTGCCGCGAGGTGGACGTCCC
CCTGGTACGTAACGTCCTGCCTGCCGCTGTGGAGCAATACAAGGCCCAGATCAATCAGAACGTCGAGCTGTTCATCGACGAGAAAGACTTCCTCT
CTGCTGATACCTGCGGTGGTGTTGAGCTGCTGGCCCTCAACGGACGCATCAAGGTGCCCAATACGCTGGAGTCCAGATTAGACCTCATTTCGCAG
CAGCTGGTGCCCGAGATTCGTAACGCACTTTTCGGCCGCAACGTCAATCGCAAATTCACCGACTAAATTCTATAAGTGCAAAACAAAACATAACT
AACCAGAAAGAGAACCAGCATCAACACCTATTCAGCAGGAACAGTTCAAGTTATTACAACAGAAGCTCCACCCACTAAATATTGAACCCAAGTAA
ACTTATCCTTTGGCAGTCAGGAGGCAACAGCTAGGATTATATTTGATTGCAAAATACTTTT
(SEQ ID NO: 44)

Start ATG: 146

MALSDADVQKQIKHMMAFIEQEANEKAEEIDAKAEEEFNIEKGRLVQQQRLKIMEYYEKKEKQVELQKKIQSSNMLNQARLKVLKVREDHVSSVL
DDARKRLGEVTKNQSEYETVLTKLIVQGLFQIMEPKVILRCREVDVPLVRNVLPAAVEQYKAQINQNVELFIDEKDFLSADTCGGVELLALNGRI
KVPNTLESRLDLISQQLVPEIRNALFGRNVNRKFTD*
(SEQ ID NO: 45)

Name: vacuolar H+-ATPase E subunit-like
Classification: enzyme
Gene Symbol: Vha26
FlyBase ID: FBgn0015324

Celera Sequence No. : 142000013384244
AATATCGAAGACGTGGTCAAAGGACATAAGGTAAGTGATATAGTCCAGTTTCTCCACCGACCGCAAGTTGAGGTACAGCTCGTAGCACTCGTTGA
GGTCCAGATAGCGACCGCCGCCCTCCTCGTCAGTGAACTCCACTAGGGCACTCATGTCGTCCGGATTGTTGTACACCCGAATCATCTCGTCGAAC
TCGACGGACAGCGGCACGCTGACCTCCGCCGGATGGGACTTGTAGAACTGCTTGATTTGCTTGAGGCGGGCGTAGAACTCATTGAACTCGTTGGG
CCCCGAAAGAGCGGCAATCTCCGCCTTTCGTTCATTGTCCTTGTCCTCGTAGAGATCGCGTAGCTGGGACGTAGAGTTGTGATGCAGTTCCATGA
GGTATTTAAGCCGGTGCTCCGAATGGATGCGCTCCTTTTCGCCCGGCTTTTTGGTCGCATGCTCGTCCACCATCAGTTTGACCAGGCGCTCGCGC
TCCTCGTGTAGGCGCCGCTGTTGCTCCAGGAGCGTCTCCATGGCTCTTGAATGCGAGGATTTAATGCGGGGAAATATCAAATGGAGGCCTTTCAC

TTAGCGAAATCCCGAAGAAAACACAACTTTTCGTCAGCGTGTGTACATTAAAAAATACACTTACAATAAAGCAGGGATGGCTTATATTGTCACAT
CATATTATTGTCAGGTTATTATACTCCGATCACACTGGCAATTAATGTGGATTTCGGGAATGCAGATGTATCAAATTAACGCTCGATTATTCGAG
TAATATAGTAATGATATTTAAAGAGCCAAATTGATTTTTCATTATCATATATAGATTATATCGCATGATTTTTCTACCTAGTCGATTAAAGTGAA
GCCTCTGTTACAAATGCGATAACAATTACATCGTCTATCGGTGGTCTGACAGCGACAACAAATACACATTTTTACCCTCGCAATCGCAGGGTCAC
ACTTTCGTGAAATCATATGATCGATTTGCAGTGAAAATTTTCAGACGTTGGGCAGAAGGCAAAAGTAACTTATCGTTTTCCACTTTCCTCGTGTT
GGGCCGCCGTTTCCAACTCAGTTCGGCTGTGAATGTATTAGCTTAATTAAATTTCAATTATTTCCAGGCACGGTTGTTGTACGTGGGCTTCTTTA
AAACACTTGAATTTCCTTTCGGTTTGTGCAGTGAAAAAAATCAGTCAAAATGGCACTGAGCGATGCTGATGTACAAAAGCAGGTAATTGAAAACT
TGGATTGGGAACGGGCAGGCGATCAAGGTCGTAGGGAAACAAGCAAAACGAGAGGCTTCGTTTGCCTTTTTGCCTTTGCAATTTGCCTTTGCAAT
AAAGATGGCGAAGTCATGGGATCTCCCAGGTCATGTGAACTTTTCACCGCCAGTAGTCCAATTAGACTGACATCCTTCCAAATCGGCCCGGTCAT
TTGGGAGTTGCCGGAGTTTTGACATATTTGTTGGCTAATGAAGACACATCAATTTATTTGTCCAGATAGTTTGCGTAAAAAGTGAGTAAAAATTC
GTGCTGGTCATGTGACACGGCCCCCGCATTGGAGCAATGTGTTGGAGCGAGACGACTAGCCCTGCACCCCACACTCGTACTCTCTGTCACACGAC
CAGCGGACCCCTTACGTTATCAAAACTTTAACGAAAATAAATAGAGGCTAGGGTCTTGGACGTCTCCCTTTTCCATTTATCATGTCCAGTTATCA
TGTGACACACAGGCAACTACTAAACAGGACGACTGTTTCAGATCAAGCACATGATGGCGTTCATTGAGCAGGAGGCCAATGAGAAAGCCGAGGAG
ATCGATGCCAAGGCCGAGGAGGAGTTCAACATTGAGAAGGGACGCCTGGTCCAGCAGCAGCGTCTCAAGATCATGGAATACTACGAGAAGAAGGA
GAAGCAAGTTGAGCTGCAGAAGAAGATTCAGTCCTCCAACATGCTCAACCAGGCTCGTCTGAAGGTGCGTGTCGTCCAGTTGGTGGCCCTAACAT
ATACCGGAAAACACCTTATTTTTAATCATTCGTAATGTACCCTGTAGGTGCTGAAAGTGCGCGAGGACCATGTGAGCAGCGTGCTGGATGATGCC
CGCAAGCGTCTCGGCGAGGTCACCAAGAATCAGTCCGAGTACGAGACTGTGCTGACCAAGCTCATCGTCCAGGGCCTGTTCCAGATCATGGAGCC
CAAGGTGATCCTGCGCTGCCGCGAGGTGGACGTCCCCCTGGTACGTAACGTCCTGCCTGCCGCTGTGGAGCAATACAAGGCCCAGATCAATCAGA
ACGTCGAGCTGTTCATCGACGAGAAAGACTTCCTCTCTGCTGATACCTGCGGTGGTGTTGAGCTGCTGGCCCTCAACGGACGCATCAAGGTGAGT
ACTGTCCTTTCGGTGGAGAGAGAGCAATCCCAACTGATCTAACAAACCACTTCAGGTGCCCAATACGCTGGAGTCCAGATTAGACCTCATTTCGC
AGCAGCTGGTGCCCGAGATTCGTAACGCACTTTTCGGCCGCAACGTCAATCGCAAATTCACCGACTAAATTCTATAAGTGCAAAACAAAACATAA
CTAACCAGAAAGAGAACCAGCATCAACACCTATTCAGCAGGAACAGTTCAAGTTATTACAACAGAAGCTCCACCCACTAAATATTGAACCCAAGT
AAACTTATCCTTTGGCAGTCAGGAGGCAACAGCTAGGATTATATTTGATTGCAAAATACTTTTGCCGTTGTCTTTGTAAAGTGAAATTGAAACAC
TCAAGAACATTTCGGTCCTTGTGTACGCAACAGTTTTAATAGTAACCACACTAAACGCGCATATATATTCTCCGATATATATGTCTGTATGCCAA
TACTTATTATATAGTTTAGAGGACACGATCCTAGGAGCATACGAAAGCATAATACGAGTTTGTTAAAGTTTGTTCGTTTTTTTTTTACATATGCA
CATATTTCTGAGCAGTAGGTCTAGATATGTGCTTATATTGTATACATACACTTTAAAATTTTGCATACATTCCTGTCCAAGAATTTTTATTTCAG
TTTTCCCCTCGTTTATTGTACATTATTTTCTGTAGTCTTTGTTAACTTTTTATATGTCTATGTCGTTTATGTTCGTAATTATCAAGTGCAGCGTT
CAGGAGGAACAACGGCAGTGGATCGCCCCTTTTACAGAGCCGCTGGCAGGTTGCGCATGCGACCACACAGCATTGTTGCTCAGCGAAGCACCGAA
ATGGACCTAAACCCCCGATTTCGCTTCTTCGAGGGCAACGGACGCTTGTGCAACTGCCACTGGCTCAACGAAAGCCCCGAAAATCATCAATGTCT
GTTGTTGTTGAGATACCGAGAGTAGAGAATACACACTGCTTAGCACGCGACACTTAATACCCATTCATTACACATGCACCAACGACGATGAAGTT
TTGCCAAGTAGCTAAGTTTGTTGACCTGACCATGCAAGTGCAGCTTTCACACCCTCATATAACTACTTAAAGAAAATATAGAAAAATGGAAATTAG
TTTTGCAATTTAGGGGACTGCCGAACTGCCACCGTTTCCACCTGACGCTGCGCCATCATATCAGGCTCTAAAAATCAACACACCATGTTCAAACA
CACGACTAGCATACAGGAGCAGGAGCTACAGTAAATTTGAACCTTGTATTCGCATGTTCGCCAATGTTCATAGTGTATTCTTCAAGCTCATTTTC
TAACCAAGTTACCAAGTTCAATATGATGAATAACTACAAGATTAGCAAACAAATACAAGTAGCATATGCGTTATTATATAACATCGAGTACTATA
TACATTACATGAAATACAAAATGCAAGAAAAATTACTTTTAAACAAAATTTATGTTGAATAAAAAACAGTATTTCCAAAAACTAAACTTAACTGT
ATAACAACTTCCTTTTGCAATGTTCTAATGATCCTAAAAACAAGACATGGGGTAAACTATTTTAAGAAATTCAATCTAGGACTTCAAATAAGTCT
TAATTAAGTACACCCATATTCTTGATCAGCAGAGTCAACTTGCTCATGTTTGTATGAAAACCTAGAACATAAAAAAGCCAGAAGGTCTGGACTAA
ACTCGCAGATTCCTGTAACTTGGAAGCACCACGAGTTTGCTTTAGAAGATGCCTTTCCGTTGAACTAAAACTAGACGAGTAAAGCGTATCTCAAA
CATTGTATCTTCCGAACCAAAATAGTGCTGCATACTTTTCGGGATATGTCTTATTCAATGTAAGTAATACAAAAAGAAAAAAGGTAACTTCTTAA
AACTTGTAATATTTGTCACAAATGAATGACGACTAGATTTGGCCATGTCTGTAACAATAAACGTACAAAATATTCGAAGTTGCAGAAATGGGGAT
CCAGCATTCGGATTTGGTTTTTTGTCAAACTTTTAAATATAGAATCGGACCACATCTTTTTAAGACCTTAAAAAACTGATTTGAAGTTAGACCCC
TCATAATGCCAACTAAATTTGTTAAACAAAAATATGCCCCTATATGCCAATCAAATTTAAATACAATGCTTTCTCAGCGTTTCAGTTAAATACTT
TGGGTTGTTTAATGGTTTTATACGTATACATGTGCTAAGTCCATGTATCTTATATTTCGTAAATCCATAGATTTTGTTCGACGAAACTTTGCTAA
ATGATATTGATCTTTCAAATATAACTTGTTAATTTCCTTTCATCGCCGTGGCAAATCCTTCGAGAGTGAGTACTACTTGTTAAACGCATATATGA
GGAAAATTTATTGATGAATAATGCGAACATGCAAACGGAACACATCCCCGAATTCACACAAAGCATCTCTGTGGTATCTCTTTTGGTTTTTTATT
TGTTGCATCAACTCCGCGGAACTCCAGCTAC
(SEQ ID NO: 46)

Exon: 1001..1222
Exon: 1752..1964
Exon: 2043..2369
Exon: 2431..3876
Start ATG: 1190

Transcript No. : CT1535
GGCAGAAGGCAAAAGTAACTTATCGTTTTCCACTTTCCTCGTGTTGGGCCGCCGTTTCCAACTCAGTTCGGCTGTGAATGTATTAGCTTAATTAA
ATTTCAATTATTTCCAGGCACGGTTGTTGTACGTGGGCTTCTTTAAAACACTTGAATTTCCTTTCGGTTTGTGCAGTGAAAAAAATCAGTCAAAA
TGGCACTGAGCGATGCTGATGTACAAAAGCAGATCAAGCACATGATGGCGTTCATTGAGCAGGAGGCCAATGAGAAAGCCGAGGAGATCGATGCC
AAGGCCGAGGAGGAGTTCAACATTGAGAAGGGACGCCTGGTCCAGCAGCAGCGTCTCAAGATCATGGAATACTACGAGAAGAAGGAGAAGCAAGT
TGAGCTGCAGAAGAAGATTCAGTCCTCCAACATGCTCAACCAGGCTCGTCTGAAGGTGCTGAAAGTGCGCGAGGACCATGTGAGCAGCGTGCTGG
ATGATGCCCGCAAGCGTCTCGGCGAGGTCACCAAGAATCAGTCCGAGTACGAGACTGTGCTGACCAAGCTCATCGTCCAGGGCCTGTTCCAGATC
ATGGAGCCCAAGGTGATCCTGCGCTGCCGCGAGGTGGACGTCCCCCTGGTACGTAACGTCCTGCCTGCCGCTGTGGAGCAATACAAGGCCCAGAT
CAATCAGAACGTCGAGCTGTTCATCGACGAGAAAGACTTCCTCTCTGCTGATACCTGCGGTGGTGTTGAGCTGCTGGCCCTCAACGGACGCATCA
AGGTGCCCAATACGCTGGAGTCCAGATTAGACCTCATTTCGCAGCAGCTGGTGCCCGAGATTCGTAACGCACTTTTCGGCCGCAACGTCAATCGC
AAATTCACCGACTAAATTCTATAAGTGCAAAACAAAACATAACTAACCAGAAAGAGAACCAGCATCAACACCTATTCAGCAGGAACAGTTCAAGT
TATTACAACAGAAGCTCCACCCACTAAATATTGAACCCAAGTAAACTTATCCTTTGGCAGTCAGGAGGCAACAGCTAGGATTATATTTGATTGCA
AAATACTTTTGCCGTTGTCTTTGTAAAGTGAAATTGAAACACTCAAGAACATTTCGGTCCTTGTGTACGCAACAGTTTTAATAGTAACCACACTA
AACGCGCATATATATTCTCCGATATATATGTCTGTATGCCAATACTTATTATATAGTTTAGAGGACACGATCCTAGGAGCATACGAAAGCATAAT
ACGAGTTTGTTAAAGTTTGTTCGTTTTTTTTTTACATATGCACATATTTCTGAGCAGTAGGTCTAGATATGTGCTTATATTGTATACATACACTT
TAAAATTTTGCATACATTCCTGTCCAAGAATTTTTATTTCAGTTTTCCCCTCGTTTATTGTACATTATTTTCTGTAGTCTTTGTTAACTTTTTAT
ATGTCTATGTCGTTTATGTTCGTAATTATCAAGTGCAGCGTTCAGGAGGAACAACGGCAGTGGATCGCCCCTTTTACAGAGCCGCTGGCAGGTTG

Confidential - Subject to Protective Order

CGCATGCGACCACACAGCATTGTTGCTCAGCGAAGCACCGAAATGGACCTAAACCCCCGATTTCGCTTCTTCGAGGGCAACGGACGCTTGTGCAA
CTGCCACTGGCTCAACGAAAGCCCCGAAAATCATCAATGTCTGTTGTTGTTGAGATACCGAGAGTAGAGAATACACACTGCTTAGCACGCGACAC
TTAATACCCATTCATTACACATGCACCAACGACGATGAAGTTTTGCCAAGTAGCTAAGTTTGTTGACCTGACCATCAAGTGCAGCTTTCACACCC
TCATATAACTACTTAAAGAAAATATAGAAAAATGGAAATTAGTTTTGCAATTTAGGGGACTGCCGAACTGCCACCGTTTCCACCTGACGCTGCGC
CATCATATCAGGCTCTAAAAATCAACACACCATGTTCAAACACACGACTAGCATACAGGAGCAGGAGCTACAGTAAATTTGAACCTTGTATTCGC
ATGTTCGCCAATGTTCATAGTGTATTCTTCAAGCTCATTTTCTAACCAAGTTACCAAGTTCAATATGATGAATAACTACAAGATTAGCAAACAAA
TACAAGTAGCATATGCGTTATTATATAACATCGAGTACTATATACATTACATGAAATACAAAATGCAAGAAAAATTACTTTTAAACAAAATTTAT
GTTGAATAAAAAACAGTATTTCC
(SEQ ID NO: 47)

Start ATG: 190

MALSDADVQKQIKHMMAFIEQEANEKAEEIDAKAEEEFNIEKGRLVQQQRLKIMEYYEKKEKQVELQKKIQSSNMLNQARLKVLKVREDHVSSVL
DDARKRLGEVTKNQSEYETVLTKLIVQGLFQIMEPKVILRCREVDVPLVRNVLPAAVEQYKAQINQNVELFIDEKDFLSADTCGGVELLALNGRI
KVPNTLESRLDLISQQLVPEIRNALFGRNVNRKFTD*
(SEQ ID NO: 48)

Name: vacuolarH+-ATPase E subunit
Classification: enzyme
Gene Symbol: Vha26
FlyBase ID: FBgn0015324

Celera Sequence No. : 142000013384852
CAAAGCCTGCAGATCGCTGTAAATTAAATTTTTACTAAAGGTATCAAAAGACTAAGGTCGCTATGAATCGTTGAAAATATCCAAAATGGCCAGAG
TTTGGATCAATGAAATTCGTTTAGTGTAAATTGAATAATACCATTTACTCGTAGAGTACAAGTGTACACTAGATTCATTGCAATATAAACTCCGA
GATCTCGGATTCATCTTTGTTTTAAGTTTTATATCCATTTTTATAATTTGAATACAAAGTCTAGTGTAAGACAGTTATACCCGTTTCTCGTAGAG
TAAAAGGGTATACTAGATTCGTTTAAAAGTATTTTATAGATAGAAGGAAATTTTTTCCGACCATAAAAAGTATATTAATTCTTGATCAGGATCAA
TAGCCGAGTCGATCTGGCCTGGTCCGTCTGTCTGTCCGTCTGTGTGAACGTCGAGATCTCTGGTACTATAAGGTTGAGATTAAGCATACAGATTC
TTAAGACATAGAGGCAGCGCAAGTTTGTTGACCCATATTTTGAAAAATGTTTTGATATGTTTTTATAATTTTATTAGACTTGTAAATTTCTATCG
ATTTGCCAAAAAAATTTGCCACGCCCACTCTAACGCCCTAAAACCGCCCAAAACTGCCACGCCCACACTATTGCAAAATGTTTACATTTTTTTCA
TAATTTTATAAGTCTTGTAATATTCTATCGGTTAGCCAAACAATTTTTTTCACGTCCACTCTAACGACCTTAAGCTTCCAAACCGGTCACGCCCA
CACTTTTAAGCCATTTTTAATTTGTTTTTCATTTTATTCCCCATCTATCGATATCCCAGAAAAATTATGAAATTTCGCGTTCGCATTCGCACTAG
CTGAGTAACGGGTATCTGATAGTCGTGCAACTCGACTTAAGCATTCTCTCTTGTTTTACATTTCAGTTTTTGGCCACAAGCCGCCCGTATGCATG
ACCCACGCTTTCAAAATTTTTTATTATATATTTCTTTTTTTTATTTTTTTCCCAACTTCAATCGATATGGAAGAAATTTCTCGTTTGCTCTTTCA
CTAGCTGAGTAACGGGTATCTGATATTTGGGTATCTTAACTTCGCTTGTTTTTTAGTGAAAGCCATTTTTTTCAAATGGTTTGTACACCTTTATG
AGAATGTTATTGCTTTTATTGTATCTCGTAAACTAAATATATGGTAGAAATGGTCTTGATCTTTTAAACACAAGTCATAGGGTTTTCCGTTTGGA
ATCCACAAGAGTATATGTCGTAAAAGTCCTTGTTCTGTTTAAGGCCCAGATAGAAGACATGCTCGGCCAGATCCTTCCCAAACTCACAGAAGTTC
TGAGCGTAAAGAGTAAAAAATATACGCTTGTTGTCAAGATGGTACTTTTGAAGGACGCCATTTTCCTGATCGTATATCCCACTGTTCTGTGGAGG
CGAGTTGATCCAGGCGCTGTAGTCTATCCAGGCCGCTCGGAAGCTCTTTAAGTAGATCACAGCCAGCATTCTGGCCTCATCCAGAACATTAACGA
ACTGCGGCAGCCTTAAACACTCCACATCTTCGCGAAACCGCGTGAAATCACGCTGACGCTCCAGACTATTAAAAAGCATCATGTACAAATGGACC
GTAAACGTGGAGTAGAAGTAGGACATGGGCTTGTTGCGGCTCTGAAAGAGGTACATGCTCCAATCCAGCATGGTGCGCTGAACCCCCAATTCGTA
TGTTGAATTCAGTTTTCTGTGCTGCTCCAGATTGCGAACGTTGTGTTCGTAGCTCTCCCGGTAGATCCGCAGGTCCTTGTACTCCCGGCTCAGGT
CTCTAGCATGGAAGTAGACTCGCGGCGTTTTAAATTTCTGCTTATACGTGGCCAGCTTGCTGAGAATGGGATTCGACTCTCTGTCCTTCTGAAAC
CTGACGACGAAGCGGTCCAAAATGCCCAGAAAGTCATCCAGCTCGTGGGATTCTCCATTGAGCATGTTTTTTGTAACTATATACCCGAAAAGTGG
CTTGAAATACTCATAGGTCTCACGATAGCAGTCTTCCAGCGCGTGGTGCACGTTGCAGGAGATGAAGAAGTCCAGCGTCTTCTGCTTAGCCTCGA
ATGGCTCTGGATCGTTCTGCAGCTCGGTCAGCAACTGCATAAGATCGCCCATTTGCGGCATGTGTCCTTGGATAGGGTATATGCATTAGGCACTC
CCCCAACACAGGCTTTCCTCACTTACCCATGATCGAAAAGAGGGGTCGATTGCGGCTACAGACGTAGTCGAAATAGCTCTCGCAGGCATACTTTT
CGGTGTTGATGGAGCCCTGTATACGAACCGACAATTTTTCAAGTTCCCTTATCCGCAGCTCCGACAGGTGCCGCACGTATCCCACTTGGCAATGC
CCTGAACCAGTCAACATCAACAGAATAAGCGCTACGGATGCGCCGATTGCAAGACTTGAGGTTGTCATCGCAGAGCTCAAGTCACTGGCAACCCA
GCTTTTGCGCCAGCCTATCGGACCCCTCAACGGATGTCGGATTTCGTTGCACAGTAGTTCGAGAGAGAGTCACTTTTCAAATACGTCTATCACTG
GGCAACGAAACTATTTAACTTCAATTGAAATGTAAGCACAAAACTCCGTATCCCCTGGTATTAAATAACTAAAATAACTTATTGAATGTTTCAAT
TTTTAGTAAAAACTTTTTTATTACTTTTGACAATATTTAAAAAGATTTTCTGTCCAAGTGGACAATAATTAAATGATTGTGGGCTGACATTGACA
TAATTTATTTTTATCATAATGAACGTTTGAAAAGCATAGATAGTATTGAAAAATGCCCTATTAGTGCAACTCAGTATATGTTTTTATGGTGTGTT
TTCAACATTTTCAACTTATGCTTCTTCAACGTGTTTAACCAAAAATTTATCCGGACTTTAGAAGAACGTTTTGTTGCAGACAGTTACAAACAGTT
CTCCAAAATCACAATAATCAATCTTTACCGTTTTACCTTTTTTATTTTATCGCGCACATATAAACGGTCTAAAAACCAATTAAACGCTCACATTC
CTATTTTATCATTTTTACTTGAAAATGCAAAAACACCCGAAAGTTCTCGGGTTGTTTGTTGTTTTTATATTGTTGAATTATTAGAACGGATTTAT
ATATGATCTTATTACACTCGCACCACAGTGCATTGCTCAATTCGAGGTCTTATTTTAATTCAGTGAGTGAGTTCCTATGCTTAATTATATTTCCG
AAGCGATAAGAATGTCAAGTCCTATCAGGAAAATTTCTCTCCCACTGTTTTTACGATCGCGCTATTCTGGAATATGGGCTTTGCATCGTTTCACA
AGTATTACGAGTTATATCTGACTAAGCGTAGACAACAGTGTGCAGTTGCTTATGAAAGGAATGATTTAAATATACATATACATACATAATATACA
TATATTATATTATATTTGTTGGT
(SEQ ID NO: 49)

Exon: 2443..2212
Exon: 2156..1001
Start ATG: 2443 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT1569
ATGACAACCTCAAGTCTTGCAATCGGCGCATCCGTAGCGCTTATTCTGTTGATGTTGACTGGTTCAGGGCATTGCCAAGTGGGATACGTGCGGCA
CCTGTCGGAGCTGCGGATAAGGGAACTTGAAAAATTGTCGGTTCGTATACAGGGCTCCATCAACACCGAAAAGTATGCCTGCGAGAGCTATTTCG
ACTACGTCTGTAGCCGCAATCGACCCCTCTTTTCGATCATGGGACACATGCCGCAAATGGGCGATCTTATGCAGTTGCTGACCGAGCTGCAGAAC

GATCCAGAGCCATTCGAGGCTAAGCAGAAGACGCTGGACTTCTTCATCTCCTGCAACGTGCACCACGCGCTGGAAGACTGCTATCGTGAGACCTA
TGAGTATTTCAAGCCACTTTTCGGGTATATAGTTACAAAAAACATGCTCAATGGAGAATCCCACGAGCTGGATGACTTTCTGGGCATTTTGGACC
GCTTCGTCGTCAGGTTTCAGAAGGACAGAGAGTCGAATCCCATTCTCAGCAAGCTGGCCACGTATAAGCAGAAATTTAAAACGCCGCGAGTCTAC
TTCCATGCTAGAGACCTGAGCCGGGAGTACAAGGACCTGCGGATCTACCGGGAGAGCTACGAACACAACGTTCGCAATCTGGAGCAGCACAGAAA
ACTGAATTCAACATACGAATTGGGGGTTCAGCGCACCATGCTGGATTGGAGCATGTACCTCTTTCAGAGCCGCAACAAGCCCATGTCCTACTTCT
ACTCCACGTTTACGGTCCATTTGTACATGATGCTTTTTAATAGTCTGGAGCGTCAGCGTGATTTCACGCGGTTTCGCGAAGATGTGGAGTGTTTA
AGGCTGCCGCAGTTCGTTAATGTTCTGGATGAGGCCAGAATGCTGGCTGTGATCTACTTAAAGAGCTTCCGAGCGGCCTGGATAGACTACAGCGC
CTGGATCAACTCGCCTCCACAGAACAGTGGGATATACGATCAGGAAAATGGCGTCCTTCAAAAGTACCATCTTGACAACAAGCGTATATTTTTTA
CTCTTTACGCTCAGAACTTCTGTGAGTTTGGGAAGGATCTGGCCGAGCATGTCTTCTATCTGGGCCTTAAACAGAACAAGGACTTTTACGACATA
TACTCTTGTGGATTCCAAACGGAAAACCCTATGACTTGTGTTTAAAAGATCAAGACCATTTCTACCATATATTTAGTTTACGAGATACAATAAAA
GCAATAACATTCTCATAAAGGTGTACAAACCATTTGAAAAAAATGGCTTTCACTAAAAAACAAGCGAAGTTAAGATACCCAAATATCAGATACCC
GTTACTCAGCTAGTGAAAGAGCAAACGAGAAATTTCTTCCATATCGATTGAAGTTGGG
(SEQ ID NO: 50)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MTTSSLAIGASVALILLMLTGSGHCQVGYVRHLSELRIRELEKLSVRIQGSINTEKYACESYFDYVCSRNRPLFSIMGHMPQMGDLMQLLTELQN
DPEPFEAKQKTLDFFISCNVHHALEDCYRETYEYFKPLFGYIVTKNMLNGESHELDDFLGILDRFVVRFQKDRESNPILSKLATYKQKFKTPRVY
FHARDLSREYKDLRIYRESYEHNVRNLEQHRKLNSTYELGVQRTMLDWSMYLFQSRNKPMSYFYSTFTVHLYMMLFNSLERQRDFTRFREDVECL
RLPQFVNVLDEARMLAVIYLKSFRAAWIDYSAWINSPPQNSGIYDQENGVLQKYHLDNKRIFFTLYAQNFCEFGKDLAEHVFYLGLKQNKDFYDI
YSCGFQTENPMTCV*
(SEQ ID NO: 51)

Celera Sequence No. : 142000013385194
GCGTCCTCCGGCGATGTGTCTGCCGAGGCGTTGGCATTCTCCCCCTCGAGCTCCGCCTCATCGTCGTCGTCTGGCAAGGGGCCGGGAATCGGTGT
CTCACCGTTCTTCAGGCAATTGTGGATGTAGGCGGCCTTCCACTTGGCGTACTTCCTGTTGTGCAGCGCCTCTTCGCTCAGTTCACCGAAGGTCT
GGAGAATGTCGTAGAGCACACCACTGGAGTAGAAGGCCTTAACGACGTTTCTGCGAAGAAGCACAATCTTATGAATCAGGAAAATCGATTCAGGG
TATTTCTACGAAGGGAACGCACTTTCCGAAGTTCTCCTCGCGATCCTGTTTGTCGGCGTACAGGAATAGTTTCAAGGCGTAGTTCTCGATGTGTG
CCTGGGCAGCCACCTCGTTGGTGATGGCCTCGTTCTCAGCATACTGTTTCTTCATCTGCTCCAGCCAGTCCATGATGCCTGGCGGTCGTAGGGAA
AACCAAAACAAAACAAACCACGGATGAGTCATAGGCTGGTAATATGCGTATCGGATTTTTCACTCACCCAGCAGCAGTTTGGTTTCTTCACCCGT
TTGGGTGGAGGCTTTGAGGCCCACCTGGAGAGCACTGGATTCGGAAGATGAGTAAATACGGGCAAAACAAGAAAAACTAATCTGTAGATACTCAC
TAGAGTCTCGCCCAGTAGGCGATGACCACATCCCGGGTATCATGTTCCTGGGCCAGCTTCAGAAAGTGTTGGATGGACTTCAGCGAGGGAGGACA
AGGCGGAAACTCCATCGTGGTGGAAAGAGGGCTTAATCTTTAGTTCTATGCTTAATTACGGATCTGGAAAATTATGCCGACAACAATGGAAATGA
CGAGCACGCAGAGTGACCAGATATCGCAGTTTCTCGAATGCCATGGAACCACCCCAGTTCCAAACTCTGGAACTAGCGAAATACTAAAGTTTGTA
CCTTCGGCTAAAGTTGTTGGTTCGGCGCTCAGTTGCGAATCTGCGACCAAAACGTTTGGAGTTTCTCAGGTAAGCACTGGACTCTGGGAACTGGT
TTTCGCTGTTATCAGTGCGACCAGTTGCACTTTGCACTTTGACCTGCATCCTTCACACCAGTCACATTCCAGGCACATCTCTGCACCACCGGCAA
CATGGTTCTCTCCAAGCCCCTGTACTCGCTCTTCGGCACTTATCTGGAGCAGCTCTTCAACCACCCGGTCCGCACCAAATCCATTACGGCGTAAG
TACACTATTCGCCTTATCATCCGGTTCGCCTCACCCACCGGCTGCTCCTTACTGCAGATGCGTTCTGGCCACCTCGGCTAATGTCACCTCCCAGC
GTTTGGCGGGCGCCAAGACCCTCAACCAGCAGAGCGTATTCGCCTACGGACTCTTTGGACTGATCTTCGGCGGTAGTGTGCCGCACTACTTCTAC
ACGACGGTGGAGCGACTCTTCAGCCAGGATGTGCGCTTCCGAAGATTCTTCCTGTTCCTGTCCGAGCGACTGGTCTATGCTCCGATTTACCAGGC
ACTGTCCCTGTTCTTCTTGGCCCTGTTCGAGGTGAGAATCCATAATCCGCAATCTCAGTTCCTAGAACTATAATTTGTAATCCCTTACAGGGCAA
GTCTCCCAGCACTGCATTGAAGAATGTTGAGAAGCTCTACTGGCCTCTGCTGAAGGCCAACTGGCAGTACCTGTCCGTGTTCGTGTACCTCAACT
TCGCCTACGTGCCCCCGATGTTCCGGTCCATCAGCATGGCCATCATCTCCTTCATCTGGGTGGTGTACATCGCCCAGAAGCGTCGCCGCTTCCAG
GACAAGCTGGCCGCCAAAGAGGCAGCCAAATAGGCTATACGACCCTTAAACCCTGTGGTAGTCGTCTTGGCCTAATATTCCAATTACTGCTTAGA
TTACGGCTGAACTGCTTCAAGTTCTTTATCTTCCCGCGTTCCGGCGGATTGCAAAAAGTCCGTGTGTATTTGAACACTTTAGATAAGCTAAAACT
AACTGGAGGGGCGCCTTATCAACCGACTGTTGTTATACCTTAAACCCTAAATTTTGTAAACTTTTCTTACCAAAATAAACTAATATACAATGTAT
AAGATATCTAGATATCCATGGCCAAATTTGGCCAACAGAAATGCTTAACAAGTAGCGACAATCGTCGATCTAACATCCCATTTCCATTGCGCACA
ATGGATCCCAATTTGAGAAATTCCAAGGCAACCTTTTGAGATGCAACAAATAATGTCTGTTTTTTTTTTATTAAAACGCAGCTTAGAACTAGCAA
ATAATCGAGCAAAGGCTTACAAACGAGAATTATTGGCTTTTTATCGGCGCTACAATATAATTTCGCTAGTAAATTCATGGGCAGATGACTAACTT
AGGGCTACGGAATGCAGTGTAAAACAAGTTAAATGCGCATAACAACTATCTTAAAACTAGGATTCTGACTAGAGGAGGTGACTACGATGATGGTG
ATGATTGTGGGGGGCACCTGTGCCTCAAGACTCGCCGCACATCCTGCGCAGCGACGCGGTTAACACTCAGAAGGCGGCCATCGACGGACTCCGGC
TGTTGCGCAGGGGCGTGAGAAGGGGCGTGGCAGGACTGCTGGCGCGGCTAAAGCAACTGGAGCAGCAACTAGAGGCATCCTCCACCTCGCCCTCG
GCGTTCGCCTTGTGGTGATAGGGAATCGGTCGCTTGCGAGCGCTGAAAGCATAATGAATAGATTAGTATGGGATTCGTGTAGCAAGCTTAAAAAC
CAAAGGGCAAATATGAAAGTAACTCACCAAACTGAAAATCGTAAGGAATAGAAAAGCAGTGGCTAAAAATCAAACAAAAGAAATCCTATAAAACC
ATATAATCGGTAAAGTGACAA
(SEQ ID NO: 52)

Exon: 1001..1019
Exon: 1109..1230
Exon: 1293..1551
Exon: 1611..1871
Start ATG: 1142

Transcript No. : CT1579
AACGTTTGGAGTTTCTCAGACATTCCAGGCACATCTCTGCACCACCGGCAACATGGTTCTCTCCAAGCCCCTGTACTCGCTCTTCGGCACTTATC
TGGAGCAGCTCTTCAACCACCCGGTCCGCACCAAATCCATTACGGCATGCGTTCTGGCCACCTCGGCTAATGTCACCTCCCAGCGTTTGGCGGGC
GCCAAGACCCTCAACCAGCAGAGCGTATTCGCCTACGGACTCTTTGGACTGATCTTCGGCGGTAGTGTGCCGCACTACTTCTACACGACGGTGGA
GCGACTCTTCAGCCAGGATGTGCGCTTCCGAAGATTCTTCCTGTTCCTGTCCGAGCGACTGGTCTATGCTCCGATTTACCAGGCACTGTCCCTGT
TCTTCTTGGCCCTGTTCGAGGGCAAGTCTCCCAGCACTGCATTGAAGAATGTTGAGAAGCTCTACTGGCCTCTGCTGAAGGCCAACTGGCAGTAC

CTGTCCGTGTTCGTGTACCTCAACTTCGCCTACGTGCCCCCCGATGTTCCGGTCCATCAGCATGGCCATCATCTCCTTCATCTGGGTGGTGTACAT
CGCCCAGAAGCGTCGCCGCTTCCAGGACAAGCTGGCCGCCAAAGAGGCAGCCAAATAGGCTATACGACCCTTAAACCCTGTGGTAGTCGTC
(SEQ ID NO: 53)

Start ATG: 53

MVLSKPLYSLFGTYLEQLFNHPVRTKSITACVLATSANVTSQRLAGAKTLNQQSVFAYGLFGLIFGGSVPHYFYTTVERLFSQDVRFRRFFLFLS
ERLVYAPIYQALSLFFLALFEGKSPSTALKNVEKLYWPLLKANWQYLSVFVYLNFAYVPPMFRSISMAIISFIWVVYIAQKRRRFQDKLAAKEAA
K*
(SEQ ID NO: 54)

Name: putative transporter
Classification: transporter

Celera Sequence No. : 142000013384359
ATTAAAGAGCTCCGCCATCTCCATCTTCATTCGCCATCCCAACCCATCGAACCCAAGCTCGACCTCGAAGAAAGGCCGCCACAGAAAGTCATCGA
ACTTTCTCCGTGTTCTTTCGCCGACTAATTTCTATATTAGGTGTCATGGTCTCGGCTGTCGGTGGTTCTATTAATTACCCCAACAGCTGCGATCA
TTTATAACTTAGTCGGGGTAGTCAATCTTGCGATCTGTTACAATTTGTAAGTGGAAAACCCGTGGAGTCAGTGGAGCTCCCAAGGTGCGCAAGGT
CGAACAAATTTGCCTAAACACAATCGCAAAGATTAGCAGCCAAATTGCCGTGTCAAGTGAACCTCTCGAAGTTGGGAACCCAGTGGCTCCTCCAG
AAGAAAGAAAAGATCCGACCCGACCCGGCTATTATACAATCGCGTGACTCTTCTCAGAGCTGCTGCGAATATTTGTTGCCCAATTCACCTTTGTA
AACGGTGACATGCGAACAGAATGGTTATGGATAGAATGGTTAGATGGATGGAGCTGCGGATGGTGCCAATGGTGGCCCCAAGCAGCGTCTGAGCT
GTAATTAATAGCAGCTTACGGGTTAGTCGCAAATTAGCCACATGACACAGCGCCAGCGAAGGCGTAGGAGTCTGGAGACATAACCGAGACGGTTC
CTCGTGGGCGGAACTGACCCCATCCGGGAGAACTCCTAAGCTCTTTAGCACTTCCCTTCGTTTTTACCAGCGACGGTTGAAAAAGTCGCTAACAG
CATCCGTTCGATTGGAGGCGTTGCGTTTGACGAGTTTTACAGCGTGGGTGTGTGTGCTTACCACTCTAATTTACTCGAAATACATTAAGTTTGAT
TTAAGTCGTAAATATGCTAATAAAAAGCATTTAACTCGGATTAAAACTCATTATTTATACTGCAAAACTTTACACTGTCTATTAGTCAACTTCTA
TAAACGAAGTGTGGATAAAATATTAAAACAAAAATATTTATGATTTATACATATGTCCATATGCTTTTTATTTCAGAAGTTTGTTTTTTTGGGGT
TTACTAAGTACTAGAATATATTAAACACTCGCAGCCAGCCTGCTCTGATCGCAACTAGTTGAGGGGATTCGATGTCTTGGCGCTCTCCTGGCGGA
TGGCGTTGATCAGCTCGTAGTTGACCAGGAAGGTGAAGCGCAGACCGGATATTTCCACTGTGCAGTTGTGACCGAGTCGAGCTTTGTTGGCGGAT
AGCAAAGGAGTGCCGTCGATAAAGATGGCCCTCTTTCCCTCGTTAGCGATGAAGAAATCCCCATTGCTGCGCAGCTTAATGGTTCCTTGGCGGCG
AGAGATCTTCGCAGCCGGTCCCTCGAGCCCCAGATCCACGTCCACCACACAGTCCTTGGCATCGCGACCAAATGTTATTTCCTTGGAACGCATTA
GGTACCGCACATGGCGGCCACACAAGCAGGCCAGTGTCTGGTTGTCGAACTCGGAGGCAGCGGTCGGACTAAGCACGGAATCCACCAGGACGGCC
CAGCGCGAGAGCTCGTTCTCCAGCAGGCGAATATTACGTTTGTTGCGACGATCTGCCAGAGCTCGCTCCATCTCGAGAGCTTCGTCACGTGGCTC
GTTCAGGTCGTGCTCGAAGATTTGATCTTCTGCATCCGAGAAGCTGAGTGGCTGCTGATCCGTGCCATATATAGGCTTCACTGACTGATCCGGCA
ACAGGGTGTACTGCTTGAGAAGAAGCCAATGGTTTTGCAAGGATTTGGCAGTGCGGGCGCAGTAGAAAACGGAGGCATTCTTATCCAGTAGCTCC
TGGAACTGCTCAAGTTTTGGTTGTTCCGACTGTGAATTGAATTACTGATTAGAAAAAGCTTAAATCATGATGAAAATAGTGTACTTACGCTCTTA
ATGGTGCCAAGCAGATCCTCCTCCTGCACGCTGTACAAAGCTTTGCGCTGAACGGACTCCACGAGTTCGGGGTGCAGGTTCCTTATGGCGGACAC
TGCAATCCTGGACACCGCAGGCTCATACAGCAGAGCATACCAGCGCTGCTGTAGTTCCTGCAGAGTAAACTTGCAGGAAAACTTAACGCCGCGAT
GGATTATCCGCAGATCGTTGGTCTGCTGGATGCCAATTATGAGGGCCAAGTCGTCAATGGGCTTCCAGCGGCCCAAATCCTTGGTGGCCATCTGA
CCCATGGGACGACCATTTCTACGCTGCGCCTTTTTGCTGGCAGGACGCACTGGGCGCGAACGGCGCTCGCTGGTCGTGGAGCGCTCCATGGCCGG
TGGTTTGGGATGCGCGACGGCAGTCACAATTGGGGCAACTGGAAGGGGAGTGGCCAAGGGAGCTGGCGTTGTGGGCGTGGCCAGTGACAGCGATG
CAACAGTGCTAGGTGTCCCCGGCAGCAGGGAATCAACTGAAAGCGGCGTCTGTGGCGTGGAAGTGGGTATGTTAAGAGGCGCTAACGTGGTGTGC
GGCACGCCCACCAAAGCTGGATAATTCTGGGAGGTGGTGCGAGGCCTGCTGCTGCGATTGGCGTCTGTTCCGCTGCGATTTGTGGGCACCGCAAT
GTTGTACTCAACTATTTCGTCATCAAAACGCTTCCTTTTAATCGTCCGCGATGAACTGTTTCGATGCAAAAGGAGCTGCCACTTAATCTGTCAAT
TTTGACATATGTCATCGTCTCACCTTCTTCGCTTTTGATCGTTTTGCTGTTCTATCTGCAGATTTGAAATGGGATTTCGTATCGGCGTTGAAATT
CCAACGGCACTGCTAGCTGTACTTCCTATTGTGGTTGTTGTTGTTGTGGCTGCTGGTGTTGGCATGGTTGTTGTTGCTGGCGACACGCCTACCTG
GATTAGTGTGCTCGCAGCTGCTGTGGGAATGGTGGACACTGTGGGGGGATTGGGAGCGGTAACGGACACTGCACTGCTGGCGATCGCGGTTATTC
TTGATGCCTCCATCGCTCTAGCGGGCTGTTTATGGGCTAAAATGTATTTATTTTCGCGACGCACAGCTCAGCAGTGTGACCGCACCAGCAGGAAA
AAGTATATCACTTGCAGAGTTGCCACGTCTTCGAAATAAAGTGTCACTGCAAGAAAAACATTTGTTAATAGCTTATATAAATATATATAAAATTA
ATTTTCTTTCTTAACAGTTCACTTGCTTAATATATAATTAGCGAAAGTGAGAACATTAAGCTTGACTTTACCATTTTAAAAGTTACCATCATAGT
GTCACTGGCCTGCCAGATCTCCATGGGAAACACATGTTTCGCAACACTGCTACCCACACAAACGCATTCGCGAATATCTGGTAACCTCGCCACTG
GAGCCCTCTCGAAATTTTGTTTACTGGCATTTAAAATCAGCGAATTCGGGCTAAAAAGTCTTACTTATGCACCCAGCACCGATGCCCGGAGCGAC
TAGATGAGTGTCTGGATGAGCGGGCCCCGAAATTTCGCACTAGCCACACAAATTATACGGGAAACTATGAGGTAAATGGTTCTTTGCACGAAAAC
AAAAAGGCGACTGACTAAGATATGACTAATCGATTTGCAGTTTGCACTACGCGGAATCGGAATCTTCGCCGTCAGAGAGCAAAATGGACATCTCG
GAGACGCCGACGGACTCAACGGGCGTCTCGCCGCTGGCGGATGATGTTTTGCCCACCGCGCCGGAGAAGAATATCCTGAAATTGGAGCAGGCCAA
GCAGGATCACGATAAGGAGGAACTGGAGTTCAAGACGACCTCCGCGCTGGACAACAGAATACTGCGTCCAGAGCTGCTGCCCATGGAGGCGATGC
CACAACGACACAACATCATCGAGCGCACCCTGGCCAACAGCCATCCGCTGATGTCGCCAACCAACACGGACTCAGACTCGGAACCCTTTCAGCTG
AAGAAGCAGGAGAAACAGCTGCCGAGGAGCAACTTTCCGGACGTTGTGCCCACCACGGAGACGGTGCAGGTGAAGAACAACCTGAACCAATGCCG
GAACAAGCCGCAGGACGCCAAGGTCAGCCTGCTAAGG
(SEQ ID NO: 55)

Exon: 3027..2684
Exon: 2620..1894
Exon: 1834..1001
Start ATG: 2958 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT1834
CGGTCACACTGCTGAGCTGTGCGTCGCGAAAATAAATACATTTTAGCCCATAAACAGCCCGCTAGAGCGATGGAGGCATCAAGAATAACCGCGAT
CGCCAGCAGTGCAGTGTCCGTTACCGCTCCCAATCCCCCCACAGTGTCCACCATTCCCACAGCAGCTGCGAGCACACTAATCCAGGTAGGCGTGT
CGCCAGCAACAACAACCATGCCAACACCAGCAGCCACAACAACAACAACCACAATAGGAAGTACAGCTAGCAGTGCCGTTGGAATTTCAACGCCG
ATACGAAATCCCATTTCAAATCTGCAGATAGAACAGCAAAACGATCAAAAGCGAAGAAGTTCATCGCGGACGATTAAAAGGAAGCGTTTTGATGA

Celera Confidential

CGAAATAGTTGAGTACAACATTGCGGTGCCCACAAATCGCAGCGGAACAGACGCCAATCGCAGCAGCAGGCCTCGCACCACCTCCCAGAATTATC
CAGCTTTGGTGGGCGTGCCGCACACCACGTTAGCGCCTCTTAACATACCCACTTCCACGCCACAGACGCCGCTTTCAGTTGATTCCCTGCTGCCG
GGGACACCTAGCACTGTTGCATCGCTGTCACTGGCCACGCCCACAACGCCAGCTCCCTTGGCCACTCCCCTTCCAGTTGCCCCAATTGTGACTGC
CGTCGCGCATCCCAAACCACCGGCCATGGAGCGCTCCACGACCAGCGAGCGCCGTTCGCGCCCAGTGCGTCCTGCCAGCAAAAAGGCGCAGCGTA
GAAATGGTCGTCCCATGGGTCAGATGGCCACCAAGGATTTGGGCCGCTGGAAGCCCATTGACGACTTGGCCCTCATAATTGGCATCCAGCAGACC
AACGATCTGCGGATAATCCATCGCGGCGTTAAGTTTTCCTGCAAGTTTACTCTGCAGGAACTACAGCAGCGCTGGTATGCTCTGCTGTATGAGCC
TGCGGTGTCCAGGATTGCAGTGTCCGCCATAAGGAACCTGCACCCCGAACTCGTGGAGTCCGTTCAGCGCAAAGCTTTGTACAGCGTGCAGGAGG
AGGATCTGCTTGGCACCATTAAGAGCTCGGAACAACCAAAACTTGAGCAGTTCCAGGAGCTACTGGATAAGAATGCCTCCGTTTTCTACTGCGCC
CGCACTGCCAAATCCTTGCAAAACCATTGGCTTCTTCTCAAGCAGTACACCCTGTTGCCGGATCAGTCAGTGAAGCCTATATATGGCACGGATCA
GCAGCCACTCAGCTTCTCGGATGCAGAAGATCAAATCTTCGAGCACGACCTGAACGAGCCACGTGACGAAGCTCTCGAGATGGAGCGAGCTCTGG
CAGATCGTCGCAACAAACGTAATATTCGCCTGCTGGAGAACGAGCTCTCGCGCTGGGCCGTCCTGGTGGATTCCGTGCTTAGTCCGACCGCTGCC
TCCGAGTTCGACAACCAGACACTGGCCTGCTTGTGTGGCCGCCATGTGCGGTACCTAATGCGTTCCAAGGAAATAACATTTGGTCGCGATGCCAA
GGACTGTGTGGTGGACGTGGATCTGGGGCTCGAGGGACCGGCTGCGAAGATCTCTCGCCGCCAAGGAACCATTAAGCTGCGCAGCAATGGGGATT
TCTTCATCGCTAACGAGGGAAAGAGGGCCATCTTTATCGACGGCACTCCTTTGCTATCCGCCAACAAAGCTCGACTCGGTCACAACTGCACAGTG
GAAATATCCGGTCTGCGCTTCACCTTCCTGGTCAACTACGAGCTGATCAACGCCATCCGCCAGGAGAGCGCCAAGACATCGAATCCCCTCAACTA
GTTGCGATCAGAGCAGGCTGGCTGCGAGTGTTTAATATATTCTAGTACTTAGTAAACCCCAAAAAAACAAACTTCTGAAATAAAAAGCATATGGA
CATAT
(SEQ ID NO: 56)

Start ATG: 70 (Reverse strand: CAT)

MEASRITAIASSAVSVTAPNPPTVSTIPTAAASTLIQVGVSPATTTMPTPAATTTTTTIGSTASSAVGISTPIRNPISNLQIEQQNDQKRRSSSR
TIKRKRFDDEIVEYNIAVPTNRSGTDANRSSRPRTTSQNYPALVGVPHTTLAPLNIPTSTPQTPLSVDSLLPGTPSTVASLSLATPTTPAPLATP
LPVAPIVTAVAHPKPPAMERSTTSERRSRPVRPASKKAQRRNGRPMGQMATKDLGRWKPIDDLALIIGIQQTNDLRIIHRGVKFSCKFTLQELQQ
RWYALLYEPAVSRIAVSAIRNLHPELVESVQRKALYSVQEEDLLGTIKSSEQPKLEQFQELLDKNASVFYCARTAKSLQNHWLLLKQYTLLPDQS
VKPIYGTDQQPLSFSDAEDQIFEHDLNEPRDEALEMERALADRRNKRNIRLLENELSRWAVLVDSVLSPTAASEFDNQTLACLCGRHVRYLMRSK
EITFGRDAKDCVVDVDLGLEGPAAKISRRQGTIKLRSNGDFFIANEGKRAIFIDGTPLLSANKARLGHNCTVEISGLRFTFLVNYELINAIRQES
AKTSNPLN*
(SEQ ID NO: 57)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384447
AGGTGGTATTAGGTGTTGCTGCTTTGGAGGCGTCAACTTCACGAGAAGAGCTTCACCGTTCTGGTCGAGATTTTCATAGTCTAGTGCCAGATCCC
TGTTGATCCTGAACAAAGTGGGCGTCTGCATTGGGATGAGTCTGTCCATTTTGTAGTTCATGAAGCATTCCGCTCGAAAGTGCCGGGCACAAACT
GTTTTGGCTGCCAGTTTGGACGGCGGTGCATTTGAAACGTCAGGGTTTGAACAATTCCTGACCCAATCTTTCAACCTCTTCGGATCCTTAACGGG
GAACTTGAAGAAGTGCATATTGGGGTTGCGGCTAGAACCCACCGGACAATCACGAAAACAACACTTAGTGCCGCCCATTTGTTTAAATATAAGCA
AACAACTTTTATGTTATTAGTGGTGGAAGTGTTAGCGTCAGCTGGTGATATCGATGGGAGGCATCGATAACAGAATTGACCGAAACCAAATGATC
GATATGACACTTCTTAATTAATGAGAGATTTTTTACTTGACTGGGCTTGTAGCAGGTTTTGCACAGAAGCAATTATTTTCCGGAATGTGAAATGT
CTGCTTTTTAGCTAATTACAACAAAAACTTTCCAATTTTTGTTCCCCAAACCCACTCAAGTGATTTCAAATTTTACCGTCCGCTTAAAATGGAAC
TAGTTTATTCCAGAGGAACCAGCTTGCACCACCAAGTCTCTGAAACTCTGGAAATATCGATAGTCTGGTGGAGAAAAGTATTCATAAATATAAAT
AAAAATTAACAGGTCATAAGCTGATTTGTTTATTATTTACTGTTAAAACAAGTAAAATAATATTGGGAACAATTAAATTTTCCATTTTCCTAATT
ACAGTATAAGCCTAGTGGGCGTTTTGATATCCAATTGTAATGTTTTAAGCAATCCCAGTGGGCTTTGCTCAATCGTTCGGACCACTTAGACGAAT
TTCCACCAAACTTAGTTCAGTATAATTTTTGAATTCGCCCGCACAGGTTGCGCACTTTTCGACCGTATCACAACACTGATCTACCCTAGTATTCA
CAGGAAGTTGCATCCCTGGCATCCAGAAGCCTCTAGAAGTTTCTAGAGACTTCCAGTTCGGGTCGGGTTTTTCTATAAAAGCAGACGCGCGGCGT
TTGCCGGTTCGAGTCTTGAAAAAAATTTCGTACGGTGTGCGTCGTAACAACAAGCAGCGTCTGAAAAGTTTTGTGAATTTCCAATTCTATACAAA
GCAAAGTGAAAATATCTGTATTTTTACCTTTATTCTGTGAATAGAACGAAAAACATACATACAAGGTGAGTAATGCAAATTACAAGAAAAGAGTG
AATAGTTTATCAGTGGCTATGGCCAAAATGTGCATTTTGCGTGGTCCTGTGCATCTCGAATGTTCTTGACCCAAATGTGAGATATTGATTTTAAA
TTTCTAGGAGCCAAGTTTAAGAATTTTTTTTGATTAATTAAGAGGTGGCAACGTGCAAATTAACTCAAAATGCCGGTTTCTTTTATTTTTTGTCG
CTTGGACGCATCTTCCAGAGGTTTCTATGCTTTAGCATGAATTAAACATCGTGCCAAATAGGCCTTTTAATTATATATTACTGTCCTTTATTTAC
AATTACATGTGGTTTATAGAATACAAGATTAATTTTTGTTTAATGCAATGGTCTTTTAGCGCTAAATCGAATTATGCCGCTCTTTTTAGGGGGTG
ACAATGCGCAAATCACATTTGCCGCTCGAGAATGTTCTAGAGGTTTCTATGCTTTAGCATGAATTAAACAGCGTGCCAAATAGGCTTTTTAATTA
TAAATTACTGTCCTTCATTTACAATTACACGTGCTTTCTTTGCATTCCCATTTTAAATTGCACATGCCGCATACGCACACATGCACGCCCATGAC
TAATACTTTCAAGTAAAAATGTGGCGTCAGTAAGCAAATTCTGTTAAATCGGTTTTTTAATCCTATTTGCTCTATTTTAATTGGTTGGTTGCTAC
TAGCAACTTGCTAGGCGAATTAGTTTTCCTTTGGCTTCTAGATGCTTCCACAAACTTCCTTGGTGAAGTACGAATTTTCAATGCAATGCTCACTC
ACACAGACACGAGTTTGCACACAGCAGGGGTAGAAAAATTATCAACCGACCCAATTTGCATAATTATATTTAAATATTTAAATTTAAAACATTAT
TTTGCAACTTAAAATCAATTCTGTTGGCTAATTGAAATTAAAATTCCATTTTACGGGTTGCAAAGTGAATGCTATAATTTTGACCACCACTGTAC
TTGTATATGCGCATGTTAAATGAGGCATGTGCAAAAGAGAAAGAAAGAAAAAGAATAAAACCGGAGCAGCTGCTGAAAATGCAGCTGCTTTTCCT
TAGTGTTGAACCCACAGACTATAACTAATCCTAATGATTTTGTAAATCCATTGCAGATGCCAGAAGAAGCAGAGACCTTTGCATTCCAGGCTGAG
ATTGCTCAGCTGATGTCCCTGATCATCAACACATTCTACTCGAACAAGGAGATTTTCCTGCGCGAGTTGATCTCGAACGCTTCCGATGCCCTGGA
CAAGATCCGCTATGAGTCCCTTACTGACCCCAGCAAGCTGGACTCTGGCAAGGAGCTGTACATCAAGCTGATCCCTAACAAGACGGCTGGTACTC
TGACCATCATTGATACCGGTATCGGTATGACCAAGTCCGACCTGGTCAACAACTTGGGAACCATTGCCAAGTCCGGAACCAAGGCCTTCATGGAG
GCTCTGCAGGCTGGTGCCGACATTTCCATGATCGGTCAGTTCGGTGTGGGTTTCTACTCCGCCTACCTGGTCGCCGACAAGGTGACTGTCACCTC
CAAGAACAACGATGACGAGCAGTACGTGTGGGAGTCCTCTGCCGGAGGCTCTTTCACAGTCCGTGCCGACAACTCTGAGCCCCTGGGCCGTGGCA
CCAAGATCGTGCTGTACATCAAGGAGGACCAGACCGACTATCTGGAGGAGAGCAAGATCAAGGAGATTGTTAACAAGCACTCCCAGTTCATTGGC
TACCCCATCAAGCTGCTCGTAGAGAAGGAGCGCGAGAAGGAGGTCAGCGACGATGAGGCTGATGATGAGAAGAAGGAAGGTGATGAGAAGAAGGA
GATGGAGACTGATGAGCCCAAAATCGAGGATGTTGGCGAGGATGAGGATGCCGACAAGAAGGACAAGGATGCCAAGAAGAAGAAGACCATCAAGG
AGAAGTACACTGAGGATGAGGAGCTGAACAAGACCAAGCCCATCTGGACCCGCAATCCCGATGATATCTCCCAGGAGGAGTACGGCGAGTTCTAC
AAATCCCTGACCAACGACTGGGAGGATCATCTGGCCGTCAAGCACTTCTCCGTGGAGGGTCAGCTGGAGTTCCGTGCTCTGCTCTTCATTCCCCG
TCGCACGCCCTTCGATCTCTTCGAGAACCAGAAGAAGCGCAACAACATCAAGCTGTACGTGCGTCGTGTCTTCATCATGGACAACTGCGAGGACC

TCATTCCAGAGTACTTGAACTTCATGAAGGGTGTGGTCGACTCCGAGGATCTGCCCCTCAACATCTCACGTGAGATGCTGCAGCAGAACAAGGTC
CTAAAGGTGATCCGCAAGAACCTGGTCAAGAAGACCATGGAGCTGATTGAGGAGCTCACCGAGGACAAGGAGAACTACAAGAAGTTCTATGACCA
GTTCAGCAAGAACCTGAAGCTGGGTGTGCACGAGGACAGCAACAACCGTGCCAAGTTGGCCGACTTCCTTCGCTTCCACACCTCTGCCTCCGGCG
ACGATTTCTGCTCCCTGGCCGACTACGTGTCGCGCATGAAGGATAACCAGAAGCACGTGTACTTCATCACTGGCGAGTCCAAGGACCAGGTCAGC
AACTCTGCCTTCGTGGAGCGCGTCAAGGCCCGTGGCTTCGAGGTGGTCTACATGACCGAGCCCATCGATGAGTATGTCATCCAGCACTTGAAGGA
GTACAAGGGCAAGCAGCTGGTCTCTGTCACCAAGGAGGGTCTGGAGCTGCCTGAGGATGAGAGCGAGAAGAAGAAGCGCGAGGAGGACAAGGCCA
AGTTCGAGAGCCTGTGCAAGCTGATGAAGTCCATCCTGGACAACAAGGTCGAGAAGGTGGTGGTGTCCAACCGCCTGGTGGATTCGCCCTGCTGC
ATTGTCACTTCGCAGTTCGGCTGGTCCGCTAACATGGAGCGCATCATGAAGGCCCAGGCTCTGCGTGATACCGCCACAATGGGCTACATGGCCGG
CAAGAAGCAGCTGGAGATCAACCCCGATCACCCAATTGTGGAGACTCTCCGCCAGAAGGCCGATGCCGACAAGAACGATAAGGCCGTCAAGGATC
TGGTCATCCTGCTGTTCGAGACCTCTCTGCTGTCCTCTGGATTCTCGCTGGACAGCCCCCAGGTGCACGCCAGCCGCATCTACCGCATGATCAAG
CTGGGCTTGGGAATCGACGAGGACGAGCCTATGACTACCGACGATGCCCAGAGCGCCGGAGATGCCCCCTCGCTGGTTGAGGACACAGAGGACGC
TTCCCACATGGAGGAGGTCGATTAAGCGACCAGTCGAAACAAACAACCAAAATTCATTCTATCACTCGCATTCACATACACAATTTACTTGCGTT
TCGAACTTTTATACTGAGTTTACTACGGCCGAGTTAAATTTTGTATTCATTAACATTTTGCCGCGTTATAAGCGACAGACATACGCTTAACTCAT
AAAAAAGCAGGAATAACTCGTTAAATGGTTAGGTTCTCACAGAACATTCAAGAGCAGTTGTCGTTTTAAGAACTTATAATTTAGAATCCAAGTAA
TTTATGTAAAAAACTAAAGACTACATACGCGCCCTAGTTGGTAGAGCTATATAAAGAATCGAGTATATATATAATTAAGGTTTGATGACCCGATC
GATGATAAACATAAAACCAAATAAACAACAAGCAAATGTGTTTTAAAAATCTAACTTCTGAGCGAGTATTTATTGGGGGGAATAAACAATCTATG
AATCGGATTCTTTGCGCAGCAGCTGCTCAATGGCCTCCACCGTGGACACTCCCTTGGTTATCATTATTATCTTGTTTCGCGATCGAGATCCCTTG
TCCAAAGAAACGTCGCTCTTTCGAAGACCTAGAACTTTCGACAGAAACTTGACCAGTTCGGCGTTAGCTTCTCCCTCGCTGGGCGGAGCGGCGAT
TTGGACGCCCACTCCTTCAAAGCCAATTCCTGTGATTCCGTTCTGCTTAGCCCCCGGCTTGGCAAGGATTTGTATGCATATATTGCCGCTCTTAT
CGACTGAAATCGGACTGGCTTCCTTAGCCGGCATCGCTTTTGCATCGTTTTTCGCACTTTCAACGCCGGCCTTTGATTTCCCCTTGCTCTTCGAC
ATTATTTGGGCGTTGACCGATGTAAACAAGCGGCGCATTAGCTTCTTGGCAATTATTTTAAATATTTTGTGTTTTTAAATGCATTTTAATAGCAA
CTAGTGTTTAATTTTGCGAGGTCTACTGGCGTCTATCAGCTGATTCGTGGAGAAAACCAGGGATGCGCACATATAGGGATGAGCATATCTCGTGA
GTTCTCACTCACGAAACGAAGATAAAACTACATTTTTACATTCCATGTAACTTACAGATTGGACATGAATAGTACGATTCAAAAATGTATTTTTA
TTTTCCTGTTGAGTATTATTTAACGGTTTTCTAAACACATTCCCCCCGAAGTCACCACAACATGTAAATAAAAGTATTAAAACAAAATATGATTA
GGTAAAAAATTATCATATATTCATCATTGTTATGTACTCATAGTTTCTTCTCTACTCGTCTTTGCATTAGAAAACAACGCTTTAACACTTTGCAC
TATTTAAAACTGCGCCGAGAAGCATCTTAAAAATGCATTTATCGCCTATAAATGAT
(SEQ ID NO: 58)

Exon: 1001..1300
Exon: 2432..4946
Start ATG: 2432

Transcript No. : CT2354
CGCACTTTTCGACCGTATCACAACACTGATCTACCCTAGTATTCACAGGAAGTTGCATCCCTGGCATCCAGAAGCCTCTAGAAGTTTCTAGAGAC
TTCCAGTTCGGGTCGGGTTTTTCTATAAAAGCAGACGCGCGGCGTTTGCCGGTTCGAGTCTTGAAAAAAATTTCGTACGGTGTGCGTCGTAACAA
CAAGCAGCGTCTGAAAAGTTTTGTGAATTTCCAATTCTATACAAAGCAAAGTGAAAATATCTGTATTTTTACCTTTATTCTGTGAATAGAACGAA
AAACATACATACAAGATGCCAGAAGAAGCAGAGACCTTTGCATTCCAGGCTGAGATTGCTCAGCTGATGTCCCTGATCATCAACACATTCTACTC
GAACAAGGAGATTTTCCTGCGCGAGTTGATCTCGAACGCTTCCGATGCCCTGGACAAGATCCGCTATGAGTCCCTTACTGACCCCAGCAAGCTGG
ACTCTGGCAAGGAGCTGTACATCAAGCTGATCCCTAACAAGACGGCTGGTACTCTGACCATCATTGATACCGGTATCGGTATGACCAAGTCCGAC
CTGGTCAACAACTTGGGAACCATTGCCAAGTCCGGAACCAAGGCCTTCATGGAGGCTCTGCAGGCTGGTGCCGACATTTCCATGATCGGTCAGTT
CGGTGTGGGTTTCTACTCCGCCTACCTGGTCGCCGACAAGGTGACTGTCACCTCCAAGAACAACGATGACGAGCAGTACGTGTGGGAGTCCTCTG
CCGGAGGCTCTTTCACAGTCCGTGCCGACAACTCTGAGCCCCTGGGCCGTGGCACCAAGATCGTGCTGTACATCAAGGAGGACCAGACCGACTAT
CTGGAGGAGAGCAAGATCAAGGAGATTGTTAACAAGCACTCCCAGTTCATTGGCTACCCCATCAAGCTGCTCGTAGAGAAGGAGCGCGAGAAGGA
GGTCAGCGACGATGAGGCTGATGATGAGAAGAAGGAAGGTGATGAGAAGAAGGAGATGGAGACTGATGAGCCCAAAATCGAGGATGTTGGCGAGG
ATGAGGATGCCGACAAGAAGGACAAGGATGCCAAGAAGAAGAAGACCATCAAGGAGAAGTACACTGAGGATGAGGAGCTGAACAAGACCAAGCCC
ATCTGGACCCGCAATCCCGATGATATCTCCCAGGAGGAGTACGGCGAGTTCTACAAATCCCTGACCAACGACTGGGAGGATCATCTGGCCGTCAA
GCACTTCTCCGTGGAGGGTCAGCTGGAGTTCCGTGCTCTGCTCTTCATTCCCCGTCGCACGCCCTTCGATCTCTTCGAGAACCAGAAGAAGCGCA
ACAACATCAAGCTGTACGTGCGTCGTGTCTTCATCATGGACAACTGCGAGGACCTCATTCCAGAGTACTTGAACTTCATGAAGGGTGTGGTCGAC
TCCGAGGATCTGCCCCTCAACATCTCACGTGAGATGCTGCAGCAGAACAAGGTCCTAAAGGTGATCCGCAAGAACCTGGTCAAGAAGACCATGGA
GCTGATTGAGGAGCTCACCGAGGACAAGGAGAACTACAAGAAGTTCTATGACCAGTTCAGCAAGAACCTGAAGCTGGGTGTGCACGAGGACAGCA
ACAACCGTGCCAAGTTGGCCGACTTCCTTCGCTTCCACACCTCTGCCTCCGGCGACGATTTCTGCTCCCTGGCCGACTACGTGTCGCGCATGAAG
GATAACCAGAAGCACGTGTACTTCATCACTGGCGAGTCCAAGGACCAGGTCAGCAACTCTGCCTTCGTGGAGCGCGTCAAGGCCCGTGGCTTCGA
GGTGGTCTACATGACCGAGCCCATCGATGAGTATGTCATCCAGCACTTGAAGGAGTACAAGGGCAAGCAGCTGGTCTCTGTCACCAAGGAGGGTC
TGGAGCTGCCTGAGGATGAGAGCGAGAAGAAGAAGCGCGAGGAGGACAAGGCCAAGTTCGAGAGCCTGTGCAAGCTGATGAAGTCCATCCTGGAC
AACAAGGTCGAGAAGGTGGTGGTGTCCAACCGCCTGGTGGATTCGCCCTGCTGCATTGTCACTTCGCAGTTCGGCTGGTCCGCTAACATGGAGCG
CATCATGAAGGCCCAGGCTCTGCGTGATACCGCCACAATGGGCTACATGGCCGGCAAGAAGCAGCTGGAGATCAACCCCGATCACCCAATTGTGG
AGACTCTCCGCCAGAAGGCCGATGCCGACAAGAACGATAAGGCCGTCAAGGATCTGGTCATCCTGCTGTTCGAGACCTCTCTGCTGTCCTCTGGA
TTCTCGCTGGACAGCCCCCAGGTGCACGCCAGCCGCATCTACCGCATGATCAAGCTGGGCTTGGGAATCGACGAGGACGAGCCTATGACTACCGA
CGATGCCCAGAGCGCCGGAGATGCCCCCTCGCTGGTTGAGGACACAGAGGACGCTTCCCACATGGAGGAGGTCGATTAAGCGACCAGTCGAAACA
AACAACCAAAATTCATTCTATCACTCGCATTCACATACACAATTTACTTGCGTTTCGAACTTTTATACTGAGTTTACTACGGCCGAGTTAAATTT
TGTATTCATTAACATTTTGCCGCGTTATAAGCGACAGACATACGCTTAACTCATAAAAAAGCAGGAATAACTCGTTAAATGGTTAGGTTCTCACA
GAACATTCAAGAGCAGTTGTCGTTTTAAGAACTTATAATTTAGAATCCAAGTAATTTATGTAAAAAACTAAAGACTACATACGCGCCCTAGTTGG
TAGAGCTATATAAAGAATCGAGTATATATATAATTAAGGTTTGATGACCCGATCGATGAT
(SEQ ID NO: 59)

Start ATG: 301

MPEEAETFAFQAEIAQLMSLIINTFYSNKEIFLRELISNASDALDKIRYESLTDPSKLDSGKELYIKLIPNKTAGTLTIIDTGIGMTKSDLVNNL
GTIAKSGTKAFMEALQAGADISMIGQFGVGFYSAYLVADKVTVTSKNNDDEQYVWESSAGGSFTVRADNSEPLGRGTKIVLYIKEDQTDYLEESK
IKEIVNKHSQFIGYPIKLLVEKEREKEVSDDEADDEKKEGDEKKEMETDEPKIEDVGEDEDADKKDKDAKKKKTIKEKYTEDEELNKTKPIWTRN
PDDISQEEYGEFYKSLTNDWEDHLAVKHFSVEGQLEFRALLFIPRRTPFDLFENQKKRNNIKLYVRRVFIMDNCEDLIPEYLNFMKGVVDSEDLP

LNISREMLQQNKVLKVIRKNLVKKTMELIEELTEDKENYKKFYDQFSKNLKLGVHEDSNNRAKLADFLRFHTSASGDDFCSLADYVSRMKDNQKH
VYFITGESKDQVSNSAFVERVKARGFEVVYMTEPIDEYVIQHLKEYKGKQLVSVTKEGLELPEDESEKKKREEDKAKFESLCKLMKSILDNKVEK
VVVSNRLVDSPCCIVTSQFGWSANMERIMKAQALRDTATMGYMAGKKQLEINPDHPIVETLRQKADADKNDKAVKDLVILLFETSLLSSGFSLDS
PQVHASRIYRMIKLGLGIDEDEPMTTDDAQSAGDAPSLVEDTEDASHMEEVD*
(SEQ ID NO: 60)

Name: Heat shock protein 83
Classification: chaperone
Gene Symbol: Hsp83
FlyBase ID: FBgn0001233

Celera Sequence No. : 142000013384244
CACGCTCTCGGACACTAGATAATTGCCAGCCCCAATATCGGTGATAGGCGTCGACTTTTGCCCCCACCCACCCCCGTCTCATATATACGTATATA
ACTATCGATGACGTCATGTGGGAAGTGCAGGTGCATTTGAAATGCAAATTGCTTTTGCTGCAAACCATCTGTCCATATACCGCTTATATAAGGCG
GGCACAGATCGCTCAGACTCAGTTCTGCATAATTTGAACGGAGTTTTTTAGAACACGTACATATAGTTCGTAGATTTGGAATTTTTATAGAAATG
ACGAATCGAAACTAAGCGAATCCATTTTGGCAATCCATGGTCTTGGACCCGAAATGCTTTTAGCACTCCAGTGCGATGTTGTTGTTTGCATTGCT
CGTGGCCCAATTAATTTATATCCAAGTGCGTATTTCGATTTAGTACGGCGCATTGAAAGTCTCCGGTTGAAAAAGCCCAAGGTTATCACACATCC
CGACCAGAAATCGTACTCACAGCCAGTCTCCTCCTGGATTTGCGCGATCTCCTCGTTCCGCAGGAAAAGCGACGACTTATTGCCCATGGTGACGG
TGTGTTGTGCGCCGATCGGTTTGTTTAAACATTCAACAATCGCAGACGAGCATTGAATGGCATTCGATTTGGATTGGACCACAAGTCCGATTTGT
GTACAGGCTGAATGCAGGCGGAGTGACGGGAAAATGCCGAAAATCGGGTGCAAAAAAATACTGAACAGCCAGCGATGGTTGCACTAGAGACGGAC
TTTGTCAAGTGGTGGATGGTTTCCCTATAAATATCGATTCACATATTTTTTTGTATCTATTTAAAGTGCACATTTTTTAAGGGGTCATTTGTAAG
CATTTCCTTACAAACAACGACCAAAAATTTGATATATTAATTAATTTCTTAGAAATATCCAATCGTTTATGCAAAGCCTACAGTAATTTCGTCTC
ATCACTAGCTCGTAACTGGCAATCTCCCATCTCTATTGGCATTCGCAAAGAAAACAAAGTAAACATTTTTTTTTGCCGGAACGAGAATTACCGTT
ATGGATAAGTTAAATTCCACTCTAACTGCCGTCAAAAACCTGCGGTCCAACGTAAGGCTGTGCTTCGAGCACCTGGCCGATGGAACCGATGGGGA
GAGCGGCGAGGAGAGCCGGAATAAGTTCGTAAATGACTTCCAGGAGAGATTCGCAGCCATCAACTCGCAAATACGGTTAGTGACCAGTTAACCTA
TTCCAGTGAAGAATACATTTGAATTAAACCACTTTTAGTGAGGTAGAGCAGCTGATTAATGGACTGCCGGTGCCACCAACACCCTATTCTCTCGG
GAACACCGCCTACCTGGCGCAGGAAACTTCGCAGGATCGACAGGCTCTATACCCTCAGCTGGTGAACAGCTACAAGTGGATGGACAAGGTGCACG
ACCACAGCTTCTTGGCCTTCAACAATCTCAACCAGAACACACTCAGGCGCTCCTACAATTACTGCTCGCAGAAGCGCCAGCGACTGCCCTTCTCG
TCCTTCAACAACGATCCAGAGTAAGTACGAAGTGCGCAGCTTCACTTTAATATTAACATCTTTCTTCCTCTGATTCTTAGCCACATAGATAAGCT
CCTGAGTGAGATCAACACCCCTCCGCATACTTCGTACAGAATTTTTCGTCCCTTCGGCACAAACGCTGTCACCATCGTAACAATAAGTAACGTGA
TGAAGGCGGCTATTGTCTTCAAAGGAGTGCTTATAGAGTGGGTTACGGTTAAGGGATTCGATGAGCCGCTGGAGCATGACGACCTGTGGGCCGAG
TCACGTTACGAGGTGTTCCGCAAAGTCCAGGATCATGCTCACTCAGCAATGCTGCATTTCTTTTCGCCGACGTTGCCCGATCTGGCAGTGAAAAG
CTATATAACCTGGCTGAACAGCCACGTCAAACTTTTCCTGGAGCCCTGCAAGCGTTGTGGGAAATTCGTGGTGAACGGATTGCCTCCGACGTGGC
GGGACCTGCGCACTCTAGAACCCTTCCACGAGGACTGCCGAAATTGCTAAGGATTTTTAAGTAATTTAACGCCGATAGTTGTAACTTGTATACTT
CATTTATTTCAAAAACAAAAATTATATGTACTTTGAATGCATGCGGGCGGATTTTTTAAAATCGCTGCGCCCGACTGAATAACTACAACGGTTTA
ATGCGTTTCATTGGCCAACCAGTGCAGAAGTCGTCCGCTTCGATTTCTGCACCTGCGTCTGAACGCCGTGCTGCACGCACAGTCGCTCGAAGTTG
GCGCGCAGTTTTGCGCGGAGCTCCTCTCGCTTTCGCTGCACTTGCTCCCGGTGGCACTTGAAGGCCATAACCACCTCCTGGGGAATGTAATATGT
CTCCTCGTCTTTGTCGTCGTATTCGTCGAAGTCGTCCTGCAATTAATAAAGTTTTATTACTTTAATTTCGATATGGCAAATCATTTGCATAGCCC
ACTCTGTCTAGAATATTTTCTGGTAATTAATTCCGACCCTAAGCTCTTGATGATAAGAGTCGACAGGGCTTGCCGCAAGTCTTAGATTATGTTTA
AAAAACAATAATTACAATTTTCTTTTTCTATTTTTCCACTTCCTATTTTTATAGAGACAATCTTGCGACTCACCCACATCTGCAACAATGAAAAC
TTGTGATCCAACTGCGACTGGTGACTGTAGAAGAGCAAGTCGTCTGAGTCCTCATCGTGGACGTCGTGATTACACAGTCCATCCGAGCAAGACAC
TTCCGAGCCTTCTGGTGACGAAATCGCGCTAGATGTCCGAGAGCCGGCATGCGAAGGTGGATCGCTGCCGTATCCAGAATCGCGCACATCCTGCT
CGCACGGGCAGTTAGGCATGGACGCCAGGCACTCCTCGCACTTATCGCCAACCGTTTTGGCGATGCTTGACGAAATGCAACTGGCCACGTCAAGT
TGATCGTGATCAGCATCCAGCGGCTGGACCCTAGCCGTGGCTTGCATCTGCTTTTGGTTGCCCATCTTTGTGAAGGCCGCTTTCTTCTGCTTCTT
TTTCT
(SEQ ID NO: 61)

Exon: 1001..1215
Exon: 1274..1540
Exon: 1601..2045
Start ATG: 1046

Transcript No. : CT2432
AAAACAAAGTAAACATTTTTTTTTGCCGGAACGAGAATTACCGTTATGGATAAGTTAAATTCCACTCTAACTGCCGTCAAAAACCTGCGGTCCAA
CGTAAGGCTGTGCTTCGAGCACCTGGCCGATGGAACCGATGGGGAGAGCGGCGAGGAGAGCCGGAATAAGTTCGTAAATGACTTCCAGGAGAGAT
TCGCAGCCATCAACTCGCAAATACGTGAGGTAGAGCAGCTGATTAATGGACTGCCGGTGCCACCAACACCCTATTCTCTCGGGAACACCGCCTAC
CTGGCGCAGGAAACTTCGCAGGATCGACAGGCTCTATACCCTCAGCTGGTGAACAGCTACAAGTGGATGGACAAGGTGCACGACCACAGCTTCTT
GGCCTTCAACAATCTCAACCAGAACACACTCAGGCGCTCCTACAATTACTGCTCGCAGAAGCGCCAGCGACTGCCCTTCTCGTCCTTCAACAACG
ATCCAGACCACATAGATAAGCTCCTGAGTGAGATCAACACCCCTCCGCATACTTCGTACAGAATTTTTCGTCCCTTCGGCACAAACGCTGTCACC
ATCGTAACAATAAGTAACGTGATGAAGGCGGCTATTGTCTTCAAAGGAGTGCTTATAGAGTGGGTTACGGTTAAGGGATTCGATGAGCCGCTGGA
GCATGACGACCTGTGGGCCGAGTCACGTTACGAGGTGTTCCGCAAAGTCCAGGATCATGCTCACTCAGCAATGCTGCATTTCTTTTCGCCGACGT
TGCCCGATCTGGCAGTGAAAAGCTATATAACCTGGCTGAACAGCCACGTCAAACTTTTCCTGGAGCCCTGCAAGCGTTGTGGGAAATTCGTGGTG
AACGGATTGCCTCCGACGTGGCGGGACCTGCGCACTCTAGAACCCTTCCACGAGGACTGCCGAAATTGCTAA
(SEQ ID NO: 62)

Start ATG: 46

MDKLNSTLTAVKNLRSNVRLCFEHLADGTDGESGEESRNKFVNDFQERFAAINSQIREVEQLINGLPVPPTPYSLGNTAYLAQETSQDRQALYPQ
LVNSYKWMDKVHDHSFLAFNNLNQNTLRRSYNYCSQKRQRLPFSSFNNDPDHIDKLLSEINTPPHTSYRIFRPFGTNAVTIVTISNVMKAAIVFK

GVLIEWVTVKGFDEPLEHDDLWAESRYEVFRKVQDHAHSAMLHFFSPTLPDLAVKSYITWLNSHVKLFLEPCKRCGKFVVNGLPPTWRDLRTLEP
FHEDCRNC*
(SEQ ID NO: 63)

Name: transcriptional co-activator
Classification: transcription_factor_binding

Celera Sequence No. : 142000013385192
TGCTTCGACGACCTCCTGGTTGACTACCAGACCAGGTACAAAATCGAAAAGATCAAGGTAATGGGTTGGACCTATATGGTGGCCTGTGGCCTCGA
AACGGACCACTACACGGACTTCTCCATCGACATTCCGGTCAAGCAACCGGAAGCTGATTCCGAAATTAGACGAGGATCCAGCGGTGACTATTTCC
CACGACTAGATTAGAGTACAATTGTAAAAGGTACATCTATTCAGTTCTGACTGTCCATTTTGGAAGTACCGAGGACGATGAGATGAGCGGCGATA
ATGTCAGCCAGCCCTACGCCCAAGTGCAAGATGTCGCCGTCCTGGTGATGACCGAGTTTGCCCTGGACTTACTTCGCATCATGCACGACATTCGG
TACAACTACGTGTTCTCGGAGTACGATACATTCTTAACGGGGAGCTTGAAGATAGGTGGGCTGCATTACCTTCACCGTTATCCTAATCCATCCAA
TGATATCTAAGGCATCTCCCATGGATCCGTGATGGCCGGCGTTGTTGGACTCTCGAAACCACACTATGATATCTGGGGTCATACCGTCAATATGG
CCTCCCGGATGTCCTCCACTGGATTGCTGGACAACATCCAAGTAACTCGGCACACGGCAAAGGTGCTGCGACAATTTAACATCCGCTGCAACTAC
CGAGGGCACACGGAGGTAAAGGGAGTGGGCAAGGTGCCCACCTACCTGGTGGTCGTAGACCCGGATCTCACATTCCAAGATCACGACCAAGTGAG
CATGAGTATGAAGGACTCAAAAAGCTGGGTCATCGACACTCTTTCACTGTCATTCACCCCGAGCTTCGTGCCCCCAAAGTCTTCCACTTCGGATG
AAGAGGAGGCTGAAGGAGAGCTCGAGGAAAATGTATCTGAAGGCGATGAACTGGAGGTCTCGATACATGAGCGCCAAAAGGGAGGCATCTTTCTG
GCCGGGAACCTTCATTAATTTAAATTTATTTTAATAGATATATATATATATATATTTATTTAAGCATATATAACACACATATATAGATGTATT
CGTACAGTTCAAAGCAAATGTTTTTCTTGAGGTTAAATACGTTATGATTTGAGCACTCGCTGAAATCATTGCACAACTGGTGACCAAAGTATACG
TATGTTCATAATTCAGAGTCATACATAGTCGTTAGGTTATGTACATGCTACAGATAATACACTCATCTTGACGAATCTCCATCTCCATCACTAAG
AAAGCACCATCCGTGTGATCAGGTTCGGTTTCGTTTGGTTTTGTGCACAGTTTTTAGCTTAAGTAAGCATTGCAGTTGATTTGGGGCATGGGCAT
AGCCCTTACTCGTTGACAGAACTGGAGTTCAGCAGAGCCGTGTCCTCGGGAATGGGCTTCCGCTTGTAGGAGGGCTCAGTGGCTAGGTAGACAAC
CAGCGCCCCGAAGACCACGTACATTACTCCAATCACATTGGCCAACACACCAGCCGGTGGAAGAGTGGAGTAAGCCGGAGTTTTGCTAGAAATGT
CGTCATGGATTAGTCAAGTGATCGATCTAGAATGCATATACACCTACATGGCGAAGATGGCCTTCTCGGTTATGCCCATCAGGGCACTAGCAATA
GCCAGAACGAATCCAAAGAGTCCGAAGTAGATGTGCAGCGGCATCATGGCGATCCTGTAGTTCTCCCTCAACCCCGGCGCCAAAAAGGCCACAAA
TCCGGCCACATACTGCAGCGAGAAGACGATCACCGCGGAGAGCCCCAGCCAAGAGTGCAGGGAGTACATGTTGGGAATGGGCGGATTGGCCAAGT
TGTGGGAATCGAAGACCGTCTTCAGGGCAATCACCGTCAGAATGAATGCACCCATGTGGATGCCGGCGTGGGTAAGCTTCAGAGTCTTCTTGCGC
GTGGTGCGGAAACCACGATAGATCAGAATGGCTGTGGGATTGAATTGAGTTGGATTACCATTTCGAAGCTAGTCAATGGGAGTGGCGTGGCACCT
CTTCCGCTGCATTTACTCACAGTTGCCATACAGGTAAATGAAGCCAATGGTCATGAACAGCGGATGCCAGTTGAACTCCACGCCGGGATTTGAGG
TGCCGGCCAGACCGCCGAAGTGCTGGCCAATCCAGGTGGCCACCAGGACGATCATGGTCAGGCCGCACAGCTGGGTGAGCACATAGAGCACCTTA
AAGTTGATCAGCGCTGGATCCATGTTGGCCTTGCCGCTGCCTGAAAAATCCAATAAAAGCTGGGGATGAGCTAAAAATAGAGGCCATTTTACGCA
CAGCACGCATTGGCGATCTAATCGCATAACTCATTCAAGGGTAGAGATATCGGGGCATCGAAAGGGGAAGGGGATCTCAAGCACTCGTTTATATT
TTCCATACTTTTGGTTTATAGCCTCTGCTACGTAAACATGATTCAATTACATGTTCCACCTGCCCGCAGATTAAAATAACCCCCAAGCACTTGCT
GATAACATGCGACCAGAAGTTTAGGGAGCCAATAGGCTTCCCAAAAACCCACTTTAACAGTTGTACATCTGATCCGCTTCGATGGCAGCTGCACT
CGTTGGGTAAACAAACAGTTCCTTTGCCGCCAGCCATCCGATACTGCGATAAACAAGATCTCATCATATCGACTGGGCCCTGAGTTAATGGGAAC
GGCCTGTTCCCAGGCACTGGGACACACCCACGACCCCTTTCGCCGGCCACTCACCAGGCGTAATTTGGCTAATTCATGCGTAAACATTTGCGCTT
GTTTACCCAACATTAATTTTCAACGCCAGAGCGTTCTGCCCACTTTATCTGTCGCCTTATCAGTATGTTCTCCAGATAGTCCGAACATCTGATAT
TAAATCGCTTTAAATAGCATCGTACAAGTTCCTCGTGCTTGATGTTGCAGCATGATACATTAAATAAATTAAAGTTCGATTCATTTTACGGAACG
TACGGGTAGTGAAAGTAGCCGTGTTCATAGTTTGGTATAGTATAGATTGGACTTGACTAAGATAGTTTAAAAGGCTAGTAAACTTGTAGGTGCAG
ATGCACTCGATAAGGGCCGCTATCAGCCGCCCTAATTGGCGTTTGGTATGCAAATGGTGTTTTAATTTCGACTCGGGCGAATAATAAGCAAATGA
GCCAAACTGCCAAGTGTTGGCTTGTAAATTGGCTGATAAGTGCGCCGGAGACACTTGTAGCTGGCAATCGCAATTATAAATGCTGGTAACTGGCA
GCAGCCACGCGTCCCCGGTTACTCAATGGGCTCCAGTTGGAGTGCTCCATTTCGACGCAGCTCTGGGTTCCGAGTGAAATTAATTGGCACATTAG
CTGTGACTATGACTGTTAATTATTAGGGTTAAGTGGGCGTGCCAAAGACGCTGACCAGCAAAGCGTTGCAGCAGATCGTGCGCAAAATTTGAAAT
AAACAATCCACATAGGCGCACCAAAAGACCGAAAGTAAAACCCGGGCAGATGACTTTGGATGAATTTGGAAAAGCGTACAAGTCCGAAGACAGCG
GAGCAAAATAAATAAAGTCTGGAAAACCAAAGTGAAATTCAGCTGGTTACTGGTTACTGGTTACTAGTGGCTGCTTGCTGATCGCGGATCGTGAT
GCCGATGGTGATGGTGAAAACCGCGGCGGGGAAAGGGGACGGCTGCAGTCTGTCTTTCGGTGCGTTTTGCTTTAACTTTTACTATAACTAAACAC
TCGGCTTGTTGGTTTATTTTACTTGGCACTAATCAAACTTGCAGCCAAAATCCAATGCCATGCACAGTCTACCTGTTGGTGGTGAAGTTGCCGCC
GCCGTTGGAGTGGCCAACTCAATGCCAGCGATGGTTGTTGCAGGTTGCACTTGTTCTGCTGTCGCAGGTGTTGCAGTTGTTGCTGGTGTCGCTGC
CGCTGGCTTTTCCCCATTAGTCACCGCGATCACTGTGGTCGCCGTGGAGATGGTGGTCGGAACGGCGGCCTGTGGCTGCTCCGGAATCGCTGGCT
CCACCTGGACAACTCCGCTCTCCGGCTTGGTCGCCTGCTCCACGTCCGCGTCCTTCGACATGGTCTGTGCACTTTAAATCAATAATTCACCAATG
GTTCAACCACAAAAAGACATGCAACGTATAATGGACGGTGTTAATTGCCCTAAGACACAGCACAAAAACACTGGTAAATGCTAGTAACTAACTAC
TAGTAACTAATCCGCACGACACCCCGTTAATACAACCGAACACTTCGGCGTGCAATGCGCAACTGAATTTAAAGTTTTCCAGCCGCCGCCCGGCG
ATGGTTAGGAAAAGCTTTTTCCGCTCGCAAATCTCTCGCATGCGACATCGCACACACATATTGCTCATTTCGGTGTGGATAATTGTTTGGTTCTC
GATGCGGATAGGATTCCAGTGGGGTTGGGTTTGCTTTTGACTTTGCCTTTGGCTTTGGGTGCCAACGAATGCTGGTTAGTATGCCGGACCAGGTC
GATCGCTTCTGGTTGGGAAGGGGGTGCATTGATGATTATTTGCATTTCGCATTCCTCGGATCTATTCAAACCATTGTCACTGCGCGGCATTTCAA
TTGCGACTTTGACTTTGATGTTCTGTGCATAGTAATGGGATGGTGCAGTGGAACTGCTTCAATTGGAACTACTTTTTGCCAGAAGGAGTGGAATC
CAAAACGTAAAAGGGTTTACAAAAAGTTTTTGGGTAAAATTTGTTAGTAACAACTATTTCAATATTGTTCTTAGTTTCGAAAGTACATCTACAGT
AAAGTGAAACCTTTAAGGACAACAAGTAGCTTTCCCTCTTAAAGAGCTTAAGTTCATGCTGTGCAATAATGACTGTATGTGCACTTCAACTCACC
CAGTGAGAACAACATGGCGTATACTTGATTGATGCTTCACTCTGCTCAGATAATGCCTGTTTCAATACCGCCTGCTCTTATCTTTAGCAGCAATT
AGTGACTTTAAAGCGATGACGATGGGTTTTTCGCGATTACTTCTGATTTTCGTGGCTACTGCCACGCACTTTACTCTACTTGTTGAACAAACTGC
TTAAAATGCAGGAAGCTGGGCCTTCCATATGGAGGAAAAGCCGTGGAAATTCTGCACAGGCTGCGTGGGCGTGAAAGCCCTAAAGCCCCGCCCAC
TCTGCCGCACTTGGCCATTTCATTTGGCATTTCCACGAGCTTTTCGTTGGAAGCTCAGAACTGTAAACGCCGAAGCACACATGCAAACAAACTTT
CGGGCTCACACCACTGTAGAAAAACCACTTGTTGGATATTATATTAATGGAAAGCCACAACCAAATTATAACTGTTTGTAAACTACATTTAAAGA
CGTAGTTGAAATAGAAACAGGTAAACTTACAGATTTGAAATGAATCAGTAATCCAATAATGTGTTTTGTTTGGAATATTTCCAAAATGTCTTCAA
CGGAAGAGGCAAGAACACAAACAGAAACGGCACAAACACAAAGAGATAATTTGGCAGCATAAGAGAGCGGAATGCTGTGCGAATTTACTACGTCA
GCATTATTATTAACAAGTTAAACTTAAAGCGGCACATTCATTGATACTTAATTTAGTACAGCAAGTCAAGGACACGGTCAAACTTTCACTATCAA
AGGGTTTTAAACTGTAACTCGATCTGTTAACCGCTTCGATTTTCTGTTTACTCATTTGGAAAAAAGCGGGACAACCAGGGATGCGAGAATCATAC
TGTAGCTGCGTGTGCTGAAAAAATAGTGTGCATTTAATATACGTTCACATGATGATAGAAAGTACTGACTGTGTGAGTTTTAATTTTAAAAATTT
ACAAACTTTATATTCATATTTAACTAGAGCTTGGAAAACATTTACTTCGAGACCCTGGATTCCCTTATGCCGCCAGTGTGGCCCATTGAGCACGA

CTGAAACACGCTAACGCCTTTAGCTCGGCAGCACTGGCAGCTCCAACAAAAAGCTTCAATTTAAAATAATATTTAGGTAGTCCCACAATAAATGC
TAACAAAATGCTCTCCAACCTGGTGGTGACCAAGCAGAAAGTGGTCCTCGTAATAGGTGAGTACACACTGACTACCCCATCGTCTGCCAAATAAT
GCGACCACCAATCTCCCGCCTCATCCACAGATGAGCTAAATCGGGAGCGCATTGCCCCCAAGTTCATCGGCAGTCTGCTGCACGAGCAGGGACAG
GGGGCGGATACCATCAAGGCCCTGCCCACCGGCGTCAGCCTTAAGCACGTGGCCACCTTCGAGGCACTGATCGACAAGTACGCCAACAACAACAC
TGGGAGTACTACGGATTCCAACTCCACTGGCTTTAACGTCATCCTGCCAACATTGGCAGACCTGCTGTGCTACCAGACGCCTGCTTTCATATTTG
GCTTCCTCAACCGCCTACGCCGCTCGGACAATGTGCGTCGGGTTTTCCTTTGGGCCTCCCCGCAGCACCTGCAGGATCCGCATGCCGACTACATC
CTGGCTGGCTGCGAGTACCTGGCCGAGCTGGTCCTCCGACTGGAATCGGACAAACTACTCTCGCTGATATCACGCAAGCCGGGCGGAGGGGTGTC
CAACAGGCGCTACTCCTGCGAAGTCAGCAAAACCCAGTTCAAGGTGACGCCGCTGGACGGAGGACTGCCTGCAGGTGCCTCCCCCAAGCAGC
(SEQ ID NO: 64)

Exon: 5647..5351
Exon: 4061..3781
Exon: 2225..2016
Exon: 1931..1568
Exon: 1510..1001
Start ATG: 4051 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT2537
AAATCGAAGCGGTTAACAGATCGAGTTACAGTTTAAAACCCTTTGATAGTGAAAGTTTGACCGTGTCCTTGACTTGCTGTACTAAATTAAGTATC
AATGAATGTGCCGCTTTAAGTTTAACTTGTTAATAATAATGCTGACGTAGTAAATTCGCACAGCATTCCGCTCTCTTATGCTGCCAAATTATCTC
TTTGTGTTTGTGCCGTTTCTGTTTGTGTTCTTGCCTCTTCCGTTGAAGACATTTTGGAAATATTCCAAACAAAACACATTATTGGATTACTGATT
CATTTCAAATCTTGCACAGACCATGTCGAAGGACGCGGACGTGGAGCAGGCGACCAAGCCGGAGAGCGGAGTTGTCCAGGTGGAGCCAGCGATTC
CGGAGCAGCCACAGGCCGCCGTTCCGACCACCATCTCCACGGCGACCACAGTGATCGCGGTGACTAATGGGGAAAAGCCAGCGGCAGCGACACCA
GCAACAACTGCAACACCTGCGACAGCAGAACAAGTGCAACCTGCAACAACCATCGCTGGCATTGAGTTGGCCACTCCAACGGCGGCGGCAACTTC
ACCACCAAGCAGCGGCAAGGCCAACATGGATCCAGCGCTGATCAACTTTAAGGTGCTCTATGTGCTCACCCAGCTGTGCGGCCTGACCATGATCG
TCCTGGTGGCCACCTGGATTGGCCAGCACTTCGGCGGTCTGGCCGGCACCTCAAATCCCGGCGTGGAGTTCAACTGGCATCCGCTGTTCATGACC
ATTGGCTTCATTTACCTGTATGGCAACTCCATTCTGATCTATCGTGGTTTCCGCACCACGCGCAAGAAGACTCTGAAGCTTACCCACGCCGGCAT
CCACATGGGTGCATTCATTCTGACGGTGATTGCCCTGAAGACGGTCTTCGATTCCCACAACTTGGCCAATCCGCCCATTCCCAACATGTACTCCC
TGCACTCTTGGCTGGGGCTCTCCGCGGTGATCGTCTTCTCGCTGCAGTATGTGGCCGGATTTGTGGCCTTTTTGGCGCCGGGGTTGAGGGAGAAC
TACAGGATCGCCATGATGCCGCTGCACATCTACTTCGGACTCTTTGGATTCGTTCTGGCTATTGCTAGTGCCCTGATGGGCATAACCGAGAAGGC
CATCTTCGCCATCAAAACTCCGGCTTACTCCACTCTTCCACCGGCTGGTGTGTTGGCCAATGTGATTGGAGTAATGTACGTGGTCTTCGGGGCGC
TGGTTGTCTACCTAGCCACTGAGCCCTCCTACAAGCGGAAGCCCATTCCCGAGGACACGGCTCTGCTGAACTCCAGTTCTGTCAACGAGTAAGGG
CTATGCCCATGCCCCAAATCAACTGCAATGCTTACTTAAGCTAAAAACTGTGCACAAAACCAAACGAAACCGAACCTGATCACACGGATGGTGCT
TTCTTAGTGATGGAGATGGAGATTCGTCAAGATGAGTGTATTATCTGTAGCATGTACATAACCTAACGACTATGTATGACTCTGAATTATGAACA
TACGTATACTTTGGTCACCAGTTGTGCAATGATTTCAGCGAGTGCTCAAATCATAACGTATTTAACCTCAAGAAAAACATTTGCTTTGAACTGTA
CGAATACATCTATATATGTGTGTTATATATGCTTAAATAAATATATA
(SEQ ID NO: 65)

Start ATG: 308 (Reverse strand: CAT)

MSKDADVEQATKPESGVVQVEPAIPEQPQAAVPTTISTATTVIAVTNGEKPAAATPATTATPATAEQVQPATTIAGIELATPTAAATSPPSSGKA
NMDPALINFKVLYVLTQLCGLTMIVLVATWIGQHFGGLAGTSNPGVEFNWHPLFMTIGFIYLYGNSILIYRGFRTTRKKTLKLTHAGIHMGAFIL
TVIALKTVFDSHNLANPPIPNMYSLHSWLGLSAVIVFSLQYVAGFVAFLAPGLRENYRIAMMPLHIYFGLFGFVLAIASALMGITEKAIFAIKTP
AYSTLPPAGVLANVIGVMYVVFGALVVYLATEPSYKRKPIPEDTALLNSSSVNE*
(SEQ ID NO: 66)

Name: cytochrome B561-like
Classification: electron_transfer

Celera Sequence No. : 142000013384816
AGCCCCATAATTCGTGGAGCAAACAACAAAAGAAAAATGTGGACATTGTTGTACACACAGGCAGAGTCACGCACACAGACGAACCCACTCGCTCG
CTCGCTCGCAGCTAAAGTTTGAGTTCGCGTGGTGCCTTGCACATTGTTTATAAACTTTAAGGGCAGCCAACGTGGAGGGGGCACTAAAAAAACAC
ACCCCACTTTAGCGGGCACAATTTGTTTTCAGGTTTTCAACTGCACATTTAACGCGTGTAAAACTTTTTGCGTTTGGGGCCCACTCTCACACATA
CAGGCGCAACACAGCACACACACGTTCAATCGAATTTTTCACATACGTTTTAAGGACGTTGCTCCTCGGAGATTGCCTAATTTTTGCGTTTTTCA
GATGACTCTGTACCCAGTCTATCTAAATTTCTGGTTTTCAGATACTAGAATATGCGTGCAATTTGCGGATTTGGACAGATTTTGGACCCGAAAAA
AAACTAATGCGGATCCAGTGTGACCACCGCTCGACCGTTCAAATATACCATGGGAATTCACGGCTTAAGTTAGGGATGTGATGGTCTCCGCGTGA
CTCGAGCTTGGTTTTAAAAAATGTGATACTCTGCAAGTTGTTTATATGTATGGATTTCATGAATTATTTATGTGTTGTAATAATAAACGTGTTTC
TTACACAATTTAATTGCTCAGCAATTCTACTTTTCTTTTTTGATTGCTTATATTTTATATTATATTTTTGATTGCTTAATTACTAAAATTATTAT
ATGTTTAAAAAACTTGTTTCTATTTTCATAGTTTTTAATTTTTATACTTATATTTTATAACTTATAGAAATTTCTTGAAAACCCTAAAAATGACA
TGAGTTTGTTATTTATTGCTATGTTATAAAATAATTAGAAACCATTACAGCAAATATCGTTAATTTGTTTACTAGTGATAGAGTGTGGTAACACT
AGCATTTCCGTCCACACAATGTTAAGGTCACACTCAGAAGCTGCAAATTTCGAATTTCGACGGTCGCTATGAGTGGAGCTCTCGGAGATGTGGTG
TCCGAATACCTGGAGCGCGGCCCAGTGCTCGTGGTGGCGGACCTCCTTAGCCTGATAACGGTCTCGTCCTGCCTGGTGATCAAGGTTCCGCAGAT
AAACACGATACGGGCGAACGAGTCCTCGAAAGGTGAGCACCGCCCACACAACATCTGCAACCTATCCTCCCACTCATATGATACGGATTTATGAA
TTAGGCATCAGTGTTTTGGGACTGTGCCTGGAGCTGTTCAGTTATACGGTGATGTTGTCGTACAACTACACCAGTGGCTACGACTTCCTCTCGTA
CATGGAGTATCCTGTTTTGCTGCTGCAGGAGTACGCCCTGATTTACTACGCCTTCAAGTACCAGGATCTGCTGGGAAGGAGGACGCAAGTGGTGG
CCATACTGTATAGTATAGTGGCCACTCTCATATACATGAAGCTCTTTCCCATTATCATCCTTAAGTTCCTGGTGGTGAGTAAGCCTGTATTGATA
TCACCTAGTGACTGATTAGTCGGGTATTCTTGCCCAGATAACGACTTCGGCGCAGTTCAAACCCGTTCCCCGCTCTCTTTTCCAATTAACTAATT
ATGTTTCCGGGCAAACGGGTTTGGTTTGATTTGTTATTTGTTTTAGTTTGAAAAGGCGGTGCTCTTAACTGGGCAGCATCTTCGCTCAAGGTCAC
CGATGTTTGTTGTATAATATTTGAGCGGCTATTAATACTTTCAGTGCTCGGGCAATATATATAAATCTCGTGAAATTCATCTAAATGTTTGATTT
CCCGTCAGCCTTTCTGCACTCCCATTGGAGCCACGAGTAAGGTCCTCCAGCTGCTGGCTATTCTGAGGACCAAGGATGCCAGTTCCGTCAGTAGA

ACCACATGGGCGCTCTCCGCCTTTACAAACATGAGTGAGATCACATCTTGCATTCCATCACTTGATGTCATCAATTAACACATCATATATGTATC
CCTTACAGCTCGAATCTACACGGTGTTCTTCCAGTCCCACGATTGGATGTTGCTATCAAACTTCCTGATTTCGACGTTCCTTAGCGCCTCCGTTT
TCACCGCCGCTTGCGTCTACAAGAAGAAGGCCAAGGCGGAGTAATTGGCCAGCCTGATTAGAAAAGCTCAACATAGACAAACACTGCGCTGGCTG
GAAATGCTTATCAGTCATTGTTTTAATTCTATTTGCTTATCTGTTTAAATTGATATTACAAATTCTTGTTTGAATCGGTTGTTGTTACTCGTTTA
ACTGTCCGCGTAGAAAGCCACCACAATTGCACCCACAACTGTTAGAATGGATACTGCATAGATTGCTCTACGTTGCCAATCGATCTTGGTCTTGG
CCGGTCCAGAACCCACAGTTTTGCGCTCCTTGTGCTTGCGTTTGCCGAACTTGGCCTCGAACTTCTCGAGTTCCAGGCGGTTTCTTTCTTCCTCG
TCGCGACGCTTTTGTTCCAGCTGCAGTTGCTCTGCCGCCTGGACGCGAATTTGCTCCGCCTTGCAGTTCGAGTCGCAATCCAAGAATGTCTGACC
AGCACGGTGTTTGTCACAGGCAATCTCCTGCTTGAGTCGCTTGCAGGCGCAGAAAATGCGAACCTTCTTGCGGCACAACTCGGGATTTGGGCACT
TGCCTGTGTGGCAGATGGCTGTGCAGCGATGTCCGCAAGGATACTGAAAAAATATATATATCACTGTAAGGCTTGATCGACAATGGTATATTACA
GCACTTACATTCTTCAAGCATCGATTACCGCAGCTCCGTAGCTTTTCTCTTCGCTCGATGATCTCCTGGACCGATCCCGTTTCATCATAATACTC
GTTGCACTTGTAAACCAACTGGTTGAGTCCACAGTGACACTTGGTCTTAATCACAAAGTTGCAGGGCGCACAGGGCGGTGGATGACATCCTTTGG
GACAGGCGTGAATACATCCGGTTGGTCGGGGAACGGTGCAACCCTCCTCGCAGTTGGCACAGCCAGTTTGCGCAGACATATCCTGGGGAAGCGGT
ACGAAATGGCAAACCAATGAACACTTGTGATTGCCGCACTTAAGCTGACGTGCACACGATCGCTGACAGGAAGTGGGTTTGGAGTTCCAGCATG
(SEQ ID NO: 67)

Exon: 1001..1172
Exon: 1240..1503
Exon: 2004..2134
Start ATG: 1019

Transcript No. : CT2591
CGAATTTCGACGGTCGCTATGAGTGGAGCTCTCGGAGATGTGGTGTCCGAATACCTGGAGCGCGGCCCAGTGCTCGTGGTGGCGGACCTCCTTAG
CCTGATAACGGTCTCGTCCTGCCTGGTGATCAAGGTTCCGCAGATAAACACGATACGGGCGAACGAGTCCTCGAAAGGCATCAGTGTTTTGGGAC
TGTGCCTGGAGCTGTTCAGTTATACGGTGATGTTGTCGTACAACTACACCAGTGGCTACGACTTCCTCTCGTACATGGAGTATCCTGTTTTGCTG
CTGCAGGAGTACGCCCTGATTTACTACGCCTTCAAGTACCAGGATCTGCTGGGAAGGAGGACGCAAGTGGTGGCCATACTGTATAGTATAGTGGC
CACTCTCATATACATGAAGCTCTTTCCCATTATCATCCTTAAGTTCCTGGTGGTGACTCGAATCTACACGGTGTTCTTCCAGTCCCACGATTGGA
TGTTGCTATCAAACTTCCTGATTTCGACGTTCCTTAGCGCCTCCGTTTTCACCGCCGCTTGCGTCTACAAGAAGAAGGCCAAGGCGGAGTAA
(SEQ ID NO: 68)

Start ATG: 19

MSGALGDVVSEYLERGPVLVVADLLSLITVSSCLVIKVPQINTIRANESSKGISVLGLCLELFSYTVMLSYNYTSGYDFLSYMEYPVLLLQEYAL
IYYAFKYQDLLGRRTQVVAILYSIVATLIYMKLFPIIILKFLVVTRIYTVFFQSHDWMLLSNFLISTFLSASVFTAACVYKKKAKAE*
(SEQ ID NO: 69)

Celera Sequence No. : 142000013384610
AGTATTTATTCTACTTTTTACTCAGCCAATGCATCTTAAGCCTTCGGGACCTACTCTCGAAAAGAATCCGTCTAGAAACCTGCGACATGTTCAGG
AAAAACGTAAACGTACGCCCATTAGAGAAAAGATGGCTTCGCTTGAGAAGTTGAGGAATCTCCAAAATAGCAAGTTTGTTCTCTCCCGCGACGCT
TTTCAAAAAATTCAAAAAATTACTAGTGGCGGTCCCTATTACTTGACAAAAACAAAGATTAGACCATAGGCCTTGATTTGAATATCTCAAAATAA
AAAAATGCAATGCAAACACATTTGAATCGATTTTTCGCTTTATTACATTTCTTGTATCATAATCGTTTTGTTTTTCTGGTTTTGCCATTTTTTAA
ATATTGACGTTTTATATAACAATTCATAATTTTAGCTTACAATATTTTTGTTTTGTATTCTTAGAATCGTTTATGCCTTTTGCCATGAAAACACT
TCTCTCTCTAGCAAATATACAATTTTCGAAACTTGTGATTTTGCAATTATTTATTATGTATATTATATATATTATATGTATATAACTAAAAATGC
GTAAATTAATTTTTTTTTGTTTGTTACGTGGTTTGTGGGCACATTCCTTTTATCAAAAGGAACAAAACATGAAAATGTACATAAGTGTTATTGGC
AAATAGTTTACCATCTGTTTTAGATCTTGATACACATACGTGCATCATCGATATAAAGAACCTGAATTGTTTTTAAATTTCGAAGCGGCAGTTGC
AGTTCTGTATTTGCGCCTCATGAATTGCTCGTTTAACGTGTCTCTCTAAAAGGCAGGAGCAGCTGTGAAGTGCTCGAAGGCAAGGGTCGATCCGT
CCGCCGTTGGATCTTTATCCTTCCTGACCGTCCATTGATTGGCCATTGTCCTATTATCGAGAGCCCGCCGCTTATTGGTTGGTTGATTATTTTTT
CTCTCATCTATTTTTATGAAATGGCTGTTAAAAATTTTGGTTTGAACGCATCATTCCCATTCGGTGGTGCCCGGCGGCTTGGCTGTCAAGTCGTA
CAGCACCCTCGAGATTCCATCCAGCTTGGATATATCGCGTACAATTTGATTTAGGACCTTTGAGCAGGAAAAGATTAAATATACATTTTTCAGAA
AGATTGAAAACTGACTCACTTGCAAAGGCATTTGCACGGATCCGGGCTCAGCCGGCACACCAGTCATAAAGTCGTTCGTTATGAACGGACGCAGC
ACTACCGACCTTCTGCACGAGGGTGTGCGGTTAATGGGATCGCGGTCAAAGTGCACGGGTATGAGAACAACAGGCATCTGCGAGATCTTCCGGTA
TAGTCCAGCTTGCATTATGATCTAAAACGGTTATGATATAATACATTTTATTTATTTCTATGACAAATCCACTTACTTCATTGGCAATATCATCG
GCTTGCCTCAGCTGCGAAAGAACTACAGTATTCAGTGTGGTGTGCGTAATATCCGTCACTAGATACTGTACGGGTTCGCCGAAGATATAGCACAC
CCTGTTCACGTTGTGCAGAATTCGCGGTATGATTTTGGCGAGGAAGAGAAGATCCTGCCAGTTGGGCTCCTGGCTCGTGGATAGGCCTACTACGT
AGCTATATGACCGTTTATCACCTTGCACGCCCACTGATCGGATGGGCAGCAAAGTTGCCTGGATCTGCGAGTTCGATGAGATACGCATAAGGTCT
TTCTGTTCCGCCTCGCTCGTGGCCGCCGTTACGCGGTTGATCAAAGCATGGTTCTTCTGCAGTTTATTCTTGTAGTCTACAATCACGCGGATAAT
AACCTACAATTAAATAGTATATTTATTATAATAACTTTGACAGCAATTAATTGTTAACATGCCTGAGTTTCTGAGTAGTCCTTTTCCATGTATGC
CTCCTCAGCGCAAAGGACGCGGATTGCCAGGCCAGGACCCGGAAAGGGTTGCCTCTCCACAAGCTCTTGAGGCAGGCCAAGATCATTGCCAAGGT
CGCGCACTTCATCCTTATGAAAGTCGCAAAGGGGCTCAACCACACGTCCTGCGTTACGAAGCTCTCTGAAGAAATGAATTACAAAAAATAAGCTG
ATCACTAAAATTTGGTTAGGAATTTAGACTTTTGCTTTTTTACCTGATCAGATCCGTGTCATTGTGGTGCGTTTTGATTGTTTCTGCATTCGTGC
TCACCATGCTAGAGGCGGACTCGATCAGATCTGGTCGGAGGGTTCCCTGGGCCAACATAACTTCTTCGGGCTTTAGTTTCAATTCGGCTACTACA
TCATTGGTCACCTTGACGAATATATCACCAATTATCTTGCGTTTTTCCTCCGGATTGTATGTCTGACATAACATCGGCGTTTCCACCACGGAGTA
CTGTCCGGGCCTCTTGACCTGCGTGGTGCCTTTAAGGAACGTGTAGCCTTCTTTTCGGACGATTAAATCAATGCCAATATCGCGCAGTGAACGCT
CCACCTTTTCACTTTCCTTCTTGCGCATGAAACCTTGAAGTAAGGGATAAAATATTAGGTTTTAAAGTACAAATGATATAAATTCGGTATTCACC
GAGTTAATGAATTATTTGACGTAGAAAAAATATAAATGAATAAATTTCGCTAATCTGTCTACTGTCATACCATTATCTACATGCACGGCAATTAT
CTGATGAGGGTACAAAGCACGGCGGAGCAAAGCTGCACAGACACTCGAATCCACGCCGCCGCTGACCAGGAGCTGTAAAATGTAGATTGTATTGA
GATATTCATGTCTTGATTGAAAATTTATTTTCCCAAACTCACCAACACCTTATTGTTGCCCACTTTCTCACGGATATAGCGTATGCACTCCTCCT
TTCGACTACCCATGGTAAAGTTAGGTGTCAGTTCGCAGATTTCGTACAGGAAGTTCGATAGCATCTGTTTGCCATTGATAGTGAGGTCCACCTCA
GGATGGAACTGTACGCCGTAGATGCGTAGTACTTCATTGTAAATGGCTGTCACAATGCGGTTTGTAGACCAGCCACCAATCTTCAGATTCTCGCC
TACCCTCTCAACGCTATCTCCGTGGGTTAACAGCACGGACTGTGTGCGACTGAGGCGACTGCGGGAAACGAAGATGTTATGTTTGTTAATTGCAT

GTATTAGAATAATTAATGGTAATGATAGATAATATGTTAGGCCACGTGTAGATCAGTTTATAAACTACTCTAAACTAAACTGTTCTTGGCTTTAA
AATTGTTCTGGCAGCATTGTATCAGCGCTTAGGTAAACGCATTTAAGCCTAAGCACTTTCTTGTTGCTGCTTGTTTTGGGAATCAATATTTCCTG
GCTCACCTAAAGAGCGGGCACGAGGTCTCGATCTCGATATTTTGTTGGCCATCCTCTCGAACATCCTTCTTGAGCACTGTGCCCCCGAACTCTTT
GTTGATTAGCTGCATGCCGTAGCAGATGCCCAGCATAGGTATTTTTAGCTTGAACAGATCGGGATCATAGCTGGGCGCATCCTCAGCGTAGACTG
AGTTGGGTCCGCCGGAGATGATGATGCCTCGATAGCCATTGTTGCGTATCGTGGCAGCTGGCGTATCCAGAGGAAGGATATCCGTCTCAACGAAG
AGTTCGCGTACCTTACGGTCGATAACCTGCGGAGAAACCAGGACCATTTTAAGAAGAGGTTAAAACTACTCTTGGTTTTAAGCTTACCTTGCCGT
ACTGTGCTCCCGCATCAAGTATAACAATCTTATCATGCCGCAGGCCATTCTCTGCTGTGCCCAGAAAAATGTTTGAGTTCATTTCTTTATCGTTG
CAGCACTGAAAAGAGCAAAGATTTGAGTGTCAGTCAAGCAATCGCAGAAACAAACACCGAATCTCGACTGGCTGGTAAACGCGCTTCTGCTGCTT
ATTTATACTCCAATTGTGGCTGCAATCGACGCTACAGAAACAAGGCTAAAAGCTGGCTAGGAGGTGGGGAAAATAGGTTTCGGATTGGGGCAATC
GCGGAGATTGAGATTTGTGGTACAGAAGGCTCACATACCGGCAATATCTTGTGGAGCACTCGCAGAAACATTCAACATGCAGCTGGCCAGGACGC
TCTACGATAGACAATAAACATTGGCAAATATTTTCTTGTCACAGAAAGATGATTTGTGCAATGTGGAAAGAAATTTACAAGCGACGAAAAACAAG
GCCGAGAGACGCCTACCAAAAATGATTCGCTGTGCATCGCGACGATTACGTTCTGTGGGTATTATTTATTTGACCAAATATAAAACATTTACGTA
TATGAATAAGCCTATAACTTAATCTTAATAATACCTGTTTATTTAACCGTGGTTAGAATTTAAGACAGAGTGTATTCACAGCCAGCATAAAATCA
TAGATACCATAGGAAAAAGTGCTCCAAATGATCATAGTTTGGTTTTTAAAATAATATTAAATAGATATAATTTTTGTATAATTTTGGTCAACAG
ACTGAATTTGGATTAACAACATGAAAAACGAATTTTTGTGCCAGGAGTATCTGTCAATGCTATATACTTCTACATACTAAAGTAGATTATCAAAG
CATGGAAGTTAACATTTAATTTTATAGACACATTTGTCCCATCAAAGAATTTAGAAAAACAGCAGGTCAGGAACATGCTTTTCGAATTCCCGAAG
TAATCGGCGACTTAGTACATATATTTTAAAATACAAATTTCGATGCATGAGGATGAGGATGTGAGGAGGAAACGGAACGTAATGGTGATGGGGTC
AGGGGGGAGGGCGCCGGCTACTGACCGCCAGATGACAGGCGAAAATACTAAGAGGAGAGTGGCAGCGGAAGCGAGAGAGAGCGAAAGATGAGCGG
AGAAAAATGGCAGGTAAACGAAAACAGAGCTGAAAAGTGCACAAGTAAAATAGAAAACAAAAATAAACAACAACAATCCAGGAGACAAATCGACG
GTAGCAAGTCTTCTTGTTTGCCATTTATTTTCTCTTGAAGTGTGTAAAAACGCAGCAGCAGCAATATGAAAAGCCTCTCCGAAGGTTAGGAGTGC
ATTAGGTCACTGAAGCGATGCGATGTCTGTGATGTAAGCCGTGCTCCTCCTTTGGCTCTCTCTCATTTTTGATAACAACATGCAAGAGGTTATCA
GAAACGGCACAAACCACAGCAACAACAACTAAAGAGGGCGGCCGCGTGGTTGTAATTTAATACACATGCAGAAGGCACGCACACTTACACACGTG
GAGCCGCCAACAAGCGGCGCTTATAACCACAAAATGGCCACGGGATATATTTGCAAAACATTTAAAAAATTGCAAATGCGGAGAACAAAAAATCG
CAACAAAAGCAAAGGCAAATGCGGTTGAAGCTAATTTGCGAATTCAACGGGCGGGGTGCGGAATTGTGGGCGGAGCAGCACCGCATGGCGATTTG
GCTGGGATCGGGGATCTTTTTCGCCATATTGCGACTCTCACCTTCTCTCGTTTTAGCCTGGCTGCGGTTTTCCAGAACCGGGAAGTCCGTCGGCA
AGGCCGTGGAATACCGTGACAAGCAGCGCAAGACTTTGTCTTAAGACGAAATTCGCGATCCGTTGTTTGCGGTCCCCCGTTTTCCTTCCTCACGC
ACACACTCAAAATTTCTTCGGCTGCTGCAGCTTCTTTTCCGCGTATCCAGGGCTGCTCGACACAGCTGGCGATGAAATCCCTGTGATTTTCACGG
CTGCGTTATTATGGCCGCTTCCAGGGACTTTCCTTTTGGATTTCCTGCAGTTTTTTCGCGAATTAAAGCCGAAAGATGACTTATTGACGAGCGGA
TGACCATATTTCGGATTTGGGAAAAATCCAGCTGTGCTGCAAACGAAAAATACCAGCTGTGAACGTTTTTGGTATTAATATTTACCAAATAAATA
AATTTATATTTATTTCGAAAACAATGAAAATTCCTTAATAACATTACATTACTTCTTTATTAGGAGTGCTTAAGTATTCTTTTAAATAATGAATT
ATAATTAAAATTATAATCTGTTTGTACAGTGTTGACAAACGAGCACTTTTTGTAGAACCATATACATTACCCGGTCACACTGAGCCCGCCAAAAC
AGATATGTTATTGCGCTTATTTAGAAAACCAAGAAAAAACACGAGAACACGTGAAAATACAAATCTACCCAAATGAAATGGGTCCTGCTCAGAAA
TCCGGAACAGATATTAGTATCGATGATGAGGAGGAAATACTGGCTCTGGAAAAACTACTGGGTGCAGCAGAAAACGAAAATACAAAATCTGCAGA
GTCAGAAAAAGCAAAACCCACCGCACCCATTTTGGTGCCAAAACTACGAGAAGACAACAGTTTTGCTAATGCCTTCACCTTCGAGAAGATCGTGA
AACCGGAAAAGCAGAAGAATGCTGCTATCATTAAGGAACCAGAGCTGGACTCGTCCGACGACGAGGAGGTAAAGAACTTCCTGGAACGAAAGTAC
AATGAGTACGGCAGTGATATAAACAAGAGACTGAAGCAGCAGCAGGAGAACGCCTACGAGTCCAAGGTGGCGAGGGAGGTGGATCAGGAGCTTAA
GAAGTCTATCCACGTGGTTACATCCACCCCGCAACCCCTGAAAAATCCGCATAATCCTATTAAACGGCAATCGGCGGTGAGCACCACGTTTCAAC
GTCCTCCGCCAGTCGCTGCCGCCGTGGCATCTACATCCCAGTCAAGTGCTCCCGTATCTGCTGTTTTTACGGATCCAGTCTTCGGACTGCGCATG
ATCAATCCGCTAGTCTCCAGCTCACTGCTGCAGGAGCGCATGACGGGCAGGAAACCTGT
(SEQ ID NO: 70)

Exon: 5804..5457
Exon: 3805..3698
Exon: 3636..3332
Exon: 3098..2798
Exon: 2732..2636
Exon: 2503..2134
Exon: 2060..1868
Exon: 1808..1407
Exon: 1351..1160
Exon: 1102..1001
Start ATG: 3787 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT2988
ATATGGTCATCCGCTCGTCAATAAGTCATCTTTCGGCTTTAATTCGCGAAAAAACTGCAGGAAATCCAAAAGGAAAGTCCCTGGAAGCGGCCATA
ATAACGCAGCCGTGAAAATCACAGGGATTTCATCGCCAGCTGTGTCGAGCAGCCCTGGATACGCGGAAAAGAAGCTGCAGCAGCCGAAGAAATTT
TGAGTGTGTGCGTGAGGAAGGAAAACGGGGGACCGCAAACAACGGATCGCGAATTTCGTCTTAAGACAAAGTCTTGCGCTGCTTGTCACGGTATT
CCACGGCCTTGCCGACGGACTTCCCGGTTCTGGAAAACCGCAGCCAGGCTAAAACGAGAGAAGTGCTGCAACGATAAAGAAATGAACTCAAACAT
TTTTCTGGGCACAGCAGAGAATGGCCTGCGGCATGATAAGATTGTTATACTTGATGCGGGAGCACAGTACGGCAAGGTTATCGACCGTAAGGTAC
GCGAACTCTTCGTTGAGACGGATATCCTTCCTCTGGATACGCCAGCTGCCACGATACGCAACAATGGCTATCGAGGCATCATCATCTCCGGCGGA
CCCAACTCAGTCTACGCTGAGGATGCGCCCAGCTATGATCCCGATCTGTTCAAGCTAAAAATACCTATGCTGGGCATCTGCTACGGCATGCAGCT
AATCAACAAAGAGTTCGGGGGCACAGTGCTCAAGAAGGATGTTCGAGAGGATGGCCAACAAAATATCGAGATCGAGACCTCGTGCCCGCTCTTTA
GTCGCCTCAGTCGCACACAGTCCGTGCTGTTAACCCACGGAGATAGCGTTGAGAGGGTAGGCGAGAATCTGAAGATTGGTGGCTGGTCTACAAAC
CGCATTGTGACAGCCATTTACAATGAAGTACTACGCATCTACGGCGTACAGTTCCATCCTGAGGTGGACCTCACTATCAATGGCAAACAGATGCT
ATCGAACTTCCTGTACGAAATCTGCGAACTGACACCTAACTTTACCATGGGTAGTCGAAAGGAGGAGTGCATACGCTATATCCGTGAGAAAGTGG
GCAACAATAAGGTGTTGCTCCTGGTCAGCGGCGGCGTGGATTCGAGTGTCTGTGCAGCTTTGCTCCGCCGTGCTTTGTACCCTCATCAGATAATT
GCCGTGCATGTAGATAATGGTTTCATGCGCAAGAAGGAAAGTGAAAAGGTGGAGCGTTCACTGCGCGATATTGGCATTGATTTAATCGTCCGAAA
AGAAGGCTACACGTTCCTTAAAGGCACCACGCAGGTCAAGAGGCCCGGACAGTACTCCGTGGTGGAAACGCCGATGTTATGTCAGACATACAATC
CGGAGGAAAAACGCAAGATAATTGGTGATATATTCGTCAAGGTGACCAATGATGTAGTAGCCGAATTGAAACTAAAGCCCGAAGAAGTTATGTTG
GCCCAGGGAACCCTCCGACCAGATCTGATCGAGTCCGCCTCTAGCATGGTGAGCACGAATGCAGAAACAATCAAAACGCACCACAATGACACGGA
TCTGATCAGAGAGCTTCGTAACGCAGGACGTGTGGTTGAGCCCCTTTGCGACTTTCATAAGGATGAAGTGCGCGACCTTGGCAATGATCTTGGCC

TGCCTCAAGAGCTTGTGGAGAGGCAACCCTTTCCGGGTCCTGGCCTGGCAATCCGCGTCCTTTGCGCTGAGGAGGCATACATGGAAAAGGACTAC
TCAGAAACTCAGGTTATTATCCGCGTGATTGTAGACTACAAGAATAAACTGCAGAAGAACCATGCTTTGATCAACCGCGTAACGGCGGCCACGAG
CGAGGCGGAACAGAAAGACCTTATGCGTATCTCATCGAACTCGCAGATCCAGGCAACTTTGCTGCCCATCCGATCAGTGGGCGTGCAAGGTGATA
AACGGTCATATAGCTACGTAGTAGGCCTATCCACGAGCCAGGAGCCCAACTGGCAGGATCTTCTCTTCCTCGCCAAAATCATACCGCGAATTCTG
CACAACGTGAACAGGGTGTGCTATATCTTCGGCGAACCCGTACAGTATCTAGTGACGGATATTACGCACACCACACTGAATACTGTAGTTCTTTC
GCAGCTGAGGCAAGCCGATGATATTGCCAATGAAATCATAATGCAAGCTGGACTATACCGGAAGATCTCGCAGATGCCTGTTGTTCTCATACCCG
TGCACTTTGACCGCGATCCCATTAACCGCACACCCTCGTGCAGAAGGTCGGTAGTGCTGCGTCCGTTCATAACGAACGACTTTATGACTGGTGTG
CCGGCTGAGCCCGGATCCGTGCAAATGCCTTTGCAAGTCCTAAATCAAATTGTACGCGATATATCCAAGCTGGATGGAATCTCGAGGGTGCTGTA
CGACTTGACAGCCAAGCCGCCGGGCACCACCGAATGGGAATGA
(SEQ ID NO: 71)

Start ATG: 367 (Reverse strand: CAT)

MNSNIFLGTAENGLRHDKIVILDAGAQYGKVIDRKVRELFVETDILPLDTPAATIRNNGYRGIIISGGPNSVYAEDAPSYDPDLFKLKIPMLGIC
YGMQLINKEFGGTVLKKDVREDGQQNIEIETSCPLFSRLSRTQSVLLTHGDSVERVGENLKIGGWSTNRIVTAIYNEVLRIYGVQFHPEVDLTIN
GKQMLSNFLYEICELTPNFTMGSRKEECIRYIREKVGNNKVLLLVSGGVDSSVCAALLRRALYPHQIIAVHVDNGFMRKKESEKVERSLRDIGID
LIVRKEGYTFLKGTTQVKRPGQYSVVETPMLCQTYNPEEKRKIIGDIFVKVTNDVVAELKLKPEEVMLAQGTLRPDLIESASSMVSTNAETIKTH
HNDTDLIRELRNAGRVVEPLCDFHKDEVRDLGNDLGLPQELVERQPFPGPGLAIRVLCAEEAYMEKDYSETQVIIRVIVDYKNKLQKNHALINRV
TAATSEAEQKDLMRISSNSQIQATLLPIRSVGVQGDKRSYSYVVGLSTSQEPNWQDLLFLAKIIPRILHNVNRVCYIFGEPVQYLVTDITHTTLN
TVVLSQLRQADDIANEIIMQAGLYRKISQMPVVLIPVHFDRDPINRTPSCRRSVVLRPFITNDFMTGVPAEPGSVQMPLQVLNQIVRDISKLDGI
SRVLYDLTAKPPGTTEWE*
(SEQ ID NO: 72)

Name: GMP SYNTHASE LIKE
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384340
CAGGTTTTTTGTTTTCTTTATTTTTTGGTTTCTCTAGATCCTCGAAGAAGCGGAGTTGAGTCCGCTTATATGGCCAGTCATGTGGCACGCATCAT
CATTTATCAAAGAACGCGGCAACAATTCGCAGGGCTGACAACAAGCCAAAAAACAACCTCCAATCTTTCGTAACGAAAGACACCCAACTTGTTCC
ACCCACAAAAGACGCCGCCGTTTTCGTGTCGCTACTATTTTTACCCACTCCCAGAAATTTTTGTTTTTGTTTTTTCTTTTTTTTTCTGTCTATT
CGGTCTCCTGCGTTTCCTTGGATGCTTTATTGTTGTTGTCGACGCTTATCTGCCGTTTGACATTGATGTGCTGGGAGTACAGTGGTCGAAATGGA
GAAGTACACTTGATTATCTACCAAAAGTAAAAAAAAACCGTTAGTTTAAGTAGATTTATCGGATAGTTGCTTTATAATAGACCACACTGCGTATG
AGTAATATTTTACAGAGCTTATACATAAAATATTGCAAGTGGAATAGTTAACATTTCTCTAAATGATTTAAGTATTCAATTATTTTAGCCACTTT
GGTAGTAGGGGTTTCACTGTACGCGGCGCTTGTTGGTCCTGTCATGTAACGGTTAAATCTGCATGAAAAATTAATGCTGTGTTGTTGATACGGGG
AAAGTGGAGAGGGAAAATGGTCGCCGTATTGCGTATGTATGTATGTACATACATATGTACATTTATCTGCCTCTGCGAATTGTTGTTGTGTCGAA
ATTAGCATCTCGAACAGCTTGCGTTACTATTCCACCCGCAGATTTACAGTTACCCACTTACATATGCACACTTGGTTTACCCTTGCATTTGCTGT
TTTTAAAGACATTGATTTCGTGAGATTTTATTGTACTATTAAGTTGACCGTTACATTGGATTTATCTCTGTCTGGCTCATGGGTGGGAACAATTT
GCGAGAGTAAGTGGGTGAGCACGGGCGGCATAACGGGATACAGTGAACACTCAGTAGCTGGGACGCCATGGGGGATATGGACAGTGAAACTGGCG
CCGCTGCTGCGTCGACTGCGACGCCGACGGCGACTGCGACTGCAACTGCAACTGCAACTGCGACAGCGGCTCGTCTGCGTCGCGTCGCTGCAGCA
GCGCTGCCGCTGCGCGGTTAACCGTTTCGCGCCGATAGCCAAGCAGCGAGTTACCGTTACGCGATTGCTGCTGCTGAGCTGCCACCGTCAGCGTT
TCCCTTCCCGCTCTCCGAACAGCTCCACCAACTCCAACTCCCCTTCCCCCTCCACCACCAAAAATCGCAGCTCCATTTCCCCTTTTCGTTGTTGT
TTTTGCCGTTAACACTATATGCTGCGCAGTCCGCTTCGCTGTTAGGGGTGCTGCTGTTGCAGTAGCAGCTGTAAAGAGTTAACATGATTTTTTTT
TAACTAAAAGAAGTACAAAATGTTAAAGGAATTTATCAAAATCCGAAATTGTACCCTCGTAAACCGGCTTACCTGCTGTCTTCTTCATCTGTGAT
CGATTTAATCCCTTCGTTTTCAGAACCATTCCATTAGATTCCGGCTTGGCTGTCAACGAAGAATGAGTTCCACATACCGCTTTGGATGACAGCTG
ATCGTCCAACGGCGGAGCCTTGCCACCCGAACCGGCTGCACTGCGTCTGACCAACGTTCGAACATTGGTCCGATTAGAGATAGATTGTTGTATCG
AGCCCTGGTGGCTCTGCAGCTTGGCGGTTTGTTTCGATCCCTCGATGGCAGACGGACTTATCGGGGACTCCTGCAGATGCTGCGCCTGCTGTTGG
AGGATCTCCGCCTTGCGTATCTGCTGCTGGGTGCGGAAGGCACGCTTGTAGGCCGAAACCTGTCAAGGATCATGGGATATCTATGAGATATATGT
GAGTTAGACATATTACCTACCTGCGAGGCACTCGCCACCAGCAGCTGATTGGCTCCCTTGACCTGGCCTGGTGTCCTGTCCTCCCGCTTCTGATT
CGCCTTTCTTTCCGGTTTCTTTCCGAGCTTTGGATGCGATTTCTTGGAGGCATTAGCCGCCGTCACGTCATCATCTTTGGCCGGCTGCAGGAAGG
ATCGATGGCTGGAGCGGCTAACCTGGTTGCTGGTCACCTTGGTCACTCGCGGCTTATCATGCAGAGTCTCAAGCAGCTGCTTCTTCTTGACATTT
TCCTTAGCCTTCTCCTTGACCGTGTCCTTGACCTCGTGGGGACTGATTGGCACATCCTCGCACTTGGGTTCCTCCACTTTGGTTGAGTTCTGCAG
ACTCTGTTGCTGCAGGTGGACGCGACGCACGGGTGCCAGGGTGGCTCTATTGGACTCATCTTGAACTGAAGCCGCTTCCGAATTTGCTTGCGAAG
TGTCGTGGGAAGTGGAACCGGAATTGGAATTGGCTTTACCATGCTCCGAATTCAATTTCGTCGATTCCAAAGTATCGTCTTTGGTTTTTCCCTCA
ATCGAGCGTAATTTTGTCGCAGATCCCGATGGGATTGCCCAATTTTGACTACTGGCATTTGAGTTACCCACCGAAGCGTTGTCTGATTTTGCTAC
ATTTGACATCAAACCCTTGCCGCACGGGCTACTTGATCTGGGGTACTTGGGCCAATCTTCACCTGGATTAACATCCCAATCGCCTGATGTGTCTT
CCGAACTCTTTGCATATCCGAAATCGTTAACCGACCTTTTACCTAAGTCTTCTGCATATACAATTATTATAATTATTATCACTCACATACATATA
TGATTATATCATCTAGTTGACTTACCTTCATATCTACCCAAAGAATTATCCCAAGTGATTGTCGAGTTGCTGGGCCTGAAACTAGTCCGCGAACT
GCTGTCCAAGCTGGATCCCCGAGTGGTTACATCGAAGCCCCGTGGACCGGGTGGAGTGGCGGGTCGCGCTATGGATTCCAGCGATTCCATTAGCT
TAACGCCTCCGGACTCCAGGCTTCGGCTCCTCTGGCGATAGTTGGCGTGCAGGACATTGTGAAAGCTAAGCTGGCGCGGCTGTTGTCTCACCTCC
GAACGTCGCGTGGTGGCATTGGTTTTGGTGGTATTAATTGACATATCCGAGCTCTTCTCAATTCGGCTCCTTGGCGAATCACGGATACTGGCATT
GATTGGTCTCTGCTCGTTCCGATTGAAGGCATATGTGGCCACGGGTCCATCGGCGAATTGGATGTACTCGAACTGCTTGATGCGATCGCCCAAAG
TCTGAAAGCGGTGGCGCATCTCCGACGGCTGTTGTCCGTTTCTGGTGGTGGTGCTGTCATTTCCAGTGCCTAGTGGACCGAGTCCAGACCGCTTT
CGTCCACCGTCCAGCTTGGTCAGCACCGAAATGCGACGCTTGAGGGCGGCATCCACTGGCATCAGGGAGTCGCCATCGCTACGCGGCATTTGGAT
GCCCTGCGCCAGTGAGCTCTTCGCCATGGCGGCTATGTGGTGTTGCCTGCTTGGCGGCATCATTGCTACGGATCCCAAAATGGCTGCAGATGGAC
GGGGTGGCATGCTCATGGAACGGCCACTGAACATGCCCATATCGACCAGATGAGACTCCTCTTTGGAGTCCTTGCTTTTGCGCATCGATCGGCTC
TGGCGCTCCCGTTTCGCTTTGCTTTGCGGAAGGATCCGACCAGGAATCCGGTGCGGGATGACTCGCTACTGCGCCCGCTGGAGCAGCTCGAACT
GGCGACCCTACGCACGGAACTTTGACCGTAAACGGAGGCGTAAGGACGAGCCGCCGTAAAGGACATGGAGCGTGAACGATTCGCCTGCATCATCG
AGTACAGAAATTGGCCGGAATTGCTATTGCTGGCCGCCGATGCCTGATCCGCTTGCATGATGTGGCTGCGCGGATAGATATCGTTGGCACTGGGC
TTCGCCTCCGCCCTCTTGATCCGTCGCAAAGGACCAGCGTTCTCAGTACGGAAACGTGGGTGTCGATTGTCTACAAATTGATTGTATACGATGTA
TTTTACTTTACTTATATATAAGAAATGTTAGTTATAACGGTGAACTTACGTGAACTATAGCCGCGCTCGTAATAGGATCTAACGGCACTTTCGTA

CAACTCGCTAGTGTTGCGCAAAAACCAGGGTTGCATTCGGGTATTCACTTTGATCAAACGATTTATCTGGTCGGGTTTCATCGTAACGCCGGATA
ATTTCTACGTCCGAATGTTGGCAATATTCGAATTTGGATAAATGGCACAGGTATTTGTGGCCTATAATAATAACTAGTTTGGCTTCTATCTATTG
GCTTGAACTTGAACAATTTTGCTTTCCAAATGCACTGAATCGAAGTTAATGTTTGAATTTTTATTTGCCTGTTGCTCAGACCACTTTTGTATTGC
TTGACAATTTAATGCTCTTAAAACTAATGGCTTGGGGCAAAACGGGAGAAAAGTAATCGAAAACGTAACTAACTGCGGTGTACTAAAACATGCCG
GTGCGTGAAAATGGATATGTCTGTCTGTATTTTGAAAAGAAAAAAAAGAAAATCACACGCACGAAACTCAAGTAACGTCAACGTTAAAGCCGAGT
AAAAAGAAGTGTTACATTTATTTCGATTTTGACACAACAATCGGAGTCTGCCGAGTTTATTCCCTCTATATCTATATATATTTCTAACACGCGCT
ACAAATCAATAAGTCAATATGAAGTCAGGCTAACTTTAATCCAAGGAATTCATCTGTGCATCAATGATCTTTGGTTAGTCCATATGAAGTCCAGC
AATCTTGAATCCAAGAATTCCCACAGTGAATGAACACACGAGCACCCAGCTTAATTTAACCTCGGTTGGCTCAGTTTGCGGATTTCGCGTGTCCG
TAACGAACGAAACGCCGAACTTAGTTGTATAATTATGTGTGTTTCAATCAAATTAGCCCACACCGGTCATACATAATGCACTACCATGCTCACTC
ATTCGTTAGTCAACGCTGCTAATCCGAGTCAACCACTCACTCCAACCCGCCGGGTAGCCAACGTCATGGACTCACGAAAAAGCAGTCATTTGACA
TTGATTTATCAGTGGCTGTCAAAGTGCCGTCATCCGCCACCCCCGCTTTTCCAGCCCGCTTTTCCAGCCCGCTTTTCCACCCACTTCCAAACACA
CCCCCCCACCACTTTGGCCGCTGGGCGTGGTCAAGGTAAAAATGTAATAATTAGCCGCAGTGATGTGATGATGTTCGGGGTCACCCCCTCGTTAG
CCATGGTATCGTATCTCTGGCCCATCGTGGTGCCTCGATTTTGAGCTTGGCCAGCAGCAATTTGTCAAAGTTTGGCCTGAAAAATGAATGCTGGT
CGTCCTGTTTGTGCACTCGAAGAAATTACGCAGTGAAAGTCATTAAGAGATATCCTTAAACTTCTGTTAAACTTCTTCTGGGGACACAAGAAAGG
TTTCATAGGCTTACTATACTATTTTTCATTACACACAGTCTTAATTATGCAAAATAATAAATAGTTTAAAGGTATATGCCTATTTTAAATTATAT
TCCTGATATTTAAGCGAATTTTTTAGTGATTCATAGCTAGTTTTCGGGCTTATTACCTGACATA
(SEQ ID NO: 73)

Exon: 4574..4040
Exon: 3965..2781
Exon: 2711..1921
Exon: 1864..1498
Exon: 1398..1001
Start ATG: 4166 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT3184
TAACACTTCTTTTTACTCGGCTTTAACGTTGACGTTACTTGAGTTTCGTGCGTGTGATTTTCTTTTTTTTCTTTTCAAAATACAGACAGACATAT
CCATTTTCACGCACCGGCATGTTTTAGTACACCGCAGTTAGTTACGTTTTCGATTACTTTTCTCCCGTTTTGCCCCAAGCCATTAGTTTTAAGAG
CATTAAATTGTCAAGCAATACAAAAGTGGTCTGAGCAACAGGCAAATAAAAATTCAAACATTAACTTCGATTCAGTGCATTTGGAAAGCAAAATT
GTTCAAGTTCAAGCCAATAGATAGAAGCCAAACTAGTTATTATTATAGGCCACAAATACCTGTGCCATTTATCCAAATTCGAATATTGCCAACAT
TCGGACGTAGAAATTATCCGGCGTTACGATGAAACCCGACCAGATAAATCGTTTGATCAAAGTGAATACCCGAATGCAACCCTGGTTTTTGCGCA
ACACTAGCGAGTTGTACGAAAGTGCCGTTAGATCCTATTACGAGCGCGGCTATAGTTCACACAATCGACACCCACGTTTCCGTACTGAGAACGCT
GGTCCTTTGCGACGGATCAAGAGGGCGGAGGCGAAGCCCAGTGCCAACGATATCTATCCGCGCAGCCACATCATGCAAGCGGATCAGGCATCGGC
GGCCAGCAATAGCAATTCCGGCCAATTTCTGTACTCGATGATGCAGGCGAATCGTTCACGCTCCATGTCCTTTACGGCGGCTCGTCCTTACGCCT
CCGTTTACGGTCAAAGTTCCGTGCGTAGGGTCGCCAGTTCGAGCTGCTCCAGCGGGCGCAGTAGCGAGTCATCCCGCACCGGATTCCTGGTCGGA
TCCTTCCGCAAAAGCAAAGCGAAACGGGAGCGCCAGAGCCGATCGATGCGCAAAAGCAAGGACTCCAAAGAGGAGTCTCATCTGGTCGATATGGG
CATGTTCAGTGGCCGTTCCATGAGCATGCCACCCCGTCCATCTGCAGCCATTTTGGGATCCGTAGCAATGATGCCGCCAAGCAGGCAACACCACA
TAGCCGCCATGGCGAAGAGCTCACTGGCGCAGGGCATCCAAATGCCGCGTAGCGATGGCGACTCCCTGATGCCAGTGGATGCCGCCCTCAAGCGT
CGCATTTCGGTGCTGACCAAGCTGGACGGTGGACGAAAGCGGTCTGGACTCGGTCCACTAGGCACTGGAAATGACAGCACCACCACCAGAAACGG
ACAACAGCCGTCGGAGATGCGCCACCGCTTTCAGACTTTGGGCGATCGCATCAAGCAGTTCGAGTACATCCAATTCGCCGATGGACCCGTGGCCA
CATATGCCTTCAATCGGAACGAGCAGAGACCAATCAATGCCAGTATCCGTGATTCGCCAAGGAGCCGAATTGAGAAGAGCTCGGATATGTCAATT
AATACCACCAAAACCAATGCCACCACGCGACGTTCGGAGGTGAGACAACAGCCGCGCCAGCTTAGCTTTCACAATGTCCTGCACGCCAACTATCG
CCAGAGGAGCCGAAGCCTGGAGTCCGGAGGCGTTAAGCTAATGGAATCGCTGGAATCCATAGCGCGACCCGCCACTCCACCCGGTCCACGGGGCT
TCGATGTAACCACTCGGGGATCCAGCTTGGACAGCAGTTCGCGGACTAGTTTCAGGCCCAGCAACTCGACAATCACTTGGGATAATTCTTTGGGT
AGATATGAAGAAGACTTAGGTAAAAGGTCGGTTAACGATTTCGGATATGCAAAGAGTTCGGAAGACACATCAGGCGATTGGGATGTTAATCCAGG
TGAAGATTGGCCCAAGTACCCCAGATCAAGTAGCCCGTGCGGCAAGGGTTTGATGTCAAATGTAGCAAAATCAGACAACGCTTCGGTGGGTAACT
CAAATGCCAGTAGTCAAAATTGGGCAATCCCATCGGGATCTGCGACAAAATTACGCTCGATTGAGGGAAAAACCAAAGACGATACTTTGGAATCG
ACGAAATTGAATTCGGAGCATGGTAAAGCCAATTCCAATTCCGGTTCCACTTCCCACGACACTTCGCAAGCAAATTCGGAAGCGGCTTCAGTTCA
AGATGAGTCCAATAGAGCCACCCTGGCACCCGTGCGTCGCGTCCACCTGCAGCAACAGAGTCTGCAGAACTCAACCAAAGTGGAGGAACCCAAGT
GCGAGGATGTGCCAATCAGTCCCCACGAGGTCAAGGACACGGTCAAGGAGAAGGCTAAGGAAAATGTCAAGAAGAAGCAGCTGCTTGAGACTCTG
CATGATAAGCCGCGAGTGACCAAGGTGACCAGCAACCAGGTTAGCCGCTCCAGCCATCGATCCTTCCTGCAGCCGGCCAAAGATGATGACGTGAC
GGCGGCTAATGCCTCCAAGAAATCGCATCCAAAGCTCGGAAAGAAACCGGAAAGAAAGGCGAATCAGAAGCGGGAGGACAGGACACCAGGCCAGG
TCAAGGGAGCCAATCAGCTGCTGGTGGCGAGTGCCTCGCAGGTTTCGGCCTACAAGCGTGCCTTCCGCACCCAGCAGCAGATACGCAAGGCGGAG
ATCCTCCAACAGCAGGCGCAGCATCTGCAGGAGTCCCCGATAAGTCCGTCTGCCATCGAGGGATCGAAACAAACCGCCAAGCTGCAGAGCCACCA
GGGCTCGATACAACAATCTATCTCTAATCGGACCAATGTTCGAACGTTGGTCAGACGCAGTGCAGCCGGTTCGGGTGGCAAGGCTCCGCCGTTGG
ACGATCAGCTGTCATCCAAAGCGGTATGTGGAACTCATTCTTCGTTGACAGCCAAGCCGGAATCTAATGGAATGGTTCTGAAAACGAAGGGATTA
AATCGATCACAGATGAAGAAGACAGCAGCTGCTACTGCAACAGCAGCACCCCTAACAGCGAAGCGGACTGCGCAGCATATAGTGTTAACGGCAAA
AACAACAACGAAAAGGGGAAATGGAGCTGCGATTTTTGGTGGTGGAGGGGGAAGGGGAGTTGGAGTTGGTGGAGCTGTTCGGAGAGCGGGAAGGG
AAACGCTGACGGTGGCAGCTCAGCAGCAGCAATCGCGTAACGGTAACTCGCTGCTTGGCTATCGGCGCGAAACGGTTAACCGCGCAGCGGCAGCG
CTGCTGCAGCGACGCGACGCAGACGAGCCGCTGTCGCAGTTGCAGTTGCAGTCGCAGTCGCCGTCGGCGTCGCAGTCGACGCAGCAGCG
GCGCCAGTTTCACTGTCCATATCCCCCATGGCGTCCCAGCTACTGA
(SEQ ID NO: 74)

Start ATG: 409 (Reverse strand: CAT)

MKPDQINRLIKVNTRMQPWFLRNTSELYESAVRSYYERGYSSHNRHPRFRTENAGPLRRIKRAEAKPSANDIYPRSHIMQADQASAASNSNSGQF
LYSMMQANRSRSMSFTAARPYASVYGQSSVRRVASSSCSSGRSSESSRTGFLVGSFRKSKAKRERQSRSMRKSKDSKEESHLVDMGMFSGRSMSM
PPRPSAAILGSVAMMPPSRQHHIAAMAKSSLAQGIQMPRSDGDSLMPVDAALKRRISVLTKLDGGRKRSGLGPLGTGNDSTTTRNGQQPSEMRHR
FQTLGDRIKQFEYIQFADGPVATYAFNRNEQRPINASIRDSPRSRIEKSSDMSINTTKTNATTRRSEVRQQPRQLSFHNVLHANYRQRSRSLESG
GVKLMESLESIARPATPPGPRGFDVTTRGSSLDSSSRTSFRPSNSTITWDNSLGRYEEDLGKRSVNDFGYAKSSEDTSGDWDVNPGEDWPKYPRS
SSPCGKGLMSNVAKSDNASVGNSNASSQNWAIPSGSATKLRSIEGKTKDDTLESTKLNSEHGKANSNSGSTSHDTSQANSEAASVQDESNRATLA

PVRRVHLQQQSLQNSTKVEEPKCEDVPISPHEVKDTVKEKAKENVKKKQLLETLHDKPRVTKVTSNQVSRSSHRSFLQPAKDDDVTAANASKKSH
PKLGKKPERKANQKREDRTPGQVKGANQLLVASASQVSAYKRAFRTQQQIRKAEILQQQAQHLQESPISPSAIEGSKQTAKLQSHQGSIQQSISN
RTNVRTLVRRSAAGSGGKAPPLDDQLSSKAVCGTHSSLTAKPESNGMVLKTKGLNRSQMKKTAAATATAAPLTAKRTAQHIVLTAKTTTKRGNGA
AIFGGGGGRGVGVGGAVRRAGRETLTVAAQQQQSRNGNSLLGYRRETVNRAAAALLQRRDADEPLSQLQLQLQSQSPSASQSTQQRRQFHCPYPP
WRPSY*
(SEQ ID NO: 75)

Celera Sequence No. : 142000013384562
TACTGTACTGGATTAACCAGATTGCAATCCCTGCTGCTGGTTTTTATTTTTCTGGACTTCTTTCAGCTTCACTCTTAATTATGCAAAAGTTGTTC
TCTTGGTTTGGCTTTCTGGGTTCTTTGGTTGCATATAAATAAATGTAAATGCGGGTCAATGAACTTTGCAGATTATCATATGATAACCAAATGTA
GATTGGGTCCGCATAGAGAAAGTATAATCTAATATATGTTTTTGATCAGGTAAGTATCAATAAATAGTTCTGATCAATAAAAGTTCATTGAATTC
ATTGTTTTAGTGTTTTAATTAAATACAGGAAATACAGGAAGAAAACGTGAAAATAAATTCCCGAATCGAAAGACAATAAAACTGCCCGCTTGAAA
TTGAATTAAATACAATTGTTAACTTGTTGTGATTTCTCAAAAAATTTCAAACACGTGCTGCTGTGACATTGACCCATCAATTGATCCCTTCGAGT
TAACTGGGAGTAAGTACAGCAGCGGTCAAGAAACTAGCTTCCAGAACATTGAATAATTTCAAAGTCAATAAAGCAAGTAAAAGTGCTTTGAAGTG
CTAATACATGTGAAAGGTATTTTAAAGGTAATTATAATTTAATACAATGAGTTCAAAAAACTTCTTAATATGCACATTGATAATTTCTTTCTAAT
TGATAATTTCTTTCTAATTGATAATTTCTTTCTAATTTATAATTTCTTCCTGGATTTGCGGACTTTTGTCTTAACAGAGGACAGTTTTAATATAA
AAAATATTCACTAAGAAGACGTAATGGAATTATTTTTGACAACACATTATTTATGGTGCACAGTTCAGCACTTAAACTTGTTTTTTCTTGGCTTT
GGGTATATGTATGTACATATATTCTTTTGGTTTGTGTTCTTAACACACTTGTGTCACTCTATTCCTTTTTTCGGCACTTGTTTCGAGTGCGTAGT
TGTACTTGTCTCGTGATTTCGGGGTCAAATCTGGCGTTCTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTGCGATTCAATTCCGTTCAAGCTGCACTCTCGAGGT
GCTTGACACACAAAGATTGTTGGGACCAACCGTTGCCAGAGCCTCAGTCACAGCCACAGAAAAGCGAAAAAAACACACGCAGGAGTGCGACCTGT
TCGACGGTCGACGCGAATCTAAAGTTTACTGAGCACGGCGCTTTTATCTTATACGATAGCCCGTGGTTACACCGCTCACCCATACAGATGGAAAA
GCCGAAAGCCGAGAAATGGAGAGCCAGTGAAACGTCGACGGCTTAGAGATTGAAACGCTGCTTTGCGTCGGCGCAGAGAATCGCAGATTCAGTAT
GCTAGTTCTATCGTAGAGCATGCAATGTAGTTGAACAGCCAAGCAAAGGAGGTAAAAAAAACAATAAAAAAGGAAGAAAAAAACAGCACATGTGT
GACCCACACGAAACGCACAGCGGGCGATTGCAATGAAATAATGGCAGGGCTTACCCGGCGTATGCGCAATTTTGATTCACGCTGCACACATACGC
AGCGATGTCACTACGTGTTTTTGACCCTAATTGCGCTGATTAACCCATTTCTTTCTATTTCGTATGCCACTGGGCACTTGAGCCACTCGACCCTA
GAGTTCACCCAGTCACTCAACCTGAAACACCCCCTACTTTTGGACCACCCCCCGTGGCGGAAGCGCCGAAGATAAGGGGCCACAAAAAGTGGCAA
AAAACAAACCATAATAAACCAAGTGCAGACGGACAGACAAACGCAGCATGCGGGCTCACAGGAGGGGCTTTAGCGGGTTAACCCTTTGGGGAAAG
CCTCATATCTAGGTCACCGATTAAAGTATTTATCAAATTTTGAATGTTTTATTTATACATTTACTTGTTGGTTCGAATTAACTTTGATTATTTGA
ATTGCTAATTATAATTTATTATTTACTACATGCCAGTCTTCAGAGGGTTAATTTGGCATGGAAAATGGCATGTAACTCGAAATATTACTGCGG
CTAGGGCCCTGCCTTTGGCTAATTGCCACAAACCTCGTTTGGCTTTCATCCACACTTTTTTTGAGGATTAAAGATTTGATAGTTTTAAGGAGAAA
TTGAAATGGGTGTGAAAGGGAATTGGAACATAAGCTATAAACGAAAATAATCTGCTTTATTTACTGAAATTCGATTATCATAAGCCGATTTTCGG
AAAGTGTTAGGCTTTGCCTTCAATTTATAGAACAAGTTAACAAATTTAAAAGAGTATTTGTATATCGTATGCGTGGGTTTAAAAAAAAAAGCATC
ACGTGTCCATCTCTAATTTAAAGAAATATAAAGTGACATACAAATTTTCGTATAACAGTCTGCCAAAAAGTCGCCGCTGTTATACTCAATTTTTT
ACGGACACAGCGCCCTCTGACATTTACAAAGTGCAACTACTCGCTTTGCGCGCCAATTTCAAGTTGTTAATTCTGTGAAAACCCATAGAGTACCG
AAATCCCGCACATAATGCGCATTTGGCGCCATTTGAATGATAAAAATTCCAGGAATTTCAGTTCTTTTTCGTCGTGTATTAATGTATATTTAAAA
TTGATGGTCTTTGTTCAATAATATTGCCTTTTTTGATGCAAAAATAAGCTTTGCTTAAATAATAATCATTACATGGTAAAATATTTGTTTTCTTG
TTTGCATTTGCGTTTCGGTGCCTTGTTGTTCGGTTACGGATTACATAAAAATAAACAAATAATAAGCGTAAATTGTACCTAGCAGAAGTTTACAA
CTTTCAACTCTTAAACGATAGATCTTATAAATAAAGTTTTATGGATGAAATTAATGAGCGTGTTTGTTTTTGTGTGATATTTGTTTTCTTTTTTT
TTTTTTGTTTTTAGCCATTTTTTGTTCTGCTTATCATCTACAAATGATTAAGGGGTCTGATTTCGGGATCGGCCTCTTAAATTTAAATGACATGG
TTCCTCACGTTTTTAGATTATAATGCACATTTTTCGTTTGCTTGTTCGTTGGTTATCTTTAAAATTTGAACTAGAGTGCTTAAATAATTGAACTA
AAGCCGAAACCATAAAAACAATAATAACTAAACAAAAGCGTTAAATTCCAAATGAAATTGTCTGTTTTGCATGAATGCGAGTGTCGGGTGTGTGT
CTGCGTCGTGTGCGAGAAACTTAGTCTACGGATTAACAAATGAAAATCAACAAAAATCAACTTAAAAGCAGCATGAAATAAATACCCCTATACGT
CTATATATACAATACGATAACACCCAAACTTAGATAACGAACTGCACGATCATCCCACAACCTACAGCATCAGTCGCGAGCGCGACTTCTTTAGC
CGCCCGGTGGCACCGCCCAGGCCATCGCCGTTCCAGGACTTGGACTTGGCGCGAAAGTGGCGATAGGCCTCGTTGTAGGCGGGATCCAGCATGGT
GCGGTAGGCATGTGGTTCGCACAGCTCAACGTGCGACTCGAAGAACTCCTTGTAGCCGTTGTGCAGCAGATAGATCTCGGGATAGTGCAACGCCG
GATAGGCGTTGGTATTCCTCTCGCGATCCAGATTACGCAGGAAGCGGGACATTTTCGGTCCACGCTCCGAGGAGAATTCGCAGTGGAAGATAATG
ATGTTGCGCTTGTGTCCCGATTCGGCGTTCTGCTGCTGCTGCAGCTCAGTCTGTTGGACGGTGAGGAACTCATCGAGGATCTGCTCGGTGGTGTA
CAGGTTCTTGGCTCCCTCGATGTGGCCGCCCTCGAATTCGTAGGGGTAGCGGCAGTCGATGATGCGGTAGCTGGCCACCTTATCGCTGAACTCGC
CCTTAAGCAGGCGAGCCACTGTTTCGCTGGAGATGCTCTTCAGATCCCGATGACGACCCTCCATCAGGGGCAGGGCATAGGCTTTGCTGAAGTCG
CCGATTAGCTCGGGCTCGTTGCGGTTCTCGGAGCGGGCCAGGGCGGACATGATCTCGGCGTCGTTCAGGGACATGCACTTCCTCAGTGGAGGGGG
GTGGCTAATCGTGACCTGGCTGAGTGGGCTGGGTGCGGGGCAGTTCTCCTTCTCAACGGCGGCGCAGCGATGGCGTTTGCTCTGGATGGGCGAGC
AGTTGGCCGATGCTGGCGGTTCCGGGCGCTTGAAGCAATCCCGGGCAGTCTCTGGGGTCTTTGGTGGTGGGGTGGTGGTGCTGTTGGTGTTGCTC
TCCGTCATGCTGAGGCACCTTCTGACCGAAGGGCGGCGCATGGACAGACCCGCTGGCGATTTGGCAGCAGGCTGCTCCTTGATCTGGCCGCTGAT
CAGCGAGTTTAGGCCACTGGGGAAGCCCAGGGCGGTCTGTTGGCTCTGCGACTCCATCTCGAAGAGCTCCATGTACTCATCGTCCATGGAGGACT
CCATGGAGCATGTGGAGGACAGGCTGTTGAAGATGCGGAAGCTGCGCGCCGGCGTGTGATCACTTGATACTCCCATAGCTGGCAGAATTTTCGGC
TGGCGGACGATCTGGAAGCGCTGGGGCGAGCCCTCCGGCGAGAGCAGACCCATCAGCTCCGGACTGGCCGATCGCTGCTGATCCTGGGGCACAAC
GTCGTCGTCGTAGAACGACAGCTCCTCCTGGTCCATGCTCATCAGTTCCAGGGAACGGCGAGCACGACGAGATCCACTCATTTTGTTGATGCTAC
TCGAACTGCTGGTGTTATTACTGCAAGAGCAAACAAAGAGAGGGGGAGGATTAGTCAACTGTTCGGCATCGAGGAAGAGAGCTGCTTTTGCTTCC
CTAAACTCTCGCAAGAGCGGGTCATTAAACCCAGCTAAAAATACTGACAAACTGGTGGTGGTGGTGGCGTTGGTGGTGTAAAAACAACAAAAATA
CCCGAGAAAATACAGAGAGGGGTTGTTGTAATTGGGTGAAGAGGGAGCTGAACTAGAAATTTACTTTAATGCAGCTTCGAAAACTGGAATTTTTG
GGATTCGACTTGCGCACACGATATCATTGATACCATTTTTTTTTTTTTTGATAATTTTTACAATTCCCTAAAATTGCGAGGGAACCGTTGCGTAC
CGCCTTATCTTCTTCTTCTTGATTCTACTTAAGCATTAGCGGTTCTCCAAATGGAATTCCCTTTTGCTTTTCGCATGCATCTGCTTTTCAGCTTG
ACTTTTGCTTTTGGGTCACACGTCACGCAAGCGCAGCGATAATACAACAAAAACACGCCACAAAGAACCGCAAAGAACACGGAGGAAAAAAGGAA
CAAAAATCGAAAAAAAAAAAAATGACTGACTGACGGACGACGGACAAAAAGCATTTTTTGCTGCTGCTTTTTTTTTGGAGCCTCGCGGAAGCCGGTT
TAATGAATGAAAAACGGCAAGCGAGCAACAAAACAACAGCTGAGCGCCAAAATAAAAATCGGGCAAAAAGCAAACGTGCCGAGCGTGATAAAAAG
AACTCTTACTTTTGTTGGCCCCATCGTTTACATTTCTGTTTTTTGTATTTTTTTTTGCTTTGCTGTTGTTGCTGTTGCTCTTGAACTTGCACTT
TTTATCGCGTATTTTCAACTGGTATTCCTGGTGCAAAAGGGGTTTGCTGTTGCTAATCCTTGGGCGGCATAATTACCTGATATTGCAATCCATGC
TGCAGTTGTTTTCCTCCACAATAGTTTCCCACAGCATTTTGTTGGTTTTGTTGTGTTATGTGTTGCGTTGGTTGCTTCGAAGAGCCGAAGATGTT
TGATTTCGCTGGCGAGTCTGAAGCCGAAGAAATTGCTAAAACACAATTTGTTCTTGGTCACTCTGCACTCATTTACAGTTTGTTTTTAGAATTTG

AGATGGTAGTCCTTGGTTTTTGGCTAGTATTGCATTTTAGTTAATTTAGGTTTTTTTGTTTTTTTTTTTTTGTTAATGTGTCCGTTTGAGCATGAT
TTTTTGTTTTGTATTTCGGAGTGTGGTTGTGCGAGGTTTTTCTTTTTCTTCAATAATTTGAACCGCACAATCTCAATTCACCGAACGAGGAACCG
AAAGGCTGAACAAGAAGAGCTGTTGACTCGACGACGAACTGAGAACGAATGTGCTGAATATGCCGAGCAGCTGGTTTTTATAACCGCACCCCGGC
CGATCACGATCAGCTGATGAGCTAATGGGCGCGAGCGAGATGGCGCGCGTTTTTTGTTCTCTCTGCTTCGCTCTTTAGCTCTTAGTTCTCAGCTC
CTTTCCTTTGCCTTCCCATCCTATCCTTTCCTTCCTATCCTTCCCAGAAGTGCCAATAGAAGAGGAAGGGAGACGGGCAACGAGCGACACCAACA
CACATAACGGGGACGGGGCCAGAGCCATGTGCGATGCGAAAAGGAAAACTGGGAAAATGGGAGAATCAGGATCATATGGACTCAGTTTTGGAAAT
CTCTGCTCATGTGGAGCACAAGAGTGCCGGCAACAGGTAGAATCCTTTCCCCTGCACTTCCCCTATCGCAAAATCCCGCACCGAATACCAATGTC
CCGAGAAACGAGGAGAATCTGGCGCCTTGGTGGTCGCCAGCTCTATGGAGGCCACTGATTTTGGCGCGCGAGCTTTTATACCGCGACGCGTACCG
CCGAAGGGGATCCGAAGTCGCCACAATTGGAGCCGAAGTGGAGCCGAGGAGGCTCCGAACCGAACACATGTGAAAATAGTGTGGAGCCCCAAGAA
GCGAAGAGGAAACGCTGAAGAACTGCGCGAATCTTTAAGCAGAATTTCAAGGCGGCATCGATTGTGTCGTTTGCAGGTAATAATGTGAGATCCAC
GCATTCCTGCTGCCCCCTGTCCCCCCTTGTAACCCCTCCCTGAAAACTACATATCAGCAGGTAGTGGCCGCAGTCATATGATCGCCGCACCGGCG
GGATGGGCGGTCGTGGAGGGGGCGTGGCTCCTTTGTGTTCTGCAGACGTAGACGCCAATGTCGTTAAATGAGCAAAGCTTCCAGCCACAGAGATC
CATTCACAGGTAGCACTCTACACGATGGACCGTGTGTCTTTAATGAGAATCCGTACAAACACAGATCTTAAGCTAGATAAACTACTACTAACAGT
AGCAAACACGTGGAAAATCATGATGTCAACCATGCGATATGACCAATAATCGATAATGTGAAGCTCAGACTAGTTGCCCACGCCGAAGCTCCACT
GTAGCCCCTCGTTTGTGTGCAATCGCGGCAAAGTTAAAGCAAAAATCGAGTTACATATGCGCCGATGCCCTGCGGGAGTCATTCTGGAGGATCCG
AGGGGTTCACTAAGGAGGGTTGGGGGTTTGCGAACACCCATGGGCTGTGCTGTGCAGTTCGAGTGTGTTTTTGTAAGGTTCGCGGCAAACAAATG
AAGGACAGGCCAGTGCAACCAGGCCATATCATTCACACCGCTTGAAGAGCAGGCGAAAGTAAATGATTTCGGGACCAACCACAGCCGAAGCCACC
AACCAAATGAGCTACGGTTTCATTCCGCTGAATTCCTTTGGCCAGCTTTTGTTGTTGCTGCAGGAAGA
(SEQ ID NO: 76)

Exon: 6478..5587
Exon: 4675..2532
Exon: 1011..1001
Start ATG: 5642 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT3224
ATTCTCCTCGTTTCTCGGGACATTGGTATTCGGTGCGGGATTTTGCGATAGGGGAAGTGCAGGGGAAAGGATTCTACCTGTTGCCGGCACTCTTG
TGCTCCACATGAGCAGAGATTTCCAAAACTGAGTCCATATGATCCTGATTCTCCCATTTTCCCAGTTTTCCTTTTCGCATCGCACATGGCTCTGG
CCCCGTCCCCGTTATGTGTGTTGGTGTCGCTCGTTGCCCGTCTCCCTTCCTCTTCTATTGGCACTTCTGGGAAGGATAGGAAGGAAAGGATAGGA
TGGGAAGGCAAAGGAAAGGAGCTGAGAACTAAGAGCTAAAGAGCGAAGCAGAGAGAACAAAAAACGCGCGCCATCTCGCTCGCGCCCATTAGCTC
ATCAGCTGATCGTGATCGGCCGGGGTGCGGTTATAAAAACCAGCTGCTCGGCATATTCAGCACATTCGTTCTCAGTTCGTCGTCGAGTCAACAGC
TCTTCTTGTTCAGCCTTTCGGTTCCTCGTTCGGTGAATTGAGATTGTGCGGTTCAAATTATTGAAGAAAAAGAAAAACCTCGCACAACCACACTC
CGAAATACAAAACAAAAAATCATGCTCAAACGGACACATTAACAAAAAAAAAAAACAAAAAAACCTAAATTAACTAAAATGCAATACTAGCCAAA
AACCAAGGACTACCATCTCAAATTCTAAAAACAAACTGTAAATGAGTGCAGAGTGACCAAGAACAAATTGTGTTTTAGCAATTTCTTCGGCTTCA
GACTCGCCAGCGAAATCAAACATCTTCGGCTCTTCGAAGCAACCAACGCAACACATAACACAACAAAACCAACAAAATGCTGTGGGAAACTATTG
TGGAGGAAAACAACTGCAGCATGGATTGCAATATCAGTAATAACACCAGCAGTTCGAGTAGCATCAACAAAATGAGTGGATCTCGTCGTGCTCGC
CGTTCCCTGGAACTGATGAGCATGGACCAGGAGGAGCTGTCGTTCTACGACGACGACGTTGTGCCCCAGGATCAGCAGCGATCGGCCAGTCCGGA
GCTGATGGGTCTGCTCTCGCCGGAGGGCTCGCCCCAGCGCTTCCAGATCGTCCGCCAGCCGAAAATTCTGCCAGCTATGGGAGTATCAAGTGATC
ACACGCCGGCGCGCAGCTTCCGCATCTTCAACAGCCTGTCCTCCACATGCTCCATGGAGTCCTCCATGGACGATGAGTACATGGAGCTCTTCGAG
ATGGAGTCGCAGAGCCAACAGACCGCCCTGGGCTTCCCCAGTGGCCTAAACTCGCTGATCAGCGGCCAGATCAAGGAGCAGCCTGCTGCCAAATC
GCCAGCGGGTCTGTCCATGCGCCGCCCTTCGGTCAGAAGGTGCCTCAGCATGACGGAGAGCAACACCAACAGCACCACCACCCCACCACCAAAGA
CCCCAGAGACTGCCCGGGATTGCTTCAAGCGCCCGGAACCGCCAGCATCGGCCAACTGCTCGCCCATCCAGAGCAAACGCCATCGCTGCGCCGCC
GTTGAGAAGGAGAACTGCCCCGCACCCAGCCCACTCAGCCAGGTCACGATTAGCCACCCCCCTCCACTGAGGAAGTGCATGTCCCTGAACGACGC
CGAGATCATGTCCGCCCTGGCCCGCTCCGAGAACCGCAACGAGCCCGAGCTAATCGGCGACTTCAGCAAAGCCTATGCCCTGCCCCTGATGGAGG
GTCGTCATCGGGATCTGAAGAGCATCTCCAGCGAAACAGTGGCTCGCCTGCTTAAGGGCGAGTTCAGCGATAAGGTGGCCAGCTACCGCATCATC
GACTGCCGCTACCCCTACGAATTCGAGGGCGGCCACATCGAGGGAGCCAAGAACCTGTACACCACCGAGCAGATCCTCGATGAGTTCCTCACCGT
CCAACAGACTGAGCTGCAGCAGCAGCAGAACGCCGAATCGGGACACAAGCGCAACATCATTATCTTCCACTGCGAATTCTCCTCGGAGCGTGGAC
CGAAAATGTCCCGCTTCCTGCGTAATCTGGATCGCGAGAGGAATACCAACGCCTATCCGGCGTTGCACTATCCCGAGATCTATCTGCTGCACAAC
GGCTACAAGGAGTTCTTCGAGTCGCACGTTGAGCTGTGCGAACCACATGCCTACCGCACCATGCTGGATCCCGCCTACAACGAGGCCTATCGCCA
CTTTCGCGCCAAGTCCAAGTCCTGGAACGGCGATGGCCTGGGCGGTGCCACCGGGCGGCTAAAGAAGTCGCGCTCGCGACTGATGCTGTAGGTTG
TGGGATGATCGTGCAGTTCGTTATCTAAGTTTGGGTGTTATCGTATTGTATATATAGACGTATAGGGGTATTTATTTCATGCTGCTTTTAAGTTG
ATTTTTGTTGATTTTCATTTGTTAATCCGTAGACTAAGTTTCTCGCACACGACGCAGACACACACCCGACACTCGCATTCATGCAAAACAGACAA
TTTCATTTGGAATTTAACGCTTTTGTTTAGTTATTATTGTTTTTATGGTTTCGGCTTTAGTTCAATTATTTAAGCACTCTAGTTCAAATTTTAAA
GATAACCAACGAACAAGCAAACGAAAAATGTGCATTATAATCTAAAAACGTGAGGAACCATGTCATTTAAATTTAAGAGGCCGATCCCGAAATCA
GACCCCTTAATCATTTGTAGATGATAAGCAGAACAAAAAATGGCTAAAAACAAAAAAAAAAAAAGAAAACAAATATCACACAAAAACAAACACGC
TCATTAATTTCATCCATAAAACTTTATTTATAAGATCTATCGTTTAAGAGTTGAAAGTTGTAAACTTCTGCTAGGTACAATTTACGCTTATTATT
TGTTTATTTTTATGTAATCCGTAACCGAACAACAAGGCACCGAAACGCAAATGCAAACAAGAAAACAAATATTTTACCATGTAATGATTATTATT
TAAGCAAAGCTTATTTTTGCATCAAAAAAGGCAATATTATTGAACAAAGACCATCAATTTTAAATATACATTAATACACGACGAAAAAGAACAAA
AAAAAAA
(SEQ ID NO: 77)

Start ATG: 837 (Reverse strand: CAT)

MLWETIVEENNCSMDCNISNNTSSSSSINKMSGSRRARRSLELMSMDQEELSFYDDDVVPQDQQRSASPELMGLLSPEGSPQRFQIVRQPKILPA
MGVSSDHTPARSFRIFNSLSSTCSMESSMDDEYMELFEMESQSQQTALGFPSGLNSLISGQIKEQPAAKSPAGLSMRRPSVRRCLSMTESNTNST
TTPPPKTPETARDCFKRPEPPASANCSPIQSKRHRCAAVEKENCPAPSPLSQVTISHPPPLRKCMSLNDAEIMSALARSENRNEPELIGDFSKAY
ALPLMEGRHRDLKSISSETVARLLKGEFSDKVASYRIIDCRYPYEFEGGHIEGAKNLYTTEQILDEFLTVQQTELQQQQNAESGHKRNIIIFHCE
FSSERGPKMSRFLRNLDRERNTNAYPALHYPEIYLLHNGYKEFFESHVELCEPHAYRTMLDPAYNEAYRHFRAKSKSWNGDGLGGATGRLKKSRS
RLML*
(SEQ ID NO: 78)

Name: string
Classification: protein_phosphatase
Gene Symbol: stg
FlyBase ID: FBgn0003525

Celera Sequence No. : 142000013384859
GCGACCCACGAACAACAACAAAATGTATGGTCAAGGCCAAACTAAAAGAAGGAAATCCCTATTGGTAACCCCAAATACCCTTTCCCCTACGAAAA
TACATTGTTTTCCTCAGTGCGTAGTGTGCATTACTAATAATCTATACAAATAGTTTTAATTCATTTTACTGAAACTAAACGAATTTGTATGATGC
TATCGAACACGATTTTTTGAAAAGTTATTAATAATCCAAGTTCCTTAGAGATTACTCAGATTACTCGGTTCTGTTCAATGTCCTCTAGTTAACTT
GAACCTAATTTCCTCCACATTTGAAACTAAACTAAACATGCGCATGTTCAATCCCAAGTCTCCTGTAGTTTCAGAGATCAGGACGTTTATACGGA
CGACAACGAATCTACCAGATCATTTATTTATAAAAATATAAAAGAATTAATATCGATTGGCTGCGACAAACACTCCCCACTCTCACTGCGCTACC
TCTTGGTTAGCTTTGTGCTAGTTTTAGTCTAGTTTCTAATGTTAATGAACTTTGAAAAAGGGGCGTTCCACAACCGCGCCCAATTCCGCGAGTAC
ATTATCATAAGACGGAATAATTATTCTATTTGCGACCAAGAGCCAAACAATGATAAGACGTATCGCACAAGCCGCGGAAACTCGGGAGGAAAATG
GGGGCGGTTGAAGGGTACATAATGATAAGCGACAGCCGCACCCTCAAGTATTTTTTAAACGATACTAAATATGTAGGCTTTTGTCAAATATTTCC
ATTTAAATTAGGGAAAAGAACACCACAATGTTGTTTGTTGTTTAATAAAGTATGGATTGGAGAGACCCAAAAATCCACTTTAAGGTTATCAGTTG
ACTGAATAGTACAAGCTATTCCTAGCATTACTGTCCAACTACTATTAATTGAAATATTAGGTGCCCATTTTTGGAATGGCAACAATCACTCACCT
AAATTGTCCACAAATAGCTTTGAGAAGCGATGTTCTGGTCGGGATTGATCCTACCGCTTGAGCACATTGATGAAGGTCTCGTGAGGAACGCGGAT
GTTGGCGAACATGCGCATCTTCTTCTTGCCCTCGGCCTGCTGCTTGAGCAGCTTCATCCGCCGGGTGACATCCCCACCATAAAGCTTGGCTGTCA
CATCCTTGCGATAGGCCTTGATGGTCTCGCGCGCTAGCACCTTGCTGCCCACGCATGCCTGGATTGCGATCTGTACCATCTGCTTTGGAATAAGC
TCCCGGAGTTTGAGAACCATCTGCCGTGCCACGCCCGTGGCCTTGGACACATGGACAATGCGGCAGAGCTCCTCCACGGGCTTGCCGTTCAGATG
GATGTCCAATCGAACCAAGTGCGATGGATGATAGCCGTGGTCCTCGTAGCTGAAACTGGCGTAGCCAGAACTTAACGACTTGAGGCGGTCGTGGA
AGTCCAGGATGATCTCGCTTAACGGCAGTACGTACTTCATTAGCACACGGGTGTCGTCGATGTTCACCGAGCTTTGCTGCAATCCCCGACGCTCC
ACACACAGGCTGATCACCTGGCCAACATACTCCGTGGGCGTGATGATTGTGCCCAAAACCAAGGGCTCATAGTACTCCTTGATGGAATGCGGTTC
CGGGAAGAGGGCTGCATTGGAAATGTCCATTGTATCGCGACCCTGTTGCTTGATCATCTTTGGATTACTCAAGACCAAACGATATGTGACGGAAG
GCGCGGTGATTATGGGCTCAGCGCCATGCTCCTGCTCCAGGCGCTGACAGAAGACCTCCATGTGCAGAAGTCCCAGGAAGCCCAAACGCCAACCT
TGTCCCAAAGCTGGGCTGGAATCAATTTTTACAGTTACCGCTGAGTCATTGAGTACCATTTTGTCGATGGCACTGCGCAGGGCGACATGTTTTGA
CTGGTCGGCGGGAAAAACTCCAGCAAAAACAAGCGGCTGTTGCGGTCGATAGCTTCCTGCGGCGGCGACTGCTTGGTTCTTCAGGTGAATGGTAT
CGCCCACAATGGATTCCTTGCTGTTGCGCATATTGCAAGCAATCAAGCCCACTTGACCAGCGGATACATCCGGAACAGGACACTCGGCTGGTCTC
AACACAGAGATGCTCTTGACGGAATACACCTTCTTGGTGGCTAGCGACTGAATATCCTGATTCTGCTCTAGCTTGCCATTCAGCACATAAATTAG
ATTAAGGGCTCCGCGATACTTGTCGAACCAGCTGTCGAAGATTAGGGCCCGAAAGTCGCTGTCCCGTTGAACTTGTGGTGGCGGCACAGTTTCTA
TGACCCTTTCTAAGACTTCAGATACGCCGGTGCCCAGCTTGGCGGACACGCGCAGCACCTCGTCCGGATCTATGCCAAACAGCAGCTTTAGATCC
TGACAAACCTGATCAGGGTTTGCATGCTTGATGTCTATCTTGTTGAGCACGGGAACCACTGCCAACTGACGCTGCTTGGCTAAGTGATAGTTGGC
CACGGTTTGAGCCTGGACACCATGGCATGCGTCCACCAGGAGTACCACGCCGTCGCAGGCAGCCAGAGATCGCGAAACCTGGGTAATGGGCAAAT
GATTAGCAGAAGAATTAGCAGACTTTTGACATGAAACACACTTCATTGGAAAAATCCACGTGACCAGGAGTGTCAATGAGGTTCAGCAGATAGAG
CTGTCCCTTGTGACGGTGGAAGATCGATGCGGTCTGGGCCTTGACCGTGATCCCACGCTCCCGCTCCACCTGCAGGTTGTCCAGTACCTGGTGCT
GCCCGCCATTACGCGCAATGGCTCCCGTGAGCTCCAGCAACCGGTCAGCCAGCGTGCTCTTGCCGTGATCGACATGCGCAATGATGCTGAAGTTC
CGAATGCGCTCCACCGGCATGTGGGCAAACTCGCGCAACAGATCCGCCTGCGAGGGCTCCTCCGTTTCGCCCTTGACCTGATTGGTGGTGCTCAG
GTTGCGGACGAGTAAGCTCTTTGACCTGGCCACCAGCCAGGCGGAGTGTCGTTTGTCCCCCGGGCGCTGCAGCAGCCAACGGATTGAAATCGCAC
GAATCATGGCTGAATTTACATTTCTTTGCCGGCAAAAAAAAATTGTTACCGCACACCATGTGCGCCGTGTGACCGTATGATGAAAAAATACCGAG
TAGCCGACAATCATGTGTAAGACAGCAGGAAAATACTGTCCATCTTGTGACAAACAGCGCCATCTGTTGGCAATCTACGAAAACCGATGTTTACA
CATGAACAAATATTTACAACTCAATAATCCTTTACTAATTTGTTCTCGGATGCAAATTAAACATATTCTTAAGCGAAAGATCGTAATGCTCCTAG
ATCTCAGATTGCCTATAGGTTTATATTCATAAATAAACAAGTAAGAAAGTCCGAAATATTGAGCTATATATCATAAATATTCTGTTTTTTCAACT
GCTTTCGTGAGGAAGTCATCGCTGCGAGATTCGATTTCTAGAAGCCGAGGTTCTTTTCTTGGAACAGCTTACAATGGTAAATGGTAATTGTAATA
GACCAGCAAGGGAGCTGGAGGAACTGCTGGTTCCAGAAAAAGGGGGTTTGACCTCAGCACAGTCAGAGAAAAAGCCGTTCTCAACGATCTCGATT
TAAGAACTTCGATCTCAAAATCTAGCCAAGATCGAATCATGCTCAGCATACTCAGGTCGAGATCGAACCATTCTCAGATTGCAACTGACTTTGCT
CTTATTTTTCGATCTCTTTCTTGGTTTTTTAACCTTACCCACACATCATCTTCTACAATCTGAAACCCGATACTGCTTCCGTCTAAAATATGTAT
CCAACATAGAGATCGTTTTCGTCTCGAAAAAATAAGTCTTCTTTTCATGAGAATGATTGATGGGATGGTAGGGATTATCCTGGCTGTGTCCCTGT
ACCGATTCCACAAGACCTTGATGCTAGACGTGTTGAGGAGACCATACACACGGACAATACTCAAGTATGGGTTGAACTAGGGATACTTGAGGTTG
TGAGGATCCTTAAGCTCTTTCGACGAACGCTTGACAAATATGTACAAGTAAAACTTTTGTTCTACTAACAATAATGCCAATGTGATTGGAAAAGC
TGATAGTGAAATCTCGCAATGTTACTCTTGTGCTTGCTTGTGTTTTCGAATGCATACGTTGAAT
(SEQ ID NO: 79)

Exon: 3149..2607
Exon: 2548..1181
Exon: 1129..1001
Start ATG: 3149 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT3280
ATGATTGTCGGCTACTCGGTATTTTTTCATCATACGGTCACACGGCGCACATGGTGTGCGGTAACAATTTTTTTTTGCCGGCAAAGAAATGTAAA
TTCAGCCATGATTCGTGCGATTTCAATCCGTTGGCTGCTGCAGCGCCCGGGGGACAAACGACACTCCGCCTGGCTGGTGGCCAGGTCAAAGAGCT
TACTCGTCCGCAACCTGAGCACCACCAATCAGGTCAAGGGCGAAACGGAGGAGCCCTCGCAGGCGGATCTGTTGCGCGAGTTTGCCCACATGCCG
GTGGAGCGCATTCGGAACTTCAGCATCATTGCGCATGTCGATCACGGCAAGAGCACGCTGGCTGACCGGTTGCTGGAGCTCACGGGAGCCATTGC
GCGTAATGGCGGGCAGCACCAGGTACTGGACAACCTGCAGGTGGAGCGGGAGCGTGGGATCACGGTCAAGGCCCAGACCGCATCGATCTTCCACC
GTCACAAGGGACAGCTCTATCTGCTGAACCTCATTGACACTCCTGGTCACGTGGATTTTTCCAATGAAGTTTCGCGATCTCTGGCTGCCTGCGAC
GGCGTGGTACTCCTGGTGGACGCATGCCATGGTGTCCAGGCTCAAACCGTGGCCAACTATCACTTAGCCAAGCAGCGTCAGTTGGCAGTGGTTCC
CGTGCTCAACAAGATAGACATCAAGCATGCAAACCCTGATCAGGTTTGTCAGGATCTAAAGCTGCTGTTTGGCATAGATCCGGACGAGGTGCTGC
GCGTGTCCGCCAAGCTGGGCACCGGCGTATCTGAAGTCTTAGAAAGGGTCATAGAAACTGTGCCGCCACCACAAGTTCAACGGGACAGCGACTTT
CGGGCCCTAATCTTCGACAGCTGGTTCGACAAGTATCGCGGAGCCCTTAATCTAATTTATGTGCTGAATGGCAAGCTAGAGCAGAATCAGGATAT
TCAGTCGCTAGCCACCAAGAAGGTGTATTCCGTCAAGAGCATCTCTGTGTTGAGACCAGCCGAGTGTCCTGTTCCGGATGTATCCGCTGGTCAAG
TGGGCTTGATTGCTTGCAATATGCGCAACAGCAAGGAATCCATTGTGGGCGATACCATTCACCTGAAGAACCAAGCAGTCGCCGCCGCAGGAAGC

TATCGACCGCAACAGCCGCTTGTTTTTGCTGGAGTTTTTCCCGCCGACCAGTCAAAACATGTCGCCCTGCGCAGTGCCATCGACAAAATGGTACT
CAATGACTCAGCGGTAACTGTAAAAATTGATTCCAGCCCAGCTTTGGGACAAGGTTGGCGTTTGGGCTTCCTGGGACTTCTGCACATGGAGGTCT
TCTGTCAGCGCCTGGAGCAGGAGCATGGCGCTGAGCCCATAATCACCGCGCCTTCCGTCACATATCGTTTGGTCTTGAGTAATCCAAAGATGATC
AAGCAACAGGGTCGCGATACAATGGACATTTCCAATGCAGCCCTCTTCCCGGAACCGCATTCCATCAAGGAGTACTATGAGCCCTTGGTTTTGGG
CACAATCATCACGCCCACGGAGTATGTTGGCCAGGTGATCAGCCTGTGTGTGGAGCGTCGGGGATTGCAGCAAAGCTCGGTGAACATCGACGACA
CCCGTGTGCTAATGAAGTACGTACTGCCGTTAAGCGAGATCATCCTGGACTTCCACGACCGCCTCAAGTCGTTAAGTTCTGGCTACGCCAGTTTC
AGCTACGAGGACCACGGCTATCATCCATCGCACTTGGTTCGATTGGACATCCATCTGAACGGCAAGCCCGTGGAGGAGCTCTGCCGCATTGTCCA
TGTGTCCAAGGCCACGGGCGTGGCACGGCAGATGGTTCTCAAACTCCGGGAGCTTATTCCAAAGCAGATGGTACAGATCGCAATCCAGGCATGCG
TGGGCAGCAAGCTTTATGGTGGGGATGTCACCCGGCGGATGAAGCTGCTCAAGCAGCAGGCCGAGGGCAAGAAGAAGATGCGCATGTTCGCCAAC
ATCCGCGTTCCTCACGAGACCTTCATCAATGTGCTCAAGCGGTAG
(SEQ ID NO: 80)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MIVGYSVFFHHTVTRRTWCAVTIFFCRQRNVNSAMIRAISIRWLLQRPGDKRHSAWLVARSKSLLVRNLSTTNQVKGETEEPSQADLLREFAHMP
VERIRNFSIIAHVDHGKSTLADRLLELTGAIARNGGQHQVLDNLQVERERGITVKAQTASIFHRHKGQLYLLNLIDTPGHVDFSNEVSRSLAACD
GVVLLVDACHGVQAQTVANYHLAKQRQLAVVPVLNKIDIKHANPDQVCQDLKLLFGIDPDEVLRVSAKLGTGVSEVLERVIETVPPPQVQRDSDF
RALIFDSWFDKYRGALNLIYVLNGKLEQNQDIQSLATKKVYSVKSISVLRPAECPVPDVSAGQVGLIACNMRNSKESIVGDTIHLKNQAVAAAGS
YRPQQPLVFAGVFPADQSKHVALRSAIDKMVLNDSAVTVKIDSSPALGQGWRLGFLGLLHMEVFCQRLEQEHGAEPIITAPSVTYRLVLSNPKMI
KQQGRDTMDISNAALFPEPHSIKEYYEPLVLGTIITPTEYVGQVISLCVERRGLQQSSVNIDDTRVLMKYVLPLSEIILDFHDRLKSLSSGYASF
SYEDHGYHPSHLVRLDIHLNGKPVEELCRIVHVSKATGVARQMVLKLRELIPKQMVQIAIQACVGSKLYGGDVTRRMKLLKQQAEGKKKMRMFAN
IRVPHETFINVLKR*
(SEQ ID NO: 81)

Name: EF-Tu-like
Classification: translation_factor
Gene Symbol: waw
FlyBase ID: FBgn0024182

Celera Sequence No. : 142000013384340
TTAATATTATAATCGCATTCAAACGCATTTCGTTTCGTTTGTTATGCGCCCACACGCAGCACTTATGTATAGCATTTATTATGTAGGACTTATAG
CGAAAACAAAAAAAATTTCCTATGAATATACAAGAAATTAATCAGTTGTTCTTCAGATAATTGATAACTATCCTAGTGGGCTTTTCTCTGGCCCC
ACCTCCTCTCCACGGATTTTTACTTGAGAATTGTAGTTTGCTTGGCCAGAACTGAATTGGAGTTCAGCTTCAAAAAAAAATTTAAAATAAGATAG
GAAGCTGCGAGATCCGATCCGCCTGGGCACCTTGCTCGTATCGTCCTCTTCCTGTCCTGGTGATTAGTTCTACATGTGTGTTCTCTTACTTTCAC
CACAATTGATTGCAATTGCGATGATTGATGGTGACTCATCCAGGCTATCCACAGATTTCGGTTATATACGTAAAACGCTGTCGCATACGTATTTT
CTTTAAGTCTAAACTTATGTTTACCGTGTGGTAAGCTCCCTTGCTTACCATCTAGATGTTATTGAGGTTTCTGGGATACTTCGGGATCGAAATCA
TCTATTCGCTATCTCTGCTTGTTTGTTTCTGGTGTGCTCGCTTAACTTACAAAGTAGTTTAAACGTAAATCTGCAAGAAAATGTGCGCAGTTTTG
AAAACTATTCAACGATTCAACAACGACTCACTTACCTTATATTTTAAATATTTGGCTCTTGATTTTGTTGTTGCTGCGGTGTTTTGTTTGTTGTT
TGTTGTTGTTGCTTCGCTGTGGGTGCTTTTCGCTTCGGTGTCCAGGCTTTCTCGAGTTTAGTTTAAATGCGGCAAGCACACGAAAATAAATGTGA
TGAAAAATGACTTGAACGAATAACCAACAAATTCGAAAAGAAGCTCGTGGCTATTTGTGAGTGTGGCGTGTTTAGTGTTGTAGTGTTTCATCATC
GATTTGAACCATTTTAGTTGAAATTTTTTTTTGGCACGGGCAGCGCTAGCTTAGAAGGGCATATCCAATTCGTTGTTCTCCTCCTCCTCGATCAA
GTCATCAACATCGAATTCGCTGGGCGAGAAGCTGGTCTGTTGCTGCTGCGGTTGCAGCTGTTGCTGCTGCTGCTGCATTTGGATACGTTGCGGCT
GCTGCACGATTATGCTGTTGCGTGTGCATGTTGTCACCTTGGCGCCTAACATACGTGCATTGGCCAACGCGGCCGTCTTGAGAGGATTACGCAGA
TGTGTCGCCTGGGAGGCTAACGAAGATGTGGCGGCTGATGCTGTGGACGATGCGGCGTTAATTGTGCCCGTGGTACCGGGATCATTGTAACGTGG
ACGCTTATTCTGCAGCTTGGTTGCCCAGCATTCGGTGGCCCGGCGACGGGCATTGGCACAGATATTATCCCCGGATGAGGACGATGAGGAGGAGG
TGGAGGGAGCTGCTGCCGCCGATGAGGTGGAGGCCGGATTGGCCTTCTCCCCATTAAACATTATATGGCGGCGCTCTTCCTGGGTTTGCTTCATC
ATCTGGTGATAGTTGACCATCTGTTTCAGACGAGGCATACTATCAACTGTGCTGGACAAGATGGTCGCGGGTGCTGATGTTTGGTCATTCGACGA
TGATTTAGAGTGCGCCGCTGTTGTATTAACAAAGATATTATCAAGGGAAGCAGTCTTGTTATCGGCCAAGACATTTTTCTCCAGTTCGTGGGGAT
CACCGCCGGCTTGCAGACGCTGCTTTTGACGCAGATGCTGCAGCTCCTCCGCCGAACGTTGCTTGCGGAAATCAAAGACCAGCGGGTATATGTGC
TGGATAGCCGATTCAACGTGGTTTACGCTAGCCGCTAAATAAATATGACGAAAATTAGAATTAGAATTAGTTTTAGTACAGTTTGAGGATAACAA
CAGTACTCACCGGTGACTGTTACGCTGCCGGTGGAGAAGATCTTCAGGGTGGCCTTTGGATCGGGATCGCGCATCTTGTAAGTCACTCCAGGATG
CAGCTCGGGCTCGTAGCTGGCGTTCTCGCGATGGCGCTCCGAAAAGTTGACGATCTTGATGGCCCACGGCATGCTGCAGGTGCCCAGTACGTTGA
CAATGCGAAAGTTGAGGAAACGAGTGGGAAATCCCAGCTTGCCAAGGCATCTGGCATAGCGGCGTGCAGCGACCTTGGCCTAAAAAGATCATCAA
CTATTGAGATAACAAAAATGTATAATTTAATGCTAAATCATACCATTGACTCGGAAGTGGCACCAGTGCAGGTAATCCTCCCCGACGACCAAATC
GAGGCAGTGGTGTATGGATGGCGGAGCTTCATTGTCACCATTCCGTTCTCGCGACGGTACTCCACATTTGATCCCTGCAGCGCAATTTCGCGCAG
CTTCAGGTGACAGCCGACGCTAAACGAGCAGACCACATTGTTTATCACAATGTCCAGCTCGTGCTCATTATCAGCAATTGGCTGGTGAAGGTCAA
TGGGTTTGGCATTATTGCTGCTCTCTTCTTCGTCTTCAGCGACTTCCTTTTTCTCCTCGTCATCGTCATCAATCACAGTTATCGACTGCATGACC
TCCTCCTCCAATAGATCCATTTTGGCTGTGATCAGACCATTGCCATTGCTGGCGACGGTCGGCAGATTAGCCTTATTTTCGCTGCTAGTAAGGAA
CATATTTTTACTGCCGGTTGCCAGAACAATGGTATCCCCGTTGGCAAGTTTCCTTTGCAAACTGGGTCCGCCGGCCGTTTGCATTTTGCTGAATT
GCGAAAAATAGCGAACGGTACCGGCTGTTGAGGCTGTGCCAGATGAACCACCGACGACTTGTCCGCTCATTCTTCCGGTGGACGCCACTCCCGCC
ATTTGGCGATTGGTCATGAATGTGGAGGAGGGCGTTAGGTATACACGTGGGGCATTGGCCAGCACCGCCGAGGATACGACGCCGCCGGAGGTCAC
TACACCAACTCCGGAACCGCTGCTGGCCGCTTTAAGGCCGCCGTTCAAATTGGCCACCGGTATGCTGACCATATCGTTTTGCATCAGCTTGTGCT
TTCGATTCCCCTTCAACGAGCGCTGACTGGCCTTCTCCAGCTGCTTAATCTTGATCAGATAATGCTCGCGCTGCAAACGCAACTGACGTTTACAG
TCCTCCCTATATTCCTTCAAGAATCGTTCGTATTCCAAGCGCTGTTTCTCCTTTTTCTGGCGCAATTTACGTTCGCGTTTTACGCGATTTTGCTG
ACGACGATGCTGCTCCTTCTGTTGGCGCAATTTTTCTAGGACAAACTGTTTCTGTTGCTCAAAGAGGTGGCGCTTTCGCTCTCGCTGCTCCTCCA
GTTCTTTCTTCTGTTGCAACTGTCGTAGCTGTAGGAAGACTTTATCCTGTTGCAACTGTCGCTCCTGTGGCAAGTGTTTCTCCTGTTGCAATTGT
TTCTCCTGTTGCAAGAGTTTCTCCTGTTGCAAGAGTTTCTCCTGTTGCAAGAGTTTCTGCTGTTGCAAGAGTTTCTCCTGTTGCAAGAGTTTCTG
CTGTTGCAAGAGTTTCTGCTGTTGCAACCGTTTCTCCTGTTGCAACCGTTTCTCCTGTTGCAACCGTTTCTCCTGTTGCAACCGTTTCTCCTGTT
GCAACCGTTTCTCCTGTTGCAAGAGTTTCTCCTGTTGCAAAAGTTTCTCCTGTTGCAACCGTTTCTCCTGTTGCTCTTGTGGAAAGAATTTCTGC
AAAAGTAGTTTCAGATACTCATATAGCAACAGTTGCTCCTTTGAAAAGAATTTCTCCTGGTGCCAGAATACCACCAGTTGCAACTTTTGATATTT

TTTTAAATGTTTCTGTTGCTGCTTCAGTTGCAGGTCCTGTTCTGGTTGGCCTTCCTCATCAATACTGCTGTATACGTCTTCCAGTTTGTAAGCTC
CAAATACCTTATAGAGCTGTATGCTAAGGTCCAAACTAGATTTATCATCCCCTAAAGGATTTGTTACGAATTTCAAGAACTTCCTTTCCTTTGAG
AAGATAAATGGTTTATAATCCTCCTCAGAATCACAAATGTGATCGTCGTAATAAGAAGCTGGATCCTGATCGTCGTAATAAGGAGCTGGATCCTG
ATCGTTGTAATAAGGATGTGGATCTTGATCGGTTCCGAATTCAGGAGCTGGATCTTGATCGACTCCGCCTTCAGGAGCTAGATCTTGATCGGATT
CGCCTTCAGGAGCTGGATCTTGATCGACTTCGCCTTCAGGAGCTGGATCTTGATCGACTCCGCCTTCAGGAGCTGGATCTTGATCGACTCCGCCT
TCAGGAGCTGGATCTTGATCGGCTTCGCCTTCAGGAGCTGGATCTTGATCGGTTTCGCCTTCAGGAGCTGGATCCTGGGCAGATTCCTCAGAACT
TGAAGATGATTCGAAATCGGAATGGGAATCGGAATCGGAATCTAAATCTAAATTTGAATCTGAATCTGAATTTGAATCTGTATCGAAACTTGAAC
TATCTGAGTCTTCTTCGTCAGAGCATTCGCTTTCCGTATCTTCACGTTTTTCCTCCTCAGATTTGTCTTCCTCACTCTGCAAGTTTGGTTTAAAT
TTCTTAGAGTCTGTACAATCAAAAGGCCATTTACGCTTTAAGGATCTGCGACTTCCCAGAGACGATAAATGTGAACGTGGGTCTCCTTTGTCACC
GTCCAATAATGGTTTCTTCGAATACGAAGAATTCCCAGTGCCTAACGATTTTCGCTTATTCTGTTGCTTGTCTGGCGAATGATCGCGTCTATCAG
AAGAAGTATGTTCAGCCGGCGACTGTTGTTCGACGTCGTCGCTTTCTTCCTTCTGTTCGTCTGTAATTTCCTCTGACGACTCCTGTTGGCTTTGG
TCGCTTTTTTCCTCGCGTTCGGTAGAAGTTTCTCGCCGGCGCGATAGCCACCCAGTAACTGGATCGATTAAGTAGTCCGAGTCCCCAGAAGACGA
TTCCTCATCTGAAGCTTGTCGCGACTCGCTTTCAGAGTCTTGTCTCTCCGGCGAAGATGACTCTAAAGATGAATCCGATTTTTGATTTGGCCTAT
TGATTGGCTGATTGAATGGCTGATTGATTGGGTTATGGCGACGATCGTCGCTATCAACTTCTGATTCTCCTAAACGAGGGAGATGTACCTGACAA
GCGTAGGATCGTAAACGGGTATATATGTTTCTTTTTCTAGCGGCCTCTTCCTCATCAGATTCAGGATATTGGTACTCTCGATTCAAGGCCTGATA
CTCGTGATTTGAGTCCTGGTATTCGTGATTCCAAGCCTGGTACTCGTGATTTGAGTCTTGGTTGACGTGATTCAAATCCTGGTACTCGTCACTTG
AGTCCTGATCGCCGTGATTCAACTCCTGGTACTCGTCATTTGAGTCCTGGTTGCTGTGATTCAACTCCTGGTACTCGTCATTTGAGTCCTGGTTG
CCGTGATTTGATTCCTGGTACTCGTCATTTGAGTCCTGGTTGCCGTGATTCAACTCCTGGTACTCGTCATTTGAGTCCTGATCGCCGTGATTCAA
CTCCTGGTACTCGGTATTCAAGTGCTGGTACTCTTGGTTTGAAACCTGGTACTCGTTATTAGACTCCTGGTACTCGCGATTAACTTGATTCAAGT
CCTGGTTACCGATATTCAAGTCCTGGTACCCGGGATTCAAGTCAGATTGTGCATATTCCCTTGTTCTTCCTCTTGATGAAGTTGAATATTCTTGG
TGCAGCTGTTCGTCCTCGCTATTAGAAGAACTTAAGCGATCTGCGTATGATGAAAAGAATTTGTTTAAAAAACATTTTTATAATTCTCACATTAT
TTTACCACTAGAATTGCAGGCATCCCCGTACGACTCGTTACCGCTGCTGTTGGCTTCGTTCTTCTCAACTTCTTCGTTCGAAAACTGGTCAGCTT
CGTTGCGACTTGAAGTATCTTTACCAACGTCAGAGCCTTGCTCACGATTTCCGATGGTGCTTCCGCTTGATGAAGTTGAATATTCTTGGTTAAGC
TGTTCGTCCTCGCTATGAGAGGAACTTAAACGATCTGCGTATGTTGAAAAGAATTTGTGTAAAAAACATTTATATAAATTAACAATTCATTTTAC
CTCTAGAATTGCGAGCATCCCCGCCCGACTCGTTACAGCTGCTGTTGGCTTCGTTCTTCTCAACTTCTTCGCTCGAAAACTGGTCAGCTTCGTTG
GGATTTAGAGTATCTTTACCAATGTCAGGTCCTTGCTCACAATCACCGATGGCTCTTGGATTGGGGGATTGATTCGGCGATTGGTTCTCCTTATC
CGAATCTTCGTCCGGATGTTCAACCGGATGTTCCGGAAACAAATCCTCGTTCCTTAAGTCTCTAGCTACTTGGTATTCTTCAAGTATTCGAGTCG
GGGAACCATCCCCCTTTTTGACGCTACAGTTGTTTTAGGGAGACGAAGTTCAATTATATTTCATTGGGTATTTATGCTTACTGTTTGTGTGACTG
TGGCGGTGTGGATATGCGGCTCTTTATATCTACTGTATATCGTGTAATAGTTCTTTTTTTTTCTCTGTATGCCTACTTACGCACTGCCCATCGTT
AAAAAAATATTTCTTGTTATCTTTTTGGGTTTCTTGATAGGACTCTTGCTCTGCGTTTTCTTGCTAGCTTCTTAATTATATTTAATTGTATATAA
GGCTAAAGGTGATTCTTCCTTGGTGTTGTATTACATTCTTTCCATTGTTTCGTTCATGTGGATGTGTATGTATGTGTTTGTATGTGAGTATGTTT
GCACTTAAGGCCAAAAAATACTTTTTTATGTGTGATTTTGTATTAGAATTAATGTTTTCTTAGTGTTCTAGTTGTTGGGTTTGCTGGTTCTCTAA
TTCTATCTACTATGTTTATGATTATGTCTAGTCTTCCGTTCTTTTCTCCTGGTTAAATTTGCTTGTAGTTTTTAGTTGTTCCGTTTAGCAGTCTG
CAAGTAGAAGAGAATATAATAAAAGTTAATAATCGTAAAGTTGACATTTGGGAAAATGAAAACATGCAAATTGCCTTGATAAATACAAATGCATT
TATTAATTGGTTTGATAGCGCACCTAATAAACACGATGACACTATTTAATCTAATTTCCACTTTTATATATCAACCCGACCCCCGACAACCGGCA
CAAGTGAAGGGTCTAGGTCTAACCCTCTGGGAGTTTTCGTGGAATATTAGTAGTTCCTGTCATGTTAATAGAGATGGAACTCTGAGCCGGCCCTT
ATAGAGTGGCATGATTCACGAAGACTCACGAAGACTCACGCTTTGCCTACCCAAAAAAAAAAAAAATAATACGTCTTATACATTTTTAAAATGTAA
TTTTTAAAACAAAAAAAATGAGAAGAGATCATGACCTACTTATAGTAGTTTTACAAACTAAAATATTGTATTTTACAGACGACTTCACTGTTAAC
GGGAGCTGCGTTTAACAGAGAGCGCTGTTCGTTAACAGTCCTTTTTATTAGGATCGCCTAAGTGCGCTGACCTTAACATAGATTTTCGCATGCCT
GCTAAGAGTATGCACGAAGAAGGGGCGGAGGAAAACGAAAAGGCGA
(SEQ ID NO: 82)

Exon: 6551..6541
Exon: 6388..6081
Exon: 6019..5801
Exon: 5740..2229
Exon: 2169..1911
Exon: 1839..1001
Start ATG: 6551 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT3310
ATGGGCAGTGCCGTCAAAAAGGGGGATGGTTCCCCGACTCGAATACTTGAAGAATACCAAGTAGCTAGAGACTTAAGGAACGAGGATTTGTTTCC
GGAACATCCGGTTGAACATCCGGACGAAGATTCGGATAAGGAGAACCAATCGCCGAATCAATCCCCCAATCCAAGAGCCATCGGTGATTGTGAGC
AAGGACCTGACATTGGTAAAGATACTCTAAATCCCAACGAAGCTGACCAGTTTTCGAGCGAAGAAGTTGAGAAGAACGAAGCCAACAGCAGCTGT
AACGAGTCGGGCGGGGATGCTCGCAATTCTAGAGATCGTTTAAGTTCCTCTCATAGCGAGGACGAACAGCTTAACCAAGAATATTCAACTTCATC
AAGCGGAAGCACCATCGGAAATCGTGAGCAAGGCTCTGACGTTGGTAAAGATACTTCAAGTCGCAACGAAGCTGACCAGTTTTCGAACGAAGAAG
TTGAGAAGAACGAAGCCAACAGCAGCGGTAACGAGTCGTACGGGGATGCCTGCAATTCTAGTGATCGCTTAAGTTCTTCTAATAGCGAGGACGAA
CAGCTGCACCAAGAATATTCAACTTCATCAAGAGGAAGAACAAGGGAATATGCACAATCTGACTTGAATCCCGGGTACCAGGACTTGAATATCGG
TAACCAGGACTTGAATCAAGTTAATCGCGAGTACCAGGAGTCTAATAACGAGTACCAGGTTTCAAACCAAGAGTACCAGCACTTGAATACCGAGT
ACCAGGAGTTGAATCACGGCGATCAGGACTCAAATGACGAGTACCAGGAGTTGAATCACGGCAACCAGGACTCAAATGACGAGTACCAGGAATCA
AATCACGGCAACCAGGACTCAAATGACGAGTACCAGGAGTTGAATCACAGCAACCAGGACTCAAATGACGAGTACCAGGAGTTGAATCACGGCGA
TCAGGACTCAAGTGACGAGTACCAGGATTTGAATCACGTCAACCAAGACTCAAATCACGAGTACCAGGCTTGGAATCACGAATACCAGGACTCAA
ATCACGAGTATCAGGCCTTGAATCGAGAGTACCAATATCCTGAATCTGATGAGGAAGAGGCCGCTAGAAAAAGAAACATATATACCCGTTTACGA
TCCTACGCTTGTCAGGTACATCTCCCTCGTTTAGGAGAATCAGAAGTTGATAGCGACGATCGTCGCCATAACCCAATCAATCAGCCATTCAATCA
GCCAATCAATAGGCCAAATCAAAAATCGGATTCATCTTTAGAGTCATCTTCGCCGGAGAGACAAGACTCTGAAAGCGAGTCGCGACAAGCTTCAG
ATGAGGAATCGTCTTCTGGGGACTCGGACTACTTAATCGATCCAGTTACTGGGTGGCTATCGCGCCGGCGAGAAACTTCTACCGAACGCGAGGAA
AAAAGCGACCAAAGCCAACAGGAGTCGTCAGAGGAAATTACAGACGAACAGAAGGAAGAAAGCGACGACGTCGAACAACAGTCGCCGGCTGAACA
TACTTCTTCTGATAGACGCGATCATTCGCCAGACAAGCAACAGAATAAGCGAAAATCGTTAGGCACTGGGAATTCTTCGTATTCGAAGAAACCAT
TATTGGACGGTGACAAAGGAGACCCACGTTCACATTTATCGTCTCTGGGAAGTCGCAGATCCTTAAAGCGTAAATGGCCTTTTGATTGTACAGAC
TCTAAGAAATTTAAACCAAACTTGCAGAGTGAGGAAGACAAATCTGAGGAGGAAAAACGTGAAGATACGGAAAGCGAATGCTCTGACGAAGAAGA
CTCAGATAGTTCAAGTTTCGATACAGATTCAAATTCAGATTCAGATTCAAATTTAGATTTAGATTCCGATTCCGATTCCCATTCCGATTTCGAAT

CATCTTCAAGTTCTGAGGAATCTGCCCAGGATCCAGCTCCTGAAGGCGAAACCGATCAAGATCCAGCTCCTGAAGGCGAAGCCGATCAAGATCCA
GCTCCTGAAGGCGGAGTCGATCAAGATCCAGCTCCTGAAGGCGGAGTCGATCAAGATCCAGCTCCTGAAGGCGAAGTCGATCAAGATCCAGCTCC
TGAAGGCGAATCCGATCAAGATCTAGCTCCTGAAGGCGGAGTCGATCAAGATCCAGCTCCTGAATTCGGAACCGATCAAGATCCACATCCTTATT
ACAACGATCAGGATCCAGCTCCTTATTACGACGATCAGGATCCAGCTTCTTATTACGACGATCACATTTGTGATTCTGAGGAGGATTATAAACCA
TTTATCTTCTCAAAGGAAAGGAAGTTCTTGAAATTCGTAACAAATCCTTTAGGGGATGATAAATCTAGTTTGGACCTTAGCATACAGCTCTATAA
GGTATTTGGAGCTTACAAACTGGAAGACGTATACAGCAGTATTGATGAGGAAGGCCAACCAGAACAGGACCTGCAACTGAAGCAGCAACAGAAAC
ATTTAAAAAAATATCAAAAGTTGCAACTGGTGGTATTCTGGCACCAGGAGAAATTCTTTTCAAAGGAGCAACTGTTGCTATATGAGTATCTGAAA
CTACTTTTGCAGAAATTCTTTCCACAAGAGCAACAGGAGAAACGGTTGCAACAGGAGAAACTTTTGCAACAGGAGAAACTCTTGCAACAGGAGAA
ACGGTTGCAACAGGAGAAACGGTTGCAACAGGAGAAACGGTTGCAACAGGAGAAACGGTTGCAACAGCAGAAACTCT
TGCAACAGCAGAAACTCTTGCAACAGGAGAAACTCTTGCAACAGCAGAAACTCTTGCAACAGGAGAAACTCTTGCAACAGGAGAAACTCTTGCAA
CAGGAGAAACAATTGCAACAGGAGAAACACTTGCCACAGGAGCGACAGTTGCAACAGGATAAAGTCTTCCTACAGCTACGACAGTTGCAACAGAA
GAAAGAACTGGAGGAGCAGCGAGAGCGAAAGCGCCACCTCTTTGAGCAACAGAAACAGTTTGTCCTAGAAAAATTGCGCCAACAGAAGGAGCAGC
ATCGTCGTCAGCAAAATCGCGTAAAACGCGAACGTAAATTGCGCCAGAAAAAGGAGAAACAGCGCTTGGAATACGAACGATTCTTGAAGGAATAT
AGGGAGGACTGTAAACGTCAGTTGCGTTTGCAGCGCGAGCATTATCTGATCAAGATTAAGCAGCTGGAGAAGGCCAGTCAGCGCTCGTTGAAGGG
GAATCGAAAGCACAAGCTGATGCAAAACGATATGGTCAGCATACCGGTGGCCAATTTGAACGGCGGCCTTAAAGCGGCCAGCAGCGGTTCCGGAG
TTGGTGTAGTGACCTCCGGCGGCGTCGTATCCTCGGCGGTGCTGGCCAATGCCCCACGTGTATACCTAACGCCCTCCTCCACATTCATGACCAAT
CGCCAAATGGCGGGAGTGGCGTCCACCGGAAGAATGAGCGGACAAGTCGTCGGTGGTTCATCTGGCACAGCCTCAACAGCCGGTACCGTTCGCTA
TTTTTCGCAATTCAGCAAAATGCAAACGGCCGGCGGACCCAGTTTGCAAAGGAAACTTGCCAACGGGGATACCATTGTTCTGGCAACCGGCAGTA
AAAATATGTTCCTTACTAGCAGCGAAAATAAGGCTAATCTGCCGACCGTCGCCAGCAATGGCAATGGTCTGATCACAGCCAAAATGGATCTATTG
GAGGAGGAGGTCATGCAGTCGATAACTGTGATTGATGACGATGACGAGGAGAAAAAGGAAGTCGCTGAAGACGAAGAAGAGAGCAGCAATAATGC
CAAACCCATTGACCTTCACCAGCCAATTGCTGATAATGAGCACGAGCTGGACATTGTGATAAACAATGTGGTCTGCTCGTTTAGCGTCGGCTGTC
ACCTGAAGCTGCGCGAAATTGCGCTGCAGGGATCAAATGTGGAGTACCGTCGCGAGAACGGAATGGTGACAATGAAGCTCCGCCATCCATACACC
ACTGCCTCGATTTGGTCGTCGGGGAGGATTACCTGCACTGGTGCCACTTCCGAGTCAATGGCCAAGGTCGCTGCACGCCGCTATGCCAGATGCCT
TGGCAAGCTGGGATTTCCCACTCGTTTCCTCAACTTTCGCATTGTCAACGTACTGGGCACCTGCAGCATGCCGTGGGCCATCAAGATCGTCAACT
TTTCGGAGCGCCATCGCGAGAACGCCAGCTACGAGCCCGAGCTGCATCCTGGAGTGACTTACAAGATGCGCGATCCCGATCCAAAGGCCACCCTG
AAGATCTTCTCCACCGGCAGCGTAACAGTCACCGCGGCTAGCGTAAACCACGTTGAATCGGCTATCCAGCACATATACCCGCTGGTCTTTGATTT
CCGCAAGCAACGTTCGGCGGAGGAGCTGCAGCATCTGCGTCAAAAGCAGCGTCTGCAAGCCGGCGGTGATCCCCACGAACTGGAGAAAAATGTCT
TGGCCGATAACAAGACTGCTTCCCTTGATAATATCTTTGTTAATACAACAGCGGCGCACTCTAAATCATCGTCGAATGACCAAACATCAGCACCC
GCGACCATCTTGTCCAGCACAGTTGATAGTATGCCTCGTCTGAAACAGATGGTCAACTATCACCAGATGATGAAGCAAACCCAGGAAGAGCGCCG
CCATATAATGTTTAATGGGGAGAAGGCCAATCCGGCCTCCACCTCATCGGCGGCAGCAGCTCCCTCCACCTCCTCCTCATCGTCCTCATCCGGGG
ATAATATCTGTGCCAATGCCCGTCGCCGGGCCACCGAATGCTGGGCAACCAAGCTGCAGAATAAGCGTCCACGTTACAATGATCCCGGTACCACG
GGCACAATTAACGCCGCATCGTCCACAGCATCAGCCGCCACATCTTCGTTAGCCTCCCAGGCGACACATCTGCGTAATCCTCTCAAGACGGCCGC
GTTGGCCAATGCACGTATGTTAGGCGCCAAGGTGACAACATGCACACGCAACAGCATAATCGTGCAGCAGCCGCAACGTATCCAAATGCAGCAGC
AGCAGCAACAGCTGCAACCGCAGCAGCAACAGACCAGCTTCTCGCCCAGCGAATTCGATGTTGATGACTTGATCGAGGAGGAGGAGAACAACGAA
TTGGATATGCCCTTCTAA
(SEQ ID NO: 83)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MGSAVKKGDGSPTRILEEYQVARDLRNEDLFPEHPVEHPDEDSDKENQSPNQSPNPRAIGDCEQGPDIGKDTLNPNEADQFSSEEVEKNEANSSC
NESGGDARNSRDRLSSSHSEDEQLNQEYSTSSSGSTIGNREQGSDVGKDTSSRNEADQFSNEEVEKNEANSSGNESYGDACNSSDRLSSSNSEDE
QLHQEYSTSSRGRTREYAQSDLNPGYQDLNIGNQDLNQVNREYQESNNEYQVSNQEYQHLNTEYQELNHGDQDSNDEYQELNHGNQDSNDEYQES
NHGNQDSNDEYQELNHSNQDSNDEYQELNHGDQDSSDEYQDLNHVNQDSNHEYQAWNHEYQDSNHEYQALNREYQYPESDEEEAARKRNIYTRLR
SYACQVHLPRLGESEVDSDDRRHNPINQPFNQPINRPNQKSDSSLESSSPERQDSESESRQASDEESSSGDSDYLIDPVTGWLSRRRETSTEREE
KSDQSQQESSEEITDEQKEESDDVEQQSPAEHTSSDRRDHSPDKQQNKRKSLGTGNSSYSKKPLLDGDKGDPRSHLSSLGSRRSLKRKWPFDCTD
SKKFKPNLQSEEDKSEEEKREDTESECSDEEDSDSSSFDTDSNSDSDSNLDLDSDSDSHSDFESSSSSEESAQDPAPEGETDQDPAPEGEADQDP
APEGGVDQDPAPEGGVDQDPAPEGEVDQDPAPEGESDQDLAPEGGVDQDPAPEFGTDQDPHPYYNDQDPAPYYDDQDPASYYDDHICDSEEDYKP
FIFSKERKFLKFVTNPLGDDKSSLDLSIQLYKVFGAYKLEDVYSSIDEEGQPEQDLQLKQQQKHLKKYQKLQLVVFWHQEKFFSKEQLLLYEYLK
LLLQKFFPQEQQEKRLQQEKLLQQEKLLQQEKRLQQEKRLQQEKRLQQEKRLQQEKRLQQQKLLQQQKLLQQEKLLQQQKLLQQEKLLQQEKLLQ
QEKQLQQEKHLPQERQLQQDKVFLQLRQLQQKKELEEQRERKRHLFEQQKQFVLEKLRQQKEQHRRQQNRVKRERKLRQKKEKQRLEYERFLKEY
REDCKRQLRLQREHYLIKIKQLEKASQRSLKGNRKHKLMQNDMVSIPVANLNGGLKAASSGSGVGVVTSGGVVSSAVLANAPRVYLTPSSTFMTN
RQMAGVASTGRMSGQVVGGSSGTASTAGTVRYFSQFSKMQTAGGPSLQRKLANGDTIVLATGSKNMFLTSSENKANLPTVASNGNGLITAKMDLL
EEEVMQSITVIDDDDEEKKEVAEDEEESSNNAKPIDLHQPIADNEHELDIVINNVVCSFSVGCHLKLREIALQGSNVEYRRENGMVTMKLRHPYT
TASIWSSGRITCTGATSESMAKVAARRYARCLGKLGFPTRFLNFRIVNVLGTCSMPWAIKIVNFSERHRENASYEPELHPGVTYKMRDPDPKATL
KIFSTGSVTVTAASVNHVESAIQHIYPLVFDFRKQRSAEELQHLRQKQRLQAGGDPHELEKNVLADNKTASLDNIFVNTTAAHSKSSSNDQTSAP
ATILSSTVDSMPRLKQMVNYHQMMKQTQEERRHIMFNGEKANPASTSSAAAAPSTSSSSSSSGDNICANARRRATECWATKLQNKRPRYNDPGTT
GTINAASSTASAATSSLASQATHLRNPLKTAALANARMLGAKVTTCTRNSIIVQQPQRIQMQQQQQQQLQPQQQQTSFSPSEFDVDDLIEEEEENNE
LDMPF*
(SEQ ID NO: 84)

Gene Symbol: Trf2
FlyBase ID: FBgn0026758

Celera Sequence No. : 142000013384055
TATTTTTTTTTTTTAACATAATTTTGAATAGCATTAAAATTATTAGCTACAAATGAATAAAAAACGAGCGGGGGTGGGGGGAAACAGAGGCTGCG
GGGCAGCTGGAAAAAAAATTAGTGCGAAGGACTAGAAGTAAAGGAAAGAAACGGGCGTACCATCCTTATGTCGGGGGAAGCCCTCTGGAACCCCC
ATTCTATCCCGTCCAGCACAAATGCGCATAATGAGCTCTGGTCAGCCAGCCTAGACGGCTGTGGGAGGTTGCCATCGCAGAGATTTACGCGCGAC
AAGTTTTTCTTGCCCTTTTCCACAACGTAATTCTTTTTCATGCCCTATCTATAGAATTTTGGGTGTATGCCATTTTGTATCAAAATAAAGGGTAT
GTCTTAGATTTTGATACTATATGTTACAACAAAATATGACACACCACTTATATGATGGAGATATATATTTATTCCTAGCATTTCATTAAAGTGTA
TAGTCTTTTAAAAATGTAGAGTAGAGTATTGGAAAAGTAGCTCAACCCGTCTTCTATTTTAGGTAACATTTTTTGTAGACTCGCAACATCCAGCT

AAACACTTTTCAGTTGATATCGCAAATCCTTTTCGCTGGCGCTTACATAATGATATGTGGCCGCAGATGCCAAGGGAGGGAACATTTAAAAAAAA
TGCATTTAAAAATAAAATGAGAAGGAAGTAGCGTCTGCTGTTTGCCTTTCTCCATTGAATATTGAGAATATGAATTAAATATAAACCTGCAGCAG
GATAATCATAAGCAAATCACTATATGCAATTAGGGAAATAGTTTAAACATAATAAACTAAAATCTATAAGTGGACAGAGTCGCAAAGATTTAGGA
AAACCATTTTTGATCGCTTGATCACCCAATAATTGAAAATATATGCTCGTATTATTTATAGTATATTTAAAAATCATTTTTATTCCGTTATATCA
TGCTTGCTGTATTGTGTAATATATCAGTTAAACATAACTCTTAACTAGACAAAAAAAAAATAATCGATTATATGGTAAATAGGGTGACCGTGAAT
AGTATGTAGCTCCACTTTTCAGAGTTTATAAATGGTGCATTTGATCCTCGACCAGCTTTTTGGGCCTTCTCTTGCGGCGTTTTCTTGCCTTTCGT
CGTAGGCGATCGAATTTCCGGATCCGGTCGCAAATGAAATGCTTGAGGTCATCGCCCTCGGCGGCCGATTGACGACTGCACGACATTGTGAATAT
TATTAGCGAGTTAAGGTAGACAAAAAATCTTATATCGTAGTCATCTAATGATGGTTTGCCCTTGGTTCGATGATTATTATTATTATTATCTTTCT
GTCGGTCTTCCCTTTCCCGTTCCCGTTCCTTTTGATAATTACTAAAGTTGTGCTTGCGCAACTTGGAGGCGGGATACGTAGTGGGCGATGGATGG
GGCTCAAAGGTCGAGCGCTGGCGCTTCGAACTGGACAAGTGTTGCCGAAAATAATCGTAAATGCTCATGTTCCTTATAACGATCGTGGTGGTGTT
GCTAATGTTTATTAACGGTCCCGATTTATGAGGCGCCACATGCTGTAGATTTAGCCAACTGCCGCCTGCCGCCTGCACGCGAGTTGGCAACGAAG
TGGCCACTATCTTATTGTAATTGTTATTGGCCAACATCGTTGTCGTATTCAATGTATAATGTAGCATTGGCTCATTGGTGTTATTGTTGCCGATG
TTATGGCATCGGACGTTGTTGTGTTGATGGTTCTGATAATCTTGATTGTAGTAAGGATTTTTTTGTTGGGTTATTGTTGATTTGGTTGTATTGTA
ATCTACAGCAGTGACTGCAACCCGTCAATGATCAGCGACCAGCGGTCCCCAGAACATTTTCGATATCTTCGAGTCGTCCTCGGTTAAAAAGAACT
GACGGCCCAAATGCACAAACTCCTTGAGCGACAATTGGCCATCGCCGTTCTTGTCTATCACAGCGAATGAAACGGCAGCATCGTCTTCGGTCAGT
CCCAGACAACGGAAGAAGAGCTTGTATTGTTCGAGATCCAAATGGCCAGTGTGATCAAAGTCCACAGCCTAAGAAAAAAAAAACCGGAAAAATTA
TTTTTCTGTTTATCGATAATAGCAACTTAACAATGAAACTAACCTTAAACAAGTAGGGCAGGAAGCGACCGATGCGTTTGGCCATCTTCTTGTCG
TTGAGACGATGGTGCAGATCGGTGAGGAACTGCTCGGCAGTTACCAGATTGTATGGGGTTATCTCCCCGAACTGCTCTTCCCAAGTATGCTTGAT
CACATCGTTGAATTCGGCAGCGACCTCTGGGGTCAAATGGCCCAGATCGCTAAAGCGTTTGGCCAGCAAACTAAAGTCGTCGAAGGACACGACGC
CGTCGTGATTAACGTCCAAAATGCGGTGGAGAGTACGCATTTTGCGGCGCCAGAATGCTGAGTCGCCCTAAAAATGAGGAAAAATATACATATTA
ATTGGTTTGCCTTGCGATTTTATTTTAAATTTTAATTATATTTGATTTAAAACATTCACAGGGCGTGCTAAAAGCTTCTTAAACTCTAAAGCTCA
TTGCAATTCTGCAACCAAGCCTTTTGCTCTTTTCAAACTTTAAAAGGACTTGAAAAGTAAAAGCTTGAAAGCTTTGCAGGACTTGACTGTCCTTA
TTAAAATGCTTTTATTAACATCAGCTTATCTCATAGACGCGCAGCGACTGCTTGTGAGCTTTTAGAAGCTTTAACCAAAAGGCTTTGAAAGGACT
TTAAGGAACTGCTTGATGGCAAGTATAGTCAGGATACAAGCAACTGCTTTAAGCTTCAATTCGCTTTTTTTGAGAAAGCTAAGATTTCGTATTAA
TAACCAAACAACAAAGCTTTGATCTTAAAACAGTCTGCACTCAAACCAGTTACTACTGTTAAATGGCCACTGTTAACCAGGTTACAATGTTGGAC
TATTTTTTAAATGCCGTAGAGCAGGTTCAAAAAACGACATTGAGCACGATAAACAAATTTCGAAACACGTTTCTCGGCCTGTCGAGCAAACACAA
TTGAAATTTCTCAGCCACGTGGACCGTGTGTTTTATGGATCTATTTAATGGATTATGCATTTCTCAAGCAGTTCACTCACCCGTTCGCTGCGCTT
GGAATCCATTTTCTGGCGACGACGCTCGAACTCATCATCCGAGTCGGAATCGCTATCACTTTCCACCTCCCGTCGCAATTTGGCCGCTCCGGCCT
TCTTTGAATATTGACGGACAGCCTGGACCACGGCAGTTGGCATTTGATGCCAAAGCAGTGAATGTGCTCCATGTCCACAGATAATGCCGCCAGAT
GCCAGGCGCTGAAATCAGAAAAAAAAAAGGAAATTAGAAAAATGTGAAAATGCAAAATGTATTGGATAAGTTTCTCTATCATAATAATCATTTTGA
TTGTGCTTTAAAAAAAGAGATGCTAACGTGTCATTAATAATGTTACGCAATCATTATGCTATTGTTTTGTATTGTTTTTGTGTATATTTCGGTTT
TCACAGCCCCATGCTGAATGCTCTTTTTGTTGTTGATATGGTTGCTAGACGCCCTTCGGTGTGTAAGCAATCATTATGTTTTTAATTACAACTCA
GCGCACTGCTGTTTTCCTGTGTTGTTTTTTGTTGTGCGTGTTATTTTCTCATTGTTAAGGTCAGTTCTGTTTACTCACAAAACAATTCTAAACCTG
ATTCGTCGTTATCTGTTTTTTTTTACGAGTTTTCCATCTTTGGTTCGCCTTAAAAGTGCCAAAGAGTGACTGTCAAAATGTATCTCAAAAAACTC
GGTCTACAGTTTGAGAGGCGCTTGGTAATGGTAAAAAACCACGTGGCGATCATGTATGTAACGAATTTAAAAGAAGAAATTGTAAACCAGCAGGA
AAATAGCTTCCAATATATATAAAATATATGTAAATATAGGACACGGTATTTTACACATATATAATACATTCAATGTCCTTTGCTGCCAACATTGC
AACTTTGAAAATTAAAAAAGATAAATATTGATGCCAATAACCAGTTCGGAGAAAGGTTTTTTCCATCACCTGTGCCATTAGGAAAAGATAAAAAA
CAAAATTCGCTACTCTTTTAATTACAAGAAACCGAATTCTCTTGTAAACGTTTTGAATTTCAATGGCTCTCGATAAGAAAGAATCCAAGTACAGA
TGTTGCCAGCCACCGACGACGATGATATCATGCATCATACCATATAACATTATCATAAAGCCCGCACACTTATTGTATTGGACTGACTGCTTTGG
GACCTTTTTTCGGTTCCAGTTGCTTCGTTTGGTTAAACGAACTTTGGATTGTTTCTGTTTTTCGGTGTTTTTTTTTTCGTAAACAAGTTTCTCCA
AAATACGAATTAATGAATGCAAAAAACGGGCCTCCTTTCATTTGAATGTCTGCGCGTCTCGAAAATAAAGAGAAACACGTTTCGACCATAAGAAA
ATTAAACAAAAAACAATGCCAATGATTTATATGTGGAAGATGCAGAGAGTAAGAAGACGGCAAATAAAAATCAAAGTCGAGCAACAGGTCAATGT
TAATTTAGCAGCAAACAAGAAGTAGAAAAATTGCGAATAAAATCACTTTAATCATTTCCTGTGATTCTAAAACTTCTTTTTCCGTGGCGGTTAGA
GAAAAAGTAAAGGGAGGTGGGGTACTTTTGTTGTTATAATTTCCAATGCTTTTGCGCAAGATTTTCCTGCTACAGAATTTGCGCAGTTTTCCGAC
TTTCAAAATGAGGGGGTTGTTGTCGGTGAGAAGGGAAAACAAGCTTTCACCTGAATACACGGTGAAAAATACCAGTAAGTATTAATATTGGCTTA
GCTGGTTAAATTAATGTATGTTGTGTCAACATAATATCATAAATTTCGTTTCAAAACCGAAACTTTTATGCAAATACTATTGGACGGTATTTTTA
AAGCTAACAACATAGGAGTAAGATGAAACATGTTTATATATTAACTGAACTATTTTGTTGAATCTATTGATTCAATACCAACATTTCTTTGTGTG
TAATTTCCACTTGTTTATCTTACTGTATCTTGTTTTATTTGTTTCATTGAGGGATATGCCTCTTTCGGCGCCGGGTTTTCAATTTCTTATTGATT
GATTGAAGTGCTGCGCCCTTTAATGATTGATGTGCAAGAAATTTGCCAGCACCTAAACGTATTTTATAGTTAATCATCAATTGAAACCAAAAATC
AGCAATATATAATGCTGCTGCTAACAACAATAAATTAATAATGCGGGAATGAAAAGTTAATAAAAATTAGAGAATTAATAATCCCAAACTCTCTT
GTATTGCTAGAATTATAGTTGGGAATATCTATTAATATTAATCAAGAATTGAACTCGAGTTCTTACAGTTTCGAATGCACTGCTACAGTTTACTT
AGCACTGGCCTCGTTTCGTGAACATTCCCGCTCCCAATTTTCATTCTCCACTTCCCTTGCTTGTCTGTATTCACCCCTCTTCCTCACTATTTACA
GTTCTCCTTCCACCACTTACTGTTTTTCGAATTGCGATTCTATTTTTCTGCTTTGTTTTGAGTTTATATCATGCGGAACTGCTTTTTGGTTGGAA
CATCTTTTGTGGAACTGGTTTTAAACTCTTTATTTTATAACTGTTGCTTTTAAGTTTGTTTTAGGAACTGCTCTTTCCTGTCCGCTTTGTGATGC
TAAGTTTTTCTAACTGCTTGTTTCTGTCAATTCAATTAGTAACCTTAACTACAATGCACTGAAAGAAAAGATGCACTTACGTGACAATCGCTGTG
CGAAATGGGCGTGTTTGGGGGCGGGGAGGCATTCTGCTGCAGAACGCCGACAGTTGCGGCCATGTTGCGTTCCAGAATTTCTCTTGAAGTGCGCA
AAATACCACGGCTCACGATGGAGAATGCCATTTTGTTTTTCGCTCAAGTTTTAACCTCGGTTTTCTTAAATTTTTCCTCAATTTTCGCTACGTTT
TCCTTACAGTTTGAACTGCACTCGAGAAAATGTGCAACGTTGCTTTTTTTTAGGGATTTTGTTGTTGAACTCTTGTTATTATTTCGATTGCAACG
CGCATTTAACAACCGGTTTTTTCGAAGATGCACCACAAAAAAATGTTTGCCTTTATTTTTCTGCTTTGTTTTGTTACACTTTGTTTTTGAGTCCG
CTAATTTCTATTTTGATTTCTCTGTGGTTTCAGTTTTTTTTTTTTGGATATCTTTGCTTGGGAGTAAACACAACCGTTCGCTTAAGCGTTCGA
ATTCGTTTTGAAAACCATCGCTGCGCAAAGAAAAGAAGTCGACGTCGACGCCTGTAAAAGCAGAGCGGTCTTTCTGAGTGTGTGTGAGCGGGAGT
GCGCGTGTGTGTGTGTGGTTTTGTGTGATGAAGAGGGAGAGGACAGCATAAGAAGGGAGCAGGGAGAACAGCTGCTACTTGGAATGGTTACCACA
AGCAGGCAGTACACACTATTGAAGCCAAAATATTAGTAGTTACATTTTCAAATGTTCACGAAATCAAACTTTGAGCTGCATTAATATACACATGC
ATATGTGTCGCAAGAATATTTTTGAATATGAGCGTTCCCAAATGTTAAAACCAGCTTTAAGAGATGCGGAGGAATTAGTATTTAAGTTTTTTAGT
TCATATTTTTGCGCCCTTGGCTGTATATATGTAAGTACAAACACAAAGGCAAGACCATGTAAGCCGGTTGAAGAAGAAAATGGAGAGGAAGCAGG
AGCACAAGAAGAAGCAAAAACAAACACAAAACCCAGTGATTGTCAAACCTCGCTTAAATGGAGAACTGTATTCGTTTTCAAAATAAAGCCCAAAG
AAAATGCATTACATAAACATGGGATTACACACACATATACATACACGGACTACAGTTTTCCAATTGATAACGTAAACGAAGGAATCCAAAAACAA
AAGCCAAAACTCAAAATGAAAATATCATAAAATGTGCGTATTTAGGTCGCTGCGTGTGACAAACTGTCGGTCCAATACAATATGCCCCAAGACAC
CCTTCCCCCCTCGCTACGCACTTCCCCGAAAAGTGCCCTCTACGCACACACATACAAATGAAGTAACACAAATACCTACGCACTAATAGTTTCTG
TTTTTCCGTTGCTGTTCTACTTCATTGCTCCACAGCAAAACGCATGCTTACACCCACACGTGTGCGGTAAATATTATAGGATCATTACAACACTT
TAAAACTAATAACATTAAAAGATCGTTTTCAGTTACATACCAATTAA

(SEQ ID NO: 85)

Exon: 6267..5781
Exon: 3333..3121
Exon: 2442..2134
Exon: 2063..924
Start ATG: 5921 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT3375
AACGCTTAAGCGAACGGTTGTGTTTACTCCCAAGCAAAGATATCCAAAAAAAAAAAAAAACTGAAACCACAGAGAAATCAAAATAGAAATTAGCGG
ACTCAAAAACAAAGTGTAACAAAACAAAGCAGAAAAATAAAGGCAAACATTTTTTTGTGGTGCATCTTCGAAAAAACCGGTTGTTAAATGCGCGT
TGCAATCGAAATAATAACAAGAGTTCAACAACAAAATCCCTAAAAAAAAGCAACGTTGCACATTTTCTCGAGTGCAGTTCAAACTGTAAGGAAAA
CGTAGCGAAAATTGAGGAAAAATTTAAGAAAACCGAGGTTAAAACTTGAGCGAAAAACAAAATGGCATTCTCCATCGTGAGCCGTGGTATTTTGC
GCACTTCAAGAGAAATTCTGGAACGCAACATGGCCGCAACTGTCGGCGTTCTGCAGCAGAATGCCTCCCCGCCCCCAAACACGCCCATTTCGCAC
AGCGATTGTCACCGCCTGGCATCTGGCGGCATTATCTGTGGACATGGAGCACATTCACTGCTTTGGCATCAAATGCCAACTGCCGTGGTCCAGGC
TGTCCGTCAATATTCAAAGAAGGCCGGAGCGGCCAAATTGCGACGGGAGGTGGAAAGTGATAGCGATTCCGACTCGGATGATGAGTTCGAGCGTC
GTCGCCAGAAAATGGATTCCAAGCGCAGCGAACGGGGCGACTCAGCATTCTGGCGCCGCAAAATGCGTACTCTCCACCGCATTTTGGACGTTAAT
CACGACGGCGTCGTGTCCTTCGACGACTTTAGTTTGCTGGCCAAACGCTTTAGCGATCTGGGCCATTTGACCCCAGAGGTCGCTGCCGAATTCAA
CGATGTGATCAAGCATACTTGGGAAGAGCAGTTCGGGGAGATAACCCCATACAATCTGGTAACTGCCGAGCAGTTCCTCACCGATCTGCACCATC
GTCTCAACGACAAGAAGATGGCCAAACGCATCGGTCGCTTCCTGCCCTACTTGTTTAAGGCTGTGGACTTTGATCACACTGGCCATTTGGATCTC
GAACAATACAAGCTCTTCTTCCGTTGTCTGGGACTGACCGAAGACGATGCTGCCGTTTCATTCGCTGTGATAGACAAGAACGGCGATGGCCAATT
GTCGCTCAAGGAGTTTGTGCATTTGGGCCGTCAGTTCTTTTTAACCGAGGACGACTCGAAGATATCGAAAATGTTCTGGGGACCGCTGGTCGCTG
ATCATTGACGGGTTGCAGTCACTGCTGTAGATTACAATACAACCAAATCAACAATAACCCAACAAAAAAATCCTTACTACAATCAAGATTATCAG
AACCATCAACACAACAACGTCCGATGCCATAACATCGGCAACAATAACACCAATGAGCCAATGCTACATTATACATTGAATACGACAACGATGTT
GGCCAATAACAATTACAATAAGATAGTGGCCACTTCGTTGCCAACTCGCGTGCAGGCGGCAGGCGGCAGTTGGCTAAATCTACAGCATGTGGCGC
CTCATAAATCGGGACCGTTAATAAACATTAGCAACACCACCACGATCGTTATAAGGAACATGAGCATTTACGATTATTTTCGGCAACACTTGTCC
AGTTCGAAGCGCCAGCGCTCGACCTTTGAGCCCCATCCATCGCCCACTACGTATCCCGCCTCCAAGTTGCGCAAGCACAACTTTAGTAATTATCA
AAAGGAACGGGAACGGGAAAGGGAAGACCGACAGAAAGATAATAATAATAATAATCATCGAACCAAGGGCAAACCATCATTAGATGACTACGATA
TAAGATTTTTTGTCTACCTTAACTCGCTAATAATATTCACAATGTCGTGCAGTCGTCAATCGGCCGCCGAGGGCGATGACCTCAAGCATTTCATT
TGCGACCGGATCCGGAAATTCGATCGCCTACGACGAAAGGCAAGAAAACGCCGCAAGAGAAGGCCCAAAAAGCTGGTCGAGGATCAAATGCACCA
TTTATAAACTCTGAAAAGTGGAGCTACATACTATTCACGGTCACCCTATTTACCATATAATCGATTATTTTTTTTTTTGTCTAGTTAAGAGTTATG
TTTAACTGATATATTACACAATACAGCAAGCATGATATAACGGAATAAAAATGATTTTT
(SEQ ID NO: 86)

Start ATG: 347 (Reverse strand: CAT)

MAFSIVSRGILRTSREILERNMAATVGVLQQNASPPPNTPISHSDCHRLASGGIICGHGAHSLLWHQMPTAVVQAVRQYSKKAGAAKLRREVESD
SDSDSDDEFERRRQKMDSKRSERGDSAFWRRKMRTLHRILDVNHDGVVSFDDFSLLAKRFSDLGHLTPEVAAEFNDVIKHTWEEQFGEITPYNLV
TAEQFLTDLHHRLNDKKMAKRIGRFLPYLFKAVDFDHTGHLDLEQYKLFFRCLGLTEDDAAVSFAVIDKNGDGQLSLKEFVHLGRQFFLTEDDSK
ISKMFWGPLVADH*
(SEQ ID NO: 87)

Name: SARCOPLASMIC CALCIUM-BINDING PROTEIN
Classification: ligand_binding_or_carrier
Gene Symbol: CBP
FlyBase ID: FBgn0026144

Celera Sequence No. : 142000013384404
TCCGTCGGTTGTTGTGGTAACTTAACTATGTCCACCTTTCCGTTTTCCTGGCACACAAAACTACTAGTTTTTAGCGTTTCTTTTTTGGTTTATTG
TTTTTTGTGATATGATATCGATATCGATATCAGGAGGCGTTATTACGCTTTCCCTTCAACGCACAAACAAATACACCCCCACCAACAAAAGTCGA
TGGTTCGGATTATAGTATCGATAGACAAGCGCGATGCAAAGTGCCCACCTATTCGCGTCTCGAATGTGGGTGTTTCCACTGTACAAGCAATTTGT
ATACATGTGGAAAGCTCTTTGTCCAAATTGGTAAATGGCTAAATGTTTTTGAAAAAAAAGATAATTAACAACCATAAAACTACAAGAAAATTACAA
AATTTAACCCAAGTGCATATGTATACATGAATGACAAAACGGTAAAACCATGCAAATGAATAACCATCCACGTCGAATAATACCTAGTTCACCCT
GATAAGGCACTCCCAATTTGTCTTATTAAACAGCTAATTTTGTTAGGGCTTAAAAATACCCAACGTTATGTATGTCTAGTGTTGTCTAGTTTCGG
GGGGCGGAAAAGCCAATTGCACACAAATATACAAAGTATTGCCGAAACGTTGATTCTTTCAATAAATAAGGCACATTTTAATGAACTTATGCTTA
TGCCAACAAAAGCGGTCGCTTATTTTTATTACTTATTGATATAAATTCCAAAACAGCTGACATTTTTAACGGTTACTTTGCCTAGTGTTGGCCAA
GACATCAATCTTAATAATAAACTCTCAAGTTGTCAAAATTATACTTGTATTTCTACTAAAAAGTCATAAATATACCCAAAAACTACTTAGCCAAT
AGTAACCCTGCTTAATATGGATTTTATTCACTTATTAACACGCCAATTGTCTCACTTTTCAAACACAACGGCTGATTGCCAGCACTGTTTGCGCT
GCAGTCCAGTGCTGCGCAACGCGGCGGGGACAAAAAACAATGGCGAGGCGAAACTAAAAAATTGTGTTGCTGACATCTGGTCGCTTGCAAAACTA
TTTCTAGCAGATTTTGTGATATTTCGTTGTGATCGGTCGATAAATCCGCCAGTTTTTTTTTTAATGGAAAGTGCTAACACATTGTAGCGGTTGGG
AAGATAGCAGGAAAGGTGAGCGAAAGGCAGAAGATTGCGAAAAATTCAATTAAATTTCCGCGACCGTCTGTTTTCTGCATCGGTGTGTGTTTGTG
TTTGCTCGCAAGTGTGTGTGGGTGCTCTGTGTATGACGTAAAGCGATAAAGCAAACGCATTCCCCCCACTCCTTGCATATGTGTGTGTGTGCAAG
TGTTGTGTTTCTCTCTCATCAGTTTTGCATCTAATTAGGAGCGGAAAGCATTGATTGGCTGCCAAACGCCGCGGTTTGTTGTTTTTTTCGCTGCA
TTTCGGCCAAAAGGCTTGCCGCAGCTGCATATGTGTCGCTATGTGTGTGTCAGTGTTGCACAGTGCCGCCAGTGCCCACAAAATGGGCGCACAAC
AACAAAAGCAGCAACTCGGTTGGGATTTTCGCGATCCTACGCTGGCTCGGAGCTCCCCTTTTCCTATTTCCAATTCCCAGCCAGCGGGCTGCCGT
TTTTCCTTTTTGTTATCCGTTGCCAGACGCAACGAAAACGACAGTTGGCATTTGAATTCAGCACAAACACACATACTAACGCCGACCCGCAAGCA
GCACACACACACACACTGGGACACTCGAAAAAAAAAAAAACAGACGCTGTCGGCGACCTCGACAAGCAGTTGGGTTCGATTTAGTTGTCAATGCCT
TGAATTCGGTTCGGGGCTTAGTTTCCACAAGTTTATCGCTCGTCAAGAAACAACGAAATAAAATTATTTTCGACCTAAAAAATCTGACTAAATTG
TGTTTTTTGTTTATGTATTTATTTAGGCACATTTTGCACACCACAACGTAGTTACTACATCTACGACTAACGGAACTCCTCCTGCAAGCAGTGGA
AGTTGCTGTCCATCAAGCAGTACTCGGAGTTAACGCAGGATAAGCCGGGAGAAAGAGAAAGAGATCGGTGGAGAATAGAGATATACAGGTGGAGT

CAAAGAGGAAGGATCATGGACATGATTACGGTGGGGCAGAGCGTCAAGATCAAGCGGACGGATGGCCGCGTCCACATGGCCGTGGTGGCGGTGAT
CAACCAGTCGGGCAAGTGCATCACAGTCGAATGGTACGAGCGCGGCGAAACGAAGGGCAAGGAGGTAGAACTGGACGCCATACTCACGCTCAATC
CGGAGCTAATGCAAGATACTGTCGAACAGCACGCCGCCCCGGAGCCCAAGAAACAAGCCACCGCGCCGATGAACCTCTCGCGTAATCCCACACAA
TCGGCTATCGGTGGCAATCTCACCAGCCGTATGACCATGGCCGGAAACATGCTGAACAAGATCCAGGAAAGCCAGTCGATTCCCAATCCGATTGT
CAGCAGCAATAGCGTGAATACAAACAGCAACTCCAACACTACGGCCGGCGGAGGTGGTGGCACCACAACGTCGACGACCACTGGATTACAGCGTC
CACGGTACTCGCAAGCTGCTACCGGCCAGCAGCAGACAAGGATCGCCTCGGCGGTGCCTAATAACACATTGCCCAATCCCAGCGCGGCAGCCAGT
GCTGGTCCGGCGGCACAAGGAGTCGCCACTGCGGCCACAACCCAGGGAGCTGGCGGCGCTAGTACCCGGCGATCGCACGCATTGAAAGAGGTGGA
GCGACTGAAGGAGAATCGCGAGAAGCGACGCGCCCGACAGGCCGAGATGAAGGAGGAGAAGGTGGCGCTGATGAACCAGGATCCGGGCAATCCAA
ACTGGGAGACGGCGCAAATGATACGCGAATATCAGAGCACGCTGGAATTTGTGCCGCTGCTCGATGGCCAGGCCGTCGATGACCATCAGATCACA
GTGTGCGTGCGCAAGCGTCCCATTAGCCGCAAGGAGGTCAATCGCAAGGAGATCGATGTCATTTCGGTGCCGCGCAAGGACATGCTCATCGTGCA
CGAGCCGCGCAGCAAGGTCGACCTCACCAAGTTCCTGGAGAACCACAAGTTTCGCTTCGACTACGCCTTCAACGACACGTGCGACAATGCCATGG
TATACAAGTGAGTATCCAATCCAAATAACAAGCTCCAAAACAACTCCATATATGGTCTGTTTGAATTACTAGTAGTGATTCTAAACAAACGCTCG
ATATGGTGACCACACATTCCAATGTCTTGGGGAGGCTTCTTCAATTACTAATGCGTATCCTTGCTAGCAAACGGCTTTATTTCAATTGAACTGAA
CTATAGAAAATCTTATTTCGTTATAGATGACCCTCTATAGCTATCATTCAATCTTAAACCTAATTTGTTGATGCAGTGGAATCATATATAGTATA
AAGCAGCATATCCTTTAAAGAAATCATTGCCCCATTTATCAGATTTCCATCGAGTAACCAAATGTGCCAGTCACTTTTCGAGCTCGTTTCGTTGG
CGCATCTCTGTTAGAGCGACCCATTGAGTCATGCCGACAGAGACGGCAACAGAGCCACACACATCGTCATGAAAGCGGTTGCTCCCGAAATAGC
CAAGTTCGTTGAATGACTAACTTGGAAGCCCCAGACGCTTCACCTGCCCCCGCCCGGCCACTCCGTCCGCCGATCTGCACACGAGCTCTCTAAAC
CCAATTCTCCAGCGGAAGAGATTTCGAAAAAGTAACTGCCTTGTGGCCCGGCATTTGTCCATTAGCAATTGTTTGGCTTCAATTGAATTAAAGCT
GCTACGGCTGCTGCTGCCCCTTTCCTTTCTCCGCCAACTTCTTGCTTAGCTTCTCTTTCCGGTTTTCGCACTCGTATGTATTGTGTGGCTGTCGG
GAATTGGTAATGCCATTAGTTGCGTCACGGCAATCGCTTAAGTATAGCCCAAAAAGTATACCCCATGAGTAATATAGCCCGGCATTAATGCACAA
AATCTCGCCGATGATAACGTAGTCTCGTGTTGACAAATCCAAATGGGTGAATCAACTGCTGACATCGTGCGTTATCAATACTCAGTATTGGCAGA
AAACAATGCAACTTACACATTTATTGATTACATTTCAATATGCGTTCCTTAATTAGTCGTATGTATAATTCTTATCGATAATCATTTTTACTAAG
CAACTGCTAACTTTGAATGCAAATCGATGTATTTATCTATGATTAATGCTAAAGTCTGAAACACAACAGTCCATATAGTATTGAATGCTTGCATA
TAGCACATATCTGCATTGAATAACCATGCTAATCTATAATCTTGCACTTCATCCGCGCAGATACACAGCCAAGCCGTTGGTGAAAACCATTTTCG
AGGGCGGAATGGCGACGTGCTTCGCCTACGGCCAGACGGGATCGGGCAAAACGCACACCATGGGCGGTGAGTTTAATGGAAAGGTGCAGGACTGC
AAGAACGGCATCTACGCCATGGCGGCCAAGGATGTCTTTGTGACCCTGAATATGCCGCGTTACCGCGCCATGAATCTAGTCGTCTCGGCCAGTTT
CTTTGAGATTTACAGTGGCAAGGTGAGTGAGACAACATACAACTTGGCATGATTATCATACTTAGCTGTATTAATCGATCGTTGTGTTGTTGCCA
TAGGTCTTCGATCTTCTGTCCGACAAGCAGAAACTGCGCGTCCTGGAGGATGGTAAACAGCAAGTGCAGGTGGTGGGACTCACCGAGAAGGTGGT
CGATGGCGTCGAGGAGGTACTGAAGCTCATCCAGCACGGCAATGCTGCCCGAACATCCGGCCAGACGTCGGCCAACTCCAATTCGTCGCGTTCGC
ACGCCGTTTTCCAGATTGTGCTGCGGCCGCAGGGCTCGACGAAGATCCATGGCAAGTTCTCGTTCATCGATCTGGCGGGCAATGAGCGGGGCGTG
GACACTTCCTCGGCCGATCGGCAGACGCGTATGGAGGGTGCCGAGATTAACAAATCGCTGCTGGCCCTCAAGGAGTGCATTCGTGCGTTGGGCAA
ACAGTCGGCCCACTTGCCCTTCCGTGTCTCCAAACTCACCCAGGTGCTGCGCGACTCGTTCATTGGCGAGAAGAGCAAGACGTGCATGATAGCCA
TGATCTCGCCGGGACTTAGCTCCTGCGAGCACACGCTCAACACGCTGCGCTATGCGGATCGTGTCAAGGAGCTGGTGGTCAAGGATATCGTCGAA
GTTTGCCCTGGCGGCGACACCGAGCCCATCGAGATCACGGACGACGAGGAGGAGGAGGAGCTCAACATGGTGCATCCGCACTCGCATCAGCTGCA
TCCCAATTCGCATGCACCGGCCAGCCAGTCGAATAATCAGCGTGCTCCGGCCTCTCATCACTCGGGGGCGGTCATTCACAACAATAATAATAACA
ACAACAAGAACGGAAACGCCGGCAACATGGACCTGGCCATGCTGAGTTCGCTGAGCGTAAGTATTTGCATATTTCTCACCTAGAAGTTACACACA
AGGCCATAATATAATATATATTCTATAATATATGTTATATAGCTTAGTAGGCTTAGTTTAGGGCATTTGGCATTGTCACTCACTTCCGTCAGTCA
GCATCTAGTCCCAGCTCAGTTTGCAACTCCCTTTAGTTCGGGTTACAAGTTATATGTTATAAATACATGTCGATACCATCACCATCCAACACAAT
GCTCCAGCTAGGCAAAGACAAGGCAAAGGCGAGAGCACGCGATAGCCACACGCCAAATGTGGCTGTTTACACCAATGTACAGACCCTGCGATCCG
TGTACAGCATGGTCAGCCAGGCGGCAGGCAGGAAAGCTGCTGCTGCTGCCACCTCGATTCCCATGGCGCAAGTCAAAGATCACGAGGAACCG
TCACGCGTTTGGAACTGCAACAAGCCCAAGAAAAAGGAATATAAAACATATAACGTCTACTCCAAACAAGCGGACAAGTTAAGCGGCGAAGAGGG
ATCCAAGATGGGCATTCGACAGTGGGTCCATCCCCCGTATCCCGTTCATCGTGAGCGCAAGAAGCGCGACGGCCCGGGCAACTACGAATCCTTCT
ATGTGCCCTACGAACAAGACGATGGGATAATAGTGAAAGACAATCCCTGGACCGAGACAAAGGAGCTGGCAGTGAATCTACGTAGCCGATCATTT
AAGCGCTTGCCGACGGCGGGCGAACGGTATGCGCTAAATATCACCAAAATGGCCAGTCTGATTGAGAAGGTCAAGTCGCATCCGAATCACGACGG
TGTGTCGAAGGCTGCGAGGCAGATGTGTCCGTTGTTGCCGCCGCCGCCGCAGTTCGCCGAGGATCCCATTGATTCCGGGCGGCGCTTCGCCCTGC
TTCGCTCACGAACGGAGTTGTGCTTCTCGATTTTGGATTGCGATGACTTGCTGTACAAGTACGCGTGTCATCTGCCCTTTGTGCGCGATCCATTG
CAGCCAGATGCCGTGCGGCCAAAGATGAAACGATTGTCGTGCTCAATTGGGGGGAATTCGTGCACCATACTCAACTAGCCATCAATGATCTTATA
TATTTTATAACTTGTTCTCGTTGAATTCCAGTAAAATTCACGTGTTCCCCTTTGGGTCATACTCGTATGGAAATAAGTATAGGGCTTTTTCCCCA
TAGACAGATCCCTAATGAAACATACAACCTATAATGTTCATTTATACACACTGCACATTGCCATTTTGCAGGAACACGAGATGTCCGACGAGCTG
ATTGTGCAGCACCAGGCCATCGACGACCTGCAGCAGACGGAGGAGATGGTGGTGGAGTATCATCGCACCGTTAATGCCACACTGGAGACCTTCCT
CGCCGAGTCGAAGGCGCTGTACAATCTGACCAACTATGTGGACTACGACCAGGACTCGTACTGCAAACGGGGCGAGTCGATGTTCTCGCAGCTGC
TGGACATCGCCATCCAGTGCCGCGACATGATGGCCGAATATCGCGCCAAGTTGGCCAAGGAGGAGATGCTGTCGTGCAGCTTCAATTCGCCGAAT
GGCAAGCGTTAGTTCATTCCCGCATTCGACCCGTTCATCCACAATCACCAACAATCATCCACCACACCCAACCAGGCGTACACTTTACATTACAA
ATTCCCTCTGGCTTCCCAATGGACGTGTCTGTCGTGCAGTCCCCTAAAACAATCTCTCTATCACCTTTGCCCCAAACCGTCGAGTTTATGTCGCT
GCGAGTTTATGGTTTATTAAGTTTTTAACTGATAAATAATAGTCGAGAGCCTATATTTTACAAACGAACTAAGCACGGGAACAGACCAGATACCA
CAGCATTAATACCATTATGAGAGCAACGCAAACCAATAAAAAGGAACTCAACTGAAAACTGAAGACAGGCTAGGCTGGCTGGCCACGACTTTGTT
TGGATTCGCCGTGAACTATGATTATATGAATATAATTGTAATTTCAGCGCAGTCGATACTCTAATTGTGTAAAAGAAAAAGACATTTACTATACA
ATATATATATATTTACTACTTACAAACATACGTTCTACTCTAAACAATGATATGAGATTCCATTTAATTTTTAACAAATAACCTTATGCGATTCG
ATTCGATGCGATTTGTTTCCCTCATTTTTGTTCATTTTGTAGAATTACTCGACCAGAGTTGTTTGTTCATGCCACGGCACAAATCTACTAGTTTT
TAAATTACGAACTAATCGCGCATTGTATTTATTTAAAGGCCACAAAACTGTATTTAATTTGTATTAATTTATTAAAGTACTACTGCACCAAATCC
GATTTACATACGTATTCCCATAGCCAGTAACTATTAATGATTTTCACACGCAAACCGAACTGCAATCTTAGACAGCAAGTGTTTTTTTTTGTGAA
ACTTTTTATGCCCCTTCTTTATAAATTTATATATCTACATATAAATTATTTACATTATATTTTTTTTTGTCATTTTAAGCGACTTCGGTGAAGAA
TTTAAAATGCAAACTGTTTTTGCTATACGATTATTATGATTTAGAGATGATTTGCATTTCATT
(SEQ ID NO: 88)

Exon: 1001..1155
Exon: 1599..3142
Exon: 4336..4582
Exon: 4659..5471
Exon: 6722..7043
Start ATG: 2112

Transcript No. : CT3411

AAACTAAAAAATTGTGTTGCTGACATCTGGTCGCTTGCAAAACTATTTCTAGCAGATTTTGTGATATTTCGTTGTGATCGGTCGATAAATCCGCC
AGTTTTTTTTTTAATGGAAAGTGCTAACACATTGTAGCGGTTGGGAAGATAGCAGGAAAGAGCCAGCGGGCTGCCGTTTTTCCTTTTTGTTATCC
GTTGCCAGACGCAACGAAAACGACAGTTGGCATTTGAATTCAGCACAAACACACATACTAACGCCGACCCGCAAGCAGCACACACACACACACTG
GGACACTCGAAAAAAAAAAAACAGACGCTGTCGGCGACCTCGACAAGCAGTTGGGTTCGATTTAGTTGTCAATGCCTTGAATTCGGTTCGGGGCT
TAGTTTCCACAAGTTTATCGCTCGTCAAGAAACAACGAAATAAAATTATTTTCGACCTAAAAAATCTGACTAAATTGTGTTTTTTGTTTATGTAT
TTATTTAGGCACATTTTGCACACCACAACGTAGTTACTACATCTACGACTAACGGAACTCCTCCTGCAAGCAGTGGAAGTTGCTGTCCATCAAGC
AGTACTCGGAGTTAACGCAGGATAAGCCGGGAGAAAGAGAAAGAGATCGGTGGAGAATAGAGATATACAGGTGGAGTCAAAGAGGAAGGATCATG
GACATGATTACGGTGGGGCAGAGCGTCAAGATCAAGCGGACGGATGGCCGCGTCCACATGGCCGTGGTGGCGGTGATCAACCAGTCGGGCAAGTG
CATCACAGTCGAATGGTACGAGCGCGGCGAAACGAAGGGCAAGGAGGTAGAACTGGACGCCATACTCACGCTCAATCCGGAGCTAATGCAAGATA
CTGTCGAACAGCACGCCGCCCCGGAGCCCAAGAAACAAGCCACCGCGCCGATGAACCTCTCGCGTAATCCCACACAATCGGCTATCGGTGGCAAT
CTCACCAGCCGTATGACCATGGCCGGAAACATGCTGAACAAGATCCAGGAAAGCCAGTCGATTCCCAATCCGATTGTCAGCAGCAATAGCGTGAA
TACAAACAGCAACTCCAACACTACGGCCGGCGGAGGTGGTGGCACCACAACGTCGACGACCACTGGATTACAGCGTCCACGGTACTCGCAAGCTG
CTACCGGCCAGCAGCAGACAAGGATCGCCTCGGCGGTGCCTAATAACACATTGCCCAATCCCAGCGCGGCAGCCAGTGCTGGTCCGGCGGCACAA
GGAGTCGCCACTGCGGCCACAACCCAGGGAGCTGGCGGCGCTAGTACCCGGCGATCGCACGCATTGAAAGAGGTGGAGCGACTGAAGGAGAATCG
CGAGAAGCGACGCGCCCGACAGGCCGAGATGAAGGAGGAGAAGGTGGCGCTGATGAACCAGGATCCGGGCAATCCAAACTGGGAGACGGCGCAAA
TGATACGCGAATATCAGAGCACGCTGGAATTTGTGCCGCTGCTCGATGGCCAGGCCGTCGATGACCATCAGATCACAGTGTGCGTGCGCAAGCGT
CCCATTAGCCGCAAGGAGGTCAATCGCAAGGAGATCGATGTCATTTCGGTGCCGCGCAAGGACATGCTCATCGTGCACGAGCCGCGCAGCAAGGT
CGACCTCACCAAGTTCCTGGAGAACCACAAGTTTCGCTTCGACTACGCCTTCAACGACACGTGCGACAATGCCATGGTATACAAATACACAGCCA
AGCCGTTGGTGAAAACCATTTTCGAGGGCGGAATGGCGACGTGCTTCGCCTACGGCCAGACGGGATCGGGCAAAACGCACACCATGGGCGGTGAG
TTTAATGGAAAGGTGCAGGACTGCAAGAACGGCATCTACGCCATGGCGGCCAAGGATGTCTTTGTGACCCTGAATATGCCGCGTTACCGCGCCAT
GAATCTAGTCGTCTCGGCCAGTTTCTTTGAGATTTACAGTGGCAAGGTCTTCGATCTTCTGTCCGACAAGCAGAAACTGCGCGTCCTGGAGGATG
GTAAACAGCAAGTGCAGGTGGTGGGACTCACCGAGAAGGTGGTCGATGGCGTCGAGGAGGTACTGAAGCTCATCCAGCACGGCAATGCTGCCCGA
ACATCCGGCCAGACGTCGGCCAACTCCAATTCGTCGCGTTCGCACGCCGTTTTCCAGATTGTGCTGCGGCCGCAGGGCTCGACGAAGATCCATGG
CAAGTTCTCGTTCATCGATCTGGCGGGCAATGAGCGGGGCGTGGACACTTCCTCGGCCGATCGGCAGACGCGTATGGAGGGTGCCGAGATTAACA
AATCGCTGCTGGCCCTCAAGGAGTGCATTCGTGCGTTGGGCAAACAGTCGGCCCACTTGCCCTTCCGTGTCTCCAAACTCACCCAGGTGCTGCGC
GACTCGTTCATTGGCGAGAAGAGCAAGACGTGCATGATAGCCATGATCTCGCCGGGACTTAGCTCCTGCGAGCACACGCTCAACACGCTGCGCTA
TGCGGATCGTGTCAAGGAGCTGGTGGTCAAGGATATCGTCGAAGTTTGCCCTGGCGGCGACACCGAGCCCATCGAGATCACGGACGACGAGGAGG
AGGAGGAGCTCAACATGGTGCATCCGCACTCGCATCAGCTGCATCCCAATTCGCATGCACCGGCCAGCCAGTCGAATAATCAGCGTGCTCCGGCC
TCTCATCACTCGGGGGCGGTCATTCACAACAATAATAATAACAACAACAAGAACGGAAACGCCGGCAACATGGACCTGGCCATGCTGAGTTCGCT
GAGCGAACACGAGATGTCCGACGAGCTGATTGTGCAGCACCAGGCCATCGACGACCTGCAGCAGACGGAGGAGATGGTGGTGGAGTATCATCGCA
CCGTTAATGCCACACTGGAGACCTTCCTCGCCGAGTCGAAGGCGCTGTACAATCTGACCAACTATGTGGACTACGACCAGGACTCGTACTGCAAA
CGGGGCGAGTCGATGTTCTCGCAGCTGCTGGACATCGCCATCCAGTGCCGCGACATGATGGCCGAATATCGCGCCAAGTTGGCCAAGGAGGAGAT
GCTGTCGTGCAGCTTCAATTCGCCGAATGGCAAGCGTTAGT

(SEQ ID NO: 89)

Start ATG: 669

MITVGQSVKIKRTDGRVHMAVVAVINQSGKCITVEWYERGETKGKEVELDAILTLNPELMQDTVEQHAAPEPKKQATAPMNLSRNPTQSAIGGNL
TSRMTMAGNMLNKIQESQSIPNPIVSSNSVNTNSNSNTTAGGGGTTTSTTTGLQRPRYSQAATGQQQTRIASAVPNNTLPNPSAAASAGPAAQG
VATAATTQGAGGASTRRSHALKEVERLKENREKRRARQAEMKEEKVALMNQDPGNPNWETAQMIREYQSTLEFVPLLDGQAVDDHQITVCVRKRP
ISRKEVNRKEIDVISVPRKDMLIVHEPRSKVDLTKFLENHKFRFDYAFNDTCDNAMVYKYTAKPLVKTIFEGGMATCFAYGQTGSGKTHTMGGEF
NGKVQDCKNGIYAMAAKDVFVTLNMPRYRAMNLVVSASFFEIYSGKVFDLLSDKQKLRVLEDGKQQVQVVGLTEKVVDGVEEVLKLIQHGNAART
SGQTSANSNSSRSHAVFQIVLRPQGSTKIHGKFSFIDLAGNERGVDTSSADRQTRMEGAEINKSLLALKECIRALGKQSAHLPFRVSKLTQVLRD
SFIGEKSKTCMIAMISPGLSSCEHTLNTLRYADRVKELVVKDIVEVCPGGDTEPIEITDDEEEEELNMVHPHSHQLHPNSHAPASQSNNQRAPAS
HHSGAVIHNNNNNNNKNGNAGNMDLAMLSSLSEHEMSDELIVQHQAIDDLQQTEEMVVEYHRTVNATLETFLAESKALYNLTNYVDYDQDSYCKR
GESMFSQLLDIAIQCRDMMAEYRAKLAKEEMLSCSFNSPNGKR*

(SEQ ID NO: 90)

Name: KINESIN-LIKE PROTEIN
Classification: motor_protein

Celera Sequence No. : 142000013384562

AAATAAGTTGAATTTTTGACTTTAAAGCTTAAAATTAAGGGTTTTTTGCTTAATTAAACTCAATTTTTTTATAAAATATAATTAAACAATATTTA
TTTTACTTATAAATCAAAAAACAAATTAAAAATATTAAATATACAAGAAAATAAACAACAAATTCCAAGTTTACACACTTTTGAGACTGTCAAGA
AACTCTTTACACATTTTGTTTTCCTACTTTGTTTTGTTCTTTTTCTTAGAACGAACTAGATTTTTCCGTTATTTTTGGCTTTGCATTGCTTTTTA
CAACGCTTTTATTGAAATTTGTTGACTTTGCCTGTGAAATTTTGCTGATCAAATTATTAAATTTAATAAAATGCCTGGAAAGAGATTAACTTTTG
AAGTTACCCAATTAATAAACTATAACCACCATGTATATATTTATCATTAACTAGGGCCTGCAGCAAGTCAAGAACTTCTATCTCAGGTCCGAGAA
GCTGCCCACGCCCATTCCCACTGGAGAATATCTGCTGATGATTGACTGGGTGTTCAACAAGAAACCGCAGGCTGCCACAAATGTTTACTTCACAT
TTGTGGAGGACCTAAAAGATAGTTAACGAATCAATCGTTCAGACCAAAATGTTTAAACTGAACTGTAATTACAAAATAAACAATATAAGTCTATA
TTGTTTTAGCCGATGAAAATTATATGGAATTTTGGCTTTGCCATCAACGAGAAATTGTTTCTATCCGTGATCTGTGGAATACAAATGCGACTATT
AAGTCTTTGTTCCTGAGACCATCAAGAGCACTTCCAGCAGCCAGCGCAATATCGTAATCGTAATTTAAAACAAACAATACAAAAATAATTACCAA
TTAAGCCCATTTTAAATTCACATTCCGTATTGCAAAGCACAAAATAGCCTTGTGTCCAGTGGTATCCAGAAAACCGGCCCATTTAATAAGCTTTT
AAAAACGTTGAGGGATGTGCAATAGTTAGTTTATTCGTCTCTTTGGGATTTTAGCACTGTTCGTTACACTCATCGCCCGCGTCTGCCTTTGTCCA
TACGGAGATTTTGTTGATATTTTTGCGAATCCTGACAAAAGCCCCACAAATCTGATCGCAGTGATCGCAGGCCTCGCCAATCATGCAAAGAAGCA
CGTCCAGCCAAGTTTTGTCCAGTTCGGCTGTGGACCTTTTATCCACTTTATATGTCCAACGACCTCCGCCCTTGTTCGGCGGATCCTCCCACATG
GGGCGAATGCCCTTCTTGAAGAGCATGTAATCACAGCCGCGGTTGAGCTTGGATGGCGTATCGATGCGGAAATACAGGTTCCAGAAGTCCTCGAC
GGTATTGAAGCTGTCAATCTCCTTCAGCATGTCCTCCCATGATATTTCAGGGTCGTACTTTACGCCCCACAGGGTCCATGTGTTCTGCAGCCGGT
GCTTGTTTGTGGCACCCAACGATGCCAGTTTGTTATTATCCAGAGAAGTCCCCATTTTAAATTCCGATGACTCTTTGGTTTGCCTTAAGTTTTCC

ATTTCGCAGATACTCTATGCTGAAGCCCCCTTTTAAAATGCATTCGTAGAATTCGTAGAATTGTTTTTAATGGACTTACAATATTTACCGACGAA
TGTGGTCAAGCTTAGAGCATTTGATCATTTAATTATTGACGTTAAAGCAATGCACTGTCAATTAGGAAACAATCGTGATTACTAATGGCTGCATT
TATATGTAAAATACATTTGACAGGCAATCGAAACATATCGATATATCGCGTGATGCTATCGTGAGAGGTTGGCCCAGCGCTAGTATTGATTGTTA
AACAAAAAGGAATTTTGCACTAACTTGTGGGCCGCAGTTACTGCAAATTCGCGCCAGGATGGACATGATAAACAAGTTCTACTCATCCGCCGTAC
AGACGGTGTCCACACTGTCCGGCGTTCTGCCCGGGAACAATGTGACGCGGGAGTACGAGGTGCTGGAACAGGTGTGCACTGCCGGAGTGGGTGAG
TTTACCTGCATTGCTAGTTGAACATATTGTGGCTTGCTGATACCGAGTAATCCCACTGCCAGGTCTGATGTGGAAGGTGTACAATGGCCACAAGA
AGAGCACCAAACAGGAAGTGTCCGTCTTCGTGTTCGAGAAAAAGTCGTTGGAGCGCTGGTCGAAGGATGACCGGGAGACCATGCTGGAAACACTG
CGTCGCGGGGTTCAACAGCTAACAAAAATTCGACATCCTCACGTGCTAACCGTACAGCATCCACTGGAGGAGAGTCGGGACTCGCTTGCCTTCGC
CACGGAGCCGGTTTTTGCCTCCCTAGCCAACGTGGTCGGCGACAACGTCCGCTCCGAAAAGAAGCTCTATGATGTAGAGATTCGACACGGTCTGC
TGCAGCTCTTCGATGGCCTGCAGTTCCTTCACCAAGACGCCAAGATTGTGCACCGCAACATTAGCGCCGAGACAATCGTGATCAACAAGAACCGC
AGCTGGAAGCTGTTCGGATTTGATTTCTGCATTGCCAACCAACCGGCCACCG
(SEQ ID NO: 91)

Exon: 1522..1001
Start ATG: 1522 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT3489
ATGGAAAACTTAAGGCAAACCAAAGAGTCATCGGAATTTAAAATGGGGACTTCTCTGGATAATAACAAACTGGCATCGTTGGGTGCCACAAACAA
GCACCGGCTGCAGAACACATGGACCCTGTGGGGCGTAAAGTACGACCCTGAAATATCATGGGAGGACATGCTGAAGGAGATTGACAGCTTCAATA
CCGTCGAGGACTTCTGGAACCTGTATTTCCGCATCGATACGCCATCCAAGCTCAACCGCGGCTGTGATTACATGCTCTTCAAGAAGGGCATTCGC
CCCATGTGGGAGGATCCGCCGAACAAGGGCGGAGGTCGTTGGACATATAAAGTGGATAAAAGGTCCACAGCCGAACTGGACAAAACTTGGCTGGA
CGTGCTTCTTTGCATGATTGGCGAGGCCTGCGATCACTGCGATCAGATTTGTGGGGCTTTTGTCAGGATTCGCAAAAATATCAACAAAATCTCCG
TATGGACAAAGGCAGACGCGGGCGATGAGTGTAACGAACAGTGCTAA
(SEQ ID NO: 92)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MENLRQTKESSEFKMGTSLDNNKLASLGATNKHRLQNTWTLWGVKYDPEISWEDMLKEIDSFNTVEDFWNLYFRIDTPSKLNRGCDYMLFKKGIR
PMWEDPPNKGGGRWTYKVDKRSTAELDKTWLDVLLCMIGEACDHCDQICGAFVRIRKNINKISVWTKADAGDECNEQC*
(SEQ ID NO: 93)

Name: eIF4E-related
Classification: translation_factor

Celera Sequence No. : 142000013384566
AGGCCTTTCTACGTTGTGTTTTAGCGAACTCGAAAGCGAACTGTCGCTCCGAACGGCGCACAAAACACTTTTAAGCGCGCGCGCTCTCGGTTTTT
CTTCGTGTGTGTGTGAGTGATGGGAGAGTGTGCACTGTTATCTTTTCAACATGTCGCCCGTTCTTTGTTAACCGTTTAAATGGCTGATAATTGAA
TATTCCCGATAATTGCCGCACTCAATGTGATACACACGTCCTCAATATGGGTATACTTTGTATAAAGTCGGGTTTCCTAGTCAGATAATCCCCAC
TTACTAAGAAGTAAATTTATCAAATGCAATATGGCCGCTCTTTTGAGATGCGCATCAGCTGTTCTTTGTTTTTGTTTTGGCCGTGGGAGAGCACC
ACGTCATGTGTTGCCAGGCGGTTTAATTATTGCTGACAATTTAATTCACATTTTGTCAAGTTGATTTGCACGTTCGAAGGGGGGATCAGTCACCC
ACTTTGATAACTGCTAATATGGCGACGGCTCTTTTTTACGTGTCGCTTGCAGAGCTCCAAGAATGACACTTGATAAGAAGGATACATGGTGGGAA
AACTTACAAATTACATAATTTGTTTGTTGATTGGGGAAACCCTACATTATCTCCGAACCCAGCAATAATATGTATTGTAAATAGCAACAGTCTCA
AGCTCGATGCTGCTGTGAATTACCAATATATCAAAACTTAAAACATTATCTTAGGAGGTAGATGGTTTATCTGCAGTTTATTTTCAATTCTCATC
GTTAGCTGATAAAACTCTCAGGAAACCACTTGAAATCCAAAGTGCAGCGTCCATATTTTGCACACGCTGACAACCCTGTCGTGAGTCACCTTCCA
GCAGGCGCAGCAACAACAGCACTGGCAGCGGCCATATTTGAATGACACCGAAATCCCGCACTGAGCGCAAAACAACACATGCCCATGCACGCTCT
CCAAAACCACACACACACAGCCATATCGATCGCATAGAAAGAGACGTACGCGACGCTATAAACAGCAGTTGATTTTCAGAGTTTCACCAAGAAGC
ACATAAAGCGATTGAATTATTAATAAAAGCACAGGCACTGGAAGTGAGTTTTAATATTACTAACTAACTACTTTGTGAGTGTTTAGTTACGAAAA
CTAGAAAATAATATTCTGGAAACTGTGTTTTTAAACCGACCACCATATAAATTTAAAAACCAAAACATTCCATTGGTGGTGGTTTTGTTGTTAAA
AAAGAGCACAGAAAATTCAAGAAAACGCTACGACGCAAAACGAAAAAACTCGCCCAAAATGAAAACAAAAGTGTCTGTTTTCCAATTGTCAATTG
TTGTGAAACTAATTTCCTTTGTTTTCGCCTCTCGAATTTGATTTTAATTTACAGTAAACCGTCGACATGAAATTTTTCGTTGCACTCGCTCTCTT
TGCGTGCCTCGGCTCTCTTGCCTTGGCCAAGGATGATGAATATTGCCAGAACACTGTAATCACCGCATGCTCTACGTCAGCCTTTTCGGGTGAGT
AAAGAGAGCGCCTCTAAGAGAGAGTGGCTAATCTGTGTTGTTGCTTTTTGTATCTTTGTAAAACATAATAATAAAAACAAGCGCTCACGGGCTTT
TTCACAGGCAAGAGTAAGTGAAATATAGATTGGATGTATTTCTGCACTATCTCAGATTTCGTGAAAATGAACACTTTCCAATTCTTACTGCATTA
CGGCCCTTACATTATTATTTTAAAGATACAAATACAAATTCAAAATTCTATTGCCTTGTTTAGTATGGCACTACCTAGTTAGGAACCATTAAGAC
TATGTCATTACTATTGGATGTGCTTCTGCTCTCCTATTCTAAGAGTGTGATCTTTATTATTTGCTTTTTCCCCGTAGCCAACTCCATTTGTAATG
CCCGTTTTGCTGGCATTGACCATATTGAGCCCGAGATCCAGTCCTACATCAACGCCAACTTGGCCAAGTCGTACGACTACCTCCTGCTGGCCACC
CACTTCAACTCCTACCAGAAGAACCGCCCCGGCTTCCAGAAGCTGTACCAGGGACTCTCGGACCGCTCCTTCGAGGACAGCATTGCCCTGATCAA
GCAGGTGACCCGTCGCGGAGGAATCGTTGACTTCAACACCCGCCACGAGTCTTCCGGCTCCGTGAGCACCAAGCGCGGCACTCTTGAGGTCGACG
AACTGCACTCCCTGGCTCTGGCTCTGGACACCGAGAAGCAGCTGGCCACCGGAGCCACTCACGTGCACTCCCGTGCCACCCACGCCACCGACGCC
GAGAGGGATCCCGAGCTGGCCCACTACTTCGAGGAGAACTTCCTGGGCAAGCAGGCCGAGAGCGTGCGCAAGCTGTCCGGCTATGCCAACGACCT
CGCCAAGCTGATGAAGGTCCCCGACCCATCCCTGTCCGTCTACCTGTTCGACGAGTATCTGCAGAAGCAGTAAGGAGTGGAGACCACCTCCTTTT
CCTCCTTCTTTTTCTAACACGCTCCTACACTGTCTCCTCAAAATTGCTCTCATAATTCCCTTATAAATTTGTTTCCTTGGATTGTTCATCAATAA
ATCGCAGTGCAGCAGCAGCATTATCAAAGCAGCCACAAGTGAATAATTTACACCGCGAAATTCACCTTGATTTACCAGCACACCAGATTGTGATA
ATGTTATCATAAATAAGTTAGCAAGTTCGCCCCAGCAAATGTATCTTTAGTATGTACGTTACCGCTTGAACAAATAATAAACACATCAAAGAACC
TAATTATCAACTAGTAAAACAGCAGCATTTTTGCCTCTCTGATAAGGTTTGGGTTTGGGTCGAAATGTATCTGGTCCTCAATGAGGGGCGTCTGT
TTGCGTTTTTTCTCCGAGTGCTGCTGATTGCGGGCTGGCTGGCAGTGTACTTTGGATATCATATGGAACAATGAAATATACAAAGTCGAAATGGT
ATCGGAAACTACTCAGTTCTGCGATCACAACGGGTGTAATGTTCCATAATGTTGTGGTTTCTGATATTCTTAGAATGTGCCTTCAACTAAAAACC
ATATGTTTATGTACAAGCCATCAACGCTTGTCTAAAAATAAATAAATAAATGAGAATGTAAACCCATGTTGTAAATATCGTAGTATTGTATGCAA
ACTACGTTACCATTTTAAAATCATCTTTTTGACCATTCAGAGACTGGAATCACTTAGGATCTAGTGGGATCTATCTATCTCAATATCAATTTATT
ACTTTCTTTCAATTGACAACCTAAATCGATGGTGAAAAGTGAAACCTATCTCTCGCAGTGATCTGTGGGGCTTAAAGGAGCCCGACTATCTAATC

AGTGATACACTCCTCCGCCGCTGATACGAAGGGGCCACGTTTGTCATTCCATGCGAGATTCTCTCTGTCGCCTTATCACTGCCTGGTGCACACGG
CTTTGCCGCTCCGGAACCGGAGCAGATCCGCCGGGCGCCATCTTGGCCGTCTGCTGACTAAGTCGGAGACTCCACGATGACGTGGATGTCACATT
GTTGCGTAAGCCGATGCAATCTCGGATTTTAATTGTCCCCTGAATTTGCATCGCAGTTTCCCTATCTTCCTCTGCTCCCTCCTCACTCTCCTGAC
CTACAATAATTGTTGTGAATCCCTATTTGTGAATATGAGTTTTTTTTTTATAATCCACATGGAAGCTCTATTAATTCTAGGAAATTCCGTAAGAT
CCTATAACAGCTGCTCAATTAACGTGTGAAATAGGTAAAAATGTATCTTTAATCACTTTTGAAAGTGGT
(SEQ ID NO: 94)

Exon: 1001..1088
Exon: 1385..1514
Exon: 1883..2774
Start ATG: 1397

Transcript No. : CT3604
CGACGCTATAAACAGCAGTTGATTTTCAGAGTTTCACCAAGAAGCACATAAAGCGATTGAATTATTAATAAAAGCACAGGCACTGGAATAAACCG
TCGACATGAAATTTTTCGTTGCACTCGCTCTCTTTGCGTGCCTCGGCTCTCTTGCCTTGGCCAAGGATGATGAATATTGCCAGAACACTGTAATC
ACCGCATGCTCTACGTCAGCCTTTTCGGCCAACTCCATTTGTAATGCCCGTTTTGCTGGCATTGACCATATTGAGCCCGAGATCCAGTCCTACAT
CAACGCCAACTTGGCCAAGTCGTACGACTACCTCCTGCTGGCCACCCACTTCAACTCCTACCAGAAGAACCGCCCCGGCTTCCAGAAGCTGTACC
AGGGACTCTCGGACCGCTCCTTCGAGGACAGCATTGCCCTGATCAAGCAGGTGACCCGTCGCGGAGGAATCGTTGACTTCAACACCCGCCACGAG
TCTTCCGGCTCCGTGAGCACCAAGCGCGGCACTCTTGAGGTCGACGAACTGCACTCCCTGGCTCTGGCTCTGGACACCGAGAAGCAGCTGGCCAC
CGGAGCCACTCACGTGCACTCCCGTGCCACCCACGCCACCGACGCCGAGAGGGATCCCGAGCTGGCCCACTACTTCGAGGAGAACTTCCTGGGCA
AGCAGGCCGAGAGCGTGCGCAAGCTGTCCGGCTATGCCAACGACCTCGCCAAGCTGATGAAGGTCCCCGACCCATCCCTGTCCGTCTACCTGTTC
GACGAGTATCTGCAGAAGCAGTAAGGAGTGGAGACCACCTCCTTTTCCTCCTTCTTTTTCTAACACGCTCCTACACTGTCTCCTCAAAATTGCTC
TCATAATTCCCTTATAAATTTGTTTCCTTGGATTGTTCATCAATAAATCGCAGTGCAGCAGCAGCATTATCAAAGCAGCCACAAGTGAATAATTT
ACACCGCGAAATTCACCTTGATTTACCAGCACACCAGATTGTGATAATGTTATCATAAATAAGTTAGCAAGTTCGCCCCAGCAAATGTATCTTTA
GTATGTACGTTACCGCTTGAACAAATAATAAACACATCAAAGAACCTAATTATCAACTAGTAAAA
(SEQ ID NO: 95)

Start ATG: 101

MKFFVALALFACLGSLALAKDDEYCQNTVITACSTSAFSANSICNARFAGIDHIEPEIQSYINANLAKSYDYLLLATHFNSYQKNRPGFQKLYQG
LSDRSFEDSIALIKQVTRRGGIVDFNTRHESSGSVSTKRGTLEVDELHSLALALDTEKQLATGATHVHSRATHATDAERDPELAHYFEENFLGKQ
AESVRKLSGYANDLAKLMKVPDPSLSVYLFDEYLQKQ*
(SEQ ID NO: 96)

Name: Ferritin 2 light chain homologue, FER2LCH
Classification: ligand_binding_or_carrier

Celera Sequence No. : 142000013384859
CAACAATTGTAAATTTTTCGATCAAACGATTAAGATTTGTAAAAAAAGGTTGAGAAAATCGGATAAAAAGTTTGGAAACTATCGAGTTAAGTTTG
GTGTATGAAAAAAAAAAACTTATCACATTGCCACGTTTCTAAACGAAAACATAACAATTAAAAAAATAACATTTTTAATCGGTTTAGGGAAATAC
AAACCAAAAGGGGAAGATATTACCATTTAGAGGCGAAAGGTCAACAAGAAACACATGCTTTCTCTTTCTAAATGATTTCACATTTTATTTTGTAT
AGTTTCCTTTTATCATATTTTGTGCAGATATTTTCTTATAGCAGCAATTTTTGTATAATAAATATATTTTTGTCATTTAATTATTTTCTTTCTCC
GCGTTTTCTTTAATTTCTTTAGTTTACTGTCACTTAGCTTAACGAATAAGAATAGCGCAATTTATTGCTTCGCACAATTGAACATTGAAGAATTG
CCTATATATATATAAATGTATATATATTATGTCTCTCAAAGGTACTTGCATCTGAATAATTATAAAAACAAAAAAATAAAAGCGTAAAGAGGACG
AAGTTACGCACATTTCCCTCTGATCATAATCAACAATAATGGTGGGAGTAAAGTATAAGGTAAAATAATATAATATATAATGGAGATATATAAAA
GATCATAGAAATAGCCATATACATATAAATACATAAAAGCAATTCAATTGGATCATATCATCATCATCTTTTCATCTTTTCGGGCGAACAATCAT
CCTCTTTGGAATTCTTTTCGTTTAAGTAGGGAAAGTGGAAATGAAGCCGTCCATATATATGGTAATCTGTCCAGTTTTTGTCTACGCGTTTCTGT
TCAGTTCAAGCCTTGTTTGATATTGCTGCGTTTTAAGGCCTCTCCCACTGTGGAATCCATATTGCTGGCTCTGCCTTGATCTAAGTGTTTTCCTC
TGCCGTTCAGTTATAGTTAATTTTGAAATATACTCGTACTTGTGTTATTGTTAGTTATTGTTAATTGCACTGCTGGCGGCCACTAACTCCGGAAC
GGTGGACGAGGCGGCACTGCTCTGACTGACGGTGCGGGCATGATCCACATGGTTTTGGGTCGGCGCCGCAGACGGAGCCGCTCCCGAGGCTGCTG
GCATCGATCCCGAAGCTTCTCCCGACTGCACTGGCGTGCCCTCGCTCGCTCCGGATCCGTTTCCATTTCCGGGTACGGGCTCCACCGTGGGAAAG
ACGGGCGGCAAGGCAGGCGCGACCACGGGCGTCTGCACCATGGGTGTGGGAGGCGAACGATTCGCTGGCAACTGATGAGCAGTGGCTCCGGTCAT
CTGCATGTGGTACCTTTGGAGTGTAGATTGATGAACATTAAACAAGGACACAATATCAAACGATCTTTGGAACCCACTTGTAAATGTTCTCGGTG
CTTTCGACAACACCTTGGGTAAGATTGAGGCTCCGCCCCTTGATGCCCGACTCCTTGGCCGGTGGGGACCACCAGTTGAAGACGCGTCCCACCAC
AGGCACGTGGCGCAGGATGCCCTCCTGCCAGAGCTTCTCCTCCGATTCGCGCTGCAGATCAGCGGTAACCGCCTCAATGCCCTGAGCGTACAAAT
AAATTAACACATGTTACATTAATCCAGTACGAGGTGGTAGCCAACCTTTTTAACAATCTCCGACATGGTGTCCAATACCCGCGAGTTTTCCTGGA
CGCTCTTGCCCACCGTGACCACCAAGTCTAACAACTCTTCGACCTCCGTTTCATGGGTCACCATTCCGAATCGCACACAAATCAGACCATCGGTG
CCTTCGCCTAATGAAAAGGCATTGTCCGTGGATTTCAGGGCCTCCACCAGGTCGATGTTCAGCTTGTTTAGCTCTGTTTTGGCCTGGTCCGTCAG
CAGGGACTCCCAGCCCTCGGGCACGAAGCGAACACCGCCCATGCCCGCCCATTCGGGCAGTGGAACGAGGCGCAGCACGTCGCTGCACTCCACCA
GATGAATGAACCGTGCCTTGTGCTTGATGGTCGCGCGCAGGATGTCCACATGTGCCTCTAAGCTCTGAGCGAAGCTCTCCAGGTTCTCGGAGCTT
GGCGGCTGCTCACCCAACCCCAATTCCAGCGGACAGTAGCGAATGCAGCTGCCGTGCGTCGGGTGTTCAATTACCTCAAAGTCAAACTGGAAGAA
CATGGTGATTAGGCTCATACAAGGAGATGATTAATTCACACTGCATACATTGGGACAGTCGCGTTGCAAGATTTGACCCAGCCAGGAGTTGAGCC
GGTCGAAGTAGGAAGCATTGTTAATCTTCTCTAGCGGCTTGAGGCCTTCGGCCGTTTCCCGCTCAGCAGCGGCAGCGGCGGCGGAAGAGCCACTC
CCGCCCAGTGGAATGGTGGTGCTGCCGTCGAACTGATAGGCGACCACGGGGGCGGCGGCATCAAAAAGCGCCTGCACATCAAAGGGGCTCTGAAT
GACGTCCGACAAAGAGGCTCCGGTCTGCGCTCCTGGAGTATGGCTCTGAAAATGCCAAGGTCCTTTGGTAAACTAAAAACATTATCCATAAACGT
GTGTGCAATAATTTACCAACACCCGGATGCCCTCACACTTGGAGGCAATCTCGAAGAGAATACTGCACGTCTGGAAGGCCACATGCAGACGCTCC
GCAATCGCCTTCCGGCCCAGCGCCTGCAAACTGGTCCACAAGGACAGGGCATTAAGACGACGCGACAGTATGGGATCGGATTCGAAGGCACTCAG
AGCGCTGTTCTGCAGCGGACGGTGCAGCAGGACGATGGGCAGACTGGGCACACCCAGCCAGCTGCCCAAATTCAGGGCCATCGAGTGGAGTACCT
CCTCCACATGGCCCTGATTTTGGGCGCACACCAAGGCGGCCAGTCCGTGGCCACTGGCGTGCAGCCACATGTTGTGCGCCTTGCATACGTCCCTC
AGCCGGAGCAGGTTGTCCACATAGCCACACAACGAGGCTCCAATGTCGGCGACCACCAGCAGCGGAGTCCTGTTATTGCCCACATCCTGCTGAAT

TTGCTTTTGCAGCAGCGTCACATCCATTGTCCCGGACTGACTGTGCTCCGGAATGACCTTAATAGCCTCCAGCGGTATGCCCAACTGGCGGCATG
CGTAGTGCAGCCTCATCGGCGTCGTATTCTCCGAGATGTAAAACGTAGGCTGCGCCAGGGCGGGTATGCCACCCTCCAAGTACCCCGGACACCTG
GCGACGATGGCCAGTCGCACCGTACGCAGCACCGCGTCTGCATTGTCCGCATGGAAGCTGCTCGCCGGGTGGGCAAAGTGAAACAGCGTGCCCAA
CCAGCGGGTGGCGTCCCCGGAAATGCTGTTCGTCACCCGGAGCAGTTGCTGACGGTCCAGATGCGACAAATAGGCCACAATGCTGTGCGATATGA
GAGCCAAGTGGGAGACGTCATCCAGGGCGGGCAGCGGGAACTCCGGATCATCGTCGCTGTCCGTGTAAGAAACCAATTGCTCCAGCGACTTAAGA
ATGTCGGAGGGCACGCGATGCTTCGCTGGCAGGAGGTCCTCGCTGGTCACCCGCTCCCCAGCCTCTTCCTCGTTCTCGACGGGATTTGGGCTCTC
CGGCGTGGTCGACACCTTAACGTTCTCTAAGCGCTGCAGCACCTGCGAAGATCGCAGCTCCAGCTCCGCCAGGCCCGATCGAATCTATGTGGCGA
ATACATGGCTAATTAGGTGGGATAGTGGACAAGGTAAACAACAGCGCTCCAGAAGTTGACGTGTCTTCCGTCGTCGTCAGCAAAAAAAAAAAAGA
TAGAAGCAGGGCGAAAAAAACCAAACACTCACACTGGAAGCGGCGATTTCGGCCACCGCTGGCGTTGATTGGCCCGGATCCGGCTCTTGGTCTAC
GAGTGGGCTCTGGCCGGGATCGTCCACCGATCTACCAGCCGCTGACATGGTTTCAGTGCGGTCTAAATCACTTTTAACTTATCGCCTGCGATGCA
AAATAATTGTTTTCGTTTCGTGCCACTGCGTCTGTGTGGGTGGGTGTGTGTGCGTGTGTGTGTGGGGCGGGCGAGTGTGTGTGTGTTGATGGA
AGAGAGGCTGATGTGGAATGGTGTGACCGTAGTGGGTGCGTCTGACTAAGATCGCAAATAGTGTGCGATTGTTGGCCCATGGTTCTGGTGATGGA
ATAGGTCGCAAGGAAGTTGGAAAACTATTATAATATCCGCCACTAAAAGACGTTGGACAGCAGCACACAAACGTACATACATAGCACCTACTCGT
AACCTTAAACGACGAGTTTTCACAGTGGTTTGTGTCACGGTTTGTGTCTCAGCGATTTTGAAGACAGCACCGCACGGTCATACTACACAGCCATC
GATAGTTGCGGAAAACTCATCGATGCTGCGAAAGTGCGATAGTATCGAATAAACATGAGTGTGTGCATGAGTGTGGGAATTTATTAAACAAAAAC
GAAACGCGGACAAACTATATTTATGTAATAAACACTAAGCCGCAGCGCCAACGAGTAATGAACAGTCCACGGCCAGGTCGTACTATTCAGGCGAA
CGCACCTCGCAATCGACTGCAATCAAAGTGCAATAGCTCAATCAATTGATTCGTTTTGCTCAACCAAAAACAAAATCTATTCCCAAATCGGTGCG
ATAGTTGCCAAAATATAAAAACTACACTACGCTAAAAAAAAAACAATACACTCACACACTGGCGTACAAGACAACAAAAGAGAAGAAGAAGAGCA
GACGCCAGATATAAAAAGCCCCCAAAAGAATTGGAAATAAGACCATACCCCTCCTTCTCCCTTGAAAAGGGACCTTAAAACTAGGCGACACCGAA
TAATTGAACTCAAGTAAAAAACCGGGAAAAGAGAAAAACACTTTCAACAAAATATCTAGAAGCCTTGTTATCGATTTTGTTCCGGGTTTTTTTTG
TGTGAGTGTGTGTTGTGTGAAGCGCGCCCGCGGGTGTGTGGGTGAGTGTGCGTGTGGCTCTCGGCGCG
(SEQ ID NO: 97)

Exon: 4008..3833
Exon: 3694..2582
Exon: 2515..2234
Exon: 2176..1661
Exon: 1601..1408
Exon: 1343..1001
Start ATG: 3943 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT3725
AAACGAAAACAATTATTTTGCATCGCAGGCGATAAGTTAAAAGTGATTTAGACCGCACTGAAACCATGTCAGCGGCTGGTAGATCGGTGGACGAT
CCCGGCCAGAGCCCACTCGTAGACCAAGAGCCGGATCCGGGCCAATCAACGCCAGCGGTGGCCGAAATCGCCGCTTCCAGTATTCGATCGGGCCT
GGCGGAGCTGGAGCTGCGATCTTCGCAGGTGCTGCAGCGCTTAGAGAACGTTAAGGTGTCGACCACGCCGGAGAGCCCAAATCCCGTCGAGAACG
AGGAAGAGGCTGGGGAGCGGGTGACCAGCGAGGACCTCCTGCCAGCGAAGCATCGCGTGCCCTCCGACATTCTTAAGTCGCTGGAGCAATTGGTT
TCTTACACGGACAGCGACGATGATCCGGAGTTCCCGCTGCCCGCCCTGGATGACGTCTCCCACTTGGCTCTCATATCGCACAGCATTGTGGCCTA
TTTGTCGCATCTGGACCGTCAGCAACTGCTCCGGGTGACGAACAGCATTTCCGGGGACGCCACCCGCTGGTTGGGCACGCTGTTTCACTTTGCCC
ACCCGGCGAGCAGCTTCCATGCGGACAATGCAGACGCGGTGCTGCGTACGGTGCGACTGGCCATCGTCGCCAGGTGTCCGGGGTACTTGGAGGGT
GGCATACCCGCCCTGGCGCAGCCTACGTTTTACATCTCGGAGAATACGACGCCGATGAGGCTGCACTACGCATGCCGCCAGTTGGGCATACCGCT
GGAGGCTATTAAGGTCATTCCGGAGCACAGTCAGTCCGGGACAATGGATGTGACGCTGCTGCAAAAGCAAATTCAGCAGGATGTGGGCAATAACA
GGACTCCGCTGCTGGTGGTCGCCGACATTGGAGCCTCGTTGTGTGGCTATGTGGACAACCTGCTCCGGCTGAGGGACGTATGCAAGGCGCACAAC
ATGTGGCTGCACGCCAGTGGCCACGGACTGGCCGCCTTGGTGTGCGCCCAAAATCAGGGCCATGTGGAGGAGGTACTCCACTCGATGGCCCTGAA
TTTGGGCAGCTGGCTGGGTGTGCCCAGTCTGCCCATCGTCCTGCTGCACCGTCCGCTGCAGAACAGCGCTCTGAGTGCCTTCGAATCCGATCCCA
TACTGTCGCGTCGTCTTAATGCCCTGTCCTTGTGGACCAGTTTGCAGGCGCTGGGCCGGAAGGCGATTGCGGAGCGTCTGCATGTGGCCTTCCAG
ACGTGCAGTATTCTCTTCGAGATTGCCTCCAAGTGTGAGGGCATCCGGGTGTTGAGCCATACTCCAGGAGCGCAGACCGGAGCCTCTTTGTCGGA
CGTCATTCAGAGCCCCTTTGATGTGCAGGCGCTTTTTGATGCCGCCGCCCCCGTGGTCGCCTATCAGTTCGACGGCAGCACCACCATTCCACTGG
GCGGGAGTGGCTCTTCCGCCGCCGCTGCCGCTGCTGAGCGGGAAACGGCCGAAGGCCTCAAGCCGCTAGAGAAGATTAACAATGCTTCCTACTTC
GACCGGCTCAACTCCTGGCTGGGTCAAATCTTGCAACGCGACTGTCCCAATTTTGACTTTGAGGTAATTGAACACCCGACGCACGGCAGCTGCAT
TCGCTACTGTCCGCTGGAATTGGGGTTGGGTGAGCAGCCGCCAAGCTCCGAGAACCTGGAGAGCTTCGCTCAGAGCTTAGAGGCACATGTGGACA
TCCTGCGCGCGACCATCAAGCACAAGGCACGGTTCATTCATCTGGTGGAGTGCAGCGACGTGCTGCGCCTCGTTCCACTGCCCGAATGGGCGGGC
ATGGGCGGTGTTCGCTTCGTGCCCGAGGGCTGGGAGTCCCTGCTGACGGACCAGGCCAAAACAGAGCTAAACAAGCTGAACATCGACCTGGTGGA
GGCCCTGAAATCCACGGACAATGCCTTTTCATTAGGCGAAGGCACCGATGGTCTGATTTGTGTGCGATTCGGAATGGTGACCCATGAAACGGAGG
TCGAAGAGTTGTTAGACTTGGTGGTCACGGTGGGCAAGAGCGTCCAGGAAAACTCGCGGGTATTGGACACCATGTCGGAGATTGTTAAAAAGGGC
ATTGAGGCGGTTACCGCTGATCTGCAGCGCGAATCGGAGGAGAAGCTCTGGCAGGAGGGCATCCTGCGCCACGTGCCTGTGGTGGGACGCGTCTT
CAACTGGTGGTCCCCACCGGCCAAGGAGTCGGGCATCAAGGGGCGGAGCCTCAATCTTACCCAAGGTGTTGTCGAAAGCACCGAGAACATTTACA
AGTACCACATGCAGATGACCGGAGCCACTGCTCATCAGTTGCCAGCGAATCGTTCGCCTCCCACACCCATGGTGCAGACGCCCGTGGTCGCGCCT
GCCTTGCCGCCCGTCTTTCCCACGGTGGAGCCCGTACCCGGAAATGGAAACGGATCCGGAGCGAGCGAGGGCACGCCAGTGCAGTCGGGAGAAGC
TTCGGGATCGATGCCAGCAGCCTCGGGAGCGGCTCCGTCTGCGGCGCCGACCCAAAACCATGTGGATCATGCCCGCACCGTCAGTCAGAGCAGTG
CCGCCTCGTCCACCGTTCCGGAGTTAGTGGCCGCCAGCAGTGCAATTAACAATAACTAA
(SEQ ID NO: 98)

Start ATG: 66 (Reverse strand: CAT)

MSAAGRSVDDPGQSPLVDQEPDPGQSTPAVAEIAASSIRSGLAELELRSSQVLQRLENVKVSTTPESPNPVENEEEAGERVTSEDLLPAKHRVPS
DILKSLEQLVSYTDSDDDPEFPLPALDDVSHLALISHSIVAYLSHLDRQQLLRVTNSISGDATRWLGTLFHFAHPASSFHADNADAVLRTVRLAI
VARCPGYLEGGIPALAQPTFYISENTTPMRLHYACRQLGIPLEAIKVIPEHSQSGTMDVTLLQKQIQQDVGNNRTPLLVVADIGASLCGYVDNLL
RLRDVCKAHNMWLHASGHGLAALVCAQNQGHVEEVLHSMALNLGSWLGVPSLPIVLLHRPLQNSALSAFESDPILSRRLNALSLWTSLQALGRKA
IAERLHVAFQTCSILFEIASKCEGIRVLSHTPGAQTGASLSDVIQSPFDVQALFDAAAPVVAYQFDGSTTIPLGGSGSSAAAAAAERETAEGLKP
LEKINNASYFDRLNSWLGQILQRDCPNFDFEVIEHPTHGSCIRYCPLELGLGEQPPSSENLESFAQSLEAHVDILRATIKHKARFIHLVECSDVL
RLVPLPEWAGMGGVRFVPEGWESLLTDQAKTELNKLNIDLVEALKSTDNAFSLGEGTDGLICVRFGMVTHETEVEELLDLVVTVGKSVQENSRVL

DTMSEIVKKGIEAVTADLQRESEEKLWQEGILRHVPVVGRVFNWWSPPAKESGIKGRSLNLTQGVVESTENIYKYHMQMTGATAHQLPANRSPPT
PMVQTPVVAPALPPVFPTVEPVPGNGNGSGASEGTPVQSGEASGSMPAASGAAPSAAPTQNHVDHARTVSQSSAASSTVPELVAASSAINNN*
(SEQ ID NO: 99)

Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384455
GGTTGCCAAACGGAGAGCAGCATACCTTCCGGATAGCTGGCATCGATCACGATTACTTCCAAGCACTGTAGCAGCTCCTGGACCTCACTTAGTGG
CCCCTGCAGCTTTCGCTTTATCTGACGCACTGGACGCACTGCAGCCACTACTACCAGTAGATTCACATTGGTGGTGATTATCTTATCGGGAAATC
CCAAGCCGGAACGCACATCCGCCAGCTTAAGGACCGCACCAAGTGGCCTTATGGGCTGATGGAGTAACTGCTGGAGAATTGTTATTTGGCCAAAG
TCGTCATTGTCGTGGCGCACCACATAGCCGGATCCCTCGTTGACCACCAGGGCGCAGGAGACCGTCGCTTGGGGCTGATAACGCTGTTCTCCCGG
AGCAGCAAACGGTATGGACATCACTTTAGCGCCCACAATGTCTACCACATGGCCGATCTGCAGCATGGCCGCGTACTCATCCACACAGTCCCGCT
GGCCCCAGCACTTGCAATTGGTCAGGTGATTGGGGGAATCTCGGATGGTCAAGCTGAGAACCCCTCGTTCGGTGCCACTCATCTTGTCATAGAAG
ATGTTCGGCGAGGATTTGGAGACAATCAGGGCAACGGTGGAGAAACGGGTCATTGTGGGACGCATCTCTGCCAACCGCTGGAACTTAATACGCCT
TGCCATTGAAATTATTTAAGAAATCGCGACCAGTCAGATTGCAGTGCTTAAGAAAACCGTTACATTGCCGTTACCGCCGATTAGTAGTTATCGAT
GTTTGTAGTGATGGTACACCACAAATGGCCGTAGATTCAGTTAGTAACAGAAAGTATTGCTAACAACTTAGTTTGATAAAAACCACAATTAAAAC
ATTTACAGAAAGTTGCGCTTATTAATTGTAACCATTGGAATCGATAATAATCGGATGGCATCCGAATACCAGACGTACCATCCCTAATAAGCTGA
CACACACTACGCATATGTGCACCCGCGCACACACACACGCACACACAGAGGGGAACGGCACAGATTTACTGCGTTAAACAAACTCACTTGTCGCA
CTTTTCCACGAATGCCAGTGCGCTGAAAGTGAAACCCATCCGCCGGAGCATAGTAGGATTAGCCAGGACAACCGTTCAGCTCAGTGCCCCAGAAG
CATTTAATTGGAGGAGCAACAGTCGAGCAACCCGCGACCCGCAGACCCAGTCTTGGCAGCCCACAGCCACTCAAAATGGTCAAACTATTCGCGTT
GAGCATCTTTCACAAGGGCGCCAGCGAGGCGCGTCTCCTGAAGACCGCCTCGGACCTGCAGTCCTTCTCCTTTTTCCAACGTGGCACCGTCAACG
AGTTCATGACGTGAGTATGCATGTGGATGCCAAAGAACGGCGCAGGCTCAAAGAGTCATCAATGACGAACACCCCCCTAAACAACTCCTCCTCTT
GCAGTTTCGCTTCGAAGACGATTGTGGAGCGCACACAGCCGGCCCTGCGGCAATCGGTGAAACAGGATGCCTACATGTGTCATGTCTATGTGCGG
GCGGACAATCTGGCCGGTGTACTGATCGCCGATCATGAGTATCCGCATCGCGTGGCGCACACGCTTATCACAAAGATTCTGGATGACTTTACGGC
CAAGGTGTCGGCCGATCAGTGGCCCAATGGCACGGAGGCCACTATCTCATTTGACTTGCTGCCAGCGTTTCTAGCACGCTATCAAAATCCCGTCG
AAGCAGATCCGCTGACGAAAATGCAAAACGACCTGGACGAAACGAAGATCATACTGAAGAATACCATCGAGGCGGTGCTGGAGCGGGGCGAGAAG
CTGGACGACATGGTCAGCAAGTCGGAGAAATTGTCGCTGCAGAGCAAGGCGTTCTACAAGACGGCGAAAAAGACTAACTCCTGCTGCAGCTTCAC
CTAGACGACAGCTGCACCTCTCATCACCCCCCACCACACGCTAATCCTCTCAAGCAACAACCACAACAGGAAACACCAGAAAATGCAAATCAAAG
ACAACACAAAGGATAATGGATAACACGATAACACCAACAAACTACAACCAAACAAACTCCAAGGGAGCGGTGCGACTTGGGCTTTGATGATTGCT
TTTTATAAATGAATTAGTTAATTTTATATACTATATATATATTATATTATATACTGTATGAATAGGATGGCCAGTTGCCAGTTACGATAGTCC
GCTAACCCAATGTCTACCTGTCTGTATATGTCTACGCTTTGGATATCTAAATGTTAATTACTACCAATACAGATTACGATCTAAACCCATGTGCT
TAACATAATCTTCTCTTCACTTATGTGTTGGCACGGCGGTCCAAAATTGGCCCTTTGCTAGCTATTGATGTTGTGGGCCTTCTTATCGCCTCCAC
GGCGGATCTATGTATACCAATCGGATCGGAAGGCTGCACCTATGTATACACATGCAGTCGCACTTCCGATCCGGGCAACTGGCGGTCGGAATGTG
TGGGCGTTTCAATAAAGAAGTATTATGGGAAATGTGAACCAAGCTCGTTTTCATTGCTCACATATACAAACCTTATCTTTGTCAATTTTGGCAAA
ATGTACAAACTATTTGTACGAGCTCTGTACATAGCACATGAACTTATTTTTATTTATGTAATACGTACCACTTTATCTTAAGTGCAAATTCCATT
CCTCCCAAAAAAGCAAAATCAATTTAAAAGTGATTTTCTGTTGGCGTTTATTTATTATATAGAAGACACCTATTTCGCTTCTTGTAAAGATTTCC
GTTACATTTTTCATATTTATGCGTTTTCCTTACGTTTTCGTGTTTAACCTTTTGGATTTTGGTTATGTTTAATGGGTTCGGTTTGTATAGCCTAG
TATAAGATAGGTAAATCGATTACAATTTAGTTTTCGCCCCCTCTCCATCGCAAT
(SEQ ID NO: 100)

Exon: 1001..1340
Exon: 1430..1904
Start ATG: 1216

Transcript No. : CT3893
GGGAACGGCACAGATTTACTGCGTTAAACAAACTCACTTGTCGCACTTTTCCACGAATGCCAGTGCGCTGAAAGTGAAACCCATCCGCCGGAGCA
TAGTAGGATTAGCCAGGACAACCGTTCAGCTCAGTGCCCCAGAAGCATTTAATTGGAGGAGCAACAGTCGAGCAACCCGCGACCCGCAGACCCAG
TCTTGGCAGCCCACAGCCACTCAAAATGGTCAAACTATTCGCGTTGAGCATCTTTCACAAGGGCGCCAGCGAGGCGCGTCTCCTGAAGACCGCCT
CGGACCTGCAGTCCTTCTCCTTTTTCCAACGTGGCACCGTCAACGAGTTCATGACTTTCGCTTCGAAGACGATTGTGGAGCGCACACAGCCGGCC
CTGCGGCAATCGGTGAAACAGGATGCCTACATGTGTCATGTCTATGTGCGGGCGGACAATCTGGCCGGTGTACTGATCGCCGATCATGAGTATCC
GCATCGCGTGGCGCACACGCTTATCACAAAGATTCTGGATGACTTTACGGCCAAGGTGTCGGCCGATCAGTGGCCCAATGGCACGGAGGCCACTA
TCTCATTTGACTTGCTGCCAGCGTTTCTAGCACGCTATCAAAATCCCGTCGAAGCAGATCCGCTGACGAAAATGCAAAACGACCTGGACGAAACG
AAGATCATACTGAAGAATACCATCGAGGCGGTGCTGGAGCGGGGCGAGAAGCTGGACGACATGGTCAGCAAGTCGGAGAAATTGTCGCTGCAGAG
CAAGGCGTTCTACAAGACGGCGAAAAAGACTAACTCCTGCTGCAGCTTCACCTAG
(SEQ ID NO: 101)

Start ATG: 216

MVKLFALSIFHKGASEARLLKTASDLQSFSFFQRGTVNEFMTFASKTIVERTQPALRQSVKQDAYMCHVYVRADNLAGVLIADHEYPHRVAHTLI
TKILDDFTAKVSADQWPNGTEATISFDLLPAFLARYQNPVEADPLTKMQNDLDETKIILKNTIEAVLERGEKLDDMVSKSEKLSLQSKAFYKTAK
KTNSCCSFT*
(SEQ ID NO: 102)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384012
TGTGTGGATTCGTGGAGCAAATCGAAGTTGGCAGGATTAAAGGCATTCGCGAACGCAGAGGCAGCAGCTAAAGGGCCACCCATGCACCAAAGAAA
CAAACTAGCTGGCCCAGCGGTTCATTTATCTGCGACTAACAAGCTAAAATCGGCGTAATTGGCAAGTTCAATGCACGACTAATATATTTGGCCAC
ACTTGCCAGTGTATGTTTGTTCGTGTGCGTGCCTGTTTGTGTGGTGTCGTCTCCGTACGTGTTTGTGTGTGTGTCCGCGACGAGTATGTGTGCGC

ACATATTCGTATATCTGCAAGACTCGCGGATGAAACAGCGTGAAAAGTGAGCAAAATATCGGGGAAAAACGGCACGGTACGGCCACAGAACGGAA
CGGTACGGTGCGATACGATATCGAGAAAAGGCCATCAGCCAGAGTACTCCTCGATCCGGAAACGGATAATGGGGATATAGATGATACAGCCAATA
GCTCCCCGAAAGCCACAGCACACAATAGGTCGGTCGGTCGGTCGGTTGGTTGGGCGACGTCGCCGAGAGTTAAACATCAAAAATCAAACCCAGGA
ACCGACGGAGCTAAGTGTCAAGTGTTTGGTGTTGTGAAATTTTTCGTTTCCAGCTCTCCGTTCAGCGTTCAGCCAATTTGCCAACCTTTTCCCCT
CTTTAATTTGTTATCCCCGGACACCACAAGAGTTTCGATCAAAATTTTCAATTGAACGCAACATCGCCATAAACAAAAACATAAAGGTAAAATTC
GGCCACTACCCAAACAACAAAAAAATAAAATCATAAGAAAAAATCACGCAGTAACGTAGAAGAAGCAGCAGCCGAAGCCGAAAAAAGACGAAAAG
AAAACTTGTTTGAAAAGGCCGAACCGAAAGAAGAAAAAGAGCAGCAGCAGCAGCACAGCGGCCAAGTTTGGAAGAATTTCAGAATTTCAGCGTGC
TAGGAACGGAGCAGCGGACCGGCGACGTCACCAAATAAACGCCCATCACCATGGACGAGGATGACAACCTGTCCAATGCCGACATAAGCATAGAT
GACGAGGAGGTGGTGCGGGAGCAGACCCACCATCCGCCCATGCAAGAGGATCAGGAGCTGGATAACGAAGATGGGTCATCCGACGTGGATCTGTC
TTCGGTGTACGTCGTGCCACCCATAGTCTCGGCACCATCGCCCGCATCAGTGCGCATCGCTGGTGGATCCACAATTGGTGGCGGAGGGGTCGCAG
CTGGAGCAGTTCCAACAACCACCGATAACTCGCATTCCCCCTTCCACGATTGGGATTCCAGTGTGGCGGCCGCTGCTGCTCCACCGCCGCCACCG
CCCAGGACAGGACCAACTACAACTACAAGCTCCGGCACAGCCGCGGAATCGGGAGCCGCGTCCGCCTTATCCGACGATGCCGGCGCCAAGCCAAG
TTTCTTCTTTGGCGCCTCCTCGTTCAGTTTGCGCAGCCGCAAGGAGGTGGCCGCCCTGATCAACACGGAATGCTGCCGTGGCAGCCCCACACCCG
ATCTCGACTCCATAATGGATACCCTATTCAATCCGGGGACGCCCATCGACAATCTGGACAACATCGAGTGGATACGATGGCTCATTGCCGGCGGA
CGGACGCCGCAGGAGTTTGTTAAAATTGGTACGTCCCAATGTGTGCATATCGATAAGTGTGTTGCATTTTCTATCGCCAAACAGCTGATCGCAAG
TCCGTTGCCCCTGAAACTCTGACCGAGCATGTGTGTGTTACCTGCGTTATGTGTGTGTCTGTGAAATGTAATGGTTGTAGGGCACGCAAAG
AAAAGGTAGAGAGGAAGAGAGCATAAAAGCAAGGTGCAAGGCAGCGTGAAGAGTGCGAGTGCACCACCATGGCAACAGCAATCAAGCGCACTCTC
TCGCACACACAGCACACTCACTACACACACATATGCACTGATTAGGGGAGTCAACTTTAGCCCAATTTAATCTCAACTGCTCATCTATTTGCAAT
GCTGTATTTGTGCATAATTTTCATCACTACTTATTACTTTTTGTGCCAGGCTGCGTATGTCGCCAAAGTTGCTTTTATCGTTTATGGTTGTTTGT
CGCGTCTAGTCTTGTCTTGTCTTGTCCCACTTGTCAGCTCTGTCACACGCACACATACACACACTCGTGCAAACTGGCGGGCGGAGACGTACACG
CACAGTGGAATGCAGCTTGCACCTTGTGGCTTTGTATCAGCTGTTTCGGTACGCCTTGCGTAATAAATGTTTCCGCAGCATCCGTCCCAAAACCA
CACGAACACGAATGTAGATGGTGCTTGATTATATGATGGCACCTTTTGTCACCGCTAGGTGCTCCTTTTTTTTTTTTGTGTTATATTTCTTTCAC
CTTTTTGTTTGTTACTCGTTGCAAGAACAATTGCAAAATTGCACTGGTGCGGAAAAAGTTGATTGACCGTCATTGTTGTTGATTTGACAAAAACA
CGCACAGTGGTCGCGAGGGGCGGATGTGATGTGGCCCACTGTAAGCTGTCAACGGCAATTGACCGAAAGACCGTTATGTTATTGGGTGGTGTGTA
TGTGTGTGCGTGCGTGCGTGTATGGGTGAGGGTGAGAGAGTGCACCTTTTTTCCGTTCCCATGTCATGTCACCTCCCCTTCCCTTCGCCACACCC
TTGCTCCTCCATTCGGACCTTGTCCAAAAGTTCTCAGTTAGAAAGAGACTGCTGAGCCAAGATAGTGAGAGCGAGAGAGAGTTGCTAACTTTCCG
TTGATCGATCGCTATTACAATTTTACAACATTGTCAATCAACTTTCCGCTGCACTGTGGTTGTTATTGGCCAATCCATTCGATTTCCTTCCGCAT
GCGGCGGCCGACAACGTTGACCTTTTTAGTCAACAAGGTCCGAGCGGAATACGTACATACATATGAACATACATATGTGTATAAACTACGAAACA
TAAAACAATCGTATGTACATAAATACATGTACATACGCCCCAGAACGCAGGCCGAAGACAAAAAATCAAAGAGTCACGCAACTAAAAGCAAGAAA
TTAACTAAGCAATGAGTGCATCATTTTATTTTTGGAACTCAAATCAAATCAATAGCAATAGCAAGGCAATGCGGTCGGTCAGAAAAAATCAGCTA
GCCTCGACTGGTTTTACAATTTCACCTCATCGCTCAAATTTGCAAGCGATATTTAATCGTTTTGTGATTAGAGGCGGGAACAATGCTTTGCAATC
GACCGATTATTTCGATGATTTTGCATATGAATTCGTTGAGTTCAATTGGTTAAAAACCCCAAATACAACTTCTTAGGTCAAATTACCGTGGATAT
ATTAATAAATTATTATTATTATACACATATACAAATCATGATTAACGTACCAACAAGATTGTCTTACGCATGCCTATAAAATTGTGCTTGTGCAC
TGATTTCTTGATGTCCTTTGTCTGTAATAACCGGATTCCAATGACCCATAATATTTAAGAAAATCGATAGTTGGCCAGGGCCTCTCACATAAATA
CAGAGCAAGGTCTTAACTTTTTAAGAACTTGCGGATGTGTCTGTTGGTTAAACATAACAAATTTTTTAGCTCTGTGATTCAATGTGGCGATGCCC
TTGCTCCTTATGTGTCCAAACCTATTTTATAGCTGGCTTCTCTTCTGCGTCTGCCATATACTCAATGAATTGCTTAATGGTTTTTAATTTTTGAA
ATTTTATCTTGCAGTGCGCAGCTATGACAACCACGCCAAATGCGGTCTGGTATGGGTACCGCATGTGGTGGCCTACAGGTGCCGCACTTGCGGCA
TATCGCCCTGCATGTCCATATGCCGGGACTGCTTCAAGAAGGGCAACCACACGAACCACGACTTCAATATGTTCCTGTCACAGGCGGGCGGTGCC
TGCGATTGTGGTGACACCTCGGTCATGAAGGCGGAGGGTTTTTGCAGTGATCATGGCATCAATAATCGGGTGAATCGCGATCCGGTGCCAAACAA
TCTTTTGGCAGTGGCCGAGGCCATAATGCCCAAGCTGCTCTTCCGCCTGCTGCAGCACTTCCGTGAGCACAGCGACACCCCACTGGAGGTGCAAG
CGATAACGTCGTACTCCTGCGAGGAGTTCGCCAACATGCTGATCGATCTGAACAACATGGGCGAAATAATGCGCAAAGTGATGACGCGCACGCTG
ATAAATCCGGAGGTGTATGCCTTCTTCATGGAAGCACCGTGCCAGGACACCCGGAATGGACGCTTCTTGAAGGCGAACCGAGAGAAGTACGAGGA
TGCCGTCAATAGATTCCCAAACCCAGAGCCACCCGATGAGTACAGAGATCTGCCCGCGCTGGGCGACAAATTGGTCCACACCACGCTACTCGAAG
AGTTCATCTTCTGGACATTTAAGTTCGAGTTTCCACAGACTCTGGTCTGCTTTCTGCTGAACATGCTGCCTGATCAGGATTACAAGGTTAGTCTT
GATGGGATCATATGATTTTTACATATCTATATCAATATTTATTCGTTTTCTGCCCTAAAAGGAACACCTCACCCGCACATTTGTGATGCACTACA
GCCGCATACCGTCCGTGTTGGAAATGTCCCGTGATCCGGACACGCTCAGCAACCGGGTGGTCCACATGAGCGTCCAACTCTTCTCTAACGAAAGT
CTGGCCCTCAAGATGGTCAACGAGCTGTCGCTGCTGCACGTAATGATTATTAGTCTGAAGCTAATGATGTCCAAGATACTCATACAGAATACATT
GCATGGTGAGAATTATTTTATATATCCGACTGTAGCTCTTTGAACATTTCCATTTTTCGTTCAGATCCCAACAAGAATTTTCATTTCGTCATCGA
CTGCACGCGTCAGGTGATGAAGGACCACTGCTACTGGCCACTAGTCTCGGACTTTAACAACGTCCTTTCACACGAATCGGTGGCCCTGGTCTTTC
TGCGGGACGACAATCTCATCGATATGTGGTTCCAGTTTCTCCAGATGCTCCAGGGCATGAATGTCAATGTGCGCGAGACGGCTTCTCATGTGGAA
TTCGAGCCAAATAGCTACTATGCGGCGTTCTCCTGTGAGCTTGAGGCCAGTGCCTATCCCATGTGGTCGATTATCTCGCATCTGCAGGATGGCAC
ACATGCCCATCTGGCAAAGAAGATCATCAACTACTGTGTGACGACGCTGCACGAGTGGCTAGACTCTATTTACTTTATGGAGGCGCGTCTATCTA
TGGTTGGTATTTTCAATCCGTTTATTGCAGTTTCAATAAAATCCTTTTATTTATCCGTGCAGGAGGAGATGATGCAGGCTTCGTTCCACTTTCCC
CTGCATCGTTATCTGGCTGCCTTTGTTTGCCAGGCGGTAACTAAAATGGGAATCAGTCTGAACGATGTGCTGCCCTCACGCCCCTATCTGCTGCC
CCTGCTGATGATCCATCCACTTCGCGTCCAGGTGAGTCTTCAATCCTTTATTTCGCTTATTTTCGCTTTAAATAGTAAGAAGGTCCTCGGTTCTC
TGGTTTCTCAGATTCACATTCGTTTTTATTTCTTTTGTTATTTTCAATATAATTTGTTTTTATATTCTTGTCTTGCCGGATTCTGCATCTCCTGC
GGTTCGTTCTCCTCTGATCTCACTTAGACTATGCGACAGTTAAACGCAAGTGTGTATTGATAGGTAGTGTACAACTAAAAAAAAGCTATGACATA
TGTGCGGGATGGAAACAGCACCGCTTCTCTCCGCTTTAGAATCTATTCTTTGGCACCTGAACGTGGGGCATGAAGTCGTAGGTGATGATCTTGGG
GCCCAGGAAGCCGCCGTAGCCGTTGCGGCCCTTGTAGTAAATGCCAATGCCGGCTAGTGGTACTGGTGGATTCGAGACCACGTCCTGGATGTCCA
TAAACGGCACTGTGCTCTGGGCGGCATCCTTGTCCAGTCCAGTGTTAGTGAAGTCGATGTACTGATTGTGGCGCGACAGAGGTATCGAGTGTGCT
ATTGTCCGCGTAGACACGTCGGCGTTGCTCAGACGCAGTTTCTCCCTGAAATCAAGGGGTTAGTTATTTAGTTTTTGCTATCCGAAAATAGAGGA
CACACTTACCTGCGTGCGCCGCTGACATCGGTATTGTCGTTGGACTTCCAATAGCTATTGTACTCCGGCCGGATGAGCTGACCCGTCCGGAAATC
AAACTCACTGTAGTAGGCCTCCAAATTCAGATGTGTGCCCACCACACGGAATCGCACGCCGGTAACGACAAAGGAATTGTCATCCGTATCCACAT
CGTCCAGATCGATGGTGCGTTTCTCGTAGCTCAACTTATGATAATCAACGCCATTCTTCACATGACGATCAAAGACGTTGTACTTTTCCACGGGT
TTCCATTCCAGAGTGCTTTGATTGACAATACCACGAGGCAGGAGTTCGCCCTCCTGGATTTGCAGATGGAAAATGCGATTTTGCTTTACAAAACG
CAAACCAGTCACGACTCTGAAGAATAATTAGTAAATATGTGGTTGATATTTCAAAATCAACAGATTCAACTAGAACTTACCGGTTGCGCTTGACA
TCGGCGATCGTGTCCCGCAGATTGAAGAAACGATCAGACTTCAGACCCTCCTCGTCGCACAGGCAGAAGCAGTAGCTGCAGTGCCAGAGAAGGTA
ACGCCACCAGCTGTCCACCTTGGTGGTGCCCCTGGTGCACTTACCCCGCTGGCCAAGGACGCGTCCGTTTTCGTACTCGATGAACTCATAGCGCC
GCGTGCTATTCTGTGGCGACGGGCACACCCACATGTCGGAGTCTACGAACCTGCAGTTGTACAGACGACCACTACATTTCGGCTGACGGGAACAG
TAGAGATCCTTAAAGCAGCCTTCACTGCGGGTGGACTGATAAAAGTCACACGTCTCTCGGCAAGTTTCCTCTTTATTCAAATCCACCTCGTTTTC
AATGTAGCCTTGAAGGAGGCGCGTGACCTC

(SEQ ID NO: 103)

Exon: 1001..1643
Exon: 3720..4456
Exon: 4527..4755
Exon: 4815..5446
Exon: 5522..5965
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT3955
ATGGACGAGGATGACAACCTGTCCAATGCCGACATAAGCATAGATGACGAGGAGGTGGTGCGGGAGCAGACCCACCATCCGCCCATGCAAGAGGA
TCAGGAGCTGGATAACGAAGATGGGTCATCCGACGTGGATCTGTCTTCGGTGTACGTCGTGCCACCCATAGTCTCGGCACCATCGCCCGCATCAG
TGCGCATCGCTGGTGGATCCACAATTGGTGGCGGAGGGGTCGCAGCTGGAGCAGTTCCAACAACCACCGATAACTCGCATTCCCCCTTCCACGAT
TGGGATTCCAGTGTGGCGGCCGCTGCTGCTCCACCGCCGCCACCGCCCAGGACAGGACCAACTACAACTACAAGCTCCGGCACAGCCGCGGAATC
GGGAGCCGCGTCCGCCTTATCCGACGATGCCGGCGCCAAGCCAAGTTTCTTCTTTGGCGCCTCCTCGTTCAGTTTGCGCAGCCGCAAGGAGGTGG
CCGCCCTGATCAACACGGAATGCTGCCGTGGCAGCCCCACACCCGATCTCGACTCCATAATGGATACCCTATTCAATCCGGGGACGCCCATCGAC
AATCTGGACAACATCGAGTGGATACGATGGCTCATTGCCGGCGGACGGACGCCGCAGGAGTTTGTTAAAATTGTGCGCAGCTATGACAACCACGC
CAAATGCGGTCTGGTATGGGTACCGCATGTGGTGGCCTACAGGTGCCGCACTTGCGGCATATCGCCCTGCATGTCCATATGCCGGGACTGCTTCA
AGAAGGGCAACCACACGAACCACGACTTCAATATGTTCCTGTCACAGGCGGGCGGTGCCTGCGATTGTGGTGACACCTCGGTCATGAAGGCGGAG
GGTTTTTGCAGTGATCATGGCATCAATAATCGGGTGAATCGCGATCCGGTGCCAAACAATCTTTTGGCAGTGGCCGAGGCCATAATGCCCAAGCT
GCTCTTCCGCCTGCTGCAGCACTTCCGTGAGCACAGCGACACCCCACTGGAGGTGCAAGCGATAACGTCGTACTCCTGCGAGGAGTTCGCCAACA
TGCTGATCGATCTGAACAACATGGGCGAAATAATGCGCAAAGTGATGACGCGCACGCTGATAAATCCGGAGGTGTATGCCTTCTTCATGGAAGCA
CCGTGCCAGGACACCCGGAATGGACGCTTCTTGAAGGCGAACCGAGAGAAGTACGAGGATGCCGTCAATAGATTCCCAAACCCAGAGCCACCCGA
TGAGTACAGAGATCTGCCCGCGCTGGGCGACAAATTGGTCCACACCACGCTACTCGAAGAGTTCATCTTCTGGACATTTAAGTTCGAGTTTCCAC
AGACTCTGGTCTGCTTTCTGCTGAACATGCTGCCTGATCAGGATTACAAGGAACACCTCACCCGCACATTTGTGATGCACTACAGCCGCATACCG
TCCGTGTTGGAAATGTCCCGTGATCCGGACACGCTCAGCAACCGGGTGGTCCACATGAGCGTCCAACTCTTCTCTAACGAAAGTCTGGCCCTCAA
GATGGTCAACGAGCTGTCGCTGCTGCACGTAATGATTATTAGTCTGAAGCTAATGATGTCCAAGATACTCATACAGAATACATTGCATGATCCCA
ACAAGAATTTTCATTTCGTCATCGACTGCACGCGTCAGGTGATGAAGGACCACTGCTACTGGCCACTAGTCTCGGACTTTAACAACGTCCTTTCA
CACGAATCGGTGGCCCTGGTCTTTCTGCGGGACGACAATCTCATCGATATGTGGTTCCAGTTTCTCCAGATGCTCCAGGGCATGAATGTCAATGT
GCGCGAGACGGCTTCTCATGTGGAATTCGAGCCAAATAGCTACTATGCGGCGTTCTCCTGTGAGCTTGAGGCCAGTGCCTATCCCATGTGGTCGA
TTATCTCGCATCTGCAGGATGGCACACATGCCCATCTGGCAAAGAAGATCATCAACTACTGTGTGACGACGCTGCACGAGTGGCTAGACTCTATT
TACTTTATGGAGGCGCGTCTATCTATGGTTGGTATTTTCAATCCGTTTATTGCAGTTTCAATAAAATCCTTTTATTTATCCGTGCAGGAGGAGAT
GATGCAGGCTTCGTTCCACTTTCCCCTGCATCGTTATCTGGCTGCCTTTGTTTGCCAGGCGGTAACTAAAATGGGAATCAGTCTGAACGATGTGC
TGCCCTCACGCCCCTATCTGCTGCCCCTGCTGATGATCCATCCACTTCGCGTCCAGATTCACATTCGTTTTTATTTCTTTTGTTATTTTCAATAT
AATTTGTTTTTATATTCTTGTCTTGCCGGATTCTGCATCTCCTGCGGTTCGTTCTCCTCTGATCTCACTTAGACTATGCGACAGTTAAACGCAAG
TGTGTATTGATAGGTAGTGTACAACTAAAAAAAAGCTATGACATATGTGCGGGATGGAAACAGCACCGCTTCTCTCCGCTTTAGAATCTATTCTT
TGGCACCTGAACGTGGGGCATGAAGTCGTAGGTGATGATCTTGGGGCCCAGGAAGCCGCCGTAGCCGTTGCGGCCCTTGTAGTAAATGCCAATGC
CGGCTAGTGGTACTGGTGGATTCGAGACCACGTCCTGGATGTCCATAAACGGCACTGTGCTCTGGGCGGCATCCTTGTCCAGTCCAGTGTTAGTG
AAGTCGATGTACTGATTGTGGCGCG
(SEQ ID NO: 104)

Start ATG: 1

MDEDDNLSNADISIDDEEVVREQTHHPPMQEDQELDNEDGSSDVDLSSVYVVPPIVSAPSPASVRIAGGSTIGGGGVAAGAVPTTTDNSHSPFHD
WDSSVAAAAAPPPPPPRTGPTTTTSSGTAAESGAASALSDDAGAKPSFFFGASSFSLRSRKEVAALINTECCRGSPTPDLDSIMDTLFNPGTPID
NLDNIEWIRWLIAGGRTPQEFVKIVRSYDNHAKCGLVWVPHVVAYRCRTCGISPCMSICRDCFKKGNHTNHDFNMFLSQAGGACDCGDTSVMKAE
GFCSDHGINNRVNRDPVPNNLLAVAEAIMPKLLFRLLQHFREHSDTPLEVQAITSYSCEEFANMLIDLNNMGEIMRKVMTRTLINPEVYAFFMEA
PCQDTRNGRFLKANREKYEDAVNRFPNPEPPDEYRDLPALGDKLVHTTLLEEFIFWTFKFEFPQTLVCFLLNMLPDQDYKEHLTRTFVMHYSRIP
SVLEMSRDPDTLSNRVVHMSVQLFSNESLALKMVNELSLLHVMIISLKLMMSKILIQNTLHDPNKNFHFVIDCTRQVMKDHCYWPLVSDFNNVLS
HESVALVFLRDDNLIDMWFQFLQMLQGMNVNVRETASHVEFEPNSYYAAFSCELEASAYPMWSIISHLQDGTHAHLAKKIINYCVTTLHEWLDSI
YFMEARLSMVGIFNPFIAVSIKSFYLSVQEEMMQASFHFPLHRYLAAFVCQAVTKMGISLNDVLPSRPYLLPLLMIHPLRVQIHIRFYFFCYFQY
NLFLYSCLAGFCISCGSFSSDLT*
(SEQ ID NO: 105)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384425
TTATCCGGGCACTTACACATCACATTATAATCTTATATCTCTTACTCTCTTAATCCAATAGTATGATATTAATTTTTGCTCGATTTTTATAGAAA
GGCGATTCCCTGAAAAGATGCCAAACCGTGCTCATGGAAAGCGATGAAATGGAGCAGAAAACCTGCGTTGGGTATCGAAGCAAAGTCTCCATGGA
GTCCGCCGTTCTGTTCTCGGTACTGTTGTCCACCAACCATGAGCTTTCTATTGGAAAGATGCTCGATATGAGTGAGATTCACGAAAGAATGCGGC
GCGCCAAACAGTCATTCGAGGATACTGCTAGAGTTACTCCGTTCCGAACGAACATTGATGACCTAATCTCCGATTTGGATGTCTGTGCTAAGGTC
AAATCCAAACTTTGTCGAGTAATAAGTGATTGTAAAAAGTACTAGAAAGGATTAGCTATATCTTTTATCTATATTTAATACTTTTATTTCATTTT
AATCAATAGTATAAAATTATTTCTCTGGATTTTAGGTGACTATAAGAAGACTATTTTTGTAATATTTTTGAACCATTTAAGCTCAAAATACAACT
TACTATTCATATTTTAATATATAATTCCATGTTATCATGAATTTATTAGAATTTATATATACAAGTAAAGATTCGAAATTCAGCTTCGACCCGCT
CCTTACGATTGTTATCTATATTATCAATTAATACATTAAGGTTGCTCATCATAATTGTTAATTGTTTGCTCATAAAAGCGTTTAAAAATGAAAGA
TGGGAAATACTTTTTTAGCTTTCCCTTATTGTCTCTAAAGTAAGATCGTAGTCATGATACAAGCTCTTCCTAAATGTGTAGAAATAATGATACAT
TTGTATTATATATACATAAACGCGAAATATTAAAAAGAAACATTCCGAAAATTAAAGAATTGCATTAGTTTACAACAAAAACTATCGAATCTCTC
TAATCAAAACGACGCGCCAAGCCAAATTTAGTACATTATCTGTGCTGAATCATTTTCGCTGTGCCGCAATATTTAATTAACTGCAGCGATCATTG
CAGTTTTAGCCACCAGAGAAGCGTAACATAGAAATCAAAATGCAGAAGGTTGCACTGCTTCTAGTCGCCTTCCTGGCTGCGGCCGTGGCCCACCC
AAATTCGCAGGAGAAGCCCGGATTGCTGCGCGTACCGCTCCACAAATTTCAGTCGGCCCGCCGGCACTTTGCGGATGTGGGCACGGAGCTGCAGC

AATTGCGCATTAGGTACGGCGGAGGTGATGTGCCGGAACCGCTGTCCAACTATATGGACGCGCAGTACTATGGGCCCATTGCCATTGGCTCGCCA
CCGCAGAACTTCCGTGTGGTTTTCGACACCGGCTCCTCGAACTTGTGGGTGCCGTCCAAGAAGTGCCACCTGACCAACATCGCCTGTTTGATGCA
CAACAAGTACGATGCCTCCAAGTCGAAGACCTACACCAAGAACGGCACTGAGTTCGCCATCCAGTATGGCTCGGGCAGCTTGTCCGGATACCTGT
CCACGGATACGGTGTCCATTGCCGGCCTGGACATCAAGGATCAGACATTCGCTGAGGCGCTCAGTGAGCCGGGCCTGGTCTTCGTAGCTGCCAAG
TTCGACGGCATCCTAGGCCTGGGCTACAACTCCATCTCGGTGGACAAGGTGAAGCCGCCATTTTACGCCATGTACGAACAGGGTTTGATCTCCGC
TCCGGTGTTCTCATTCTACCTGAATCGCGATCCCGCCTCGCCCGAGGGCGGTGAGATCATCTTTGGCGGCTCCGATCCCAACCACTACACTGGTG
AATTCACCTACTTGCCCGTTACCCGCAAGGCCTACTGGCAAATCAAGATGGATGCCGCCTCCATTGGCGATTTGCAGCTGTGCAAGGGCGGTTGC
CAGGTGATCGCTGACACCGGTACCTCACTAATTGCTGCGCCCTTGGAAGAGGCCACCTCTATTAACCAGAAGATTGGTGGAACTCCCATCATCGG
TGGTCAGGTGAGTACCATGCTCTAAGTTCTCACATGAAGCACTGCTAATCCTCTTAATTTCTTACTTTAGTATGTGGTTTCTTGCGATCTCATTC
CCCAATTGCCGGTAATCAAGTTTGTGCTGGGCGGAAAGACCTTCGAGCTCGAGGGCAAGGACTATATTCTCCGTGTGGCCCAGATGGGTAAGACC
ATCTGTCTGTCCGGCTTTATGGGCTTGGACATCCCCCCTCCAAACGGACCCTTGTGGATCCTCGGTGACGTTTTCATTGGCAAATACTACACCGA
GTTTGACATGGGCAACGATCGTGTGGGCTTCGCCGATGCCAAATAATCGAACAAAGAAAAGTATACTTAAAATTTAAATTGTAAACATTATCGAT
CGATCCCATTGCGGGTTTCTCCGAAGAATAATATATAAATTATCATTTTAGTAGATTTTCCATATATTTATTAGCGTAAGTTTATTAATTACAAT
AGGGCTTGCGCGGTCTGCACTTAATGAGACGAATAGTAAGTACGTGGCGATGACCGACGCTTCTAATCTTCCAAAATCGACTAACTTAAGTATAG
CAAGAGTTCTTATCTCTAAAGCTTAACAAGTTACAGTTTCTTATAGGTAAAGCTCGATCTATAGATGGGAAAAGCACTTGAGGCTTACGACTATA
TTTCGGGTGTTTTGTGATTGTGTTAACTCCTCCCCTTCTAAGACGAAGGCTGTCCACAGACTTTTTACAATTGGCAAATCTATTTGAAAGCGGAT
CTTACGGGTAACATTGGTTGTGCACTAAGTTCCCATACTGCCAACCTGGTACTGCGTTAAACCATCGAAGGGAAGGCAGCTCTGCGTGTCTGGAT
GATCCGAGAAGTTCGTAAATGCTGCTGATTCTCCATGTCATGGGTTCGCAACAAGGTTCTGGAGATGATCGTAG
(SEQ ID NO: 106)

Exon: 1001..2002
Exon: 2066..2441
Start ATG: 1085

Transcript No. : CT3996
CATTTTCGCTGTGCCGCAATATTTAATTAACTGCAGCGATCATTGCAGTTTTAGCCACCAGAGAAGCGTAACATAGAAATCAAAATGCAGAAGGT
TGCACTGCTTCTAGTCGCCTTCCTGGCTGCGGCCGTGGCCCACCCAAATTCGCAGGAGAAGCCCGGATTGCTGCGCGTACCGCTCCACAAATTTC
AGTCGGCCCGCCGGCACTTTGCGGATGTGGGCACGGAGCTGCAGCAATTGCGCATTAGGTACGGCGGAGGTGATGTGCCGGAACCGCTGTCCAAC
TATATGGACGCGCAGTACTATGGGCCCATTGCCATTGGCTCGCCACCGCAGAACTTCCGTGTGGTTTTCGACACCGGCTCCTCGAACTTGTGGGT
GCCGTCCAAGAAGTGCCACCTGACCAACATCGCCTGTTTGATGCACAACAAGTACGATGCCTCCAAGTCGAAGACCTACACCAAGAACGGCACTG
AGTTCGCCATCCAGTATGGCTCGGGCAGCTTGTCCGGATACCTGTCCACGGATACGGTGTCCATTGCCGGCCTGGACATCAAGGATCAGACATTC
GCTGAGGCGCTCAGTGAGCCGGGCCTGGTCTTCGTAGCTGCCAAGTTCGACGGCATCCTAGGCCTGGGCTACAACTCCATCTCGGTGGACAAGGT
GAAGCCGCCATTTTACGCCATGTACGAACAGGGTTTGATCTCCGCTCCGGTGTTCTCATTCTACCTGAATCGCGATCCCGCCTCGCCCGAGGGCG
GTGAGATCATCTTTGGCGGCTCCGATCCCAACCACTACACTGGTGAATTCACCTACTTGCCCGTTACCCGCAAGGCCTACTGGCAAATCAAGATG
GATGCCGCCTCCATTGGCGATTTGCAGCTGTGCAAGGGCGGTTGCCAGGTGATCGCTGACACCGGTACCTCACTAATTGCTGCGCCCTTGGAAGA
GGCCACCTCTATTAACCAGAAGATTGGTGGAACTCCCATCATCGGTGGTCAGTATGTGGTTTCTTGCGATCTCATTCCCCAATTGCCGGTAATCA
AGTTTGTGCTGGGCGGAAAGACCTTCGAGCTCGAGGGCAAGGACTATATTCTCCGTGTGGCCCAGATGGGTAAGACCATCTGTCTGTCCGGCTTT
ATGGGCTTGGACATCCCCCCTCCAAACGGACCCTTGTGGATCCTCGGTGACGTTTTCATTGGCAAATACTACACCGAGTTTGACATGGGCAACGA
TCGTGTGGGCTTCGCCGATGCCAAATAATCGAACAAAGAAAAGTATACTTAAAATTTAAATTGTAAACATTATCGATCGATCCCATTGCGGGTTT
CTCCGAAGAATAATATATAAATTATCATTTTAGTAGATTTTCCATATA
(SEQ ID NO: 107)

Start ATG: 85

MQKVALLLVAFLAAAVAHPNSQEKPGLLRVPLHKFQSARRHFADVGTELQQLRIRYGGGDVPEPLSNYMDAQYYGPIAIGSPPQNFRVVFDTGSS
NLWVPSKKCHLTNIACLMHNKYDASKSKTYTKNGTEFAIQYGSGSLSGYLSTDTVSIAGLDIKDQTFAEALSEPGLVFVAAKFDGILGLGYNSIS
VDKVKPPFYAMYEQGLISAPVFSFYLNRDPASPEGGEIIFGGSDPNHYTGEFTYLPVTRKAYWQIKMDAASIGDLQLCKGGCQVIADTGTSLIAA
PLEEATSINQKIGGTPIIGGQYVVSCDLIPQLPVIKFVLGGKTFELEGKDYILRVAQMGKTICLSGFMGLDIPPPNGPLWILGDVFIGKYYTEFD
MGNDRVGFADAK*
(SEQ ID NO: 108)

Name: Cathepsin D
Classification: endopeptidase

Celera Sequence No. : 142000013383905
CTTATTCCTTGTTCCAGGCTGCCAGGTATTTCATGAGGTCCGTGAGACTCTCGAAATCGGTGCGGCTGGCTGGTGGTTCGTCCTTGGTGATTCTT
GGCAGTGCATTGCCCATCTTGAGGCGGAACTCCTGGAACTGCGAACGAAACGAAAGATTTAAAGCGAAATTCATTGAACAAATCGGAGGCATGCT
CACATCCTTGGCTCCGGATAGCTTCCAGAAGCCGTAGCAGAAGGCGCCGGTGCCCATCACGGCGTACAGTGTGCCCCAGCCCAGCGCCCGCAGGG
CCAGGGTGGCGCCCTCGTCCATCAGGATCATGCCTTGCCGCGTTCCAGCCTGCTGGAGGACCTTGCTATCCGTCTTCTTGGCGGTGGCCAGCGTG
CGCGAGAAGCCGAACAGAGCGGACACCCCGCCCACCAAACCCAGAAAGGCGGCGGCTAGAAAGGAGGATGAAATGGAGTTGTACTTCAGTCAGTT
GCTGGCTGATATATATGCGTGTGTCTGTATGTGTTTGGAGAACCACCTACCCTGGATGCGGAACTTGCGCTCCTTCTCGGCGGCCACTGCATCCG
CGCTGGTGCCGGCCTCGCTCATCCTTCTCAATTGCGATTTATTGTTGTCGTAACTACTAATGCCCGAATTGGATCGCACAACACAGCTGATTGCT
TGACCGCTCTTGACAACCAACACTGGTGCCGCAGCTGCCACTGCCACTGACGCGTTCGCAGAGGTGCTAAGATGGCGGGAGGGAAGCTAGAAGTG
AAGTGCTAAAAGATAGTTCAAAATATTCAACAGGTACTGGCCTTTCTCACTGACTATGAGAGTCAATTTGATTTTAATGTGCTGCATTTAATTTA
TTTGTTAAATTACTAACTAATACTAATAGATATATTTATATAAAAGATATAGCTAAAAAACGTCAGTCTGGCAACCCTGCTACAACGACCGCAAT
ATGGTATGGTATTTCGCCGCTCGCCCTGCAGTCACACTTTTCGGTCGGCGTTGTCCGCATTTTCACATCGCGTCTGAAAAAACGGGCTAA
TTCGCATTCGCAATCGCCTGTAGGGCCCGACTGGTATAGAATGCACGCCCAGCGTGCCAGCAACAAACAGTGATTGTTTACCCAGCCTTCTATTT
GGGCTTTCGCGTTTTTCGAGCTCCTTCTTTTCCCTTCCCGGTCGTATCCCTTGCCTTTTGCACGAGGTGAAAAGTGTGACGACGCAGCAGAAAAA
GCAAAAGCAAAAAAAAGGTGGAACAAAAAAAAACCGCACACACACACCGAAAGCAGGCTCCACTTTGGTCTAGTGGCCACCAGTATCGCTGACGA
CCAGGATGAGCACCCCCACGGACTCGAAGGCGCCGTTGCGCCAGGTGAAGCGCGTACAGTTCGGCATTTTGTCCCCTGATGAAATTGTAAGTGCG



GCTCACAGATTCATTCGATCGACGCCATATTGAAAAATTGAACAATATTGTAAACGCAAAAATAGCATTCCATCAATTCGCAATTCGTATATCGT
GGTTTTATATGGTCTATATGGGAAATGCTTATTTCATGTTCACATGCATTCCAGTAACGCGAGCAGGACAACAAATAACAGATAGTTCAAGTCCT
GTATCTTTAGGATCTTAAGCGAAACTCACTAAATATTCGATTAACTCGTAAAACCCTTGTATCAGAAATGTTTTCCAGCTGAATATCATTACTTC
TCAATAAAGTTTATGAATATATTACGTAAAGAAATTGTATATTTGTTATTAGTTTCCTGGGAAAGTTCCAAGTCATAGCAAAATAAAACACAATT
ATACCCTGCTTAGATTTTGGGAACTTGGAATCTATTATTTCGAATATCAAGTTATTGATGCGTATATCTAAAGGGTTCAAGACAAGGGAATTCAG
ATATATATATTCTATCTATGATCCTTCAAGCACCTGTTGGCCATATCAATATGACACGCACTTTAAGAATTTGACTTTATTTGATCCACATGTGT
TACTTCTTTCCTGCTTGCAGCGTCGCATGTCCGTCACCGAGGGTGGCGTCCAGTTTGCGGAGACAATGGAGGGCGGACGACCAAAGCTGGGCGGA
TTGATGGATCCGCGCCAGGGTGTCATAGACAGGACGTCGCGCTGTCAGACGTGCGCCGGCAATATGACCGAGTGCCCCGGTCACTTTGGACACAT
CGACCTGGCCAAACCAGTGTTCCACATCGGCTTCATCACCAAGACAATTAAGATTTTGCGATGTGTGTGCTTCTACTGCTCCAAAATGTTGGTCT
CGCCACACAATCCAAAGATCAAGGAGATCGTTATGAAGTCTAGGGGACAGCCGCGTAAGCGCCTGGCCTACGTCTATGATCTGTGCAAGGGCAAG
ACGATTTGCGAGGGCGGCGAGGACATGGATCTCACCAAGGAGAACCAGCAGCCGGATCCAAACAAAAAGCCCGGCCACGGCGGTTGCGGTCACTA
CCAGCCGTCGATCCGGAGAACAGGACTGGATCTCACCGCCGAGTGGAAGCATCAGAACGAGGATTCGCAGGAGAAGAAGATCGTGGTCTCGGCAG
AGCGGGTTTGGGAAATCCTTAAGCATATCACCGATGAGGAGTGCTTTATTCTGGGCATGGATCCCAAGTATGCGCGTCCCGATTGGATGATCGTG
ACCGTCCTGCCTGTTCCACCGTTGGCCGTACGGCCAGCGGTCGTGATGTTTGGTGCTGCCAAGAATCAGGATGATTTGACGCACAAGCTGTCCGA
TATCATCAAGGCAAACAATGAGCTTCGCAAGAACGAGGCCAGTGGTGCCGCAGCGCATGTGATCCAGGAGAACATCAAGATGCTGCAATTCCACG
TCGCCACACTAGTGGACAACGATATGCCCGGCATGCCCAGGGCTATGCAAAAGTCGGGAAAACCCCTTAAAGCCATCAAGGCGCGACTCAAGGGT
AAGGAGGGTAGGATTCGTGGCAACTTGATGGGCAAACGTGTCGACTTCTCCGCCCGTACTGTCATCACACCCGATCCAAATCTGCGTATCGATCA
GGTCGGTGTGCCGCGTTCCATTGCCCAGAATCTAACCTTCCCCGAGCTGGTCACTCCCTTCAACATCGATCGCATGCAGGAGCTGGTGCGCAGGG
GTAATTCGCAGTATCCGGGTGCCAAGTACATTGTGCGCGACAATGGCGAGCGTATTGATCTTCGCTTTCATCCTAAATCCTCTGATTTACATCTG
CAGTGCGGCTACAAGGTAGAGCGGCATTTGCGCGACGACGATCTGGTGATCTTCAACCGACAGCCCACGCTGCACAAGATGAGTATGATGGGTCA
CAGGGTGAAAGTGTTGCCCTGGTCGACTTTCCGCATGAACCTGTCGTGTACATCGCCCTACAATGCTGATTTCGACGGCGATGAAATGAATTTGC
ACGTTCCGCAGTCCATGGAGACGCGCGCCGAGGTGGAGAACATCCACATCACACCCAGACAGATCATCACGCCGCAGGCGAACAAACCTGTCATG
GGTATCGTGCAGGACACTCTGACTGCGGTGCGAAAGATGACCAAGCGCGACGTATTCATCACGCGCGAGCAGGTGATGAATCTGCTCATGTTCCT
GCCCACGTGGGACGCTAAAATGCCGCAACCCTGCATCCTGAAACCGCGTCCCCTGTGGACGGGCAAACAGATCTTCTCCCTGATCATCCCCGGCA
ACGTGAACATGATACGCACACATTCCACGCATCCGGACGAGGAGGATGAAGGACCATACAAGTGGATCTCGCCCGGTGACACCAAGGTAATGGTG
GAGCACGGTGAACTTATCATGGGGATCCTCTGCAAGAAGTCACTGGGTACATCAGCCGGATCACTGCTGCATATTTGTTTCCTGGAACTTGGTCA
CGATATCGCTGGTCGGTTCTATGGCAACATTCAGACCGTGATCAACAATTGGTTGCTTTTCGAGGGCCATAGTATCGGTATTGGTGACACTATTG
CCGATCCCCAGACCTACAACGAGATCCAGCAGGCCATCAAGAAGGCAAAGGACGACGTGATAAACGTTATCCAAAAGGCCCACAACATGGAGCTG
GAGCCCACGCCGGGTAATACTCTGCGTCAGACGTTCGAGAACAAGGTGAACCGTATCCTAAACGATGCTCGTGACAAGACTGGTGGTTCGGCCAA
GAAATCTCTCACTGAGTACAACAATCTAAAGGCTATGGTGGTGTCTGGTTCCAAGGGTTCCAACATTAATATATCCCAGGTAAGCTACTGACTAG
CGATTTTCATTCGAACTCATTTAATGTGCTGGCATTTTTATCTTCCAGGTTATTGCTTGTGTGGGTCAACAGAACGTGGAGGGTAAGCGAATCCC
CTACGGTTTCCGCAAACGCACTCTTCCCCACTTTATTAAGGACGATTATGGTCCTGAGTCGCGCGGTTTCGTGGAGAATTCGTATCTTGCCGGCC
TGACACCCTCTGAGTTCTATTTCCACGCTATGGGTGGTCGTGAAGGTCTTATCGATACTGCTGTAAAGACAGCTGAAACCGGTTACATCCAGCGT
CGTCTTATAAAGGCTATGGAGTCGGTGATGGTTAACTACGACGGAACAGTGCGTAACTCGGTGGGCCAGCTTATTCAGCTGCGTTACGGCGAGGA
CGGTCTTTGCGGCGAGCTGGTTGAGTTCCAGAACATGCCAACGGTGAAACTGTCGAACAAGTCGTTTGAAAAGCGCTTCAAATTTGACTGGAGCA
ACGAGCGATTAATGAAAAAGGTATTTACGGATGATGTGATCAAGGAGATGACCGACAGCAGCGAAGCCATCCAGGAACTGGAGGCAGAGTGGGAT
CGTTTGGTTTCCGATCGCGACAGTTTGAGACAAATCTTCCCTAACGGCGAATCCAAGGTGGTACTGCCGTGCAACCTGCAGCGTATGATCTGGAA
TGTGCAGAAGATCTTTCACATCAACAAGCGCCTGCCCACGGATCTCTCGCCCATTCGGGTGATCAAGGGCGTTAAGACATTGCTCGAACGCTGTG
TTATTGTCACGGGAAATGATCGAATTTCAAAGCAGGCCAACGAGAACGCCACGTTGCTATTCCAGTGCCTAATCCGTTCGACACTATGTACGAAA
TACGTGTCGGAGGAGTTCCGCCTGTCCACAGAGGCGTTTGAGTGGTTGGTCGGAGAAATCGAGACGCGTTTCCAACAGGCCCAGGCCAATCCCGG
CGAGATGGTGGGTGCCCTGGCTGCCCAGAGTTTGGGTGAGCCCGCTACTCAGATGACACTGAACACCTTCCATTTTGCTGGTGTGTCTTCAAAGA
ACGTAACATTGGGTGTGCCGCGTCTCAAGGAGATTATCAACATATCCAAAAAGCCCAAAGCGCCGTCGCTAACCGTTTTCCTTACTGGCGGCGCT
GCTCGCGATGCGGAGAAGGCCAAGAACGTACTGTGCCGCCTGGAGCATACCACGCTGCGCAAGGTTACGGCCAATACGGCTATTTACTACGACCC
GGATCCGCAGAGAACGGTGATATCCGAGGATCAAGAATTTGTGAATGTCTACTACGAAATGCCCGACTTTGATCCCACACGCATTTCGCCCTGGT
TGCTACGTATTGAATTGGACCGCAAGCGGATGACGGACAAGAAGCTGACAATGGAACAGATCGCCGAGAAGATTAACGTGGGCTTCGGGGAGGAT
CTCAATTGTATTTTCAATGACGACAATGCCGATAAGCTGGTGCTGCGCATTAGGATCATGAACAACGAAGAGAACAAGTTCCAGGACGAAGACGA
GGCCGTCGACAAGATGGAGGACGACATGTTCTTGCGCTGCATTGAGGCCAACATGCTGTCGGACATGACACTGCAGGGTATCGAAGCCATCGGCA
AGGTGTACATGCATCTGCCACAGACCGACAGCAAGAAGCGTATCGTGATCACTGAGACCGGAGAGTTTAAGGCCATCGGCGAGTGGCTGCTCGAG
ACGGACGGCACATCGATGATGAAAGTGCTGTCTGAGCGTGACGTGGACCCAATCCGAACATCCTCCAACGATATTTGCGAGATATTCCAGGTGCT
GGGCATCGAGGCGGTGCGAAAGTCTGTCGAAAAGGAGATGAACGCCGTGTTGCAGTTCTACGGCCTGTACGTGAACTATCGTCACTTGGCCCTGT
TGTGCGATGTGATGACGGCCAAGGGCCATCTGATGGCCATCACCCGTCACGGCATTAACAGGCAAGACACTGGTGCCCTTATGCGTTGCTCCTTT
GAGGAGACAGTGGATGTGCTAATGGATGCCGCCGCTCACGCCGAAACGGATCCCATGAGGGGCGTCTCTGAGAACATTATCATGGGACAGCTGCC
CAAAATGGGTACCGGCTGCTTTGACCTTCTGCTCGATGCAGAGAAGTGTCGTTTCGGCATCGAGATTCCCAATACGTTGGGCAACAGTATGCTAG
GTGGCGCCGCTATGTTCATTGGCGGTGGATCGACACCGAGCATGACGCCACCGATGACGCCGTGGGCTAACTGCAACACGCCGCGATACTTCTCT
CCACCCGGCCACGGTAAGTAAATCTATCCATTATGGGTTTTTGATTTTACTCTCGACTCAGCAACGCTATATCTTTTGTTAATTAACTTTTTTGA
TGCGATTGCCTAATATATTCAATCTCTTTCTTTCTTGTGCTTGCAGTAAGTGCCATGACTCCTGGCGGTCCCAGTTTCTCGCCTTCGGCTGCATC
GGATGCGTCCGGAATGTCGCCTAGCTGGTCGCCGGCTCATCCGGGCTCATCGCCCAGTTCACCAGGACCTTCGATGTCGCCGTATTTCCCAGCCT
CGCCGAGTGTTTCTCCCTCTTATTCGCCAACGAGTCCGAACTACACGGCATCTTCTCCCGGTGGAGCCTCGCCGAATTACTCGCCCTCGAGTCCG
AACTATTCGCCGACGTCGCCGCTTTATGCAAGTCCACGTTACGCATCGACAACGCCAAATTTCAATCCACAGTCGACGGGTTACTCGCCATCTTC
ATCGGGATACTCGCCAACATCCCCGGTCTACTCGCCCACGGTGCAATTCCAGTCGAGTCCGTCGTTTGCGGGCAGCGGTAGCAACATTTACTCGC
CGGGCAATGCGTACTCGCCCAGCTCGTCCAACTACTCCCCCAATTCACCATCCTACTCGCCGACATCACCATCGTACTCGCCGTCAAGTCCTTCG
TACTCGCCAACGTCGCCTTGCTATTCGCCCACATCGCCTTCGTACTCGCCAACGAGTCCGAACTACACACCCGTAACACCCTCATACTCGCCGAC
AAGTCCGAACTATTCAGCGTCGCCGCAATATTCTCCAGCCTCGCCAGCTTACTCGCAAACGGGGGTGAAGTACTCACCGACATCGCCGACGTACT
CGCCGCCGTCACCATCGTACGATGGGTCTCCCGGATCACCACAATATACGCCAGGATCTCCGCAGTACTCGCCGGCCTCGCCTAAGTACTCGCCG
ACCTCACCGCTGTACTCGCCCAGCTCGCCGCAGCACTCGCCCTCAAACCAGTACAGCCCAACAGGATCGACCTATTCGGCGACGAGTCCGCGGTA
CTCGCCGAACATGTCCATCTACTCGCCGAGCAGCACCAAGTACTCGCCCACCTCGCCAACGTACACACCGACGGCCCGCAACTACTCGCCCACGT
CACCGATGTACTCGCCAACGGCTCCATCGCACTACAGTCCCACGAGTCCGGCCTACTCGCCCAGCAGTCCCACGTTCGAGGAGAGCGAAGACTGA
GGAAGGGAGGACGGGGGTAGCTCCCCCAGCACGTCCCGATCTCCGGGGCGGTCAAGCCGTAGTTAAGTACCGACTACGCTCGATCGCCCGAACGG
GAAAGGTGAATTTAATAATATTATGTTTGTATACAGCAAATAGGTCTCTCATACAAAATTCAATACTGTTTGCAAAAGTAGCTTTAAACAAGTTG
TATAAATTAGCCTACAGTTTCGTATTTGGTTTTGTGGTAAAGTAAACATTTTGAATTGTTTGCGTTAACCAGAAAAGCGAATTCGAAGCCATTTA
TATTTGCACAAATTGTTTCAAGTTGCAATTCTCGAACTGTATTCGATAATGCGAATCTATTTCTTTGCACAACCCACTGTATGAAATTGTTTACT

AACTGGAAGACTCTTGTCACTCTTCTGCAAAGTACTTTCACATTTTTTTGAATATCCCTATTCTTATTTTGCCTAATGTTAGTATAAAGACCCTA
GTTATTAAAAACAACAACAAAACAAGCCAACGTCAGACACTATTTGTAGCGTTTTCCATATACCCTTTAAATCCCTAATTAACCCGATCAGTTGT
TTTCGCCTGCACACAAATGTTACTTATAAAGCATAAGAATGCAGGCACCCACCCATACACTACACTATATATTCATATATATTTTTACGTCCGAC
ACATTTTTGTAAATTATGACAGAAAACAAAATAGAAAATTATAAAATAAAAACCACAAAAAAATACTCAACAACATTGGTTTATTTACTTTACTA
AACTGATATGCTCATTCTGGCAGACTACTGCAATTACTTGTAGTTGATTTAGGGATTTGAGAGCCAGTGCGGCCACTCTTGGATCTCGTTGTATA
GAGTCAGTCCGGGACTCTGGGTGCTGATCACCTGGGAGCCGGCGATCAGGGCGTAATCCTCGCTCAGCTCACCCTGCTGCACTCCGCAGGCCAGC
AGATCTTTGGCCGCCTGGAGAGCCGCATCCGATGGAAGTTTATCTATCGGAGATGTTGGGCATGTAG
(SEQ ID NO: 109)

Exon: 1001..1416
Exon: 2016..4259
Exon: 4324..6568
Exon: 6697..7807
Start ATG: 1336

Transcript No. : CT4016
TTGTCCGCATTTTCACATCGCATCGCGTCTGAAAAAACGGGCTAATTCGCATTCGCAATCGCCTGTAGGGCCCGACTGGTATAGAATGCACGCCC
AGCGTGCCAGCAACAAACAGTGATTGTTTACCCAGCCTTCTATTTGGGCTTTCGCGTTTTTCGAGCTCCTTCTTTTCCCTTCCCGGTCGTATCCC
TTGCCTTTTGCACGAGGTGAAAAGTGTGACGACGCAGCAGAAAAAGCAAAAGCAAAAAAAAAGGTGGAACAAAAAAAAACCGCACACACACACCGA
AAGCAGGCTCCACTTTGGTCTAGTGGCCACCAGTATCGCTGACGACCAGGATGAGCACCCCCACGGACTCGAAGGCGCCGTTGCGCCAGGTGAAG
CGCGTACAGTTCGGCATTTTGTCCCCTGATGAAATTCGTCGCATGTCCGTCACCGAGGGTGGCGTCCAGTTTGCGGAGACAATGGAGGGCGGACG
ACCAAAGCTGGGCGGATTGATGGATCCGCGCCAGGGTGTCATAGACAGGACGTCGCGCTGTCAGACGTGCGCCGGCAATATGACCGAGTGCCCCG
GTCACTTTGGACACATCGACCTGGCCAAACCAGTGTTCCACATCGGCTTCATCACCAAGACAATTAAGATTTTGCGATGTGTGTGCTTCTACTGC
TCCAAAATGTTGGTCTCGCCACACAATCCAAAGATCAAGGAGATCGTTATGAAGTCTAGGGGACAGCCGCGTAAGCGCCTGGCCTACGTCTATGA
TCTGTGCAAGGGCAAGACGATTTGCGAGGGCGGCGAGGACATGGATCTCACCAAGGAGAACCAGCAGCCGGATCCAAACAAAAAGCCCGGCCACG
GCGGTTGCGGTCACTACCAGCCGTCGATCCGGAGAACAGGACTGGATCTCACCGCCGAGTGGAAGCATCAGAACGAGGATTCGCAGGAGAAGAAG
ATCGTGGTCTCGGCAGAGCGGGTTTGGGAAATCCTTAAGCATATCACCGATGAGGAGTGCTTTATTCTGGGCATGGATCCCAAGTATGCGCGTCC
CGATTGGATGATCGTGACCGTCCTGCCTGTTCCACCGTTGGCCGTACGGCCAGCGGTCGTGATGTTTGGTGCTGCCAAGAATCAGGATGATTTGA
CGCACAAGCTGTCCGATATCATCAAGGCAAACAATGAGCTTCGCAAGAACGAGGCCAGTGGTGCCGCAGCGCATGTGATCCAGGAGAACATCAAG
ATGCTGCAATTCCACGTCGCCACACTAGTGGACAACGATATGCCCGGCATGCCCAGGGCTATGCAAAAGTCGGGAAAACCCCTTAAAGCCATCAA
GGCGCGACTCAAGGGTAAGGAGGGTAGGATTCGTGGCAACTTGATGGGCAAACGTGTCGACTTCTCCGCCCGTACTGTCATCACACCCGATCCAA
ATCTGCGTATCGATCAGGTCGGTGTGCCGCGTTCCATTGCCCAGAATCTAACCTTCCCCGAGCTGGTCACTCCCTTCAACATCGATCGCATGCAG
GAGCTGGTGCGCAGGGGTAATTCGCAGTATCCGGGTGCCAAGTACATTGTGCGCGACAATGGCGAGCGTATTGATCTTCGCTTTCATCCTAAATC
CTCTGATTTACATCTGCAGTGCGGCTACAAGGTAGAGCGGCATTTGCGCGACGACGATCTGGTGATCTTCAACCGACAGCCCACGCTGCACAAGA
TGAGTATGATGGGTCACAGGGTGAAAGTGTTGCCCTGGTCGACTTTCCGCATGAACCTGTCGTGTACATCGCCCTACAATGCTGATTTCGACGGC
GATGAAATGAATTTGCACGTTCCGCAGTCCATGGAGACGCGCGCCGAGGTGGAGAACATCCACATCACACCCAGACAGATCATCACGCCGCAGGC
GAACAAACCTGTCATGGGTATCGTGCAGGACACTCTGACTGCGGTGCGAAAGATGACCAAGCGCGACGTATTCATCACGCGCGAGCAGGTGATGA
ATCTGCTCATGTTCCTGCCCACGTGGGACGCTAAAATGCCGCAACCCTGCATCCTGAAACCGCGTCCCCTGTGGACGGGCAAACAGATCTTCTCC
CTGATCATCCCCGGCAACGTGAACATGATACGCACACATTCCACGCATCCGGACGAGGAGGATGAAGGACCATACAAGTGGATCTCGCCCGGTGA
CACCAAGGTAATGGTGGAGCACGGTGAACTTATCATGGGGATCCTCTGCAAGAAGTCACTGGGTACATCAGCCGGATCACTGCTGCATATTTGTT
TCCTGGAACTTGGTCACGATATCGCTGGTCGGTTCTATGGCAACATTCAGACCGTGATCAACAATTGGTTGCTTTTCGAGGGCCATAGTATCGGT
ATTGGTGACACTATTGCCGATCCCCAGACCTACAACGAGATCCAGCAGGCCATCAAGAAGGCAAAGGACGACGTGATAAACGTTATCCAAAAGGC
CCACAACATGGAGCTGGAGCCCACGCCGGGTAATACTCTGCGTCAGACGTTCGAGAACAAGGTGAACCGTATCCTAAACGATGCTCGTGACAAGA
CTGGTGGTTCGGCCAAGAAATCTCTCACTGAGTACAACAATCTAAAGGCTATGGTGGTGTCTGGTTCCAAGGGTTCCAACATTAATATATCCCAG
GTTATTGCTTGTGTGGGTCAACAGAACGTGGAGGGTAAGCGAATCCCCTACGGTTTCCGCAAACGCACTCTTCCCCACTTTATTAAGGACGATTA
TGGTCCTGAGTCGCGCGGTTTCGTGGAGAATTCGTATCTTGCCGGCCTGACACCCTCTGAGTTCTATTTCCACGCTATGGGTGGTCGTGAAGGTC
TTATCGATACTGCTGTAAAGACAGCTGAAACCGGTTACATCCAGCGTCGTCTTATAAAGGCTATGGAGTCGGTGATGGTTAACTACGACGGAACA
GTGCGTAACTCGGTGGGCCAGCTTATTCAGCTGCGTTACGGCGAGGACGGTCTTTGCGGCGAGCTGGTTGAGTTCCAGAACATGCCAACGGTGAA
ACTGTCGAACAAGTCGTTTGAAAAGCGCTTCAAATTTGACTGGAGCAACGAGCGATTAATGAAAAAGGTATTTACGGATGATGTGATCAAGGAGA
TGACCGACAGCAGCGAAGCCATCCAGGAACTGGAGGCAGAGTGGGATCGTTTGGTTTCCGATCGCGACAGTTTGAGACAAATCTTCCCTAACGGC
GAATCCAAGGTGGTACTGCCGTGCAACCTGCAGCGTATGATCTGGAATGTGCAGAAGATCTTTCACATCAACAAGCGCCTGCCCACGGATCTCTC
GCCCATTCGGGTGATCAAGGGCGTTAAGACATTGCTCGAACGCTGTGTTATTGTCACGGGAAATGATCGAATTTCAAAGCAGGCCAACGAGAACG
CCACGTTGCTATTCCAGTGCCTAATCCGTTCGACACTATGTACGAAATACGTGTCGGAGGAGTTCCGCCTGTCCACAGAGGCGTTTGAGTGGTTG
GTCGGAGAAATCGAGACGCGTTTCCAACAGGCCCAGGCCAATCCCGGCGAGATGGTGGGTGCCCTGGCTGCCCAGAGTTTGGGTGAGCCCGCTAC
TCAGATGACACTGAACACCTTCCATTTTGCTGGTGTGTCTTCAAAGAACGTAACATTGGGTGTGCCGCGTCTCAAGGAGATTATCAACATATCCA
AAAAGCCCAAAGCGCCGTCGCTAACCGTTTTCCTTACTGGCGGCGCTGCTCGCGATGCGGAGAAGGCCAAGAACGTACTGTGCCGCCTGGAGCAT
ACCACGCTGCGCAAGGTTACGGCCAATACGGCTATTTACTACGACCCGGATCCGCAGAGAACGGTGATATCCGAGGATCAAGAATTTGTGAATGT
CTACTACGAAATGCCCGACTTTGATCCCACACGCATTTCGCCCTGGTTGCTACGTATTGAATTGGACCGCAAGCGGATGACGGACAAGAAGCTGA
CAATGGAACAGATCGCCGAGAAGATTAACGTGGGCTTCGGGGAGGATCTCAATTGTATTTTCAATGACGACAATGCCGATAAGCTGGTGCTGCGC
ATTAGGATCATGAACAACGAAGAGAACAAGTTCCAGGACGAAGACGAGGCCGTCGACAAGATGGAGGACGACATGTCTTCGCTGCATTGAGGC
CAACATGCTGTCGGACATGACACTGCAGGGTATCGAAGCCATCGGCAAGGTGTACATGCATCTGCCACAGACCGACAGCAAGAAGCGTATCGTGA
TCACTGAGACCGGAGAGTTTAAGGCCATCGGCGAGTGGCTGCTCGAGACGGACGGCACATCGATGATGAAAGTGCTGTCTGAGCGTGACGTGGAC
CCAATCCGAACATCCTCCAACGATATTTGCGAGATATTCCAGGTGCTGGGCATCGAGGCGGTGCGAAAGTCTGTCGAAAAGGAGATGAACGCCGT
GTTGCAGTTCTACGGCCTGTACGTGAACTATCGTCACTTGGCCCTGTTGTGCGATGTGATGACGGCCAAGGGCCATCTGATGGCCATCACCCGTC
ACGGCATTAACAGGCAAGACACTGGTGCCCTTATGCGTTGCTCCTTTGAGGAGACAGTGGATGTGCTAATGGATGCCGCCGCTCACGCCGAAACG
GATCCCATGAGGGGCGTCTCTGAGAACATTATCATGGGACAGCTGCCCAAAATGGGTACCGGCTGCTTTGACCTTCTGCTCGATGCAGAGAAGTG
TCGTTTCGGCATCGAGATTCCCAATACGTTGGGCAACAGTATGCTAGGTGGCGCCGCTATGTTCATTGGCGGTGGATCGACACCGAGCATGACGC
CACCGATGACGCCGTGGGCTAACTGCAACACGCCGCGATACTTCTCTCCACCCGGCCACGTAAGTGCCATGACTCCTGGCGGTCCCAGTTTCTCG
CCTTCGGCTGCATCGGATGCGTCCGGAATGTCGCCTAGCTGGTCGCCGGCTCATCCGGGCTCATCGCCCAGTTCACCAGGACCTTCGATGTCGCC
GTATTTCCCAGCCTCGCCGAGTGTTTCTCCCTCTTATTCGCCAACGAGTCCGAACTACACGGCATCTTCTCCCGGTGGAGCCTCGCCGAATTACT
CGCCCTCGAGTCCGAACTATTCGCCGACGTCGCCGCTTTATGCAAGTCCACGTTACGCATCGACAACGCCAAATTTCAATCCACAGTCGACGGGT

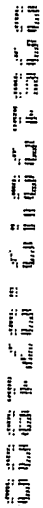
TACTCGCCATCTTCATCGGGATACTCGCCAACATCCCCGGTCTACTCGCCCACGGTGCAATTCCAGTCGAGTCCGTCGTTTGCGGGCAGCGGTAG
CAACATTTACTCGCCGGGCAATGCGTACTCGCCCAGCTCGTCCAACTACTCCCCCAATTCACCATCCTACTCGCCGACATCACCATCGTACTCGC
CGTCAAGTCCTTCGTACTCGCCAACGTCGCCTTGCTATTCGCCCACATCGCCTTCGTACTCGCCAACGAGTCCGAACTACACACCCGTAACACCC
TCATACTCGCCGACAAGTCCGAACTATTCAGCGTCGCCGCAATATTCTCCAGCCTCGCCAGCTTACTCGCAAACGGGGGTGAAGTACTCACCGAC
ATCGCCGACGTACTCGCCGCCGTCACCATCGTACGATGGGTCTCCCGGATCACCACAATATACGCCAGGATCTCCGCAGTACTCGCCGGCCTCGC
CTAAGTACTCGCCGACCTCACCGCTGTACTCGCCCAGCTCGCCGCAGCACTCGCCCTCAAACCAGTACAGCCCAACAGGATCGACCTATTCGGCG
ACGAGTCCGCGGTACTCGCCGAACATGTCCATCTACTCGCCGAGCAGCACCAAGTACTCGCCCACCTCGCCAACGTACACACCGACGGCCCGCAA
CTACTCGCCCACGTCACCGATGTACTCGCCAACGGCTCCATCGCACTACAGTCCCACGAGTCCGGCCTACTCGCCCAGCAGTCCCACGTTCGAGG
AGAGCGAAGACTGAGGAAGGGAGGACGGGGG
(SEQ ID NO: 110)

Start ATG: 336

MSTPTDSKAPLRQVKRVQFGILSPDEIRRMSVTEGGVQFAETMEGGRPKLGGLMDPRQGVIDRTSRCQTCAGNMTECPGHFGHIDLAKPVFHIGF
ITKTIKILRCVCFYCSKMLVSPHNPKIKEIVMKSRGQPRKRLAYVYDLCKGKTICEGGEDMDLTKENQQPDPNKKPGHGGCGHYQPSIRRTGLDL
TAEWKHQNEDSQEKKIVVSAERVWEILKHITDEECFILGMDPKYARPDWMIVTVLPVPPLAVRPAVVMFGAAKNQDDLTHKLSDIIKANNELRKN
EASGAAAHVIQENIKMLQFHVATLVDNDMPGMPRAMQKSGKPLKAIKARLKGKEGRIRGNLMGKRVDFSARTVITPDPNLRIDQVGVPRSIAQNL
TFPELVTPFNIDRMQELVRRGNSQYPGAKYIVRDNGERIDLRFHPKSSDLHLQCGYKVERHLRDDDLVIFNRQPTLHKMSMMGHRVKVLPWSTFR
MNLSCTSPYNADFDGDEMNLHVPQSMETRAEVENIHITPRQIITPQANKPVMGIVQDTLTAVRKMTKRDVFITREQVMNLLMFLPTWDAKMPQPC
ILKPRPLWTGKQIFSLIIPGNVNMIRTHSTHPDEEDEGPYKWISPGDTKVMVEHGELIMGILCKKSLGTSAGSLLHICFLELGHDIAGRFYGNIQ
TVINNWLLFEGHSIGIGDTIADPQTYNEIQQAIKKAKDDVINVIQKAHNMELEPTPGNTLRQTFENKVNRILNDARDKTGGSAKKSLTEYNNLKA
MVVSGSKGSNINISQVIACVGQQNVEGKRIPYGFRKRTLPHFIKDDYGPESRGFVENSYLAGLTPSEFYFHAMGGREGLIDTAVKTAETGYIQRR
LIKAMESVMVNYDGTVRNSVGQLIQLRYGEDGLCGELVEFQNMPTVKLSNKSFEKRFKFDWSNERLMKKVFTDDVIKEMTDSSEAIQELEAEWDR
LVSDRDSLRQIFPNGESKVVLPCNLQRMIWNVQKIFHINKRLPTDLSPIRVIKGVKTLLERCVIVTGNDRISKQANENATLLFQCLIRSTLCTKY
VSEEFRLSTEAFEWLVGEIETRFQQAQANPGEMVGALAAQSLGEPATQMTLNTFHFAGVSSKNVTLGVPRLKEIINISKKPKAPSLTVFLTGGAA
RDAEKAKNVLCRLEHTTLRKVTANTAIYYDPDPQRTVISEDQEFVNVYYEMPDFDPTRISPWLLRIELDRKRMTDKKLTMEQIAEKINVGFGEDL
NCIFNDDNADKLVLRIRIMNNEENKFQDEDEAVDKMEDDMFLRCIEANMLSDMTLQGIEAIGKVYMHLPQTDSKKRIVITETGEFKAIGEWLLET
DGTSMMKVLSERDVDPIRTSSNDICEIFQVLGIEAVRKSVEKEMNAVLQFYGLYVNYRHLALLCDVMTAKGHLMAITRHGINRQDTGALMRCSFE
ETVDVLMDAAAHAETDPMRGVSENIIMGQLPKMGTGCFDLLLDAEKCRFGIEIPNTLGNSMLGGAAMFIGGGSTPSMTPPMTPWANCNTPRYFSP
PGHVSAMTPGGPSFSPSAASDASGMSPSWSPAHPGSSPSSPGPSMSPYFPASPSVSPSYSPTSPNYTASSPGGASPNYSPSSPNYSPTSPLYASP
RYASTTPNFNPQSTGYSPSSSGYSPTSPVYSPTVQFQSSPSFAGSGSNIYSPGNAYSPSSSNYSPNSPSYSPTSPSYSPSSPSYSPTSPCYSPTS
PSYSPTSPNYTPVTPSYSPTSPNYSASPQYSPASPAYSQTGVKYSPTSPTYSPPSPSYDGSPGSPQYTPGSPQYSPASPKYSPTSPLYSPSSPQH
SPSNQYSPTGSTYSATSPRYSPNMSIYSPSSTKYSPTSPTYTPTARNYSPTSPMYSPTAPSHYSPTSPAYSPSSPTFEESED*
(SEQ ID NO: 111)

Classification: enzyme
Gene Symbol: RpII215
FlyBase ID: FBgn0003277

Celera Sequence No. : 142000013383748
CTCAATAAATTCGTCCCCCTCCATATAATAACCCCCCCCCCCCCACAGAGAACAAAACCAAAAAACAAAAAAAAAAAAGGTATCGAGCAACTTCA
CAAAAGACCACCACACAACCCAGCCATCTCTTCGATCCGAATGGTTCGCTAGTATAGCCACAGTACAACTATGGTACACATTGGTTTTTAGGCCT
TAAGACTTTGGTAGATTTTAATTCAGAAAATGAAAAGATAAAAAGAACAAGCCACCAGCGCAACTACAACTACAACACACAAAGAGTGAGGCATC
CGATGAACAATGGATGTCAAAGGTAAATTTATTGTATGTCCGCGAACCTAAATTATTTATCCACTTGGTTTTTACCCTAAATCTGTCGCAACACA
AAACATGTCAAGAGAAAAGTGAAAAAAAGGTACTATATGCGATTGTTTGGCGTAAGTGCAAGTAGTTACATAAGTCGTGAAATGAGAATCAATAA
ATTGAACCTAATTTAAAACCGAAAATATACACAATGGGTGTTTTTAATGGGAATGTCGGGATTTTCAGCTTTTCTTAAAAACAAATTACAAAAGG
ATACCCATTGCCCAAATTGAAATTAACGCAGCGCTGGCTTAACAATAATAATTATTTATTTATTTTCAAAGTTTCTTCTTGTCTATAACAATTAG
TAATGACTTGAACGCACACACATCATATGATTTTCGTGATCGATTCGCGGGGGATAAGCACATGCAGGGCTATATATATTTATGTGTAGATAAAT
ATAAATATACACAATGCAAATAACTTTCGTTTAGAACAATATCAGAATTTTCAATTATGCGCCGACCAAAAGATGGTAAACTACTTTTGGTTCTA
ACAAAAATTATTGTCAAATCTCCGCCAGGAGTTTTCGTTCAATTAAGAATCAAAGACTACATGGTTAAGTGGGTTAATTGCTAACTGGAAACGTT
ATCGTGGCGATAAAACCTGCGCGGGTTGGGTTCACAAATCATAGGGTTTAAAAATGTTTTTATATATTTCTCATATATATCTATATATGCATAT
AAAGAAGAGCTTAGAAGCATTCAGCTATGACACAGTAACAAAGAGGAAAAAAAAAAAACAATTAGGGTAATTTAAATTTTTAATCCTAAGCCGGA
GGATTGACACTTAACACAGGGATCGAGGACGGGGAAGTTGGCAGCTGATCTACTTGTACTTCTTCATGAACTCGGCGTGGAACACACGGAACTTC
TCCATCATCAGCTTCAGCTTGTCCGTTTGCGGGAGGATCGTGCTTCGGAAATGCCACGTGCCGGGCTTCTGACCAAATCCACTGCCAGGAACAAT
GCAAATGCCTGGGAGAAAATTAAACAATAAATTGAGAGACTAACAAACGAGGTCAGCAAAGAAAACTCACCGCTCGTCTCGAGCAGCTCAAATGC
GTAGAAAACATCGGGGGCCATGCCCTTGGCCTTGGCCGCCTCGATCGCCTTGGGCGGGATCTCGATCTGTGGAAAGACGTACATGGCGCCCTGTA
CGGGGTTAACCTTGTAGCCTTCGAAGCTGTTCAGTGCCTTGTGGACGAGCTCGGCCCGTTCTTTTAGAGCGGCCAGAATGCCATCGCGCTCCTTC
TTGTACAGATCGTATGATGGCTCTCCGGGCTGCGGTGGATTGACCAGGGCACTCACGGCCACCTGGCCAGCGGTGGTGCTGCAAAGCGCCGCCGT
TATCGACTTGGTCAGCATGGCCTTGACCTTGGGATCAAGATTGAGAACCTCCATGTAACCGCCGCGAATGCCGCACTCGCCCAGATAGCCCTTCG
AGGTGGACAGGAAACTGACCATTTCCAGATTACGATAGGGGTCGCCCATTTCGTAGGCCACCTTCTTGAACGACCAGAACTTGGAGTTCTTGTCG
TAGACATTGTCCTGGTACACCTCATCGGCCAGCACCAGCACCTTGTTATCGTGTGCGAACTTAATGATCTCCTCGATGTTCTCGCGGGTCAGTAC
CTGTCCGGTGGGATTGCCCGGATTGATCACGACCAGGGCACGCGGATTGCAGACCTTCTTCGCCTCATCGTAGGACCGTTGCAGCTCCTTCCTGT
CCAGGCTCCAACCGGTCTCCTCCTCCAGATAGTAATCCACCTTGGTCATGCCGTATTCGGAGATGGTGGCCGAGTACAGTGGGTACTGCGGAATG
GGCACCATGACACCAGGCGCCTTGCATCCCACCTCGGCGCTGAAAAAAGAAACGTAAAGGTAAGCTTCAAATGTATTTAGAATTCCTTAGTAAAT
GCTCAGTAGTATTTCATAAACAAAGTGTTTGAATAATACTACTGAGCAATAAACAATAATAATATTTATCTATCTGGCTGCCACATAAGTTGTCA
ACCCAAAAAATGGCACAATTTTGGGCCATATCTCTGGCAAATCTCTGGTTTTAACTGATAAGTCTCGACAGAAGAAGCGCCACATCATGGACAAT
AAAAATGTTGGCCCTGGCGACATACTTGATCATGGAGAGAATGCTCTTGATGCCGGGAGAGGCACCGCCGGTTAGATAGATGTCCTGCCAATTGG
AGGCGATGCCGCCATCCCTTTTCTCGATGTACTGAGCAACCTGGCGACGCACCACCTCCAGACCGGCGGAGTCGGTGTACGAGCCCACCGATTGA
CCCTGGCAGCCGTTCAAAATGGCACAGGCGCGCTTCTTGACGTCCTCGGGATAATCGGGTGAATCCAGCAGACGTGTCTCGAAGGTCAGCGCCAA
CAGCTGATAAGTAAAATATACAATACATTTAATGAAATCATATCATAAATGAAGGGGCCAAAACTCACCTGTCGCAGGAAGGTCAAGGGCTGCTG



GCCCATCGCATGGCAATCACCGATGTTGGCACGGATCACCTGGTCGAATGGCTTCTTGACACCCTGCAATCAAATTCAATCGGAACGGAATTACA
AATTAGCCATATAAAATAACTCATTGTTTGCTCGCTGGCCAAATGAAAGTGTAATCGCTGCAGGCTGGCGGATCAAATGGGCATTTAATTTGATT
TGTGGCTTTCGCCATGCAAATTACACTCAAGTGGATTGCCAAGCTAAATTGAAGACCAGCCAGAGTACAGAGTAATCGATTAAGTATCAAATTCA
ATCAAATATTTATCAGTAATGAGCCATTGTGGATTCAGCAAATGGTATTCTCTTTCAAATAGACGCCTGCTAGAAATAACTATCAAATGACCATC
ATTATAGTTACTTAACAATGTGAACTAGTTTACATTCAGTAGCAAATCAATGGTGCAATCTGTTACGATCTTTATAATCCAGCACACTTTGGGGA
ATCCCAAATTAAAGTTTCTAAACGAATTAAAGTCATTGTAGACACAGGCAACCAGTAGTTTAGTTTCCCGCACGAATAGAGGTCACAATAATCGG
CTGTGGAAATTGTCAGCTGAACAAAACACACAATTTGCAGGGCACATGCTAGTTGCACTCGTTCATGGAAGACAACATCTCATCGTCTCGGGTTC
CATTTAACCACGCTCAAATGGCCAATTTACCACATAATGTCACGGAGGTTCGAGGAGCTGCGATGATATTGTGTGTTTTTTTTTTTTTTTTGAGA
GGCGAAACAATGCAAGTTGCGCCATGTAAGCGAACTGCAGCGCTGCCATTGACGTCACTCGGCAGTGGATGTGTTTTGCCTGACAATGTGATAAT
TGGAAAATTAAGGAATTCTGGGCTGTGGAAAAATCATCCAGTGCTCGAGTTTGGTTACTAAGAGTATAAAATCGTCAAGTTCTCACCGTGCAAAC
GTGTGTCACCTTATCGAATTCAGTTAATTATTTATTATTTATTTTTTTTTTTTTTAATTTCGAAAATTACTGATAAAAGTGTTGCCGAGTCGCGG
CAACTGAACTGGCTTGTGTTTGTAGTTCGTGTGGAAATATGTATAGAAATGGGTCCTCTATCGCATCGCAAATCGAACAGTGCTGGTGAAAAAAA
ATGATATGCCAAAGTAGTTTCGAATATTTCAAAACCACAAAACCGCAGAGATAGTGTTAAGAAATCAATTAATAGCCCATCTAAACTCAGTTAGA
AATTGCTAGTTAAGTTTTTAGCATCGTTTTGGAAATGGCTACTAATTAACTGACCAGCGCTGTTCGCACCTAAAGAATATTGCTTGCATATTCCT
TTCTACCCTTCACTTCGCACTTGAAATCGTTGTAAACAAACTTTTTGTGCTAAGTGGCAATATAATTGATAACTACATATATATGCACAACATAT
ATACTCGTGCAGGCAGGTAAGAGTCGTATAATCATATAGGCGCTGTATAAAAGGCGTTAGCAACTCAAACATTATCGCCAATACGAATCGAAGGA
AAGTATAATAATATGTTGGCAAATGTTAATGCCAAAAGGAAGTCAAAGTAAACAGAGGGAAATGGGCATGATTAGGAATTAGAAATGATTATTAC
ACGGGCACAGAATTGTTAATAATCCTATATCGTAGTGAACAGGACGAAGTGAAGTACATAAATGCCAGTGATAAGAATGCCTGCTGCTGACAGAT
GATGAGTTTCTTTTGGACCATTGCCAAATCCGTATGTTGAATCTGTGGGCAAGTGGAGGAATTTGATAAAACGCAGAATGAACAGCACAGCAGAT
TCAGTCGTGCGGATAAGGAAATCAAATCGCAGCGGGAAAACTGGTGGGGGAAATCAACTGGCAGCGGCATTAAAAACGCAAACACAGAATGTGAA
AAGTCAGCGGGGCTCACAATGGATTTAACTATATGTATATACATATGTATATCTTTAAATATTCATCACATATTTGTGTACATATGTACATATAG
TATCGTTGCGGGTCACAAAAGTTCGAAGAGAATTTTGCAAAACAAATGAAGGAAAAAAAAAAATGGAAAGCAAGAAGTGCAGAGAGAAAGCATCGT
GTGTATACAACATGTTTTCCCCACAGACTCATGCGCATGTTCGGCCTTTGTTATGATTTTTCACTTTCCCAGTGATAAGAAAAGGTCCACGGAAT
CAGAATCCGAATCAGAATCACGCCCACGCTCGCCCACAATTTCCGCACTTATGTAAGCCAAGTTGAAGGTCGTTCAGTGAACCCGCATCGCATCG
CGTCGTTCGCTCTTCATCTAAATACTTTATTTAATTGATCCAAGAAGCACAATTTAGAATAATTACAAACATTAACTGGCAATTAAGAGCATGAC
TCGTTATGGAAAACGGCGAAGAAACGCCGTTTTTTTTGTTTTTTTTTTTTAGATGAGAAAACCGGTTAATTTGGGCCAACTGCCTGTGGAAAAAT
CATTCACATGCCGAGCAGTACTTAAATTAATTAGTTTATTGACTTGTTGTTTGCTCTAACCCAAAAAGTGTAATTTCCCCTTAGCCCAAAGTTCA
CTTATAAAGATATATATTCCGTTTTAGATAAGTCTCGATATTTTTATAGCGGTCTGATTACAATTTCAAGTCTTATCTGAACTTTTGGATTACTT
CTGATAGCTTTATTGTTGCCCAAAAATTGTTTGTGTTTAGTTGAAGTAAATAAAATTCCGAGCTCTATTTTTGGCAAATTTTAATGGGTTTAGTT
CAAGTGGTTCAAACACTACTCTAAATTCTTGATGTTGAATAAAAAACAAACAATTGTTTTGATCAACTTTGTGCTCTTTGGTAAACATTTTCGC
TCAAAACTGAAATTAAACATATGGCATTTTACTTTCGTAAGCTTTTTATGCTCGTGGAATAAGAAATGGGTTTGGAAACTGGTTTTTTTTTATT
CGACAAGCTTATTGTTTTTGCAAAAATGTGTTTTTTGCAAAACAAAACCTTATCGCATTGAATAAACAAAAGCTAAAGTTTTCTATGTTTGTTTG
TTGAAACTTTATACATTCGATAGATTTTTTATTGGATTGCTAGCTGAATTGGTACTCCCCTGGCTGGTTCTTATCACACTTCCATTCTTATCAAT
CCAAATTACTTCATTTCGTGGGCGTATTTTCCAACAGGTGTCCTTGAGAAAGGGGTGACCACGATTGCCAGCCGAAGGTGAATGATTCAGCGCTG
CGTGGCCGCTCCATTCAAGCGCGAATAAAAAAATGAAAAGGGCGGCAAAAAACAAACACAGACGCGCCTCACACTTGATACATACATACATACAT
AAACGTGCATGTGTATATAAGTAGATATACATAGAGACATAGCGTGCTTAGATATTAAAATGCGGGCTTTGAATTGCCATTAAATTGCCATTGAA
TAGAGGGAAGGGTAGGGGGGTGTGTGCAAAACACTAGTTAATGGCGTCGCACTTTGCCGCTTTGTTTGCCCGATTACTTGTGGATCAATTTCCCA
TGGCATTAACTAACACTCACCTTTTCCAGTTCCTTCTCGATTTCCCCAGCACGAATCACCAGAGGACCGCGAACGGCATATTCCATGGCAATAAA
GTTGGGATTTATGTTATCCAGTGTGAGCGCTTTCGACGACGACGGCATTTTGTGGCTGGTTGAAAAGGAACTGAGAAAAAAAAAGAAGGGGATGG
ATATTCACTTCAGCAATCAACAATCACTTCTTGTTCGATATATAACGTGTTTTAAATGTGTTTTAAAATATATTGTTTTTGTTATGCGGCTTTTT
CAGCGAACGAAACTAACCGGCGGACGTCTAACGGTTGAATGAAATCGCCGCTTGTTCCATGGCGCTGCGACGTCGCTGCTGCCGTCACCGTTGCT
GTTGCCGTTGATTTCGCCGCACGTCGATTGGCATTGTTGCTGTTGTTGTGCAGGAACGATTTCCAGCGGCGAATAACGTACTGTTGCTGCTGGCG
CTGGTGCTGCTGCAATGCGGCCGAAACTGTGGCGGCAGCAGGTTTAATTAGCATTCGACTCATTATTTCTGCAACGAGAAGAGCGTCTCAGTAAG
TAAATTACTCAAAATACAAAAAAAAGGAAAGAGACAGACCGCGCTTTAATCGCAAGAATTTAGCACCATGAGAACAGCGGAAAGAAGAAGAAGCA
GCGAAATGAAGGGTGTGTGCGTGTATAAGAGTCCGGCTCACAATTATAAGAGCGGCGAATTGAAAGGCTCAGCTGTTATCACTACACCGAAAGCA
ATTAGTTTCGAAGCAGGGAATCATTTAAATAACTTTGTAGCTAGGAAAACTTAAGCAACTATAGATATTTCGATGTGAAATATATATCATATTAT
ATTAAGCATTTTTATATGGTATTGTTAGCACGCGCTCAATATAATATTCAAGTACCTAAATACATTTTCTTCACTGTGCATTTTTGTATCTTATC
AAAGACAAGGCGTGGTATCATTTACTTTTTCAGAGCTTATCAATGTGATTGCTTGTGGTTCGATACTTTATTGCCTTTCTGTTTATCAAGAAGCT
AAAGTGTAAATATTTACGACCTTTGGAAACTTTGCAATTAAATTCGCCGTGCATTTATCCTAGACTCAAACCCAATTGCACTCGCCGCAAGGCGC
GCATTTCAAAACTGCAATCGAGCATTTCTTATCAGAGTTTTGGGGCTTTGCACAAGCAACTGCAAAGCTGAAAAATATATATTTTATTTGAGGAG
GAATATATATTTTTGGAAAATATAAAAACGGTTACCGGCTGAATAAAATGAATGGCCATAAAGCCTAATCTCAAGAACATTTATTGCTTGACCAT
CCAGAAAATTTAATTAAAAATGGGACCGTTTAGAATCTACTTGTGTGTGCTGCTATATATTTCACTATATTTCTTATCTTGGTGGAACTTTTTT
TTAGAGGCAGTTAACGGATTTGTGGGCCATTTACCCAGGCATTATGTATACATATGTATGATTTAATAGCTATATTTCTCCATTAAATCCACTGG
CAGGGCATCCATTGGTGGGGGCCACTATCAGTTGAGCGTACTTTTGACTTTGAGCCAAATCGGCGCAGCTTATCAGTGACGTCCCATTCGCAGCT
TACGATTCCCTGTCTTTCAATTGAATATATGTATATAGCTTTTCTGATTTCTGCACTTTGAAACGCCAATTGCGTAATGCAAAAAATGAGCAAAC
GAACAAAGAATCTTTTAGAAACATGACAATGACCAAAGATCGACATTACCTCCAAAATACTATACTTTTCGCACTCAAAAATCAGCATCAATCAG
CCGCAGATTGTTTGCTTTCTTTTTAGCGACAGCGAATTTATTTGTTTTTAAATTAAAAATGTACTAAATGCCGGTCCCGAAAAATACACAAATGT
ATGCTATTTTATATACGCACATATGTATCTTTGGAATATATGAATGTATGTGTATATATATAGGTATATTGTTTAGACGAGACAAACTGAAACTT
GTTGGCAATAACTTTTTGGAAAACCGGTTGCGGTTTGATGGCATTGATATAGACGAAAGGGTTAAGAATTAGGGGAAAGGGGTAAGAATTTGGG
AATGAGAAAACATCGATACAGTGATCTCTGCTTAATTAAGACAAATTCAATACGATGCCGATATATAGATATAGATAGATATAAAATAATATATC
CAATAGAATTTTTATATGATAACCATCTAAAGCAGCTGTGCATAGAACTTTTGCGTATTAATTTAAGAAACATTACCTCCAAATATTTATTTTAA
ATAAATTTTTCAAATTTTAACATTTTTTTTTTTTTGAGACAACTTTTGTTAGTCACTGTTTATCTGCGATATATATATATGCAGCGTATCGCTTT
TGTTTGTGATTGTTTTGACAACAAAACTGGCTTATGCAACGAACTGTTAAAAAAAAATCTGAAACAGAAAATTATGTGAACTGGCTGCACTTTGC
TTCAAAGACCCCGCTCCCCCCTGCACTTTCACCCCCCGCATTGGGGGGATTATCAGACAAACCAACTGGATAAGATAGTAACGATAAGGAATCCA
ATTAGAACACGGCCATTCGGATTTACTAAAATCACAACTTTTGCCAAACGTTAGTAAATTATATTAAATTATATTGTAACTCCGATTGACACGTA
GAGCGCAACGAACAACAGCAACACAAAAAGAAGCAGAAATAACGGGTAAAGGGGGTGTTTTGATGTGCTAATTGGGTTGCTAAACAGCTGTTGAC
GCCGCACAAATTGAGCACAAAAAAAAAAACAATAACACGGCACGCAATTCAATTAGGGAAACGCACGCAGAACGATAAACAAAATCAGGGTACTA
TTGTGTATTAGATTTTTTTTTGGGCGCACAAATCACTTTCACTGTCACTTCCTCGCTGCTCCCAATTAGAATTTCTCGGCCACTGTGTTTATATA
TATGTACATATATGCACATGCATATATACATATATACGTCGGCAGTTCAAGAGCAAAAAATCGATTTTTCGCTGCACTTTTTAGTCGTTTCACCT
TGATGGGCGCAAGTGGGCGTGGCGATTATCTAACGGCGTTTGTTGTGATCCCAAGAACTTGCATAAACTTATTAATAAACGCGATATGTCTGTAT
ATAAAATACCTAATAAAAACGTGTGTGCTTGCTTGGCTGCGTGTGTGTGCGCGTACGTGTGTGTGTGTGCGAATATGTGCGGCGTGCGAGCTC

CAATCAGAATCGTATCAAAAATTCAAAGCTCTTTGGCCGCTAGACGCAATTAAGGAACTGACAACAAGAACTGAAACCGCACCGAGATGGAAAAT
GAAGTGCTGGCAGTATTTACCGACTATATGTTTTTCTTGCGGGCAAAAGTCACGATGAAGCGGGCAGCGATTAAGTTTTAAAAATATCACGTCTG
CAGCCCTCGCAGCCAAACTTTCGATAGACGGCGATAGATCGATAGACCAGCGATTTGCACCAACACTGGAAAGCTCAGAGCATTCAAAAACAAAC
TAATGTGTTTTATAAATAGCTCTTTTTAAATATCGATTAATTGCGATCTTAACTAACTTTCGTTTATTTCTATTAATTATGAACTTACTTCTGTT
TTTAAACATCTTTGCTCTTTGCTTGTTTTTCGTGTAAGGCTTTAAATTCACTTAAACAATTTTGCTGGCTTTGTGCGCATCTTCATATATCACTG
AAATTGATTGTTATAGGAGTGTCCCATTGAATTAGTTTTGTGTCGATTCAATCCTGGCCCGAAAATGTATGAACAAGCTATGCCCTACATTTTAC
CCATAGTCTACTTAGGTTTGTTTATATAGTATTCTTTTCAAGTTCGTTATGATAGCTCTTAGAAAATAAGATTTCTGTGAATATCTCCTCCGTAT
AAAAGAATTTTTATCAATAGTTTGGTAAGCTTTTTTTTCTCTTCTACAAAACCTTTTCGCATGTTTTATTTCACTCGAAACTTATTGCTATTCAA
AAAAATGGGTTTTCTAACGCTAGAATTATGTACAGAGTGCATTTGGAAAAAATGATGGGTAGTAAGCCCTAGAAAGCCATGGCTACGTGCTGATG
CCCATGATGGATTCGATGGAGAAACTCAGCTTGGGCTTCTTGCCACTGCCGGTGGAGGCAGTGGTGACTGCGGGCGTGGTCATCGCTGGATTTGT
GGGCGGGATCGTTAGCGGTATCGTCGGCGGCATCGGGTGATAAATGTGCTGCTCCTGATGAACGGGTGCGCAGGCGGCGGCGGCGGCGGCAACGG
TGGCAAAGTACAAAGCGTTACCGCCCAGCGTCGCCTCCATGACATGGTTCAGTTCCGGATCGGCGAATGCCCGCCGTTTGCGCATGCGCTCCATC
AATG
(SEQ ID NO: 112)

Exon: 9739..9404
Exon: 6908..6668
Exon: 6530..6386
Exon: 2913..2824
Exon: 2758..2496
Exon: 2224..1401
Exon: 1338..1001
Start ATG: 6508 (Reverse strand: CAT)

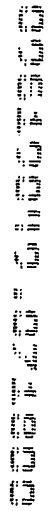
Transcript No. : CT4436
CTTTTGCCCGCAAGAAAAACATATAGTCGGTAAATACTGCCAGCACTTCATTTTCCATCTCGGTGCGGTTTCAGTTCTTGTTGTCAGTTCCTTAA
TTGCGTCTAGCGGCCAAAGAGCTTTGAATTTTTGATACGATTCTGATTGGAGCTCGCACGCCGCACATATTCGCACACACACACACACGTACGCG
CACACACACGCAGCCAAGCAAGCACACACGTTTTTATTAGGTATTTTATATACAGACATATCGCGTTTATTAATAAGTTTATGCAAGTTCTTGGG
ATCACAACAAACGCCGTTAGATAATCGCCACGCCCACTTGCGCCCATCAAGAAATAATGAGTCGAATGCTAATTAAACCTGCTGCCGCCACAGTT
TCGGCCGCATTGCAGCAGCACCAGCGCCAGCAGCAACAGTACGTTATTCGCCGCTGGAAATCGTTCCTGCACAACAACAGCAACAATGCCAATCG
ACGTGCGGCGAAATCAACGGCAACAGCAACGGTGACGGCAGCAGCGACGTCGCAGCGCCATGGAACAAGCGGCGATTTCATTCAACCGTTAGACG
TCCGCCGTTCCTTTTCAACCAGCCACAAAATGCCGTCGTCGTCGAAAGCGCTCACACTGGATAACATAAATCCCAACTTTATTGCCATGGAATAT
GCCGTTCGCGGTCCTCTGGTGATTCGTGCTGGGGAAATCGAGAAGGAACTGGAAAAGGGTGTCAAGAAGCCATTCGACCAGGTGATCCGTGCCAA
CATCGGTGATTGCCATGCGATGGGCCAGCAGCCCTTGACCTTCCTGCGACAGCTGTTGGCGCTGACCTTCGAGACACGTCTGCTGGATTCACCCG
ATTATCCCGAGGACGTCAAGAAGCGCGCCTGTGCCATTTTGAACGGCTGCCAGGGTCAATCGGTGGGCTCGTACACCGACTCCGCCGGTCTGGAG
GTGGTGCGTCGCCAGGTTGCTCAGTACATCGAGAAAAGGGATGGCGGCATCGCCTCCAATTGGCAGGACATCTATCTAACCGGCGGTGCCTCTCC
CGGCATCAAGAGCATTCTCTCCATGATCAACGCCGAGGTGGGATGCAAGGCGCCTGGTGTCATGGTGCCCATTCCGCAGTACCCACTGTACTCGG
CCACCATCTCCGAATACGGCATGACCAAGGTGGATTACTATCTGGAGGAGGAGACCGGTTGGAGCCTGGACAGGAAGGAGCTGCAACGGTCCTAC
GATGAGGCGAAGAAGGTCTGCAATCCGCGTGCCCTGGTCGTGATCAATCCGGGCAATCCCACCGGACAGGTACTGACCCGCGAGAACATCGAGGA
GATCATTAAGTTCGCACACGATAACAAGGTGCTGGTGCTGGCCGATGAGGTGTACCAGGACAATGTCTACGACAAGAACTCCAAGTTCTGGTCGT
TCAAGAAGGTGGCCTACGAAATGGGCGACCCCTATCGTAATCTGGAAATGGTCAGTTTCCTGTCCACCTCGAAGGGCTATCTGGGCGAGTGCGGC
ATTCGCGGCGGTTACATGGAGGTTCTCAATCTTGATCCCAAGGTCAAGGCCATGCTGACCAAGTCGATAACGGCGGCGCTTTGCAGCACCACCGC
TGGCCAGGTGGCCGTGAGTGCCCTGGTCAATCCACCGCAGCCCGGAGAGCCATCATACGATCTGTACAAGAAGGAGCGCGATGGCATTCTGGCCG
CTCTAAAAGAACGGGCCGAGCTCGTCCACAAGGCACTGAACAGCTTCGAAGGCTACAAGGTTAACCCCGTACAGGGCGCCATGTACGTCTTTCCA
CAGATCGAGATCCCGCCCAAGGCGATCGAGGCGGCCAAGGCCAAGGGCATGGCCCCCGATGTTTTCTACGCATTTGAGCTGCTCGAGACGAGCGG
CATTTGCATTGTTCCTGGCAGTGGATTTGGTCAGAAGCCCGGCACGTGGCATTTCCGAAGCACGATCCTCCCGCAAACGGACAAGCTGAAGCTGA
TGATGGAGAAGTTCCGTGTGTTCCACGCCGAGTTCATGAAGAAGTACAAGTAGATCAGCTGCCAACTTCCCCGTCCTCGATCCCTGTGTTAAGTG
TCAATCCTCCGGCTTAGGATTAAAAATTTAAATTACCCTAATTGTTTTTTTTTTTTCCTCTTTGTTACTGTGTCATAGCTGAATGCTTCTAAGCT
CTTCTTTATATGCATATATAGATATATATGAGAAATATATAAAAACATTTTT
(SEQ ID NO: 113)

Start ATG: 600 (Reverse strand: CAT)

MPSSSKALTLDNINPNFIAMEYAVRGPLVIRAGEIEKELEKGVKKPFDQVIRANIGDCHAMGQQPLTFLRQLLALTFETRLLDSPDYPEDVKKRA
CAILNGCQGQSVGSYTDSAGLEVVRRQVAQYIEKRDGGIASNWQDIYLTGGASPGIKSILSMINAEVGCKAPGVMVPIPQYPLYSATISEYGMTK
VDYYLEEETGWSLDRKELQRSYDEAKKVCNPRALVVINPGNPTGQVLTRENIEEIIKFAHDNKVLVLADEVYQDNVYDKNSKFWSFKKVAYEMGD
PYRNLEMVSFLSTSKGYLGECGIRGGYMEVLNLDPKVKAMLTKSITAALCSTTAGQVAVSALVNPPQPGEPSYDLYKKERDGILAALKERAELVH
KALNSFEGYKVNPVQGAMYVFPQIEIPPKAIEAAKAKGMAPDVFYAFELLETSGICIVPGSGFGQKPGTWHFRSTILPQTDKLKLMMEKFRVFHA
EFMKKYK*
(SEQ ID NO: 114)

Name: putative aminotransferase
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013383748
CTCAATAAATTCGTCCCCCTCCATATAATAACCCCCCCCCCCCCACAGAGAACAAAACCAAAAAACAAAAAAAAAAAAGGTATCGAGCAACTTCA
CAAAAGACCACCACACAACCCAGCCATCTCTTCGATCCGAATGGTTCGCTAGTATAGCCACAGTACAACTATGGTACACATTGGTTTTTAGGCCT
TAAGACTTTGGTAGATTTTAATTCAGAAAATGAAAAGATAAAAAGAACAAGCCACCAGCGCAACTACAACTACAACACACAAAGAGTGAGGCATC
CGATGAACAATGGATGTCAAAGGTAAATTTATTGTATGTCCGCGAACCTAAATTATTTATCCACTTGGTTTTTACCCTAAATCTGTCGCAACACA
AAACATGTCAAGAGAAAAGTGAAAAAAAGGTACTATATGCGATTGTTTGGCGTAAGTGCAAGTAGTTACATAAGTCGTGAAATGAGAATCAATAA



ATTGAACCTAATTTAAAACCGAAAATATACACAATGGGTGTTTTTAATGGGAATGTCGGGATTTTCAGCTTTTCTTAAAAACAAATTACAAAAGG
ATACCCATTGCCCAAATTGAAATTAACGCAGCGCTGGCTTAACAATAATAATTATTTATTTATTTTCAAAGTTTCTTCTTGTCTATAACAATTAG
TAATGACTTGAACGCACACACATCATATGATTTTCGTGATCGATTCGCGGGGGATAAGCACATGCAGGGCTATATATATTTATGTGTAGATAAAT
ATAAATATACACAATGCAAATAACTTTCGTTTAGAACAATATCAGAATTTTCAATTATGCGCCGACCAAAAGATGGTAAACTACTTTTGGTTCTA
ACAAAAATTATTGTCAAATCTCCGCCAGGAGTTTTCGTTCAATTAAGAATCAAAGACTACATGGTTAAGTGGGTTAATTGCTAACTGGAAACGTT
ATCGTGGCGATAAAACCTGCGCGGGTTGGGTTCACAAATCATAGGGTTTTAAAAATGTTTTTATATATTTCTCATATATATCTATATATGCATAT
AAAGAAGAGCTTAGAAGCATTCAGCTATGACACAGTAACAAAGAGGAAAAAAAAAAAAACAATTAGGGTAATTTAAATTTTTAATCCTAAGCCGGA
GGATTGACACTTAACACAGGGATCGAGGACGGGGAAGTTGGCAGCTGATCTACTTGTACTTCTTCATGAACTCGGCGTGGAACACACGGAACTTC
TCCATCATCAGCTTCAGCTTGTCCGTTTGCGGGAGGATCGTGCTTCGGAAATGCCACGTGCCGGGCTTCTGACCAAATCCACTGCCAGGAACAAT
GCAAATGCCTGGGAGAAAATTAAACAATAAATTGAGAGACTAACAAACGAGGTCAGCAAAGAAAACTCACCGCTCGTCTCGAGCAGCTCAAATGC
GTAGAAAACATCGGGGGCCATGCCCTTGGCCTTGGCCGCCTCGATCGCCTTGGGCGGGATCTCGATCTGTGGAAAGACGTACATGGCGCCCTGTA
CGGGGTTAACCTTGTAGCCTTCGAAGCTGTTCAGTGCCTTGTGGACGAGCTCGGCCCGTTCTTTTAGAGCGGCCAGAATGCCATCGCGCTCCTTC
TTGTACAGATCGTATGATGGCTCTCCGGGCTGCGGTGGATTGACCAGGGCACTCACGGCCACCTGGCCAGCGGTGGTGCTGCAAAGCGCCGCCGT
TATCGACTTGGTCAGCATGGCCTTGACCTTGGGATCAAGATTGAGAACCTCCATGTAACCGCCGCGAATGCCGCACTCGCCCAGATAGCCCTTCG
AGGTGGACAGGAAACTGACCATTTCCAGATTACGATAGGGGTCGCCCATTTCGTAGGCCACCTTCTTGAACGACCAGAACTTGGAGTTCTTGTCG
TAGACATTGTCCTGGTACACCTCATCGGCCAGCACCAGCACCTTGTTATCGTGTGCGAACTTAATGATCTCCTCGATGTTCTCGCGGGTCAGTAC
CTGTCCGGTGGGATTGCCCGGATTGATCACGACCAGGGCACGCGGATTGCAGACCTTCTTCGCCTCATCGTAGGACCGTTGCAGCTCCTTCCTGT
CCAGGCTCCAACCGGTCTCCTCCTCCAGATAGTAATCCACCTTGGTCATGCCGTATTCGGAGATGGTGGCCGAGTACAGTGGGTACTGCGGAATG
GGCACCATGACACCAGGCGCCTTGCATCCCACCTCGGCGCTGAAAAAAGAAACGTAAAGGTAAGCTTCAAATGTATTTAGAATTCCTTAGTAAAT
GCTCAGTAGTATTTCATAAACAAAGTGTTTGAATAATACTACTGAGCAATAAACAATAATAATATTTATCTATCTGGCTGCCACATAAGTTGTCA
ACCCAAAAAATGGCACAATTTTGGGCCATATCTCTGGCAAATCTCTGGTTTTAACTGATAAGTCTCGACAGAAGAAGCGCCACATCATGGACAAT
AAAAATGTTGGCCCTGGCGACATACTTGATCATGGAGAGAATGCTCTTGATGCCGGGAGAGGCACCGCCGGTTAGATAGATGTCCTGCCAATTGG
AGGCGATGCCGCCATCCCTTTTCTCGATGTACTGAGCAACCTGGCGACGCACCACCTCCAGACCGGCGGAGTCGGTGTACGAGCCCACCGATTGA
CCCTGGCAGCCGTTCAAAATGGCACAGGCGCGCTTCTTGACGTCCTCGGGATAATCGGGTGAATCCAGCAGACGTGTCTCGAAGGTCAGCGCCAA
CAGCTGATAAGTAAAATATACAATACATTTAATGAAATCATATCATAAATGAAGGGGCCAAAACTCACCTGTCGCAGGAAGGTCAAGGGCTGCTG
GCCCATCGCATGGCAATCACCGATGTTGGCACGGATCACCTGGTCGAATGGCTTCTTGACACCCTGCAATCAAATTCAATCGGAACGGAATTACA
AATTAGCCATATAAAATAACTCATTGTTTGCTCGCTGGCCAAATGAAAGTGTAATCGCTGCAGGCTGGCGGATCAAATGGGCATTTAATTTGATT
TGTGGCTTTCGCCATGCAAATTACACTCAAGTGGATTGCCAAGCTAAATTGAAGACCAGCCAGAGTACAGAGTAATCGATTAAGTATCAAATTCA
ATCAAATATTTATCAGTAATGAGCCATTGTGGATTCAGCAAATGGTATTCTCTTTCAAATAGACGCCTGCTAGAAATAACTATCAAATGACCATC
ATTATAGTTACTTAACAATGTGAACTAGTTTACATTCAGTAGCAAATCAATGGTGCAATCTGTTACGATCTTTATAATCCAGCACACTTTGGGGA
ATCCCAAATTAAAGTTTCTAAACGAATTAAAGTCATTGTAGACACAGGCAACCAGTAGTTTAGTTTCCCGCACGAATAGAGGTCACAATAATCGG
CTGTGGAAATTGTCAGCTGAACAAAACACACAATTTGCAGGGCACATGCTAGTTGCACTCGTTCATGGAAGACAACATCTCATCGTCTCGGGTTC
CATTTAACCACGCTCAAATGGCCAATTTACCACATAATGTCACGGAGGTTCGAGGAGCTGCGATGATATTGTGTGTTTTTTTTTTTTTTTGAGA
GGCGAAACAATGCAAGTTGCGCCATGTAAGCGAACTGCAGCGCTGCCATTGACGTCACTCGGCAGTGGATGTGTTTTGCCTGACAATGTGATAAT
TGGAAAATTAAGGAATTCTGGGCTGTGGAAAAATCATCCAGTGCTCGAGTTTGGTTACTAAGAGTATAAAATCGTCAAGTTCTCACCGTGCAAAC
GTGTGTCACCTTATCGAATTCAGTTAATTATTTATTATTTATTTTTTTTTTTTTTAATTTCGAAAATTACTGATAAAAGTGTTGCCGAGTCGCGG
CAACTGAACTGGCTTGTGTTTGTAGTTCGTGTGGAAATATGTATAGAAATGGGTCCTCTATCGCATCGCAAATCGAACAGTGCTGGTGAAAAAAA
ATGATATGCCAAAGTAGTTTCGAATATTTCAAAACCACAAAACCGCAGAGATAGTGTTAAGAAATCAATTAATAGCCCATCTAAACTCAGTTAGA
AATTGCTAGTTAAGTTTTTAGCATCGTTTTGGAAATGGCTACTAATTAACTGACCAGCGCTGTTCGCACCTAAAGAATATTGCTTGCATATTCCT
TTCTACCCTTCACTTCGCACTTGAAATCGTTGTAAACAAACTTTTTGTGCTAAGTGGCAATATAATTGATAACTACATATATATGCACAACATAT
ATACTCGTGCAGGCAGGTAAGAGTCGTATAATCATATAGGCGCTGTATAAAAGGCGTTAGCAACTCAAACATTATCGCCAATACGAATCGAAGGA
AAGTATAATAATATGTTGGCAAATGTTAATGCCAAAAGGAAGTCAAAGTAAACAGAGGGAAATGGGCATGATTAGGAATTAGAAATGATTATTAC
ACGGGCACAGAATTGTTAATAATCCTATATCGTAGTGAACAGGACGAAGTGAAGTACATAAATGCCAGTGATAAGAATGCCTGCTGCTGACAGAT
GATGAGTTTCTTTTGGACCATTGCCAAATCCGTATGTTGAATCTGTGGGCAAGTGGAGGAATTTGATAAAACGCAGAATGAACAGCACAGCAGAT
TCAGTCGTGCGGATAAGGAAATCAAATCGCAGCGGGAAAACTGGTGGGGGAAATCAACTGGCAGCGGCATTAAAAACGCAAACACAGAATGTGAA
AAGTCAGCGGGGCTCACAATGGATTTAACTATATGTATATACATATGTATATCTTTAAATATTCATCACATATTTGTGTACATATGTACATATAG
TATCGTTGCGGGTCACAAAAGTTCGAAGAGAATTTTGCAAAACAAATGAAGGAAAAAAAAAAATGGAAAGCAAGAAGTGCAGAGAGAAAGCATCGT
GTGTATACAACATGTTTTCCCCACAGACTCATGCGCATGTTCGGCCTTTGTTATGATTTTTCACTTTCCCAGTGATAAGAAAAGGTCCACGGAAT
CAGAATCCGAATCAGAATCACGCCCACGCTCGCCCACAATTTCCGCACTTATGTAAGCCAAGTTGAAGGTCGTTCAGTGAACCCGCATCGCATCG
CGTCGTTCGCTCTTCATCTAAATACTTTATTTAATTGATCCAAGAAGCACAATTTAGAATAATTACAAACATTAACTGGCAATTAAGAGCATGAC
TCGTTATGGAAAACGGCGAAGAAACGCCGTTTTTTTTGTTTTTTTTTTTTTAGATGAGAAAACCGGTTAATTTGGGCCAACTGCCTGTGGAAAAAT
CATTCACATGCCGAGCAGTACTTAAATTAATTAGTTTATTGACTTGTTGTTTGCTCTAACCCAAAAAGTGTAATTTCCCCTTAGCCCAAAGTTCA
CTTATAAAGATATATATTCCGTTTTAGATAAGTCTCGATATTTTATAGCGGTCTGATTACAATTTCAAGTCTTATCTGAACTTTTGGATTACTT
CTGATAGCTTTATTGTTGCCCAAAAATTGTTTGTGTTTAGTTGAAGTAAATAAAATTCCGAGCTCTATTTTTGGCAAATTTTAATGGGTTTAGTT
CAAGTGGTTCAAACACTACTCTAAATTCTTGATGTGTAATAAAAAACAAACAATTGTTTTGATCAACTTTGTGCTCTTTGGTAAACATTTTTCGC
TCAAAACTGAAATTAAACATATGGCATTTTACTTTCGTAAGCTTTTTATGCTCGTGGAATAAGAAATGGGTTTGGAAACTGGTTTTTTTTTTATT
CGACAAGCTTATTGTTTTTGCAAAAATGTGTTTTTTGCAAAACAAAACCTTATCGCATTGAATAAACAAAAGCTAAAGTTTTCTATGTTTGTTTG
TTGAAACTTTATACATTCGATAGATTTTTTATTGGATTGCTAGCTGAATTGGTACTCCCCTGGCTGGTTCTTATCACACTTCCATTCTTATCAAT
CCAAATTACTTCATTTCGTGGGCGTATTTTCCAACAGGTGTCCTTGAGAAAGGGGTGACCACGATTGCCAGCCGAAGGTGAATGATTCAGCGCTG
CGTGGCCGCTCCATTCAAGCGCGAATAAAAAAATGAAAAGGGCGGCAAAAAACAAACACAGACGCGCCTCACACTTGATACATACATACATACAT
AAACGTGCATGTGTATATAAGTAGATATACATAGAGACATAGCGTGCTTAGATATTAAAATGCGGGCTTTGAATTGCCATTAAATTGCCATTGAA
TAGAGGGAAGGGTAGGGGGGTGTGTGCAAAACACTAGTTAATGGCGTCGCACTTTGCCGCTTTGTTTGCCCGATTACTTGTGGATCAATTTCCCA
TGGCATTAACTAACACTCACCTTTTCCAGTTCCTTCTCGATTTCCCCAGCACGAATCACCAGAGGACCGCGAACGGCATATTCCATGGCAATAAA
GTTGGGATTTATGTTATCCAGTGTGAGCGCTTTCGACGACGACGGCATTTTGTGGCTGGTTGAAAAGGAACTGAGAAAAAAAAAGAAGGGGATGG
ATATTCACTTCAGCAATCAACAATCACTTCTTGTTCGATATATAACGTGTTTTAAATGTGTTTTAAAATATATTGTTTTTGTTATGCGGCTTTTT
CAGCGAACGAAACTAACCGGCGGACGTCTAACGGTTGAATGAAATCGCCGCTTGTTCCATGGCGCTGCGACGTCGCTGCTGCCGTCACCGTTGCT
GTTGCCGTTGATTTCGCCGCACGTCGATTGGCATTGTTGCTGTTGTTGTGCAGGAACGATTTCCAGCGGCGAATAACGTACTGTTGCTGCTGGCG
CTGGTGCTGCTGCAATGCGGCCGAAACTGTGGCGGCAGCAGGTTTAATTAGCATTCGACTCATTATTTCTGCAACGAGAAGAGCGTCTCAGTAAG
TAAATTACTCAAAATACAAAAAAAAGGAAAGAGACAGACCGCGCTTTAATCGCAAGAATTTAGCACCATGAGAACAGCGGAAAGAAGAAGAAGCA
GCGAAATGAAGGGTGTGTGCGTGTATAAGAGTCCGGCTCACAATTATAAGAGCGGCGAATTGAAAGGCTCAGCTGTTATCACTACACCGAAAGCA
ATTAGTTTCGAAGCAGGGAATCATTTAAATAACTTTGTAGCTAGGAAAACTTAAGCAACTATAGATATTTCGATGTGAAATATATATCATATTAT

ATTAAGCATTTTTATATGGTATTGTTAGCACGCGCTCAATATAATATTCAAGTACCTAAATACATTTTCTTCACTGTGCATTTTTGTATCTTATC
AAAGACAAGGCGTGGTATCATTTACTTTTTCAGAGCTTATCAATGTGATTGCTTGTGGTTCGATACTTTATTGCCTTTCTGTTTATCAAGAAGCT
AAAGTGTAAATATTTACGACCTTTGGAAACTTTGCAATTAAATTCGCCGTGCATTTATCCTAGACTCAAACCCAATTGCACTCGCCGCAAGGCGC
GCATTTCAAAACTGCAATCGAGCATTTCTTATCAGAGTTTTGGGGCTTTGCACAAGCAACTGCAAAGCTGAAAAATATATATTTTATTTGAGGAG
GAATATATATTTTTGGAAAATATAAAAACGGTTACCGGCTGAATAAAATGAATGGCCATAAAGCCTAATCTCAAGAACATTTATTGCTTGACCAT
CCAGAAAATTTAATTAAAAATGGGACCGTTTAGAATCTACTTGTGTGTGCTGCTATATATTTCACTATATTTCTTATCTTGGTGGAACTTTTTTT
TTAGAGGCAGTTAACGGATTTGTGGGCCATTTACCCAGGCATTATGTATACATATGTATGATTTAATAGCTATATTTCTCCATTAAATCCACTGG
CAGGGCATCCATTGGTGGGGGCCACTATCAGTTGAGCGTACTTTTGACTTTGAGCCAAATCGGCGCAGCTTATCAGTGACGTCCCATTCGCAGCT
TACGATTCCCTGTCTTTCAATTGAATATATGTATATAGCTTTTCTGATTTCTGCACTTTGAAACGCCAATTGCGTAATGCAAAAAATGAGCAAAC
GAACAAAGAATCTTTTAGAAACATGACAATGACCAAAGATCGACATTACCTCCAAAATACTATACTTTTCGCACTCAAAAATCAGCATCAATCAG
CCGCAGATTGTTTGCTTTCTTTTTAGCGACAGCGAATTTATTTGTTTTTAAATTAAAAATGTACTAAATGCCGGTCCCGAAAAATACACAAATGT
ATGCTATTTTATATACGCACATATGTATCTTTGGAATATATGAATGTATGTGTATATATATAGGTATATTGTTTAGACGAGACAAACTGAAACTT
GTTGGCAATAACTTTTTGGAAAACCGGTTGCGGTTTTGATGGCATTGATATAGACGAAAGGGTTAAGAATTAGGGGAAAGGGGTAAGAATTTGGG
AATGAGAAAACATCGATACAGTGATCTCTGCTTAATTAAGACAAATTCAATACGATGCCGATATATAGATATAGATAGATATAAAATAATATATC
CAATAGAATTTTTATATGATAACCATCTAAAGCAGCTGTGCATAGAACTTTTGCGTATTAATTTAAGAAACATTACCTCCAAATATTTATTTTAA
ATAAATTTTTCAAATTTTAACATTTTTTTTTTTTTGAGACAACTTTTGTTAGTCACTGTTTATCTGCGATATATATATATGCAGCGTATCGCTTT
TGTTTGTGATTGTTTTGACAACAAAACTGGCTTATGCAACGAACTGTTAAAAAAAAATCTGAAACAGAAAATTATGTGAACTGGCTGCACTTTGC
TTCAAAGACCCCGCTCCCCCCTGCACTTTCACCCCCCGCATTGGGGGGATTATCAGACAAACCAACTGGATAAGATAGTAACGATAAGGAATCCA
ATTAGAACACGGCCATTCGGATTTACTAAAATCACAACTTTTGCCAAACGTTAGTAAATTATATTAAATTATATTGTAACTCCGATTGACACGTA
GAGCGCAACGAACAACAGCAACACAAAAAGAAGCAGAAATAACGGGTAAAGGGGGTGTTTTGATGTGCTAATTGGGTTGCTAAACAGCTGTTGAC
GCCGCACAAATTGAGCACAAAAAAAAAAACAATAACACGGCACGCAATTCAATTAGGGAAACGCACGCAGAACGATAAACAAAATCAGGGTACTA
TTGTGTATTAGATTTTTTTTTGGGCGCACAAATCACTTTCACTGTCACTTCCTCGCTGCTCCCAATTAGAATTTCTCGGCCACTGTGTTTATATA
TATGTACATATATGCACATGCATATATACATATATACGTCGGCAGTTCAAGAGCAAAAAATCGATTTTTCGCTGCACTTTTTAGTCGTTTCACCT
TGATGGGCGCAAGTGGGCGTGGCGATTATCTAACGGCGTTTGTTGTGATCCCAAGAACTTGCATAAACTTATTAATAAACGCGATATGTCTGTAT
ATAAAATACCTAATAAAAACGTGTGTGCTTGCTTGGCTGCGTGTGTGTGCGCGTACGTGTGTGTGTGTGTGCGAATATGTGCGGCGTGCGAGCTC
CAATCAGAATCGTATCAAAAATTCAAAGCTCTTTGGCCGCTAGACGCAATTAAGGAACTGACAACAAGAACTGAAACCGCACCGAGATGGAAAAT
GAAGTGCTGGCAGTATTTACCGACTATATGTTTTTCTTGCGGGCAAAAGTCACGATGAAGCGGGCAGCGATTAAGTTTTAAAAATATCACGTCTG
CAGCCCTCGCAGCCAAACTTTCGATAGACGGCGATAGATCGATAGACCAGCGATTTGCACCAACACTGGAAAGCTCAGAGCATTCAAAAACAAAC
TAATGTGTTTTATAAATAGCTCTTTTTAAATATCGATTAATTGCGATCTTAACTAACTTTCGTTTATTTCTATTAATTATGAACTTACTTCTGTT
TTTAAACATCTTTGCTCTTTGCTTGTTTTTCGTGTAAGGCTTTAAATTCACTTAAACAATTTTGCTGGCTTTGTGCGCATCTTCATATATCACTG
AAATTGATTGTTATAGGAGTGTCCCATTGAATTAGTTTTGTGTCGATTCAATCCTGGCCCGAAAATGTATGAACAAGCTATGCCCTACATTTTAC
CCATAGTCTACTTAGGTTTGTTTATATAGTATTCTTTTCAAGTTCGTTATGATAGCTCTTAGAAAATAAGATTTCTGTGAATATCTCCTCCGTAT
AAAAGAATTTTTATCAATAGTTTGGTAAGCTTTTTTTTCTCTTCTACAAAACCTTTTCGCATGTTTTATTTCACTCGAAACTTATTGCTATTCAA
AAAAATGGGTTTTCTAACGCTAGAATTATGTACAGAGTGCATTTGGAAAAAATGATGGGTAGTAAGCCCTAGAAAGCCATGGCTACGTGCTGATG
CCCATGATGGATTCGATGGAGAAACTCAGCTTGGGCTTCTTGCCACTGCCGGTGGAGGCAGTGGTGACTGCGGGCGTGGTCATCGCTGGATTTGT
GGGCGGGATCGTTAGCGGTATCGTCGGCGGCATCGGGTGATAAATGTGCTGCTCCTGATGAACGGGTGCGCAGGCGGCGGCGGCGGCGGCAACGG
TGGCAAAGTACAAAGCGTTACCGCCCAGCGTCGCCTCCATGACATGGTTCAGTTCCGGATCGGCGAATGCCCGCCGTTTGCGCATGCGCTCCATC
AATGGCGAGCTGAACGTGGGAAATCGCTGTTTGTATTCTGAAAGAGAACGAACCAAAAGGAATGGTTGAAATTAGTGAGGGTTTTGGTGGGGGCG
TTATCACTACAAATTGCCGCGATTCGTTATGAATGGGTATTCCAAATTGAAACAATTTATTATTGGGTAATCCGAGACACGCGTCGCCTGACCAG
ACAGCCTGGCACCGTTTTTTTTTTTTTGTTTTTTTGTTTCAACTTCGGACCGGTTTCGGGATCTCCACTTATTCGGATGGAACCAGATGGAAAAC
CCAGAAAGAAGTCAATTGCTGTTGCCACATTTGGCTCTTTTTGTGAGTCGGATGGGTTTTTCCGTTTTTGGTCGCGTCTCAGCTTACCGAATGTG
ACTC
(SEQ ID NO: 115)

Exon: 10119..9969
Exon: 6908..6668
Exon: 6530..6386
Exon: 2913..2824
Exon: 2758..2496
Exon: 2224..1401
Exon: 1338..1001
Start ATG: 6508 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT4458
GAATCGACACAAAACTAATTCAATGGGACACTCCTATAACAATCAATTTCAGTGATATATGAAGATGCGCACAAAGCCAGCAAAATTGTTTAAGT
GAATTTAAAGCCTTACACGAAAAACAAGCAAAGAGCAAAGATGTTTAAAAACAGAAAAATAATGAGTCGAATGCTAATTAAACCTGCTGCCGCCA
CAGTTTCGGCCGCATTGCAGCAGCACCAGCGCCAGCAGCAACAGTACGTTATTCGCCGCTGGAAATCGTTCCTGCACAACAACAGCAACAATGCC
AATCGACGTGCGGCGAAATCAACGGCAACAGCAACGGTGACGGCAGCAGCGACGTCGCAGCGCCATGGAACAAGCGGCGATTTCATTCAACCGTT
AGACGTCCGCCGTTCCTTTTCAACCAGCCACACAAAATGCCGTCGTCGTCGAAAGCGCTCACACTGGATAACATAAATCCCAACTTTATTGCCATGG
AATATGCCGTTCGCGGTCCTCTGGTGATTCGTGCTGGGGAAATCGAGAAGGAACTGGAAAAGGGTGTCAAGAAGCCATTCGACCAGGTGATCCGT
GCCAACATCGGTGATTGCCATGCGATGGGCCAGCAGCCCTTGACCTTCCTGCGACAGCTGTTGGCGCTGACCTTCGAGACACGTCTGCTGGATTC
ACCCGATTATCCCGAGGACGTCAAGAAGCGCGCCTGTGCCATTTTGAACGGCTGCCAGGGTCAATCGGTGGGCTCGTACACCGACTCCGCCGGTC
TGGAGGTGGTGCGTCGCCAGGTTGCTCAGTACATCGAGAAAAGGGATGGCGGCATCGCCTCCAATTGGCAGGACATCTATCTAACCGGCGGTGCC
TCTCCCGGCATCAAGAGCATTCTCTCCATGATCAACGCCGAGGTGGGATGCAAGGCGCCTGGTGTCATGGTGCCCATTCCGCAGTACCCACTGTA
CTCGGCCACCATCTCCGAATACGGCATGACCAAGGTGGATTACTATCTGGAGGAGGAGACCGGTTGGAGCCTGGACAGGAAGGAGCTGCAACGGT
CCTACGATGAGGCGAAGAAGGTCTGCAATCCGCGTGCCCTGGTCGTGATCAATCCGGGCAATCCCACCGGACAGGTACTGACCCGCGAGAACATC
GAGGAGATCATTAAGTTCGCACACGATAACAAGGTGCTGGTGCTGGCCGATGAGGTGTACCAGGACAATGTCTACGACAAGAACTCCAAGTTCTG
GTCGTTCAAGAAGGTGGCCTACGAAATGGGCGACCCCTATCGTAATCTGGAAATGGTCAGTTTCCTGTCCACCTCGAAGGGCTATCTGGGCGAGT
GCGGCATTCGCGGCGGTTACATGGAGGTTCTCAATCTTGATCCCAAGGTCAAGGCCATGCTGACCAAGTCGATAACGGCGGCGCTTTGCAGCACC
ACCGCTGGCCAGGTGGCCGTGAGTGCCCTGGTCAATCCACCGCAGCCCGGAGAGCCATCATACGATCTGTACAAGAAGGAGCGCGATGGCATTCT
GGCCGCTCTAAAAGAACGGGCCGAGCTCGTCCACAAGGCACTGAACAGCTTCGAAGGCTACAAGGTTAACCCCGTACAGGGCGCCATGTACGTCT

TTCCACAGATCGAGATCCCGCCCAAGGCGATCGAGGCGGCCAAGGCCAAGGGCATGGCCCCCGATGTTTTCTACGCATTTGAGCTGCTCGAGACG
AGCGGCATTTGCATTGTTCCTGGCAGTGGATTTGGTCAGAAGCCCGGCACGTGGCATTTCCGAAGCACGATCCTCCCGCAAACGGACAAGCTGAA
GCTGATGATGGAGAAGTTCCGTGTGTTCCACGCCGAGTTCATGAAGAAGTACAAGTAGATCAGCTGCCAACTTCCCCGTCCTCGATCCCTGTGTT
AAGTGTCAATCCTCCGGCTTAGGATTAAAAATTTAAATTACCCTAATTGTTTTTTTTTTTTCCTCTTTGTTACTGTGTCATAGCTGAATGCTTCT
AAGCTCTTCTTTATATGCATATATAGATATATATGAGAAATATATAAAAACATTTTT
(SEQ ID NO: 116)

Start ATG: 415 (Reverse strand: CAT)

MPSSSKALTLDNINPNFIAMEYAVRGPLVIRAGEIEKELEKGVKKPFDQVIRANIGDCHAMGQQPLTFLRQLLALTFETRLLDSPDYPEDVKKRA
CAILNGCQGQSVGSYTDSAGLEVVRRQVAQYIEKRDGGIASNWQDIYLTGGASPGIKSILSMINAEVGCKAPGVMVPIPQYPLYSATISEYGMTK
VDYYLEEETGWSLDRKELQRSYDEAKKVCNPRALVVINPGNPTGQVLTRENIEEIIKFAHDNKVLVLADEVYQDNVYDKNSKFWSFKKVAYEMGD
PYRNLEMVSFLSTSKGYLGECGIRGGYMEVLNLDPKVKAMLTKSITAALCSTTAGQVAVSALVNPPQPGEPSYDLYKKERDGILAALKERAELVH
KALNSFEGYKVNPVQGAMYVFPQIEIPPKAIEAAKAKGMAPDVFYAFELLETSGICIVPGSGFGQKPGTWHFRSTILPQTDKLKLMMEKFRVFHA
EFMKKYK*
(SEQ ID NO: 117)

Name: putative aminotransferase
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384690
GAATCTCCGGTGTTCGCGACACTTTGCCGATTCAAATTTGAAAAAGTCGTTTTGCTGTTTAACATAGACGCATCCTTCGTTGTTCACCAGCTTTG
AATTGTGCGGCGAGTACTCAATGGACTTGTTGTTCGAAACGTATCTGTAGGTGGGCTTATCGTGTGCATTCAATCCAAACCAGTACTCGTGGTCG
TCTTGGTTTATTTTGCTTTTCATCTGGAATAGGGTAACTTCGGTGTTTAGATCAGCCAAGCACATGTGGAGGCTTTTGCAGATGGTCAGGGCACT
AAACCAAGAAGCCTATGGTATTGTAATTTTGAAATTTCCAATCTCAATGACTTAAGTTAAGTCTACTCACTGTTTTTTCACTGAAATACAGGCAT
ATGCCCTTACCGTTTGCCTCATCAGCACGCAAAAGCAGCAGCAGCCAAATGGGAAGACAGTAAAGCATGCGTAGTATTTGACTCATTTCTTTCGG
TTTGTTGTATTCACCAGTACTGATGGATTTCGAAAGTTGCTCGTTTTGGTATAGCTCACTAATGCCATTATACCATGGTGCAAACAATTAGGGTT
TGTGGTAAATTACCTTTCCATATTATTTGATATACCTTAACCTAAGCAGGTACCACAATTTTTTGCTAAATTATAATTTATATATTAATTCCCCA
TTTTTTTTTTTTGCAAAATTTCAAATCTAACTGATTTTTTTCTTGACAAAAGTTGGCAGCACCGTATATGTCTAACCAGTGGTTCGGTTGTAGTA
CCCCGACTATCGCTCTCGAAATAGAGCGCCACCTAGCCGATAAGAGTGCAACCACTTTACATCCACCAAAGGCATTGCCAACTGTAAATTTTTAG
ACACTTGTGGACTATATTTCTTACGAGTGGCGCTCTTCTCTTAGTTTTTAGTTTGTGTGAAACGTAAACGTAATTTAGATCATTGAACGTTACGT
TGAACGTACTGTGACTACGACTCCACACGAGTTTATACGTTTCTGTGCTCTCGACGCAGTCGGACGTTTAAAAATAAACGCGCTCCACCAAAAAT
ACCTAGCCCGCTGGCCGCAAACGCAAATAAATCTGAACAAAAATTCGAATTCCATCCGGATCAAACAAACTTACAAACCCGAAAATTAGTTCTTC
GACTCCAACGGCCGAGAAAACCGCAACAGTTTCAAAATGTTCAGCTCGATTTCAGGTAAAAAAGAAAAGCCCAGCCGCCAATCGAAGTTTATGTG
AAAGTTTGGAAATTAGAAATCTTAGGTCTAAGCATGTGTACATATGTATGTATATATATGTACATATGATATACGAATGATATATGTATGTGTGC
AGTGAGTGGGTTACCGCACTGGAGGAAGGAAGTCACTCGACTCCAACTACAACTCCAACTGCACTTCCAAGTTACATCATCATCACCAGAGCAGC
GGTGGAGTCGGACAGTTGGAGCAGCTGGTGACCACGCGGGATTTGGATCCACGGTCGGGTGGGGTTGGCCAACCGGGCGTGTTCGATCCGATACG
GGTCGCAGTAGCTAAAACCTAATTATCCGCTACCGCGACTCTGGTGATGGCAATGATGGTGATGACGACGATGTGGATGATACGTAAGCCAATTA
TGGCGCAGTTATATGTAGCTCCAAATGGACTACAAGTTGCCGTTCTCGCTGGCACATCCCACACCCAAAACGATGATACGTATATAATTATAGCT
GCCCAGATACACACTACACACAACACGTATCCGAGGCATCCATATATACTTTGTATCTTCGAGCGGTTACGCTGCTGCTCTTTCCTTGGGGCTCT
GGCACACTTATATGTTCCTGATGTTCGGGGAAGTGGGTGCAAAGAACCAGAGTTCCATCAGCCAGCTCCGCTTTCGATCTCTGAAATCCTCCGGC
AGTAGATGCCACTTGAGAACCGCATGGTCAAGCATTGGCACTTGTGAGTTAGGCACTTTTGTTCTATTATACATAGATTGTATTCATACCAATTA
ATATTATCTGTTCCCACTCAATGCCAAGCAGATGCATCGAAATGTAAGTAACCCCAAATGGTGAACTTTCCACTCAATTACCTTGATAATGTTAC
TCAGTATTAGACATTCCTCACCGACTGCGTAGTTCAACATTTAGTAGCTGCATATTGTTCCTATTCAGCACTTTGATCTTATATGTTTAGCATGT
GTTTTGGGTCTATCAGCTAAAAACATTCCTTTGGAAACCAATGATTAAGAGCTTTTAAGTACATTCATTTTTTGATTTCTGCTTGAACAGATTGT
TTAAAAAAACACTATTCTAGAACAAGTGGTTATCACTGTGGGGATTTTTAACAGCATGTTTCTGAAATATGAAAATATAATAGTTTTAAATTTTAA
ATTTATAATAAAGTGACTTCTTACAGGAATCAGCCATGTTAAGAGATACCATTATATATCATTCTTTGGGATCTTTGGATTATTGTTTTTTGTAA
CTTGAATGGAATGAAACCCAGTTGATCTTCATGTTGTTAAAACTCAAATTTATTTGGTGAAAGCTCAAATATTCCTCGGTTCCCTAAATGTCCAT
TGGTCCGCCCGTTTGGTGGTGGGTCCGTGCGTTCAGGCCGCCGGAGCTGGTGTTGCTTCGCCCTCGGGAGCTGCTGGTGCAGGAGTGGCGGCCTC
GGCGGCTGGAGCTCCTTCCGCTGGTGGAGCTGCCGCCGGAGTGGCTCCTTCCGCTGCCGCGGCATCCGGTGCGGGCGTGGCTGCTCCAGTTGCGT
CTGCCGCCGCGGGTGGACCCGTGCCGCCTGGCGGCACCGTTTGCTCCTGCTCGGCAATGGGTTCCGCGGCGTTTTCCATGCCATTCTCGAACACG
GGCTCCGTGGTGCCACCACCATCACCTGGAGTCGGCGCGCCCTCCGCTTCCTTCTCCTTCGAGACCCCGATTTCCGTTGAATTCGAATTGTCAGC
TGGCCGTGAATCGCTCTCCACACTTTGCTCTTTGATCCCCGTCTCTTGCTTATCCTTCTGGCCCGCGTCGTGGTGGAAGTGATGCAAGTGCTCGT
GGCTGTGTTTCTGGCCATCCCCACTGTCCTCGGCGGGAACGGCGCACTTCATCTGGTTCTGTTCGCAGATGAAGTACTTCTTCTCCTGGCAGTTC
ACGTCCAGGACGACGGTGACATTGGGCCTGATCCTGATCTCCAGGCAGTCGTCCAGGTTGGATCGTTGAGTCGGCTCCACAATATTGGAGTCGCC
CATGTAGCGCACCAGTTTACCGCTGCTGATGTACTTGAAGCGCCCCTCCGACTGCAGATCGTTGCCACCGAACCAGAAGTCATCGAAGCCCACCT
GTGACGTCACGTAGTGTACCACCGCCTTGAAGTCCTCCATCGTGGACACGTCGGCCAGGTTGAGGCCCTTGCGCAGGCAGTTGTTCTGGGCCCCG
AACCAGTTGATCTGCCAATACATTTCAAGCGATATATAGTTATTTCGGGACTCTATGGATGGGCTTATTCGAATCTATGATAGCTTTATTGGTAC
TAAAATGGCTGGCCAAGTATATTACAAGTGATGGGATGCTCTCTCACCTTTTTGATGCCCACATAGAAGCACTTTCCGTTTAGCTCCCTGAGATA
CGGTTTGCCACAGGGACCCTTGTCCTTTTCCTTCTTGCTCTGCTTCTTTCCGCAGCCGGAATGGACCGTCATCAAGGTCAGAATCACAATTGGTA
GGATCCTCATGGCTGCCAGCAAAACTGAGGCACCTGTCCGGTCAAACTGTAAGCATGCGTGCCGCCCCCTGTTCTATATATACCCTTTCGTGGGC
GTGGCATCTGCATTATCGAGGAGTGACCAATTTCCATTAGGGAATCGTCGTGTATTGTTCGCACAGAATTTTTATCGACTGCTGCAGTCCATCAA
ATTGATTAATTCTAATTGGACATGGTGATGCCCAGGGGTTGGTGCATCTGTCGTTGGTTTCTCAATCGCCCACAGTATTGAAACTATGCTGGTAC
TTGTCAGACTTCCATCTGGGATGAAGAAGTTCCCGAATTCACTGACATCTTAAAAGGGTTCAGTAAATAAATTACTCAATTGCTATCCGATTAAG
TGGTCAATAGGTGACCCTCCACTTAAAGTTCATCCCCATTATTTTGTATTTTTCAGAGATATAATTTCAATGCTCTGTATACTTATTACATGTAA
AATTCGAATAATTACATATTCATCATCAGGATGAATTGAACAGAAACTAAACTTTCATATAAGAAACTATAAAGTATCTTTGCATGTCAATAATG
CCATCTTTAAGAACTTATCTTATACACTGGCCCTTGATTTATTTGAAAGTTAGAAACTTGAACTTCGATTGAAATTTATTTAACTGCTCGTATAT
TTAATTTCATTCGTGTACCCAAGCCGACCTGCACTTGAATATATATTTTAAAATAACTTGTTATATTATTGCTGTCATTTATTTTTAATCGATAA
TAGTTGTGGGCTTCAGCTGGGCAAGTTGTGGAGATCAGGCTGCTGGCGGTGCCGGAGTCTCGGCTGCTGCGGCGGCGGGTGCTTCTGCTCCTGGC
GCGGGAGTGGGTGCGGGCGTGGCTCCGTCGGCGGCAGGAGTGGCGGCACCTTCGGCAGCTGGAGCTGCTCCGGCGGGTGCGGCTCCTTCTGCTGC

TGGAGAAACAGCTTCAGCTCCGGCGGCAGGGGTGGCAGTTGCGCCCGGCTCACCAGTTCCGCCAACGGTATTTGTTTCTTCCGCTCCCGGTGTCA
CCGAGACGCCATTCTGACCAGGTTGATCGTCATCGGGCACGTCGAGCGCCCCGACTGCATCCTCCGAGTCCGGCTCCGGGTGCTCCACTGAGCCA
CTGGCAATGGGGTCCTGGCGGTCGTGGTCGCCATCGCCATCGCCATCGTCCTCTCCTTCGGCACTTCCGCCAATGTCGTGGTGGAAGTGATGCAA
GTGCTCGTGACTGTGGTGCTTCGGCTTCTTGCCACTATCCGTGCCCTGGCAGTAGCGTTCCGAGCAGATGAAGTATTGCCGCTCGTGGCAGTTGT
CTGCCGACACCATGTTGATCTCGGAGCGGATCCTCACCTCCAGGCAGTCGTCGCACTCGGAGTGCTCCAGTGGCAGGACGTTGCTATAGTTGCTG
TAGTAGCGCACCAACCGACCGTTGCTGATGTACTGGAAGCGACCCTCGTGGTACAGATCGTTGCCCCCGAACCAGAAATCCTCCGTGTTGCCCAG
GCCACTCAGGAACCCAATGGCTCCGTCGAAGTCCCTTTGGTTACTCAAGTCCGCCAGGGTCAGTCCTTTGCGTAGGCAGTTGTTCAGGGCGCCAA
ACCAGTTCATCTGAATGGGTTTCATATTATTTCATAAGCCCATGCGACAGATCAACTCTTACCTTTTTCACCGAAAAGTAGTAGCACTTGCCGTT
GATCCTGCGCAAATAGCGACGCGGGCAGGGGGGTCCTGATCCCAGGAGCTCGCCCCGCGGCAGGATGCTCAGCAGGGCCACGAGTGCAGTCAGGA
GATGCTTCATTTCGCTCGCTTCCGCCGGTGCACAGTGAGCCGGCTCAAATCGCCTCCTGTACTTATATCCTCCGCTGGCCAGCAGTGCGCCCAAT
CGATTTGGAGCTCGCTGGAGCTGGAGCGGCATCTTCGGCAGCATGGCCAATTCAATTACAAGTCCATGCCGCCGGAATGCCTACGCCAATGTCGT
GGGCTAATTTGCTCACCCGCCAGTGGGTCAGGTTTAGGGTCATTCAGTTTAATTGGCTATTAGATACACTCGAAGAAAACGAGCCGGAAAAGTCG
CATGGGGTGCTGTAATTGCCAGTAATGTTAACCCTCTAAATTCCTTGATGGCAATTCATCCGCCTAATAATGGGCATATTGCGAGTAACTATTAT
ATCATATATAGATGTTATAAAATTGTAATACAAGTTTAATGCAAATAAATTAAAAGATTATATATATGGTTTTGAAATAAGCAATAATTCTTAGC
AGTATTCTAACTCATTCGAAGGTAGCAGAGCTTTCTTCTTCTGGAGTATGATGATGATAGATGGATATAAAATGCTTCAGTTCCTTTGACCCTGA
TCTGTCCTCCCATTTAGTTTGTATCTGCCGAAGTGAGTTAATTGCTGGCTATGAACTCGCTGGTAATCTTCAACAGCTCAAAAACGCTAAGAATA
TTAAGTTCTGTGATTCGAGCAACTGGAGTGACTTCATAGTCATTAGCATAACCCGCCCGAAGGGCTAGATGTCTGACCCGGCCTTGTTCTTTCCG
ATTATTGATTTACCTGGCAGGGTCGTGACATCAGCCATTGGATTGTCCGTGGCCAGGACACGAATCGCCCGCCTTTCCTTCTGTTGCCAGCTGAC
TCAGACGACCTTCGGTCGGATGACGATTGCGCCGGGTGGCCACAACAATTCGTGGGGCGTGTGAGTACCACGCCACCCCTTTCTGCCACGCGCGC
TACTCTCACATATATAATTCTTTCGTATATTGTATCTCGATTGTGCAGTTGTATCTCACATGACATCATCAGCAATGGCAACAACAACGGCGGCC
CCAGTAGCTCCATCGATTCATCACGGATTGTAGCTCTTTTTTTTAAGGCATCCAGAACTGGTGTGGAACGTGAGTCGGCAGACCTCAAATCGCAG
TAACTCATAGATATTCGTTCCATGCCCGTATGTGTGTCCGTTCCGAGCTGGGTTCCCATGTAGCCCAAGCTACAGCTACAGCTACAGGTTTTCCT
CTATCCGAGGCTTCTGCGCATTATTTCAGCTGCGAGTGCGACATCGACGAAAACAAAATCAGAGAGCAAAATCAAAATCCAAAACTAAAACCAAA
CCAAAACCAAAACAAAAACGACGCCAGAGGCTGTGAGAGAATCTGGGCTTATTGTGTTACCTTTTGGCCATGCTTCTAGCCGGTTTTCAGTGTTG
ACCACAAGTTGCCACAGTTTTGAATAAAGACTGAAGAACAAAATGCGTCGTATTACGCAAATGCCTTAAATAGGGCCGCTGGCCTTAGGAATTCC
GCGTGTGTAAGCCATTAAGATATATATGTACATATATCCAAAGGATTTGGCGGGGAATATTAAACACTGCGGTTGCCTTATACGTAAGGCCACCT
TTTTTAAGTTTAATAACTTATCATTCTACGAATGTATTTTAAGTATCTTTAAATACGATTTTAATTTGGAAAACAGCACAATATACTTAGCATGC
ATCTCTATACATATAGTTACATATTGTACAGTGTAGATTGCACGATTCCTTCCACTTAAATTGCTATTCTAGATTCTAGATTGTTAAGCAAGTCC
AATGCCACATACATACATTCCTTAGCCATTAGCCATTAGCATTTGAAATGTCTGAATTCCCTTTGATTCACCCTGTTTTTTTTGAGCAGTAAAAG
TAATTTTCAACACCTCGGCCGAGCCCACACATTCCATAATCTCGATACCCAGCAAGCGTAGAATAGAAACTATTATTTTCGCACAATTTTCGGCT
CCTGCGGTGGCGATTGGCTCATTAAATGCGAAATGCGAAATGCGAAATTGGCCGAAACTAAATTATTTGGAAATGAGCCGAGTGTATGGGGCCAT
TAAAGTATCTCTGCGGAGAGAACCGAATCAGAATAAACACATTCCCGATCACAATCAGAAAGCGTGAATAGACCGCACTAGAAACTTGGGGGCGA
TTTCATTCGCCGGCTGCCCATTATGACATCACATACGCCGAATAATTTGAATACTCGAGCTTTGTTTGCCTCATTCGCATACAAGCATACTGTAT
ATTACAAAGAAATTCCTCGGCTATTTCCGCCCGTTTCCGTTTCGCCCAACCGATTCGCACCCGGTTCCGAGTTGAGCGGCACAATGTTTCTATTT
GAGTGGACGCACACGTCACTCCCAGTGAATGCAGATTCGAGGGGACAGCAAAAGCTGGCGCTCGTTAATTTCTATTAAATTGCGAATATAAGTCT
CAAGTCTCGAATTTTAAGGCTGACGCCATGGGGCTGGCGATCACGATTTCAACAGCCCCTAGTTGCGCAGTTTCTATTAATAGGAAAGTGTCCCA
GTCTAATCGATCCGATTTAGTCATGTAAATAGTTCATGCTCCAGCTGCTTTGTTTATGTTTCGGCAATTACCTGTCTGGAATTTGGAATCTGAAA
TCTCAAATCTCGCATCTTCGATCTGATCGGCGCTCCACCCTGCTGATTGCAATCAGGCTATAAATTATAATTAGCGCCAGGCCAGAGCTTAGTTA
GCATTCAGAGGGCCAGTCAGCATGTTTCCTAGTCGCCAAAACCAAAGTAATCCCATCCAGCCAGCACAGTCAGGATCTAAAATGCACTCCTCATT
CAATCCCCAGCTTCCTTGAAGAACTTCGGTGACAAGACCGCCAACCTCTTCAGCAAGAAGAAGGATGAGGCCGAGAAGCTGGCCAACGAGAAGGC
TGCCGAGGCCCAGAAGCTAGCCGAGGAGCAGGCCAAGAAGGTGGGCCAGTCCGTACAGCAGACCAAGGGCGAGGCCGAGCAGTTGGCCGCCAGCA
CGGGTGAGTAACGAACATCCAAAAAATAATGAATGTAACACATAAAAGATGTCTTAGAGAATTAATTGGAGTTATTAATTCTAAAGACTTCCAAA
AACTCTTGCAACGAAGAATTGAATGAGTCCCGTTTGAGATAACTTTCAAAATCAACTTTCAGTTCTTGCTAAAAATGTTTTCTCATTAGCATTCC
ATTTCCAATTTATCTAAAACGCAAATCTTTTAAGCATATCAAACACAAGAGAACTTAATAAATGGAATTCTTTAGTGACGCGTTGACGTAAAACA
TGTTTCCAAGAATAAGATTCGCATTTTTGAAAACATTTCTTCATAAATATTGAAATATTTCTATAATTGTGAAAAGCAATTTAATGTGCTAGAGA
TTTATAACTAAACAGAACATCAATGCTATGTTTTATGCTGGAGCAAAGCCCGACCAATTCAATAAATATCTTTAGGAGCACTTTTAAAGATATTT
TGTAAGAATTTTTCCCACTAATATCTCTCTTTATCATACAGCCAAGGAAGCCGCTGCTCTGGCCACCGCGGAGGCTCAGAAGGCTGGACAGGCGA
TTGACCAGGGTGTGAACCGTGCCGCCGGAGCCGTCAACCAAGGCAAGCAGGCGGTGGACAACACGGTGGCCCAGGCGGCGGCCGTGGCCCAGAAC
TCCAAGCAGGTGGCGGCCAATGTGGCGGAGGCCTCCCAGCGAGCGGCCGCCAATGCGGTGGACCAGACCAAGAAGGCGGCCAACGACGCCATCAA
CAAGAGCGTGAAGGCCGCCGAGAACGTGGCGGACCAGAAGCTGAAGCAGGCGGAGGGCGCCATCGATGGGGCACTGAAGCAGACCAGTCAAACGG
TGGACCAGAAGCTGCAGGAGGCCAACCAGTATGTCGACCAGAAGCGCCAGTCCGTCGAGAAGACCGTCCAGGATGCGGCCGGACAGGCCCAGGAG
TCTGCCGGACAGCAGGCCAACGCCCTGTTGGGCAAGCTGCATCTGGGTCAGAAGTAGAGGCGTCTCCCTTCGCGGTGCCACCTAAAATATCTTGA
TGTGAAAATGCTTTAGATACAAAAACAAAAAAAATAGAAAGGAATTTGCT
(SEQ ID NO: 118)

Exon: 1001..1195
Exon: 8371..8553
Exon: 9067..9557
Start ATG: 1177

Transcript No. : CT4516
TCGACGCAGTCGGACGTTTAAAAATAAACGCGCTCCACCAAAAATACCTAGCCCGCTGGCCGCAAACGCAAATAAATCTGAACAAAAATTCGAAT
TCCATCCGGATCAAACAAACTTACAAACCCGAAAATTAGTTCTTCGACTCCAACGGCCGAGAAAACCGCAACAGTTTCAAAATGTTCAGCTCGAT
TTCAGCTTCCTTGAAGAACTTCGGTGACAAGACCGCCAACCTCTTCAGCAAGAAGAAGGATGAGGCCGAGAAGCTGGCCAACGAGAAGGCTGCCG
AGGCCCAGAAGCTAGCCGAGGAGCAGGCCAAGAAGGTGGGCCAGTCCGTACAGCAGACCAAGGGCGAGGCCGAGCAGTTGGCCGCCAGCACGGCC
AAGGAAGCCGCTGCTCTGGCCACCGCGGAGGCTCAGAAGGCTGGACAGGCGATTGACCAGGGTGTGAACCGTGCCGCCGGAGCCGTCAACCAAGG
CAAGCAGGCGGTGGACAACACGGTGGCCCAGGCGGCGGCCGTGGCCCAGAACTCCAAGCAGGTGGCGGCCAATGTGGCGGAGGCCTCCCAGCGAG
CGGCCGCCAATGCGGTGGACCAGACCAAGAAGGCGGCCAACGACGCCATCAACAAGAGCGTGAAGGCCGCCGAGAACGTGGCGGACCAGAAGCTG
AAGCAGGCGGAGGGCGCCATCGATGGGGCACTGAAGCAGACCAGTCAAACGGTGGACCAGAAGCTGCAGGAGGCCAACCAGTATGTCGACCAGAA
GCGCCAGTCCGTCGAGAAGACCGTCCAGGATGCGGCCGGACAGGCCCAGGAGTCTGCCGGACAGCAGGCCAACGCCCTGTTGGGCAAGCTGCATC
TGGGTCAGAAGTAG

(SEQ ID NO: 119)

Start ATG: 177

MFSSISASLKNFGDKTANLFSKKKDEAEKLANEKAAEAQKLAEEQAKKVGQSVQQTKGEAEQLAASTAKEAAALATAEAQKAGQAIDQGVNRAAG
AVNQGKQAVDNTVAQAAAVAQNSKQVAANVAEASQRAAANAVDQTKKAANDAINKSVKAAENVADQKLKQAEGAIDGALKQTSQTVDQKLQEANQ
YVDQKRQSVEKTVQDAAGQAQESAGQQANALLGKLHLGQK*
(SEQ ID NO: 120)

Celera Sequence No. : 142000013383916
AATTAAATTATTAAATTATTCAAAACAAGCAAAATACAACAACATACAACAACAAAACAAAACAAAAGAAGTAAAACTAAACACTACCAGCTAAT
TATGTTAGATAACTGAATGAGAAAAGCTAAAACAACAGCAATAGCAACAGCAAAGGCATAAGCTAAGTTTGATCTGCAACCAACACCTCTTACCA
CGAACAACGGCAAGCAATAACAGCAAGAACCCTTCCTTCCTCACCCCGATATAATTATGAAATTATATTATTTATAAAAACTGGGAACTAATTTA
CGGAACGATGGCCAGCGTCAATAGAACAACAATACTACAGCAAACAGCAATGCTCGGGGCAGAGAGAGGATGCGACTCAGCACATGAGACTAGAC
CCACTACACTGAAAGACGAACGAACATAGCGACGATATCGATTAGTATTGTTAAGTTTGGGTTAGGCTATATACTATAGATCCAGTCATGTTGCT
GGGTCGTCCCACATCTCCCCAGCCAAATCAGTGTTATCGATCGGATGCAAAGAATCGAACCGAAGACCTGTAGATTCTTTCGCCTCCGAAACGAC
AAACCAACAAACAAACTCAACTTCGGTTGGTTTAAAAATATATAAAAATTGATAAAAATAGTACAATGTTGTGTTTTTCTTTCTGCGCACGTACA
TATGTATGTATGTATATCGATCTTTCATATTTCGACTTGAACCCAATTATTGCAATGAAAGTACATATGTATTTGTAATTCAAAAATTATATTAG
CATACTTACACAGACCATTTGTGCAGTCAACCAATTGGTCGTCTCAATTTAATCTTCGGCAGTTCGAAGCTAAATTATTATAATTATTTTCTGTT
GTTAAAAGAGGAAAAAAACGTACGCTCATCGCTTCTAAAATTGTTGGTCAAAGTAGGCCACGATAAATACATCGAATGTCATTTCGACCGACTGG
CACACAACCTCGTTAGCCAATCTCAGTTCAGATCTCAACGTTGTAACATCAAAATTAAAAATTGTAAAAAGTGAAAGTCCGTTTTTATCCTTTTT
TACCAACCAACTTTGAAGCTAAACTAAATCGTTTTAAAATCATTAAACAGTAAACTAACATGGGCGATGAAGGCGGTGGCGGTGGTCATGGCAAG
GGAGACCTTAAGTCTTTCCTCATGGACTTCATGATGGGCGGCGTTTCAGCTGCCATAGCCAAAACGGCAGTGGCTCCTATCGAGCGCGTGAAGCT
CATTCTGCAGGTGCAGGAGGTTTCCAAGCAGATCGCGGCAGATCAGCGCTACAAGGGCATAGTCGATTGCTTCATTCGCATTCCCAAGGAGCAGG
GCTTCTCGTCGTTCTGGCGCGGCAACTTGGCCAACGTAATCCGATACTTCCCAACTCAAGCCCTTAACTTTGCCTTCAAGGATGTGTACAAATCG
GTTAGTTGTTTGGACAATCCTTATAATAATCATTTCACATACGCCTATAACATATAAAACATAAAACATACTACAGGTATTCCTCGGGGGCGTGG
ACAAGCACAAGCAGTTCTGGCGCCACTTTGCAGGAAACTTGGCCTCTGGCGGTGCAGCAGGTGCCACATCTCTGTGCTTCGTTTATCCACTGGAC
TTTGCCAGAACCCGGTAAGTTGATTCATTATATACACATTCAATTGGTTTTTTCATTTATACACATATACATTAAAAATTGATAATTTTGAGTAA
TTGAGGAAAACAATTCGAACCTTTACATACTTACTATAGTCGTTCAAAATAATCGATGTCCAAATGAGATTATACATTAAGACGCTTTTTCTACA
ACTGCATTATTCACCCACATGAACTGTTTTCCCCATTTGATTTGAATTTGATTTACTTTCATTGGATTCGATTTTGTTATTAACTATTTATTACT
ATTCCAATTCAATCTTCCGCCGACAGTTTGGCCGCCGATGTGGGCAAGGGCGGCAATCGGGAGTTCAACGGCCTGATCGATTGTCTAATGAAGGT
GATCAAGAGTGACGGACCCATCGGTCTGTACCGTGGATTCATCGTGTCGGTGCAGGGCATCGTCATCTACCGAGCAGCATACTTTGGATTCTATG
ACACTTGCCGCGACTTTCTGCCGAATCCGAAGAGCACACCGTTCTATGTGAGCTGGGCGATTGCCCAGGTGGTCACAACCGTTGCCGGTATTGCC
TCCTATCCCTTCGATACTGTGCGTCGCCGCATGATGATGCAGTCTGGCCTGAAGAAGTCCGAGATGGTGTACAAGAACACAGCCCATTGCTGGCT
GGTGATTGCCAAGCAGGAGGGCATTGGAGCCTTTTTCAAGGGCGCCCTATCGAACATAATTCGCGGCACGGGCGGTGCTCTGGTTCTCGCCCTTT
ACGACGAGATGAAGAAGTACTTTTAGCCCCAGTGTGCCGCCGTTTGTGGTGGGCCAATTCGATCGCCAGCAGCAGCAGCAGCAGCCCCGGCCACA
GCAAATGTCACACCACGATGGCGTAGCACCAACCGAACACACTGTCCACCTCTTCGTCGAGGAGGACTTGCTCCCACGAGCCCAGTAGTAAATTA
ATAATTTGATTTGATAGGTCGCCCCACATGGTGGTCGGTCCCTCATTTCAGATTGTGTTCACTTTCGCAGTGGTTGAGAAAATACAAATAATATA
TTGAACTCAAATCTTTGTTGTGCGCTCTTTGTTTGTTTTCATCATCGCGTGTTTTTTGCTTTTTGGTGCATGTGTGTGTACGGATTAGGGTGGGC
CACATCTAACTAGGATCTAATTATCCTCTCAACAAGCTAAGCTAGTCGTTATATTCAACTATATGTGAAGGACAAACAAAAAAAATTTAATTAAT
TTACGTATATTATTTTGTCTCGATTGAATACATTTCAAAAAAATTACAAAATCATTATATGTACGCCATGAAATGATAAAAGGTTATGTACTATA
TGGGCTGCCCACCCTACTCGTTTTCGTAGATATGGTCTTGTGCGGGTGGATTTAAGACTTAAACGTTAGTTAGCCATTTAAATAAAAATAACATT
AAAAACAGAAAGCCATGTCGCTTTCCATTGTCAATCTGCTGCATACGTTAATTAACAACAAAAAACAAAAGTACAAAAAAAAGAGGCAAAATTAC
AAGTACTCGATCTGCACTTATTCTGTAAACAATTAGAAATAACTCTAGACTAAGATCCAGTCACTGAGTTGGCTGCACTTAGTGGGTAGCCCCGG
ACCTGTGGGCCAGGAACAGGAAGTACGTGCCCGCCGCGTAGGCCAGGAAATTGAAGAGTCCAAAGACACCGGCGGCGGTATTCGAACCGGAACCC
TTGCCCGTGGCATCCGACCATCTGGCCAGCTGGACGATGAATCCGATGAAGTACAGCAGCGTCAGCACAGCGGTGGTGATC
(SEQ ID NO: 121)

Exon: 1001..1425
Exon: 1502..1629
Exon: 1927..2406
Start ATG: 1105

Transcript No. : CT4708
AAAATTAAAAATTGTAAAAAGTGAAAGTCCGTTTTTATCCTTTTTTACCAACCAACTTTGAAGCTAAACTAAATCGTTTTAAAATCATTAAACAG
TAAACTAACATGGGCGATGAAGGCGGTGGCGGTGGTCATGGCAAGGGAGACCTTAAGTCTTTCCTCATGGACTTCATGATGGGCGGCGTTTCAGC
TGCCATAGCCAAAACGGCAGTGGCTCCTATCGAGCGCGTGAAGCTCATTCTGCAGGTGCAGGAGGTTTCCAAGCAGATCGCGGCAGATCAGCGCT
ACAAGGGCATAGTCGATTGCTTCATTCGCATTCCCAAGGAGCAGGGCTTCTCGTCGTTCTGGCGCGGCAACTTGGCCAACGTAATCCGATACTTC
CCAACTCAAGCCCTTAACTTTGCCTTCAAGGATGTGTACAAATCGGTATTCCTCGGGGGCGTGGACAAGCACAAGCAGTTCTGGCGCCACTTTGC
AGGAAACTTGGCCTCTGGCGGTGCAGCAGGTGCCACATCTCTGTGCTTCGTTTATCCACTGGACTTTGCCAGAACCCGTTTGGCCGCCGATGTGG
GCAAGGGCGGCAATCGGGAGTTCAACGGCCTGATCGATTGTCTAATGAAGGTGATCAAGAGTGACGGACCCATCGGTCTGTACCGTGGATTCATC
GTGTCGGTGCAGGGCATCGTCATCTACCGAGCAGCATACTTTGGATTCTATGACACTTGCCGCGACTTTCTGCCGAATCCGAAGAGCACACCGTT
CTATGTGAGCTGGGCGATTGCCCAGGTGGTCACAACCGTTGCCGGTATTGCCTCCTATCCCTTCGATACTGTGCGTCGCCGCATGATGATGCAGT
CTGGCCTGAAGAAGTCCGAGATGGTGTACAAGAACACAGCCCATTGCTGGCTGGTGATTGCCAAGCAGGAGGGCATTGGAGCCTTTTTCAAGGGC
GCCCTATCGAACATAATTCGCGGCACGGGCGGTGCTCTGGTTCTCGCCCTTTACGACGAGATGAAGAAGTACTTTTAGCCCCA
(SEQ ID NO: 122)

Start ATG: 105

MGDEGGGGGHGKGDLKSFLMDFMMGGVSAAIAKTAVAPIERVKLILQVQEVSKQIAADQRYKGIVDCFIRIPKEQGFSSFWRGNLANVIRYFPTQ
ALNFAFKDVYKSVFLGGVDKHKQFWRHFAGNLASGGAAGATSLCFVYPLDFARTRLAADVGKGGNREFNGLIDCLMKVIKSDGPIGLYRGFIVSV
QGIVIYRAAYFGFYDTCRDFLPNPKSTPFYVSWAIAQVVTTVAGIASYPFDTVRRRMMMQSGLKKSEMVYKNTAHCWLVIAKQEGIGAFFKGALS
NIIRGTGGALVLALYDEMKKYF*
(SEQ ID NO: 123)

Name: mitochondrial carrier protein; ADP/ATP translocase
Classification: transporter
Gene Symbol: Ant2
FlyBase ID: FBgn0025111

Celera Sequence No. : 142000013384605
GATGCGGCACGACGAGGCACATCCGCGGGAAATGGCGTCGTCGAGGAGGATTTGAGGCACCTGAGTGGTCTTGCCACATCCAGTGCTTCCTACAA
TGAGTATTACTTGGTTTTCCCGCACAGCCTGGATAATATCGTCGGCGTATTTCATGGTGGGCAGTTTTTTCCGTGCTTCTAGCCGTTTCTTGGCA
TTCTCCTCCAACTGGCGTTGCCCCAGTTCCAGCTGCAGTCTCTCGTCCAGCTTGGGGTTTACCCAGTCTAAGTCCGCGTTCCGTTCCTTGGTCTC
CGCAACGAATTCCTCAAAGTTTACACTCAAAAGATGGCGAAACTGTTGCTGAAATTTGGCATCCACATTTTTGTCATCCACATTTTGTCTGGACG
GTGCCCGGCTGTAGTCCTCCATTAACTCCTTCACACGCTCAAGCACTCCACTGGGAGCACTGACATTGCAGCCCAAGCGGATTTGCGGCTCCTTT
GATTCCGCATTCTCGCCTCTGTCCTTCTTTTGCTGCCGGGCAAGATTGCGATAGTACAAACCGATGTCCTTGCCCCTGAGACCCGGTGGGCGGTT
GCCCTTGCGGGCGTTGGAGCCGGATGAGTCCCTATCGCGCTGCATCCTGTCCAATTTATATAAAAGAATTCAGAAGAAGAATTCCCAACCCGAAG
TCAACAAAATTCATAGTGCTGTCGGACTGTCAAAATGCGCAAATCAGATAGACTAGGACTGCCAACTTAATTATATACACCTATTGTGTTACTTT
AATAATTAATTTTCAAATATAAATATTTTATTCAAACAAAATTGGTTGCATTTAGAACACGAAGCAAAATAAAATGAAAATCATAAACAAAGTTT
TAAAAATAAGTGAAAAACACCGGCTTGCTGCTTATTGTTTGGTTCGAATACAGGCTAAATCCCAAAAGTATATTTCCATAACCCTTGAAAATGAA
GCGGTTTGATTGAGCGATCCCGCTGCGGTCACACTAATTTCGATCAACTCAACGCGCTGAGTAAATCGAACCGCTTGTGCTTAGAATTTGTTTTT
TCGCAATTAACGGCCGTGAAGAGCCAGCGATCTGCATGCCAAGTGTCCAATAACTAGGCAGAACAGTGTTTGCGTTGCACAAAAGCCCGCTAGCG
GAGTGTGTTCCATGTGTCATTCCCGGCAAAGGAGCAACAAGTGGCCGAAAGTGGAAAGCAAGAGCAACAACTAAATAAGTAAGGAGTACCACACT
GCAAGAAAAAGTGTTCGGAGGGAACGGTGTGCACAGCTTGTCAGCTTGTTTTTTGTACAGAGCGTCGCGCAATAAAACAAACAAAAAGACATAGT
CCAAAAACAACAACCACAACAAAAGCCGTTTGATCGCGAGTTTGTGTGCGTGTGCGAGTGTGGCTCTATTTGTGTGAGAGTGGCAAGCCATTATT
TTTCTGGTCTTATGACGTAAACCACCGAAAAAAATCAAAAGTGAGCAGGCGACACAGATATCAAAACGAAGGTGAGCGCATTCTTACCAATTCTC
GTTTCGTTTCTTGGAATTCCAGCGGTTATTAGACGGTTTTATACTTGTTTACATTTTCGCAGTTGCAGCACACAACTAATGCCAGAGCGGGAGCG
AGAAAGACATATGTAGATCGTTCTGTGGAAGGAGTGTTGGTCGCGGAGGGTTGTGTTGTGATGTTGTGGAGGGGAGGGAAAGAGATGCAGTGCAT
GTAAACAAAATAGAGAAAGAGGCAATTGCAGTAAATTCTTTGGCAAAAGAAATCTTGTTGAAAGCATTTCCTCCGCAGATGCTTATGTGTACTGG
CGACCTGAAAAGAAATTGTTGCCCTGCTTGAACTTGTCGCTCCACTCTCCACTACCCACCTCCTCGCCCCCTCCCTCGCACACTCCTCTGCCCAC
ACACACACACACACACAACACTCCATTCACAATTGGCCTTTTGCGGAGTCATATATTAAATTTGATTTCTCTAGCCGAGCACTGTGAATGATTTG
CCGCCAGTTGGCACGCCCGTTCGCCACACTGCAGAAAATACCAGGGCACATATATATCTATATCTATATATCTATTAAATTTATCCTTGCATGCC
AAATATTGAAACGCAGCACTTTATAGCTCTCTTAGCTTAAAATGTAAATTTTACTCAATTTAAGAGCACTAATAACGAACGTTTATTTCATTTCC
TAATCAAATCTTACAGTTTAAGTACTTTGTTTTCCGTGTAGCGAGCCAGAACCATCCGCAAAACCTGTTGCTCGTTTGCCTTTTTATTGGATTTT
CTGTTTTCTACCTCTGCTGCTCAGCTGCTGCGATTCCGATTTCATTAGTGATTCATTAGATGCGTTGGACAAGCTAACGCAAAAAGCCAAAGCTT
GTTCCCAACGCATCCTTCAATACAAGGCAATTCAAATGTTCAAACGCTAACGGCCAGCCTCTCAGCCTGGTCAAATGAATCACTCCATATTCTCC
ACATATTCTAACCAATTTCTCTCGTGTTTTGTTTGGCTCTCAGTTTTGCGCTGTGAATAACGTGCTATTTCCTATTTTGGCTGGCCGCGATTATC
GCATCGTTTTGTAAATTTAGTGCGCATTATTAATGAATTTGTCCAATTTGCTGCGGTATACTTTTATCGTTTTTGTTTATAATTATAATCAGTCG
TTTTCACGCGGTGAGAGTTTTGGATAGCACAGTGGTCGGATTCTAATTTGGAAAATGGTTAAGCTTGAGAGTGTTTTAATCTGTAATATAAACTT
ATTGTACAAACCTAATTATAAATTGATCATTTTTGAGCTTACCAGTAATATTCACACAGTATTAAAATTATAATTCCTATTAGATTTCCACCCTT
AAAAAATTTTAAATGAAAGCCAACTCTCATGTGTTAATGTTCTTAAGCATGTAAAAGGAAAACAGCACCCTTTCCAAGTCGAAGAACCACTGTAA
TGGGCCTCGTTCCCTCAAAATACGTACATATGTACGTGTTAATTGAAAATTCCACACTCCGTTGAGGCTGAATCGACATTACGGCACCCCAGATA
ATTGTAAATAAACCCAAGCTGATAATGATCGACCACCTCCCAGCCATCCGTCCATCGATTGGATGCATTCGCTGGGAAGCCATCAGAAACCGCGG
TCTGTGCGCTGCTCTCGAACACTTGTAAACAAGGAACAGCTGTGCAAGTTGTCTCCCCCAAAATATTGAAGACTGCGCAGGCCCCAAAAATCGTT
GTTTGGTCTTTGTTTAGTTTTCGCCTAGCTATCCAACGAAATGCGCCTCAAAAAGCTGGGGTTAGACTTGAAATCTTTTGCATAGTTTATGAAAT
CGAACCCAATATTTCTGTTCTGTTCTTTGCAGAATGTCTCGTCACGAGAAAACGAAATCCACGGGCGGCGGGCTCCTGGACAGTCTGTTCGGAAG
ACCCTCGAAGTCCAAGGGAGGAACCATCAGCAGTGGCACCCTGGCCCATGGCGGACGACCCGTGTCCGCGGACAACTATGTGGTGCCGGGCGTGG
AGGACTTTGAGCAGTACATCCAGCAGCTAAGCGTTGCGGAGCTGGATGCGAAGTTTCTGGAGATCATCGAGGACATGAACATTCCGAAGGACAAG
AGGGAGCCCCTGTTGGCCAAATCGAAGGAGGAGCGACAGAAGATGATTATGTGGCACTTGAAAGGTAAAGAACATGGTGCAAGTACACGTTTTCA
AACAGAAAAACCGCATTTGTGTTTGAAGATTGAGTATCGTTTGGCTAAGAACTATAGTTCTGGAATAGAAAGTCTAAGAATAATCTACATACATAT
ACGAATAATCTAAACTCGTCTGAACCGTAATGTTCCAAGCAACTTTGAAAGGCCAACCGGATTGGCAAAACTTTAACACCCTTTCCCTTTGCAAG
GGTATACAAACAGCAGACCATCGATTTTCGTGCAACTGGGTGACTCTGCCTTCTACTTTTTTTTTTTGCTTTTGTTGTGCTGCGGAATATTGCAT
TCCACTTGTGATAAGATAAGCAGGTAACGGAACTCGTGTCCGTGTGCTTTCCCCGTTTCGCTGTGTGCGTGACACTGCAAATTTCGCTTTCTGAT
TGCTTAGCGCCTTCTTAGCTGCCAATTTGCTCTGTGGCCAGGTTCTGTTCTATATTTCTGGCCAATTCCTAAACCGATTGAAGTGATGTCAACGA
TCCTTTGGATAAGTAAGCTCATAACATACATAAGTCTCTAAATGGTTTCCACTTCAATTAGTCAAGAGGTGATTACTTTGTTTGTTAACTACATA
TACTTGCTTAACTCTACTTCAATTTTGAGAATACTTTATTTCTAGAATTATTATAACGATATTATGTGCATCGCAGCGCGGTAATGATTCAGCTG
GAATCTTCCCTTGTGTTTGCTTCATTCATATCCAGCGAGATTAGTACGGTGTACTCTACTGTACTACAGTGATACTACCAATTATCACTGTAGCA
CATCGCCAGCTGTATCTTGAGCACATTTCAATGCCAGCTCAGCTTTCAGCTTCAGCTTCGTTCTTTGGGTCTCGCTCCAGTTAGTTCACCATGGC
CATGGTCCATTATCAGTCTTGCGGAGTGTGGAATCAAAGTTCCCTTATCGTTTGTAACGCCTAATTGCGCCACAGCCGCGGACTATCTGCTTGCC
CATTTTATCAAGTAATACCAAGTGCTATATTATACATAGTATGTATGTAAGTGGTACGCGGCGAATGCGTGACAAAGTCGAGCGGCAAAAAATGA
AAATGCAAAGACATTGAATTTCCACCACCGTGCACATTATACAATTTAAATTACGTCAAGTGGCAGTGAGAAAATGAAATGATTCTTTTATTTCG
CGCTTAGGTCTTTTTGTTGTATAAGCAAGTGCATCGTGAAGGCGAGAGAGAGATGTACTATGTACACTGAAAGTATTTTTACTAAACATCATATA
TAAATATAGCTAATGATTATAACCTACTATTTATAAATCTCAATGGCCTTGTTATTGAATATAAATTTAATATTTCAAATTTTAATTCAAATTTC
CTGTACCGACGAGGCTTAGTTCTCAGTGTAGCAGAGGCAGAGGGTGATTTTCCTTACACTTTGGAACGGCCATAAAATGCAAATATGCGAAAACA
TTAAACACATTATGACAAAATCGAGCTGAAAATAAATTGTGATGCCTGTCAGTAAACTTGAGCTGCGGCACAATCGTATCTCATAGGTGCAGATA
GCTGCGAGTGAGAGGTAAAAGCGACTGAAGTAAGTATTTGTGGGTCGTGTTTATTGTGGCAGAACCCACTTGTTGCGAAATTAAATTTAAAACAC
AAACAATGGACTGGCCGACAACAAAAAAGGCTCGCACAAAAAGCTGTTCATTAACACGCTTCGCTTGCCGTTTTGAGTTAATTAATAAAACAGTT
AGCGTAGTTTTGCTTTGACGGATAAACGTATAAGTGGTGGGCAGGTTTTGGCCAATTTGAGTGATGTCAGTGGTGCAGGTCAATCAGAAAAAGGG

GTGGGTGGTCGCACCGAAGGCCTCCCTTCCAAAGGTGGGACATGATGATAGCCTTTTAACTACCCCTATCTCTCACAGTTTTAGGGCAAAGTTAT
CACATAAAGCTGTGCAGCAACTATTTAGAACCTCCAAAGTGTAATCATTGAGCCACCTATATAGAATATGTATCATCCTTTATCATGAAATTTAC
AAACTTCAAGTTGGAAAATCTGGAGTGATGGCAAATAAACTTAAAAACACATTTGCGTATTATAATGTGTTGATATGTGTATAATGTTACACCTT
TGTTTAACATAACTTGTTAACGATTATATTCCAGATTAGAGCTTAAGTGGTAATTTCTCGTTAATTAAATGGTTTTCTTATCAAATTGCCATTGT
ACGTTTGTGGGAAAGTATTCCGATTTAGCAGACTAATGATAGGGTAGAGTGAATCATCGCTGATATGACTAAATTCAGGTGTGTTGTCGGTGGGA
GGCAAACCTCTTTCTTTCAAAATATAAGCCTTGAGCTATTTTGGAATGAACCCGTATACTTTTTATCATCGAAACAGCACAAACGTGAGTTGAAT
GGCAAAATGTACTTTAATTTACTATTGTGCCAACTTTTAATTTATGTCAAAAGTGTAACAAATCAAAATGTCCAATATTAGCCATAATTATCAAT
TGCTTAAGTTACGAACTGATCGGATTAGATATTAATAGGTGTTTATAGAACCATATTCCTATGTCTACTATGTAAAATACCGCTGACCACTAAAT
AGCTTTACAGAAATTCAATACGTGCGCTCATCCGACTCCAACTCCAATTTCTCTTCCAGGTAAAAACTCACTGGAGCGTAGCGCCAACTCCCGCT
TCGAGAAGCCCATAGACTATGTGGAATACCTGCAGAATGGGGAGCACAGCACGCACAAGGTGTACCAATGTGTGGAATCTCTGCGCGTGGCGCTC
ACCAGCAATCCGATCTCGTGGATCAAGGAGTTTGGAGTGGCGGGCATCGGGACGATTGAGAAGCTGCTGGCCCGGTCAAAGAATAATGCCAGCTA
CGAGAAGATCGAGTTCGAGGCGATTCGGTGCCTGAAGGCGATCATGAACAACACATGGGGTCTGAACGTGGTGCTCAATCCGGATCAGCATAGTG
TGGTGCTGCTGCTGGCGCAATCCCTGGATCCCCGGAAGCCGCAGACGATGTGTGAAGCCCTCAAGCTGCTGGCCTCGTTCTGCATTGTCTATGAG
CGGAATGGCTACGAGAAGGTTCTCCGAGCCATAACCACTATTGCAGCCACATCCTTTAAAGCGAGCGAGCGCTTTCGACCCATAGTGGATGCCTT
GTTTGCATCGGATCAGCAGGATCCCAAACGGGACTTGGCATGCCACAGCCTGATTTTTATTAATACTCTCACCAATACCCCCACGGATTTGAACT
TCCGCCTGCACTTGCGATGTGAGATTATGCGCATGGGTCTATACGATCGCCTAGATGAGTTCACCAAAATCGTGGAGGCCAGCAATAATGAGAAC
CTGCAGCAGCACTTCAAGATCTTCAACGAGATCCGCGAGGATGACTTCGAGGAGTTTGTGCAGCGCTTCGATAATGTCACCTTCAACATGGACGA
CGCCACCGATTGCTTCGATGTGCTGAAGAACCTGGTGACTGACACCACTTCCGAGCCCTACTTCCTGTCCATCCTGCAGCATTTGCTGTACATCA
GGGATGACTTCTACTTCCGACCTGCCTATTATCAGCTGATTGAGGAGTGCATCTCACAAATCGTCTTCCACAAGGGTTACTGTGATCCGAATTTC
GAGAACCGGAACTTTAATATAGACACCTCGCTACTGCTGGACGACATTGTGGAGAAGGCCAAGGCCAAGGAGTCGAAGCGGTCGGAGGAGTACGA
GAAGAAGATCGAGCAGCTGGAGAGTGCCAAGCAAGAGGCGGAAGCGAAGGCGGCTCATCTGGAGGAGAAAGTCAAGTTGATGGAGGCTAATGGTG
TGGCGGCTCCGTCGCCCAATAAGCTACCCAAGGTAAACATACCCATGCCACCGCCACCACCAGGAGGAGGAGGAGCACCTCCCCCACCGCCGCCA
CCTATGCCGGGACGAGCAGGTGGTGGACCTCCGCCTCCACCACCACCTCCCATGCCGGGAAGGGCAGGTGGACCGCCACCACCTCCTCCACCGCC
CGGAATGGGAGGCCCACCGCCTCCACCCATGCCTGGCATGATGCGCCCAGGAGGGGGACCTCCACCACCGCCCATGATGATGGGGCCCATGGTTC
CCGTTCTGCCTCATGGCTTAAAACCGAAGAAGAAGTGGGACGTCAAGAATCCCATGAAGCGGGCCAACTGGAAAGCCATTGTCCCGGCCAAAATG
TCCGACAAGGCATTCTGGGTCAAGTGCCAGGAGGATAAGCTGGCCCAGGATGACTTCCTCGCAGAACTGGCCGTGAAATTCTCTTCTAAACCTGT
AAAGAAAGAACAGAAGGATGCGGTGGACAAGCCAACGACGCTGACAAAGAAAAATGTCGATCTTCGTGTGCTCGACTCGAAGACTGCTCAGAACT
TGGCTATTATGTTGGGAGGATCGCTGAAGCATCTGTCCTACGAACAGATCAAGATCTGCTTGCTGCGCTGCGACACCGACATCCTGTCCTCCAAT
ATCCTGCAGCAACTTATCCAGTACCTTCCGCCGCCAGAGCACCTCAAGCGTTTGCAGGAGATCAAGGCAAAGGGCGAACCGCTACCGCCGATTGA
ACAGTTTGCAGCCACAATAGGTAAGGCGAATGGAGTTTGTAGTGCAGAAGGCGCAGAATAACTTTACTTAATTTCAGGGGAAATTAAACGCCTTT
CGCCGCGACTTCACAACCTGAACTTCAAGCTGACCTACGCGGACATGGTGCAGGATATCAAACCCGACATTGTGGCAGGAACGGCAGCATGCGAA
GAGATCCGGAATAGCAAAAAGTTCTCAAAGATCTTGGAGCTGATTCTGCTGCTTGGAAATTACATGAACTCGGGCTCCAAAAACGAGGCCGCCTT
TGGCTTTGAGATCAGTTATTTAACCAAACTGTCCAATACGAAGGATGCGGATAATAAGCAGACATTGCTGCACTACCTGGCTGACCTGGTGGAAA
AGAAATTCCCAGATGCACTAAACTTCTACGACGATCTGTCGCATGTTAATAAAGCGTCGCGGGTCAACATGGATGCCATCCAAAAGGCCATGCGG
CAAATGAATTCGGCGGTTAAGAACCTGGAAACTGATCTCCAGAACAACAAGGTGCCGCAGTGTGATGATGACAAGTTTAGCGAGGTGATGGGCAA
GTTTGCCGAGGAGTGCAGACAACAAGTGGACGTGCTGGGTAAGATTATCTCATCTGATCGGAACGAATATTACATGAGCAAAATCGAATTCTCTA
ACATCTCGTTTTAATTTCAGGCAAAATGCAGCTGCAAATGGAGAAGCTGTACAAGGACCTCAGCGAGTACTATGCCTTCGATCCCAGCAAATACA
CAATGGAGGAGTTCTTTGCGGACATCAAGACTTTCAAGGATGCCTTCCAAGCGGCCCACAACGACAATGTCCGGGTACGCGAGGAGCTGGAGAAG
AAGCGTCGTCTGCAGGAGGCCCGAGAGCAGTCTGCTCGAGAGCAACAGGAGCGCCAACAGCGTAAGAAGGCAGTGGTTGACATGGATGCCCCGCA
GACGCAGGAAGGCGTGATGGACAGTCTGTTGGAGGCGCTGCAAACGGGCTCAGCCTTTGGCCAACGAAATCGACAGGCCCGGCGACAACGACCGG
CGGGAGCGGAGCGGAGGGCACAGCTCAGCCGGAGTCGATCGCGGACGCGTGTCACCAACGGACAACTAATGACCCGCGAAATGATCCTCAACGAG
GTTCTAGGCTCCGCGTAGAAGTAATGGAACGAGCAATTCCCCTCTGTACATATATAAATAGATATCTGTAGCGATATAAGGGCCTGGGCTCATTA
GCCGTGAGTCCGTGTGCGTCGCCTTGCTTGCATATCAACTCAATTGGCGTGTCCAAGAGATTTGACGAATTGGATGCCCAGCAGGAAGGACTGTA
TCAAGAGCCGCAAAGTACTAATTAACTGGAACTAGAGTCACAGGTGGATTTTCCGAAATTATTAATTGCTGTAACGGAGTCCTTGGTTTATAGGA
TTGAGTTTTCCGTTTGAATTGATTGGAGTATTTATTTAATTGATTGTTTAATAAATAACATTTTGTTTAGAATTTATAATATGCAAATAACACAT
ACAAGATCACTTTTATTTAATTAAAATGATTGGCAGGCCTTTTAATTTCAGCTGTACATTTTATTTTACTGCTATGACTGTCCCAATATTAAAGT
ACCAATTTTACAAGTCGAATATACTATAAAAAAACTTCTAGTTGAAACTAAATTCATGTCAAGAAATTAGCAATGCATATCGATGAAAACTCCAA
CTTCGCTACCTATACGAAAAAACTAAATATATAGATATTTTTGATACGCTTTTACTTCTGAAATTATGTCGTTGTAAGTCTAAATACTTAAAAAT
GAAACTGAAAGCAACTTTAAGATTTATCTGTATCTTGTGGTCTTTACATACTGTATTCCTATTTTACTGTGGCATGTTCCAATCATTTTGCTGTG
CACTTCGTTTTCGAGGCACTCAGTAGAGCAGAGGCGAGATTTATATCAAAGCAAAATTCCTTTTGTATTTAATTTGTTTTTAAGCGAAACTTTTT
TGAACTTGTTTACCTTAAAATCCTATTTTAATCCGCGCTATACATAACATTGTTAATAAATGTCTATTTTTCGACAATGACGGTATATTGAAAAT
AAAACTACCAAATCAACTGCTTCTCAACCAATTGATTGGCAATAATCCTGGAATATTCCACAAGAAGGCTTGGCTGCGAATCCGAAAGCAATTTG
GGCTTTCCACCCATGTGTGACTTGCCGCCTTTTGTTGTTCTTCTCCACTCTAATTTGTTTTATTAACAAAGATATTTTATCGCCAATGTCGCGGC
ACCCATAAAGGTGCTTGATTGCGACGGCGAAGGAGGCGGTTGCTCGGCTCGTACAACGCAAAATGCACTTGCTGCGGGATCGGCTGGGGGTTGCG
GGTGGGCGGAAGGGGTTTCTGGAGGGGTTTGGCCCGGCAAACGGCCGTAAAACTCTCAAAAACGTTAAACGAACCGACAAACAGCGAATGCCGCA
CGACAATGATACGTCTACCATCCATACATATCCATCCATCCACACTCAAATCCGTCTGGCGTCGACGCTCCACCAAGCCACAGATATAGGTTGTT
AGATCGGGACTGGAACTTGGACATATCTGTAATGGTCTGATTGCCCCTTGAGTTTTATTTCGGAGTCTGCTTTATGGGCTATGGCGCTTGCTTTG
CTTTCTTTATGGATTTATTAACATAATTGAGGGAATATGTATAAATACCATTGAATTCGTAGCAGGTTGTTAATGTCAATGGCGGGGACAGATTC
TAATTTACGATGGCCAGATAGAGATGCATTAGAGTGTTTTACAGATTGAAATAAATCTTTCATTGCCGGAAGGGCAATTCGAAATGGATTCTCTG
CTTTCGATTCAACTAATCGTCGGGGAACGTTTGTATATTATAATATTATGTATTATGTTTGTAATTGATCAACACTTTCTATTTGATGAAAAAAT
ATTACAATCTTCTATCAAATCTTGCGTTTGTACGACCAAAATTCATGATTCATCTCGAATTTGCCGCCCAGGGGGAGTTACCATATGTTTACATA
GATCACTTAGGGATTAGCCTTTTTGTGCGCCCCTAATGACTTCCAGGTAAC
(SEQ ID NO: 124)

Exon: 1001..1496
Exon: 3358..3674
Exon: 6330..8285
Exon: 8343..8873
Exon: 8951..10356
Start ATG: 3359

Transcript No. : CT4728

AACGCGCTGAGTAAATCGAACCGCTTGTGCTTAGAATTTGTTTTTTCGCAATTAACGGCCGTGAAGAGCCAGCGATCTGCATGCCAAGTGTCCAA
TAACTAGGCAGAACAGTGTTTGCGTTGCACAAAAGCCCGCTAGCGGAGTGTGTTCCATGTGTCATTCCCGGCAAAGGAGCAACAAGTGGCCGAAA
GTGGAAAGCAAGAGCAACAACTAAATAAGTAAGGAGTACCACACTGCAAGAAAAAGTGTTCGGAGGGAACGGTGTGCACAGCTTGTCAGCTTGTT
TTTTGTACAGAGCGTCGCGCAATAAAACAAACAAAAAGACATAGTCCAAAAACAACAACCACAACAAAAGCCGTTTGATCGCGAGTTTGTGTGCG
TGTGCGAGTGTGGCTCTATTTGTGTGAGAGTGGCAAGCCATTATTTTTCTGGTCTTATGACGTAAACCACCGAAAAAAATCAAAAGTGAGCAGGC
GACACAGATATCAAAACGAAGAATGTCTCGTCACGAGAAAACGAAATCCACGGGCGGCGGGCTCCTGGACAGTCTGTTCGGAAGACCCTCGAAGT
CCAAGGGAGGAACCATCAGCAGTGGCACCCTGGCCCATGGCGGACGACCCGTGTCCGCGGACAACTATGTGGTGCCGGGCGTGGAGGACTTTGAG
CAGTACATCCAGCAGCTAAGCGTTGCGGAGCTGGATGCGAAGTTTCTGGAGATCATCGAGGACATGAACATTCCGAAGGACAAGAGGGAGCCCCT
GTTGGCCAAATCGAAGGAGGAGCGACAGAAGATGATTATGTGGCACTTGAAAGGTAAAAACTCACTGGAGCGTAGCGCCAACTCCCGCTTCGAGA
AGCCCATAGACTATGTGGAATACCTGCAGAATGGGGAGCACAGCACGCACAAGGTGTACCAATGTGTGGAATCTCTGCGCGTGGCGCTCACCAGC
AATCCGATCTCGTGGATCAAGGAGTTTGGAGTGGCGGGCATCGGGACGATTGAGAAGCTGCTGGCCCGGTCAAAGAATAATGCCAGCTACGAGAA
GATCGAGTTCGAGGCGATTCGGTGCCTGAAGGCGATCATGAACAACACATGGGGTCTGAACGTGGTGCTCAATCCGGATCAGCATAGTGTGGTGC
TGCTGCTGGCGCAATCCCTGGATCCCCGGAAGCCGCAGACGATGTGTGAAGCCCTCAAGCTGCTGGCCTCGTTCTGCATTGTCTATGAGCGGAAT
GGCTACGAGAAGGTTCTCCGAGCCATAACCACTATTGCAGCCACATCCTTTAAAGCGAGCGAGCGCTTTCGACCCATAGTGGATGCCTTGTTTGC
ATCGGATCAGCAGGATCCCAAACGGGACTTGGCATGCCACAGCCTGATTTTTATTAATACTCTCACCAATACCCCCACGGATTTGAACTTCCGCC
TGCACTTGCGATGTGAGATTATGCGCATGGGTCTATACGATCGCCTAGATGAGTTCACCAAAATCGTGGAGGCCAGCAATAATGAGAACCTGCAG
CAGCACTTCAAGATCTTCAACGAGATCCGCGAGGATGACTTCGAGGAGTTTGTGCAGCGCTTCGATAATGTCACCTTCAACATGGACGACGCCAC
CGATTGCTTCGATGTGCTGAAGAACCTGGTGACTGACACCACTTCCGAGCCCTACTTCCTGTCCATCCTGCAGCATTTGCTGTACATCAGGGATG
ACTTCTACTTCCGACCTGCCTATTATCAGCTGATTGAGGAGTGCATCTCACAAATCGTCTTCCACAAGGGTTACTGTGATCCGAATTTCGAGAAC
CGGAACTTTAATATAGACACCTCGCTACTGCTGGACGACATTGTGGAGAAGGCCAAGGCCAAGGAGTCGAAGCGGTCGGAGGAGTACGAGAAGAA
GATCGAGCAGCTGGAGAGTGCCAAGCAAGAGGCGGAAGCGAAGGCGGCTCATCTGGAGGAGAAAGTCAAGTTGATGGAGGCTAATGGTGTGGCGG
CTCCGTCGCCCAATAAGCTACCCAAGGTAAACATACCCATGCCACCGCCACCACCAGGAGGAGGAGGAGCACCTCCCCCACCGCCGCCACCTATG
CCGGGACGAGCAGGTGGTGGACCTCCGCCTCCACCACCACCTCCCATGCCGGGAAGGGCAGGTGGACCGCCACCACCTCCTCCACCGCCCGGAAT
GGGAGGCCCACCGCCTCCACCCATGCCTGGCATGATGCGCCCAGGAGGGGGACCTCCACCACCGCCCATGATGATGGGGCCCATGGTTCCCGTTC
TGCCTCATGGCTTAAAACCGAAGAAGAAGTGGGACGTCAAGAATCCCATGAAGCGGGCCAACTGGAAAGCCATTGTCCCGGCCAAAATGTCCGAC
AAGGCATTCTGGGTCAAGTGCCAGGAGGATAAGCTGGCCCAGGATGACTTCCTCGCAGAACTGGCCGTGAAATTCTCTTCTAAACCTGTAAAGAA
AGAACAGAAGGATGCGGTGGACAAGCCAACGACGCTGACAAAGAAAAATGTCGATCTTCGTGTGCTCGACTCGAAGACTGCTCAGAACTTGGCTA
TTATGTTGGGAGGATCGCTGAAGCATCTGTCCTACGAACAGATCAAGATCTGCTTGCTGCGCTGCGACACCGACATCCTGTCCTCCAATATCCTG
CAGCAACTTATCCAGTACCTTCCGCCGCCAGAGCACCTCAAGCGTTTGCAGGAGATCAAGGCAAAGGGCGAACCGCTACCGCCGATTGAACAGTT
TGCAGCCACAATAGGGGAAATTAAACGCCTTTCGCCGCGACTTCACAACCTGAACTTCAAGCTGACCTACGCGGACATGGTGCAGGATATCAAAC
CCGACATTGTGGCAGGAACGGCAGCATGCGAAGAGATCCGGAATAGCAAAAAGTTCTCAAAGATCTTGGAGCTGATTCTGCTGCTTGGAAATTAC
ATGAACTCGGGCTCCAAAAACGAGGCCGCCTTTGGCTTTGAGATCAGTTATTTAACCAAACTGTCCAATACGAAGGATGCGGATAATAAGCAGAC
ATTGCTGCACTACCTGGCTGACCTGGTGGAAAAGAAATTCCCAGATGCACTAAACTTCTACGACGATCTGTCGCATGTTAATAAAGCGTCGCGGG
TCAACATGGATGCCATCCAAAAGGCCATGCGGCAAATGAATTCGGCGGTTAAGAACCTGGAAACTGATCTCCAGAACAACAAGGTGCCGCAGTGT
GATGATGACAAGTTTAGCGAGGTGATGGGCAAGTTTGCCGAGGAGTGCAGACAACAAGTGGACGTGCTGGGCAAAATGCAGCTGCAAATGGAGAA
GCTGTACAAGGACCTCAGCGAGTACTATGCCTTCGATCCCAGCAAATACACAATGGAGGAGTTCTTTGCGGACATCAAGACTTTCAAGGATGCCT
TCCAAGCGGCCCACAACGACAATGTCCGGGTACGCGAGGAGCTGGAGAAGAAGCGTCGTCTGCAGGAGGCCCGAGAGCAGTCTGCTCGAGAGCAA
CAGGAGCGCCAACAGCGTAAGAAGGCAGTGGTTGACATGGATGCCCCGCAGACGCAGGAAGGCGTGATGGACAGTCTGTTGGAGGCGCTGCAAAC
GGGCTCAGCCTTTGGCCAACGAAATCGACAGGCCCGGCGACAACGACCGGCGGGAGCGGAGCGGAGGGCACAGCTCAGCCGGAGTCGATCGCGGA
CGCGTGTCACCAACGGACAACTAATGACCCGCGAAATGATCCTCAACGAGGTTCTAGGCTCCGCGTAGAAGTAATGGAACGAGCAATTCCCCTCT
GTACATATATAAATAGATATCTGTAGCGATATAAGGGCCTGGGCTCATTAGCCGTGAGTCCGTGTGCGTCGCCTTGCTTGCATATCAACTCAATT
GGCGTGTCCAAGAGATTTGACGAATTGGATGCCCAGCAGGAAGGACTGTATCAAGAGCCGCAAAGTACTAATTAACTGGAACTAGAGTCACAGGT
GGATTTTCCGAAATTATTAATTGCTGTAACGGAGTCCTTGGTTTATAGGATTGAGTTTTCCGTTTGAATTGATTGGAGTATTTATTTAATTGATT
GTTTAATAAATAACATTTTGTTTAGAATTTATAATATGCAAATAACACATACAAGATCACTTTTATTTAATTAAAATGATTGGCAGGCCTTTTAA
TTTCAGCTGTACATTTTATTTTACTGCTATGACTGTCCCAATATTAAAGTACCAATTTTACAAGTCGAATATACTATAAAAAAACTTCTAGTTGA
AACTAAATTCATGTCAAGAAATTAGCAATGCATATCGATGAAAACTCCAACTTCGCTACCTATACGAAAAAACTAAATATATAGATATTTTTGAT
ACGCTTTTACTTCTGAAATTATGTCGTTGTAAGTCTAAATACTTAAAAATGAAACTGAAAGCAACTTTAAGATTTATCTGTATCTTGTGGTCTTT
ACATACTGTATTCCTATTTTACTGTGGCATGTTCCAATCATTTTGCTGTGCACTTCGTTTTCGAGGCACTCAGTAGAGCAGAGGCGAGATTTATA
TCAAAGCAAAATTCCTTTTGTATTTAATTTGTTTTTAAGCGAAACTTTTTTGAACTTGTTTACCTTAAAATCCTATTTTAATCCGCGCTATACAT
AACATTGTTAATAAATGTCTATTTTTCGACAATGACGGTATATTGAAAATA

(SEQ ID NO: 125)

Start ATG: 498

MSRHEKTKSTGGGLLDSLFGRPSKSKGGTISSGTLAHGGRPVSADNYVVPGVEDFEQYIQQLSVAELDAKFLEIIEDMNIPKDKREPLLAKSKEE
RQKMIMWHLKGKNSLERSANSRFEKPIDYVEYLQNGEHSTHKVYQCVESLRVALTSNPISWIKEFGVAGIGTIEKLLARSKNNASYEKIEFEAIR
CLKAIMNNTWGLNVVLNPDQHSVVLLLAQSLDPRKPQTMCEALKLLASFCIVYERNGYEKVLRAITTIAATSFKASERFRPIVDALFASDQQDPK
RDLACHSLIFINTLTNTPTDLNFRLHLRCEIMRMGLYDRLDEFTKIVEASNNENLQQHFKIFNEIREDDFEEFVQRFDNVTFNMDDATDCFDVLK
NLVTDTTSEPYFLSILQHLLYIRDDFYFRPAYYQLIEECISQIVFHKGYCDPNFENRNFNIDTSLLLDDIVEKAKAKESKRSEEYEKKIEQLESA
KQEAEAKAAHLEEKVKLMEANGVAAPSPNKLPKVNIPMPPPPPGGGGAPPPPPPPMPGRAGGGPPPPPPPPPMPGRAGGPPPPPPPPGMGGPPPPP
MPGMMRPGGGPPPPPMMMGPMVPVLPHGLKPKKKWDVKNPMKRANWKAIVPAKMSDKAFWVKCQEDKLAQDDFLAELAVKFSSKPVKKEQKDAVD
KPTTLTKKNVDLRVLDSKTAQNLAIMLGGSLKHLSYEQIKICLLRCDTDILSSNILQQLIQYLPPPEHLKRLQEIKAKGEPLPPIEQFAATIGEI
KRLSPRLHNLNFKLTYADMVQDIKPDIVAGTAACEEIRNSKKFSKILELILLLGNYMNSGSKNEAAFGFEISYLTKLSNTKDADNKQTLLHYLAD
LVEKKFPDALNFYDDLSHVNKASRVNMDAIQKAMRQMNSAVKNLETDLQNNKVPQCDDDKFSEVMGKFAEECRQQVDVLGKMQLQMEKLYKDLSE
YYAFDPSKYTMEEFFADIKTFKDAFQAAHNDNVRVREELEKKRRLQEAREQSAREQQERQQRKKAVVDMDAPQTQEGVMDSLLEALQTGSAFGQR
NRQARRQRPAGAERRAQLSRSRSRTRVTNGQLMTREMILNEVLGSA*

(SEQ ID NO: 126)

Name: DIAPHANOUS/FORMIN HOMOLOGY
Classification: actin_binding

Gene Symbol: dia
FlyBase ID: FBgn0011202

Celera Sequence No. : 142000013384695

CTCGCGCAACAACATACCATCGGTCATGTACTTGAGCAGCGTCTTGGCCGTGGAGCAGTCCTCGAAACGGATGGAGTAGCCGACCTCTTCGCCCA
GTTTTACGTCCATCTCCTCCGAAACGCGCTGGGCCACGGACATGGCGGCAACTCGACGTGGCTGTGTGCAGGAGACTCCCTTGCGCCCCTTGGAT
ACTGCGAAGTCCACGCACCACTGCGGGATCTGGGTCGTCTTGCCGGAGCCAGTCTCGCCCACCAGCACAATACACTGGTGCAGGCTGAGCAGCCG
CATAAAGTCCGCCTGGTACTCGAACACGGGCAGCGCAATGCGCTTCTTGTAGAGATTCTGGTACCGTTGTGAGTACGGCGTGTTGGTCAGCGGGT
TCATCGTGGGCGGTTGCTTGTTGGGCACGAATCCGCCCAGGATTTGAGCCACTGTGCCGGCAGCGGCTGCCGCCGACGAGGAGGACGCCTCCGGG
TCCCTGGTGAGAAAGGAGCGTTACATTACTGCCGTATGTTGGCCTCGGGTCACTTACTTCTTCGCCTTGCTGCCGTAGGTCTCCCCCACTTCGAT
TCGACGCTTGGACATGCTAATTTATGGTGATTACTGCACTTAATTCTCAAAACGAAGCGTTTAGCACAAAAAAAAACACGCGCTCAGTGAGACCT
TTAGCATATACCGACCATGCTGATCGCAACTTTTAAAATACCAAAGTTTACTGTCTGTGTATACTATATAAGCCCATGGTTAGCGAAGATCACAA
CCAACAGCACGGCAGCAATTTGGCATTTAAAAAAAAACAGCAGTTCAAGCTTAAGTCTTTTGACGAGAATCTATCTATAGAATTCGGTTTTACTC
ACCAGTTTGAAGAATAGTTGTGAGCTCACAGTCTTAAAATTGACATTTGACAGCAATTTGATTGGAAACTGATTTTGATTTTTACAGTAACAAAC
TGTTACATGGATTCGGTATTTTCGGCTTGGGTTGGCGCTTTAGCGTCGGCCACACTATCACATTGTATCGATTCGGAGGGAGTTGAATTTTTGCA
CGTATTTGAAAGCGCAAAGATGCGAAACAAAGAGCAGGATATCGAATGAAAGAGCTCCTGCGAGACCAGGACTAGTTGCCTAACCACCATGGAAA
TACCCATTCAGGTAGCGGTGCGCATCTTCCCGCATAGAGAGCTCAAGGACTTGTTGAGGAGCTTCGGCCCCACAGAGCCCAAAAAGGATGCGCAG
GCGGTGGATGAGGGGGCGGACTCCAAGGACTCCGAGGCTCAAGTTCCGGCGGCTGAGAAGGACAATCCGTCAATTTCAGAGACGGACCCAAACGG
GAATGCTGAGCAGGACAGTGCGGCCGATTCGAAGACAATTCCAGATGCCAATGGCAACGACAGTGGTCAGAAGGATTACCCAGACTCCGCATATT
GCGTTCAGGCTATTCCCATCAGCGCTTCGGCCCTGGGATTGCCCAGTGCCCTGCCAGGCGGAGATCCCATGGACAGCATTGCAGCTGGACTGATA
CAAGTCGGTCCCCACACGGTTCCGGTCACCCACGCCCTGCCCAGCAGCAGCTCCCAGGAGCAAGTGTACCACCAGACGGTCTTTCCGCTCATCAC
CCTGTTCCTGGAAGGTTTCGACGCATCTGTAGTCACCTATGGCCAGAGGGGCCAGGGCAAAAGCTACACACTCTACGGAAACGTCCAGGACCCTA
CTCTGACGGATTCCACCGAAGGAGTCGTCCAACTTTGTGTCCGTGACATTTTCTCACACATATCGTTGCACCCAGGTGAGTTTACTAAAAGGATC
TTATAAGCATAGTTATCCATTTCCATTTTCACTTTAAGAACGCACCTATGCCATCAACGTGGGATTCGTGGAAATTTGCGGAGGTGATGTCTGCG
ACTTGTTGGGCATGGGAAACATACACTGCACCAACGTAGATGCCGTCTTCCACTGGTTGCAGGTGGGTCTGTCGGCCCGCCAATCGTTGCCGGCG
CACACCCTGTTCACGCTTACCCTGGAGCAGCAGTGGGTGTCCAAGGAGGGGCTGTTGCAGCACCGCTTGTCCACGGCCAGTTTCTCGGATCTCTG
CGGCACAGAGAGATGTGGAGACCAGCCACCGGGACGTCCTCTCGATGCTGGCCTGTGTATGCTGGAGCAGGTGATCAGTACTCTCACAGATCCAG
GCCTCATGTACGGGGTTAATGGCAACATTCCGTACGGTCAGACCACGCTCACCACTCTCCTGAAGGACTCGTTCGGCGGACGGGCTCAGACGCTC
GTGATCCTGTGCGTGTCACCGCTGGAAGAGCACTTGCCCGAAACTCTTGGCAACCTGCAGTTCGCCTTTAAGGTGCAGTGCGTACGTAATTTTGT
AATTATGAACACCTACTCCGACGACAACACGATGATCGTTCAGCCGGCTGAGCCTGTTCCCGAATCCAATTCCTCTGCTGGACCCTTGTCGCAGG
CGGGACCAGGGGACAACTTTGGCCTACAATTCGCAGCAAGCCAATGGTCCAAACTAGTTACCAACGCCGAGGGGCTATTTTCCAAGTAAGTGTAC
ACATTATTTCCGATGTGGGCCTTTTGACGACAAAAGAAATTTATAGGCTGATAGACTCCAAGCTAATTACTGAAGTGGAGAAGGAGCAGATCGAG
GAGTGGCTCTTCCTCAAGCAGGAGTGCGAGGAGTGTCTCAGCTCAACAGAGGCTATGCGTCAGCAAAAACAGTTGGTTCCCATTCTGGAGGCCGA
GGAGCCCGAGGACGTGAATTCTGAAGCAGCCAATTCGGAGTCGCCAAACTCCGACAACGAAAACGACACAGACAATGAGTCGCATCGGCCCGATC
TGGACGACAAGATAGAAAGTCTAATGGAAGAGTTTCGCGACAAAACAGACGCTCTTATACTTGAAAAACACGCTGAATATCTATCCAAGCATCCG
AAGGCGGTTATGCAAAGCCAAGACCGCGAGATTGAGGCACAGCCGCCAGAAGAAAATGGTGATGATCGAAAAGTCAGCATTGGCAGTAAGTCTTT
GCCTTGAATAACATTTTTTTATACAGTAACATGTTGATTCCTTGCTTTAATAGGTCGCAGGAGAAGTGTTCAGCCAGGTGCTAGCTTAAGTACTG
CTGAGCTTGCCATGCTTAATCGGGTAGCTTCCCAGCAGCCGCCTCCGCCCATCGATCCTGAGTCGGTCGTCGATCCTCTGGAAAGTTCTTCGGGC
GAAGGAATCCGTCAGGCGGCTCTCGCTGCCGCCGCCGCCACTGCTCCTATTGAACAGCTGCAGAAAAAATTGCGCAAACTGGTCGCTGAGATCGA
GGGCAAGCAACGACAGTTACGGGAAATCGAAGAGACAATCCAGGTAAAACAAAATATAATCGCCGAATTGGTCAAGAACAGCGATACACGCAGCC
ATGCAAAGCAAAGATTTCACAAGAAACGTGCCAAACTTGAGGCCGAGTGCGACAAGGCCAAGAAGCAGTTAGGTAAGGCGCTAGTTCAAGGCCGG
GATCAGTCGGAGATTGAGCGATGGACCACGATAATCGGACATCTCGAGCGTCGACTAGAAGACCTCAGCTCAATGAAGCATATTGCGGGTGAGAG
CGGACAGAAGGTGAAGAAGCTACAGCAATCGGTGGGCGAGTCGCGAAAACAGGCCGATGATTTACAGAAAAAGCTTCGAAAGGAGTGCAAGCTGC
GCTGCCAGATGGAGGCGGAGCTGGCCAAACTACGAGAATCCAGGGAGACTGGCAAAGAGCTAGTGAAGGCGCAAGGTTCTCCCGAGCAACAAGGC
CGCCAGTTAAAGGCAGTACAGGCTAGGATTACGCACCTTAATCACATTTTACGCGAGAAGTCGGATAACCTGGAGGAGCAGCCGGGACCAGAACA
GCAGGAGACCTTGCGTCATGAGATCCGCAACTTGCGCGGAACTCGTGACTTGTTGTTGGAAGAACGCTGTCATTTGGACCGCAAACTTAAGCGGG
ACAAGGTGCTGACGCAAAAGGAGGAGCGCAAGCTGCTCGAGTGCGATGAGGCCATCGAGGCCATAGATGCGGCCATAGAATTCAAGAACGAGATG
ATCACGGGCCACCGCTCCATCGACACGAGCGACCGAATTCAGCGGGAGAAGGGAGAACAGATGCTGATGGCACGCCTAAATCGTCTCTCAACGGA
GGAGATGCGAACACTTCTGTACAAATACTTCACGAAGGTTATCGATTTGCGCGACTCTTCACGAAAGCTGGAGCTGCAGCTGGTGCAGTTGGAGC
GTGAGCGGGATGCCTGGGAGTGGAAGGAGCGTGTTCTGTCCAATGCCGTGCGCCAGGCTAGACTGGAAGGCGAACGGAATGCGGTGCTGCTGCAG
CGCCAGCACGAAATGAAACTCACTTTGATGCTGCGTCACATGGCGGAGGAAACGTCGGCCAGTTCGGCCAGCTACGGAGAACGAGCTTTGGCCCC
TGCCTGTGTCGCCCCGCCGGTGCAGGCCAGTAGTGATTTCGACTACGATCATTTCTACAAAGGTGGCGGCAATCCAAGCAAGGCACTGATCAAAG
CGCCAAAGCCGATGCCCACCGGCTCGGCGCTAGACAAATACAAGGACAAAGAGCAACGCAGCGGACGCAACATCTTTGCCAAGTTCCATGTGCTC
ACCAGATATGCGTCAGCTGCCGCAGCCGGTTCCTCAGGGTCCACGGCCGAGGAATCCACGGCCCTGATTGAGTCAACCACCACGGCCACGGCAAC
CACTACGTCGACAACCACCACTGGAGCCGTAGGAAAAGTGAAGGACAAGGCCCTGGTCAGCTTCAGGCCGGAGCAGCTGAAGCGTCTGATGCCAG
CTCCGACGGCCACGAAAGTGACGCGTCAGAAGAACAAGATAATTATCCAGGACGCAAGTCGTCGAAACTAAATACGAATTTAACCATTTCCAGGA
CGATATTATAAGGTTAAGCCAAATAGCCATATACAATTAATAGCCATGAGCTGAAATCCAGCCACTTTAATAATTAAGGCGATAATATAAAAAAA
TGCTTAAAAATGTATAACAGATTACTCCCATATACATGCATACATTTTAATCAATAGTCCGACATATATACCAGCTTGAATTTATTAGTTTACTG
CTTGTCGTTTAACTTATTAAAGTGGCTGGAGTTCGATATCTTTTTAAGTGTGAAGCAATAGCTCAGATCCTGGTAACAAGAACTGAACAAGTTTC
GTCCACAGTCATGACACAAATAGACTACAACACATGGTTCTCATTCCGGCTCTTTAGCTGGGGAGCATTTATTTTAGAAACCCCCACACGTACAT
ACACCTAGCATATGAAAGTAACTATCCTCATGAGATTCAACCGTAAAGACTTGACCTGCTACTTAAGATACTCGCAAGACAAACCGTACACAAAA
CTCGCTCAAAGTGTTGACCTAAGTCTCCGCATTGTTTAACTTGTACATAACAATAATTATTAGGTAACCACTTAATTTTAATTGATTTTGTTAGT
TTTAGCTTAGTTGTAAACACTATTGTGTCTTCCCTCGAATTTTAATTGACCTTCGATACCAATTACAACATACGTACTCCATACCCAAGTGTTAA
CCTTTAATATTCTATCAAAAGCATTTACTCTGTACAACTTATAAATGCTTCAAATCGCAGTATTTGCGCTAATCCAATACTCATTTTGCATTAAC
TTAAAATTAAAATTCAATACTGTTTGGTTGTGTACAACGTATTTTTTATTGTCCATTGATATAGATGCAGTTTGCACTGTACTCCGAGTAACTTA
AATTGATATTAATGTATGTATGTTCCCTCAATATCAGCGTGTGAAAAATTATAAACACATTTGTAAGCATACATATTCCGCCAAATCGCTCGGCA
TGGCTTTGTGTGGATATTGTTGGTTAAGCAAATAAATATATACAAACTAAACTAATCAATCAGTGTTTAATCAGTGTTTTATATTCAAAATAAAA
TAGTTATCGTCTTATAAAGATAATTAAGTTCTACATTTGCAGCTGAAATCCAAGCAAACACAGTCCACAAGGCAACAGGTGAGAAATGTCCCAGA
AATTTCCCAAACAATCGCCCCTTCGGACACACACACACACAGAAAGCGCAAAGAGAGAGGATGAGAGGGAGAGAGAGAGAGCGCCGGTTTAAGCG
TTGTATCTAAATCCGATGGCGAGTATCTGAGCATCCGATTCAGTCTTGTTTGGACCGTCGAGCGATCGAGAACCGGATTTCAGCGCTAGTCGGCG

AATCGCGAGAGCGTGCGAGTATTTGTGTGTGCGTGTGAGCGTTTGTTTTGGGACACCGATACGGATACGGGTACGGATAGACGGATATACGGCAG
CGGTACGCGATTAGCAATCCGCCAACCGGTTGCAGCGGTGCTAGTGCACCACCCTACAAAAAAGTGAATAATAGTATGCAAAGTATCTGAAAGAT
AGTCAAGAGCAGAGCAAAGTATCTGTGTTTGTGTGTGCCGTGCTTTTGTGCGGAGTCGCCACCCCCGTGGATTAGTGGCACCCTGCTGCAAATAG
CCCACCACTCTCACAAGTGTGTGTGTGTGAGTGTTAACAATTAATCGCATTTAAAAAACAATTTGGCCAGCCGCAGTAACAATAACGGTAAGAAA
AGTCGGCGGTACCGTTGGGAAATTTTCACCGTTGTCTGGCAACTTCTTTGTGCCCGTCGTGTATGTATAGGTTGGGTGCAGAAGTGTGCGTGAGT
CCTGCCCACGCCCACCGAGTAGCGCTAGTCTGCGAAATCAACTGCAGGATGCTGTAGGTTGATATTTTATCGGTTAGATGATAATAGTCTTTGGT
CTTCCTTATGATTTTTCGCCAGACGTTAAGTTTTTTCAATTTGGGAATGCAAAAACGGTTACTTTATGCACCGTATCACATCACACACACTTGCA
AAAGGGTGTGAAAA
(SEQ ID NO: 127)

Exon: 1001..1785
Exon: 1844..2555
Exon: 2612..3030
Exon: 3094..5949
Start ATG: 1134

Transcript No. : CT4888
CACACTATCACATTGTATCGATTCGGAGGGAGTTGAATTTTTGCACGTATTTGAAAGCGCAAAGATGCGAAACAAAGAGCAGGATATCGAATGAA
AGAGCTCCTGCGAGACCAGGACTAGTTGCCTAACCACCATGGAAATACCCATTCAGGTAGCGGTGCGCATCTTCCCGCATAGAGAGCTCAAGGAC
TTGTTGAGGAGCTTCGGCCCCACAGAGCCCAAAAAGGATGCGCAGGCGGTGGATGAGGGGGCGGACTCCAAGGACTCCGAGGCTCAAGTTCCGGC
GGCTGAGAAGGACAATCCGTCAATTTCAGAGACGGACCCAAACGGGAATGCTGAGCAGGACAGTGCGGCCGATTCGAAGACAATTCCAGATGCCA
ATGGCAACGACAGTGGTCAGAAGGATTACCCAGACTCCGCATATTGCGTTCAGGCTATTCCCATCAGCGCTTCGGCCCTGGGATTGCCCAGTGCC
CTGCCAGGCGGAGATCCCATGGACAGCATTGCAGCTGGACTGATACAAGTCGGTCCCCACACGGTTCCGGTCACCCACGCCCTGCCCAGCAGCAG
CTCCCAGGAGCAAGTGTACCACCAGACGGTCTTTCCGCTCATCACCCTGTTCCTGGAAGGTTTCGACGCATCTGTAGTCACCTATGGCCAGAGGG
GCCAGGGCAAAAGCTACACACTCTACGGAAACGTCCAGGACCCTACTCTGACGGATTCCACCGAAGGAGTCGTCCAACTTTGTGTCCGTGACATT
TTCTCACACATATCGTTGCACCCAGAACGCACCTATGCCATCAACGTGGGATTCGTGGAAATTTGCGGAGGTGATGTCTGCGACTTGTTGGGCAT
GGGAAACATACACTGCACCAACGTAGATGCCGTCTTCCACTGGTTGCAGGTGGGTCTGTCGGCCCGCCAATCGTTGCCGGCGCACACCCTGTTCA
CGCTTACCCTGGAGCAGCAGTGGGTGTCCAAGGAGGGGCTGTTGCAGCACCGCTTGTCCACGGCCAGTTTCTCGGATCTCTGCGGCACAGAGAGA
TGTGGAGACCAGCCACCGGGACGTCCTCTCGATGCTGGCCTGTGTATGCTGGAGCAGGTGATCAGTACTCTCACAGATCCAGGCCTCATGTACGG
GGTTAATGGCAACATTCCGTACGGTCAGACCACGCTCACCACTCTCCTGAAGGACTCGTTCGGCGGACGGGCTCAGACGCTCGTGATCCTGTGCG
TGTCACCGCTGGAAGAGCACTTGCCCGAAACTCTTGGCAACCTGCAGTTCGCCTTTAAGGTGCAGTGCGTACGTAATTTTGTAATTATGAACACC
TACTCCGACGACAACACGATGATCGTTCAGCCGGCTGAGCCTGTTCCCGAATCCAATTCCTCTGCTGGACCCTTGTCGCAGGCGGGACCAGGGGA
CAACTTTGGCCTACAATTCGCAGCAAGCCAATGGTCCAAACTAGTTACCAACGCCGAGGGGCTATTTTCCAAGCTGATAGACTCCAAGCTAATTA
CTGAAGTGGAGAAGGAGCAGATCGAGGAGTGGCTCTTCCTCAAGCAGGAGTGCGAGGAGTGTCTCAGCTCAACAGAGGCTATGCGTCAGCAAAAA
CAGTTGGTTCCCATTCTGGAGGCCGAGGAGCCCGAGGACGTGAATTCTGAAGCAGCCAATTCGGAGTCGCCAAACTCCGACAACGAAAACGACAC
AGACAATGAGTCGCATCGGCCCGATCTGGACGACAAGATAGAAAGTCTAATGGAAGAGTTTCGCGACAAAACAGACGCTCTTATACTTGAAAAAC
ACGCTGAATATCTATCCAAGCATCCGAAGGCGGTTATGCAAAGCCAAGACCGCGAGATTGAGGCACAGCCGCCAGAAGAAAATGGTGATGATCGA
AAAGTCAGCATTGGCAGTCGCAGGAGAAGTGTTCAGCCAGGTGCTAGCTTAAGTACTGCTGAGCTTGCCATGCTTAATCGGGTAGCTTCCCAGCA
GCCGCCTCCGCCCATCGATCCTGAGTCGGTCGTCGATCCTCTGGAAAGTTCTTCGGGCGAAGGAATCCGTCAGGCGGCTCTCGCTGCCGCCGCCG
CCACTGCTCCTATTGAACAGCTGCAGAAAAAATTGCGCAAACTGGTCGCTGAGATCGAGGGCAAGCAACGACAGTTACGGGAAATCGAAGAGACA
ATCCAGGTAAAACAAAATATAATCGCCGAATTGGTCAAGAACAGCGATACACGCAGCCATGCAAAGCAAAGATTTCACAAGAAACGTGCCAAACT
TGAGGCCGAGTGCGACAAGGCCAAGAAGCAGTTAGGTAAGGCGCTAGTTCAAGGCCGGGATCAGTCGGAGATTGAGCGATGGACCACGATAATCG
GACATCTCGAGCGTCGACTAGAAGACCTCAGCTCAATGAAGCATATTGCGGGTGAGAGCGGACAGAAGGTGAAGAAGCTACAGCAATCGGTGGGC
GAGTCGCGAAAACAGGCCGATGATTTACAGAAAAAGCTTCGAAAGGAGTGCAAGCTGCGCTGCCAGATGGAGGCGGAGCTGGCCAAACTACGAGA
ATCCAGGGAGACTGGCAAAGAGCTAGTGAAGGCGCAAGGTTCTCCCGAGCAACAAGGCCGCCAGTTAAAGGCAGTACAGGCTAGGATTACGCACC
TTAATCACATTTTACGCGAGAAGTCGGATAACCTGGAGGAGCAGCCGGGACCAGAACAGCAGGAGACCTTGCGTCATGAGATCCGCAACTTGCGC
GGAACTCGTGACTTGTTGTTGGAAGAACGCTGTCATTTGGACCGCAAACTTAAGCGGGACAAGGTGCTGACGCAAAAGGAGGAGCGCAAGCTGCT
CGAGTGCGATGAGGCCATCGAGGCCATAGATGCGGCCATAGAATTCAAGAACGAGATGATCACGGGCCACCGCTCCATCGACACGAGCGACCGAA
TTCAGCGGGAGAAGGGAGAACAGATGCTGATGGCACGCCTAAATCGTCTCTCAACGGAGGAGATGCGAACACTTCTGTACAAATACTTCACGAAG
GTTATCGATTTGCGCGACTCTTCACGAAAGCTGGAGCTGCAGCTGGTGCAGTTGGAGCGTGAGCGGGATGCCTGGGAGTGGAAGGAGCGTGTTCT
GTCCAATGCCGTGCGCCAGGCTAGACTGGAAGGCGAACGGAATGCGGTGCTGCTGCAGCGCCAGCACGAAATGAAACTCACTTTGATGCTGCGTC
ACATGGCGGAGGAAACGTCGGCCAGTTCGGCCAGCTACGGAGAACGAGCTTTGGCCCCTGCCTGTGTCGCCCCGCCGGTGCAGGCCAGTAGTGAT
TTCGACTACGATCATTTCTACAAAGGTGGCGGCAATCCAAGCAAGGCACTGATCAAAGCGCCAAAGCCGATGCCCACCGGCTCGGCGCTAGACAA
ATACAAGGACAAAGAGCAACGCAGCGGACGCAACATCTTTGCCAAGTTCCATGTGCTCACCAGATATGCGTCAGCTGCCGCAGCCGGTTCCTCAG
GGTCCACGGCCGAGGAATCCACGGCCCTGATTGAGTCAACCACCACGGCCACGGCAACCACTACGTCGACAACCACCACTGGAGCCGTAGGAAAA
GTGAAGGACAAGGCCCTGGTCAGCTTCAGGCCGGAGCAGCTGAAGCGTCTGATGCCAGCTCCGACGGCCACGAAAGTGACGCGTCAGAAGAACAA
GATAATTATCCAGGACGCAAGTCGTCGAAACTAAATACGAATTTAACCATTTCCAGGACGATATTATAAGGTTAAGCCAAATAGCCATATACAAT
TAATAGCCATGAGCTGAAATCCAGCCACTTTAATAATTAAGGCGATAATATAAAAAAATGCTTAAAAATGTATAACAGATTACTCCCATATACAT
GCATACATTTTAATCAATAGTCCGACATATATACCAGCTTGAATTTATTAGTTTACTGCTTGTCGTTTAACTTATTAAAGTGGCTGGAGTTCGAT
ATCTTTTTAAGTGTGAAGCAATAGCTCAGATCCTGGTAACAAGAACTGAACAAGTTTCGTCCACAGTCATGACACAAATAGACTACAACACATGG
TTCTCATTCCGGCTCTTTAGCTGGGGAGCATTTATTTTAGAAACCCCCACACGTACATACACCTAGCATATGAAAGTAACTATCCTCATGAGATT
CAACCGTAAAGACTTGACCTGCTACTTAAGATACTCGCAAGACAAACCGTACACAAAACTCGCTCAAAGTGTTGACCTAAGTCTCCGCATTGTTT
AACTTGTACATAACAATAATTATTAGGTAACCACTTAATTTTAATTGATTTTGTTAGTTTTAGCTTAGTTGTAAACACTATTGTGTCTTCCCTCG
AATTTTAATTGACCTTCGATACCAATTACAACATACGTACTCCATACCCAAGTGTTAACCTTTAATATTCTATCAAAAGCATTTACTCTGTACAA
CTTATAAATGCTTCAAATCGCAGTATTTGCGCTAATCCAATACTCATTTTGCATTAACTTAAAATTAAAATTCAATACTGTTTGGTTGTGTACAA
CGTATTTTTTATTGTCCATTGATATAGATGCAGTTTGCACTGTACTCCGAGTAACTTAAATTGATATTAATGTATGTATGTTCCCTCAATATCAG
CGTGTGAAAAATTATAAACACATTTGTAAGCATACATATTCCGCCAAATCGCTCGGCATGGCTTTGTGTGGATATTGTTGGTTAAGCAAATAAAT
ATATACAAACTAAACTAATCAA
(SEQ ID NO: 128)

Start ATG: 134

MEIPIQVAVRIFPHRELKDLLRSFGPTEPKKDAQAVDEGADSKDSEAQVPAAEKDNPSISETDPNGNAEQDSAADSKTIPDANGNDSGQKDYPDS
AYCVQAIPISASALGLPSALPGGDPMDSIAAGLIQVGPHTVPVTHALPSSSSQEQVYHQTVFPLITLFLEGFDASVVTYGQRGQGKSYTLYGNVQ
DPTLTDSTEGVVQLCVRDIFSHISLHPERTYAINVGFVEICGGDVCDLLGMGNIHCTNVDAVFHWLQVGLSARQSLPAHTLFTLTLEQQWVSKEG
LLQHRLSTASFSDLCGTERCGDQPPGRPLDAGLCMLEQVISTLTDPGLMYGVNGNIPYGQTTLTTLLKDSFGGRAQTLVILCVSPLEEHLPETLG
NLQFAFKVQCVRNFVIMNTYSDDNTMIVQPAEPVPESNSSAGPLSQAGPGDNFGLQFAASQWSKLVTNAEGLFSKLIDSKLITEVEKEQIEEWLF
LKQECEECLSSTEAMRQQKQLVPILEAEEPEDVNSEAANSESPNSDNENDTDNESHRPDLDDKIESLMEEFRDKTDALILEKHAEYLSKHPKAVM
QSQDREIEAQPPEENGDDRKVSIGSRRRSVQPGASLSTAELAMLNRVASQQPPPPIDPESVVDPLESSSGEGIRQAALAAAAATAPIEQLQKKLR
KLVAEIEGKQRQLREIEETIQVKQNIIAELVKNSDTRSHAKQRFHKKRAKLEAECDKAKKQLGKALVQGRDQSEIERWTTIIGHLERRLEDLSSM
KHIAGESGQKVKKLQQSVGESRKQADDLQKKLRKECKLRCQMEAELAKLRESRETGKELVKAQGSPEQQGRQLKAVQARITHLNHILREKSDNLE
EQPGPEQQETLRHEIRNLRGTRDLLLEERCHLDRKLKRDKVLTQKEERKLLECDEAIEAIDAAIEFKNEMITGHRSIDTSDRIQREKGEQMLMAR
LNRLSTEEMRTLLYKYFTKVIDLRDSSRKLELQLVQLERERDAWEWKERVLSNAVRQARLEGERNAVLLQRQHEMKLTLMLRHMAEETSASSASY
GERALAPACVAPPVQASSDFDYDHFYKGGGNPSKALIKAPKPMPTGSALDKYKDKEQRSGRNIFAKFHVLTRYASAAAAGSSGSTAEESTALIES
TTTATATTTSTTTTGAVGKVKDKALVSFRPEQLKRLMPAPTATKVTRQKNKIIIQDASRRN*
(SEQ ID NO: 129)

Name: KINESIN-LIKE PROTEIN
Classification: motor_protein
Gene Symbol: cos
FlyBase ID: FBgn0000352

Celera Sequence No. : 142000013384776
ACGTTTTCAAGGGCAGGCAGCTTTGTAATTTAATTCAATTTCTATTTAATTGAACCAAAGGCGTCTTTAATGTGCAACTTTTTGATTTATGAGTC
CGCAACAGCAAGCGGCTGTCAAGCAACTTGTTCATTTCACTCCACTTCTTTCTTAGTTTCCCTCTCTTGCCTTCGGGAAAATTTAAAATCTTACT
ACGAAATTTCCATGCAAACGAAACATTTTCCGCCAGCCATGCCGCATTTTGCGTTTCCTCTTCTTTTTCTTCCTGTTTTTTTGGCACAAATTTAA
TTTGATTTGATTTTGGCCGCTGGACATGGCAAGCCCCAGGCAATTTGTCAAAAAGTTATATAGCTACTGTGTATTTTTATGTGCCGGCATATTTA
ATGACATTTTCCTCATTGCGACTTTTTTTTTTTGAATTTTCAAAAAATACAAAATACAATATCTTCTAAAATCCATGAGCAATGCCCAATTCTTG
AAGTTTTTGATGGCCATGCAAGTGATGTGCCATTTGTTGAGTAAGTATATCTGTGGGCAAAGATTTCTAGCTTAGGCGTGTGCAATGTATGAGGA
ATTAATTTGTGTAAAATTGGCAAACAATGGAGGAGATGGGCCGAGTAAAGGTAAGCAATTTGTTTGAATTCGCTTGGTAAATTAATTGCACAGGT
TTGGAAAATTAATGGACACCTGCAGATCCACCAGTGGCATTGTATGTTGGCCATTGTGTGGTTATTGAATTTAAGTTCCATAAGCATTCAAATGA
AGATGCTGTAATTTTGCAGGAATATATAAATAAGTATATGGCCGTTATTAAATGCTGACCCACATTTTGTGTACTGGCAAAGCCAGTTTTTTTTT
TGTTGGTTGTTAAAAACCATTTTGATTCTTGGCAAATCTGGTTCAATTAACTGCAGCCCAAAATATCATTTAATATCGCGATATGACCACAAAAA
TCATATATAAGAAGTGGCGAGCCTGGTCACCACAGCAAAGCGACTGAAAGCGAAGTCTGATAAAGAACAATCCTTACAAAATACAAAAAAATATA
TATATTTAAAAAATACAATTGAGCAACCAAACATGGCCAACATTCTAAGTTTTACCATCTTTATGGCTGCCATTGCTATTGGACTGGCTTTAGCC
ACAACAACGACAGCAAGTACAAGGACACCCATGCCCACTTCCACTGAAAAATCCATGGAAAAGGACGATCCCATGGAGTCCTTGGAACGCCGTGA
CAAACGCCAATTGGTAAGTGATTATTGAAGCAAACTAGTCGTGGCAAACTTAGGTGTAGATTTTAGGTTAAATCAATCAATTTTTAAACATTTAC
CTTTCCTCTTAATCGTATTCCCAGACCGCCAATGGTGGCCAGAGCAGCCTGGCTGGTTCCAGCGGCAACTATCCCGTTTTCTTCGATGGCCTTAA
TGTGAATCCCCCGCTGCAGCCACTGCCGCCACTGCAGCAACTTCAGCCTCTGCAGCCATTGCAGCCGATTACGGTGGTGACTCCTGTGGCCTCCA
GTTCGAATGCCCAGAGCCAGCAGCCGCAGTCCGGCTGGCTGCCTCAGTTTAGCCAGAATCTTCCACTTATCGGAACCTGGGTGGGTGGCCTGCCC
AATTTGATCAACGGCCTGGGACTCGGTTCGCTAAACGGCGGCTTCGGCACTCTGGGCGGCCTGAATCTGGGCAACCTGGGACTGGGTGCAGTGGC
GCCGGTGGCCGCGGTGCCGGGCCAACTGCTCGGCTCGTCACCCAATCCCCAGACCACATGCCCACTCACCCAGAAGCTCAACTGCCGCTGTGAGC
CGCTCGTTCAGCTGCCGGGCCTGAAGCCCAGTTCCAATCCACTGAGGACGCAGCTGGTGCAGATCATGCGGCAGAATGCGCGGAAGAACGAGGAC
GGTTCGCAGGAGGTGCGCGTAATCCTGAGCAGCGGACATGTGATCTACCAGCGGACGGCCAAGGATCGCGGCCAGAGTGGCTACCTTGCCATGAG
AATTCAGTCGGGCAGGTACTTCAACATCTACTACAGTGTCAACGAGAAGGAGTACACGGTGCGGGCGGATGTCAAGGACACGCCACCCACCTCCG
ATTTTGACGACGAGCTGAGTGGTCAGTTCTAAAAATTGGTCAAAGGGATTTCCCTTTACTTACCTACAGTTTTTTTTTCTATACTTAATACTTAA
CTAGCCATTTTTTATATGAAATGCACTTAAACATATGTATTTGAATAAGCATTTAAACATATTTATGCTTATATGTTAAGCGTGCCCGATTTGAA
CCAAGCCGCCGAAATTCTTCGTAAACTCCATTAATCCCTTTTTTATTCGCAACTTTTTTTTTGAACTTAAACAACTACAAACTAGCTGCGAAAGA
AATAAACTACAATGAAACACATTTTCTGACGATTGCTCCTTGGGGACAAAAAGTTTAGCTACAAAGACAAATATTCATGGGGGTGCGGCAATAAA
CTTGTTTTTATTGCCGAAAATGTTGTTAAAGGGTTAACAAGGTGGCAACGGGGGGGAGGTTGTTTCTTAGCCCTTAGCCCAATTTCCAAAAAAGG
AACTTTCCTAATTACTGAAGCCACTTGGAAAAGAGATAAATAAATATTTACTCAGGCAATATTTAAGCAATAATTGTTCGCTTATTATTATCATT
TTTCAGTATCAACTGATAATTATTCGTGAATAAAAGTTTTAACAATGGATATAGAAGTCTTTGTATTTTATAACTATTAAGTGCTCAAGTTTGTA
TATATGGCATAAATAGTTATAATTTTGTTTGTTTATTAGTTGCAGCAAGCCGACACCAGTTGAATCTGCTGGTCATGGAAAAACCCACAGAGAAA
GAGGCCAGCAAACAAACAAAGAGCCAATGGGCAAATGGAAATCAAGCTGTAAAATGCCATATCCCTATCCCCCTCTCCACCGCCCCCCCCCCCCT
CACATCTGCGCTTTTCCGCACTTCACTTTTCCCCATTTTGCCTTTCAAGTTGCGCTCAGAAGTTTCGCAATGAGCCGGGAAATGGAAACTGGCAG
GATATGCCCGGAAAAGCGAAGTCGAGTGCATGGTGGTAGAGGGGGGCGGGTTGCGGTGCGGTGTGTTGTATAATTAAAAGTTCCCTTTTGTGCCG
AGATTGGTGGATCCTCCCAAAAGGCAGCTACATTTTGATCCTTGCCAGCTGTGATTAGTCAGTGAACAGCAGGAGTTCTCAAATATAGTAAAGTA
GTCTTCCTTTTTTTTTGTTAACTGGAGGTTAACTGGAAGTTTAATATTAAGTAAAGGTTAAGTTGTAAGAAAAAAAAAATAGATTACATTTTAAAC
TGCACATTAAAATTAAATTGTAAACATAAAAGAAACCAAGAACTATTATTTAGTTTATTATTTAGCTTTTCAGATTGCTTTTGAAAAGAAGCTAA
GTTTTGGTGTTTAAATTGTGAAATTGCGTGATTTTCGATTATGGGGCCCGATTTGTGGGGTGCTTAAAGCACTTTCGGTAAATAATTTACACAGT
TTGTGCATAAAAGTTGCTTCTGCTGGGGCCTTTTAACCGGGGCATGGAAGGGGGCGTGACTGGCAATGAAACCGCATTGCTCGGTGCACACGAAA
CTTTTCACAAATCATAAATGGTCCCAGGACACACACACAAACACACACATTGCAGTTTAGTTCAGTGACTACCCAGCTTTTCAGCCACCCGTTTC
CCCCCTGTATTTAAAAAGTCCCCCATTTCAGAATGACCACCTCCCCCCCCCCCCCCCACTCCACCTTTGAGGGAGCCCCTCTCAACCAACCGCCTC
ATTGGTTATGCCAATTGCAAAAAGTCCTGGGCAACAATTGAAATTGCCGGACTCGTTGATGAGACTTTAAGCTCTGGCTGCAGTTGAAACCCCGC
CCCTAATTACGTATTACCAGATGACTGCCATTAAGTGTTCCACAACCCCCCGCCCCTCACTCCGCACCCCTTCCCCTGACCACAGCCCCTCTTTT
AAAGCTGAATCATCTTAAAGTGCTGGACAACAAGGACGCACCATTAAATCCACTGAATGCTCCACATTTCGGTTGGCTTTGGTTTGTTGATGTTG
CCAGTGTTGGGTGGGCATGGCCCAAGGGTTGGGGGGCTGATTCCTGCGGGTTATATAAGCGTTGGCGCTGCTTCTGCACCCATTAGCTGATACGG
CGGATCAGCGCGAGGGAGGAGGAATCCAAACCCAAGCCCAAAGCCAAAGCCAGACCAGTCGCAACCGCAGACCCACGTGAGTGACCGGCGACGAC
TAGACAGTGCGAGTCCATGCTTGGATGCATACATACATACATACATATGTATGTGTGCGTCTGGATGTGACCCACGGCGATGGCCCCTGAAACCA
GGATGCACCTAGCCCAGAAGCAACCCTCCTGCGTTCGCCGCCCCTGGCTACCCTCGAAAAACTGCCGCATTGTGTGGCCAGAAAGCGAAACCGCG
ACTGCAACTGGCCCTGCAATAGAAAATGCACTGCAAAAAAACTGGGAGTATGTATTTAAAGTACTTGATAAAGTTGGATTATTAAATAACACAAT

TAAATTTAATATTAATAGAGAAGTAGTATTCTTATCAAGATGAGAACTAAGGAGCTATGTTAATCTTGAACCAGGTGTGGCCAACTTTATTTTTC
ACAGTGTGGCAAGGATAAGCAAAGCGACCAGAAAAGTATAACCAGCAAAGATGGACCCATGGAGAACGGATGCGAATCGAGAGCGGAAAGCGTGA
CAGATAGATGGGTTGGAGCAGCAAGGGGTTAATGAAGGAGGGCATTTAGTTCGTGGTACTGTGGAAATGATTAAAATGTATTAGGTGAAATTAAG
TTGGCCAAACAGAGAAATGGGGGGGGGGGGTTTAAATAAAGAGGCCAAAATGAGGTTAAAACGTTGCACAAAGCCAAATGGAGCCTGGCTGGGCG
AAAACAAATTCATTAGGCTGCAGTGGCATAAAAACATCATACCCACAAAAAGAAGATGCACAACGAAAACCGAACAAAGTTGATTTAAAGTATTA
TAATCTGCAACATTTTTGCGTATTTCGAGAATGCAGCTTGTTTACCCAGTTTGAAGTCAAGTTAGACTTATCTCTGGTTAATTGGTTTGCTCGAG
AGCAGGGCGCGCAAAGCTGCTGGGAAATCGTGGAAAAATCGTAAAGCTTAATAATGACACTCCCCACACAGCCCCTACCACCAGTCCAGCATTGG
GAATTCACAAGCCACTGTAAACAGGTGCAAACGTTGCGTTGCACAGCAATTTCAGCAACCCCTCTTAACTTTTGCGCCCAGCTTTCCACGTTTTC
CCTTGTTCAAATAGTTGTAAATGGGCGAAAATGCAAACAAAAAACAGTGATCCACTTGAAAGGCAAAACAAGAAAAATCATTCAAAGAGGCAACA
ATGCTGGGAAAACAAAAGGAAAACGAACGAAAACGAACTGCAAAGACAGCGACCACTAAATAAGTGAAGTGCGTGGACGACTGGACGAGTGGAAA
TGCGGAAAAGTGGGAAAGCGGAAAAGCGCGCGCAAGAAATTTGCAATGTGGCGAATAAATAAAGGATCAAGCGATTCCCCCATTCAAATTGGCGA
ATATTGGGCGGTTAAATGGAGATACATGCACGGATGTAAGGCAACTCGAAAAGGTGGCACAACAAATGAACGAGATAACTGGTTAACCACGAGTT
GTAAACGCGCAAGCTATTGTTATTAGTATGTTAAAAAGCGGAATAAACTTTTTGTGTTTAACTACAGCTCCATGAAATATGTATATGCTATATGT
AACAAACAATAAGCGAGAAAGTTTGTCGGCAACAAAAAAAAAAGTAATAACCATTATGATATTATGAATGCAATTACATTCTTGACGACTCGAAA
GAATTTTAAATGTATAAATTATAACGAGATAAAAAAATAAAATATAAATCAAATTTACTTAACATTTATAACATTTCTAGTGCAATATTTACTTT
CACTATATGGGTTAATAAAATAAACTTGCCTGTTTCTCGATGTTAAACCCCATTACTTCCAATTGGCCAATCGATTAGAAATTCAACAAGAGTTT
GCCAAGATCTGAGTCACTTGAGGTCGGGCTTCTTATCTGGCCATGTAGGTATATTCCCGATAAGCCCTATCAGCGACATCGAGGCGGAAACACAA
AAAGACCATCAAATCGACCACTTTCACAGTTGAAAGTCAGAGCTGCTGAAGAACGGACAAGAAAATGGCAGGTAAATAGGTCGTAAGGCCAAGAT
GCCATAACAAAAAATGAAAACATTTAACTAGGTGGATGATATAAAACAGTTACCAATCTTTAAAGTACTTAATCAGTTGAAACTCAAAATAAATT
AATTCAATTTTGGAAACTAACTTGGCCTAGCCAAATAAACTAGTTTACTTGCCATGAACAACAGAATTAAAGAGTTATACCATTCGGTGTGCTGT
TAAATAATCGTTTCATTTTTCCATTATCCCCCAGACCACAGATGGATGCACTTCAGCAACGGCAGCGTGCCGCCGAATGCCGTGGTGGCTGGTCA
CGATTCGGACGGGGACACCATCTACGTGGGCCGTGCCTTCTTCTCCAACGACATGCTGCCGGCGAAGGTGATTCCCAACAAGGGCAAGGCCTACG
TGGCGTATGCGCGCGAGGAGCACGAGCTGGAGAACTACGAGGTGCTTTCCGGCTACAACTACGAGTGGCTGTCGGCGGAGAACGGGGAGGTGCCG
CCGGGCGCCGTCAAAGTTGGTCGGAATGTGGACGGCGAGTATTTGTATGCGGGCAGGGGTTATCATGCCGGCAGCTTAACCATGGGCAAGGTGCA
TCCATCCCACGGCTGCCTGTATATTCCCTACGATTCCGATGAGGTTAAGATCTTTGCCTACGAGGTGCTGTGCCAGCCGGAACGTTGGATCGACA
CCACCGCAACAAATATTCCGGATGGAGCTCTGGTTGCTGGGCACGATTCCAACGGGGACACCATCTACGTGGGCAGGGTGTTCCGCAATGGTGAT
CTGCTGCCAGCCAAAGTGGTGCCGGCGAAGGGGAAAGCCTATGCCGCCTATGCCCAGGCGGAGCACGAGCTCACCGACGTCCAGGTGCTGACGGG
ATCCGGATTCCGTTGGGTTCCGGCCTCGCACGGAAATGTGGCTCCCGGAGCCCTGTCCTCCGGTCCGAATGTCGACGGGGAGCCCCTCTACGTCG
GCAGGGCCATCTACTGCGACAGCTTGAGTGTGGGCAAGATCCATCCCTCGCACGGCTGCATCTACATCCCATTCGGTGGCGAGGAGGTGCGTCTG
GAGAATTACGAGGTTCTGGTGAGGATCTAGACGGACAGCTTTGCCTTTATTCCATTTTTTTTTTAATAAATCTATTTTTTACACACACAACAGAA
GTATACAGATTAAAGTATAAATTTAAGTTTAATTCGATCGACATCGAGCAACGTAACTGATAAAATTTATGGTAATGCACCCAGTAATTCTAAAA
AAAAAGTACCCCTTTCATAGAGTTTTGGTGATAATAGTTCAAAGTGGTTGTCATAGAAATTTCGAGGTATTGCGGATGTGAGGAATTTCTTCTAT
ATGCGGGCCTTATGTTATCACATCGGTTATCAATTAGCAACAATCAATTGATTAGTTGGCCATAAATTTGCGTCAACTTGTAACATAATTAACCA
TTTGCCTTCGCCCACTGACTTAACAAACACTGCATCGTAAAACTCAGACAGATATCGCAGTTATCAGAATGTGTACATATATGCACTCGATGCTT
TATAACTCGACCTTTCGTCTGCCGAGGTAAAAAGTTATAGGTATCGAAACTCTTTGTAACTTTCTTTGTATATTGAAAAGTTTATTAAAACGTTT
CATAAAGTTAAAGTCAATTCATTAGTGGCGGGCGTAGCGTTTTATTTCATAGCTTATTAATGTGCACACGTTGTAATCAATACATGTTTTAAGCA
CTTATTTGACAGCACAAAGTTTCCCATGGAAATACTTTTTTTCGCAATTTATTTTATAGGAAAGTTGCTAAAAGGCCTTAATCTTAACACTATCA
TTGGCGCCACCTATGAGATGATTATCTGCACTAACCGTGGCGCCACCTATGACGAGCTG
(SEQ ID NO: 130)

Exon: 1001..1248
Exon: 1355..1799
Exon: 3884..4585
Exon: 6212..6246
Exon: 6495..7134
Start ATG: 1078

Transcript No. : CT4928
CGAAGTCTGATAAAGAACAATCCTTACAAAATACAAAAAAATATATATATTTAAAAAATACAATTGAGCAACCAAACATGGCCAACATTCTAAGT
TTTACCATCTTTATGGCTGCCATTGCTATTGGACTGGCTTTAGCCACAACAACGACAGCAAGTACAAGGACACCCATGCCCACTTCCACTGAAAA
ATCCATGGAAAAGGACGATCCCATGGAGTCCTTGGAACGCCGTGACAAACGCCAATTGACCGCCAATGGTGGCCAGAGCAGCCTGGCTGGTTCCA
GCGGCAACTATCCCGTTTTCTTCGATGGCCTTAATGTGAATCCCCCGCTGCAGCCACTGCCGCCACTGCAGCAACTTCAGCCTCTGCAGCCATTG
CAGCCGATTACGGTGGTGACTCCTGTGGCCTCCAGTTCGAATGCCCAGAGCCAGCAGCCGCAGTCCGGCTGGCTGCCTCAGTTTAGCCAGAATCT
TCCACTTATCGGAACCTGGGTGGGTGGCCTGCCCAATTTGATCAACGGCCTGGGACTCGGTTCGCTAAACGGCGGCTTCGGCACTCTGGGCGGCC
TGAATCTGGGCAACCTGGGACTGGGTGCAGTGGCGCCGGTGGCCGCGGTGCCGGGCCAACTGCTCGGCTCGTCACCCAATCCCCAGACCACATGC
CCACTCACCCAGAAGCTCAACTGCCGCTTTGAAACCCCGCCCCTAATTACGTATTACCAGATGACTGCCATTAAGTGTTCCACAACCCCCCGCCC
CTCACTCCGCACCCCTTCCCCTGACCACAGCCCCTCTTTTAAAGCTGAATCATCTTAAAGTGCTGGACAACAAGGACGCACCATTAAATCCACTG
AATGCTCCACATTTCGGTTGGCTTTGGTTTGTTGATGTTGCCAGTGTTGGGTGGGCATGGCCCAAGGGTTGGGGGGCTGATTCCTGCGGGTTATA
TAAGCGTTGGCGCTGCTTCTGCACCCATTAGCTGATACGGCGGATCAGCGCGAGGGAGGAGGAATCCAAACCCAAGCCCAAAGCCAAAGCCAGAC
CAGTCGCAACCGCAGACCCACGTGAGTGACCGGCGACGACTAGACAGTGCGAGTCCATGCTTGGATGCATACATACATACATACATATGTATGTG
TGCGTCTGGATGTGACCCACGGCGATGGCCCCTGAAACCAGGATGCACCTAGCCCAGAAGCAACCCTCCTGCGTTCGCCGCCCCTGGCTACCCTC
GAAAAACTGCCGCATTGTGTGGCCAGAAAGCGAAACCGCGACTGCAACTGGCCCTGCAATAGAAAATGCACTGCAAAAAAACTGGGAGTATGTAT
TTAAAGTACTTGATAAAGTTGGATTATTAAATAACACAATTAAATTTAATATTAATAGAGAAGTATCAGAGCTGCTGAAGAACGGACAAGAAAAT
GGCAGACCACAGATGGATGCACTTCAGCAACGGCAGCGTGCCGCCGAATGCCGTGGTGGCTGGTCACGATTCGGACGGGGACACCATCTACGTGG
GCCGTGCCTTCTTCTCCAACGACATGCTGCCGGCGAAGGTGATTCCCAACAAGGGCAAGGCCTACGTGGCGTATGCGCGCGAGGAGCACGAGCTG
GAGAACTACGAGGTGCTTTCCGGCTACAACTACGAGTGGCTGTCGGCGGAGAACGGGGAGGTGCCGCCGGGCGCCGTCAAAGTTGGTCGGAATGT
GGACGGCGAGTATTTGTATGCGGGCAGGGGTTATCATGCCGGCAGCTTAACCATGGGCAAGGTGCATCCATCCCACGGCTGCCTGTATATTCCCT
ACGATTCCGATGAGGTTAAGATCTTTGCCTACGAGGTGCTGTGCCAGCCGGAACGTTGGATCGACACCACCGCAACAAATATTCCGGATGGAGCT
CTGGTTGCTGGGCACGATTCCAACGGGGACACCATCTACGTGGGCAGGGTGTTCCGCAATGGTGATCTGCTGCCAGCCAAAGTGGTGCCGGCGAA
GGGGAAAGCCTATGCCGCCTATGCCCAGGCGGAGCACGAGCTCACCGACGTCCAGGTGCTGACGGGATCCGGATT
(SEQ ID NO: 131)

Start ATG: 78

MANILSFTIFMAAIAIGLALATTTTASTRTPMPTSTEKSMEKDDPMESLERRDKRQLTANGGQSSLAGSSGNYPVFFDGLNVNPPLQPLPPLQQL
QPLQPLQPITVVTPVASSSNAQSQQPQSGWLPQFSQNLPLIGTWVGGLPNLINGLGLGSLNGGFGTLGGLNLGNLGLGAVAPVAAVPGQLLGSSP
NPQTTCPLTQKLNCRFETPPLITYYQMTAIKCSTTPRPSLRTPSPDHSPSFKAESS*
(SEQ ID NO: 132)

Celera Sequence No. : 142000013384694
GAGCTCCGCTGGCGATGATCGCACCCAGGATTCGACTGGCGCATCCGCCTCGCTGAGGGCGTTCATCTTCTTCACATAGTCCTCTGGTTTTTCGC
AGAAGTTAGAACACCACTGTCTCAACAGACGGTCCCTTTCGGTCTCCACCTTCGGTTTGGCCCTAGTCTTCTCTAAGGTCTCATTTCTCTCCCTT
TCGTGATGGCCACGTGGCGAATAGTCATCGCTGACTTGGTTTCTGGCTGCAGATCCATAGTATCCGTGTTGCGACCCCTTTGCCTGCCTGTGGGC
ATAGTGTCCGTGTCGTGGCTCGTGGGCATATCGACTGTCCTGAATTTGACGGTGTTCCTGATCATGTCTTTGTTCATACCGCCTACCCGAGCTAT
AGCCGGGATAATGGTGGTAGCCTTGACTGGAGCTGTTGGAAGTGTACCTCTGCCTTTCGGATGGAGGTCGGTAGTTGGACGAATAAGCAGGATAG
CGGTCTGGGTATTTATAGCTTTCATAGAGGAATGATGATCCGGATGCCGGGTACTGGTATTGGTAATGGGACTCCTGGCCACCATACTTCTGTGC
TTGTTCGTTGTAAGCATATCCCTCGTAGCCGTACGCTGGTGGTTGCTGGTACGGATCATAGCTAGGTACTGAGCTGGCATAAGGAGCCGGTGTCT
CCGGGTAGACGTAATCCAAAGACTTCGAGCTCTGAGAATGGGATTCATTTGAAGAATAGTTGTGAGAGGGAACACCTACTCCCGGTGGAGATAGA
TCTTCTTCTGGCGGAGGTGGCGGGGGCGGAGGAGCAGGCTGGACTGGAGGCGGTGGCAAAGGCGGCTGGTACATGGCGAAAAGTTTTGGGAAAAT
CTTTGGCAAAATCCACAATTATACTTTTTTCCACCCACACCTTTTACCGCGATTCGAATGATCTGGCAACTCGACCGGTTTGTTTACATTCGCAC
ATCCGGCAAGGCCGTGCCACATATGTTTCGATAGACAACGTAAGAAAATTATGTTACTTCCGCGGTATTTTTGCTGGAACCTCCAACGCTGCACG
ATGGCGTTTTACGCTGTAGCCAGTGGGCGGCGGTCTGGAGTCTACGGCTCTTGGGCAGAGTGCGAGGAGCAGGTCAAGGGTTTCAAGAACGCCAA
ATACAAGAAGTTTAAGACACGCCAGGAAGCGGATCAGTTCGTTAATGGCTGCAAGTCGTATGCTCCGCAGGATGTGGCCGTGCCGCTGGGCAAGG
AAAAGGCGTCACTGGCCAGTTGGAAAAACAGTATCGAAGTGAATAAGAACCCCAAGTACACAGATGAGTGGCCCGAAGAGGATCACGACCTAGCC
GAGGATGATCTGGTAGGCATGAATATACATACGTTTGCAAAGTCCTGACCTTTCATCCTTTCAGAATGCTGCCATGAACGAGGTTGAGGGAGATC
CAAAGCCATCTAACAGTAGCAATTTAGTATGAGACCGTAGTACATACTGTAGAAAAAGTTAAACATAGCTTCTTTCAGCCAGACATTCTCAATCG
CAAGCGGAAGGGCACAACCAGCGGCGATAAGCGGAACAAGATCCCACGTCATGCCTCTCAGGTCTCAGAAGCCACAGGACTCAAGCAAGTGGGTG
CCTTCCAGTTTGAAATCGATGCAGAGGGCTATGTCATTGTGTACACAGATGGCTCCTGCATAGGCAACGGACGAGCCGGAGCCTGTGCCGGCTAT
GGCGTTTATTTCGGCAAGAATCACCAGCTGTAAGTGGTAACTGCAGCACAATAACTTTGCTTTTAACCTATATGTTCTTTGCAGAAACGCAGCCA
AGCCCGTGGAAGGACGCGTTACAAATAATGTAGGTGAAATACAAGCGGCCATTCATGCCATTAAAACAGCTCTTGACTTGGGAATACAGAAGCTG
TGCATCAGCACAGACTCTCAGTTTTTGATCAACTCCATAACGCTGTGGGTTGCGGGTTGGAAAAAAAGGGATTGGAAGCTAAAGAACAATCAGCC
TGTTAAAAACGTTGTTGACTTCAAGGAACTGGATAAACTGCTTCAGGAGAACAACATCACCGTGAAATGGGTGCGTAACTAAATTTAAATAAGGT
CCTGGAAAATACTTGACTTCAGTTAATATCCCCAGAACTATGTGGAGGCCCACAAGGGCATAGAGGGCAATGAAATGGCAGACAAATTGGCGCGG
CAAGGATCCGCCTTGTATAAGCAGAAAAATGGTTGAAAAGCTATTTTAAATTTACCGTATTTTTAGTATGTAATTGATATGGCAACGCTGAATAA
ATTTTAGTTACGCGACAGCCCTGGTCCAAATGTTTTTATTTACAATTTACTTCAGTCGCTTTTAATATAAGTTAGTTTGCAAAAAATGCATTCCA
AGGGAAATAACCAGTGCTTACTGTTCACCTTGGTTTTGGGCTTACTGGGAGGCGCGGGACATTGTTATGTAGTCGAACCACCTATCGTTCACGTG
GAAATGGAAAAAGCCGGCATGCACAGGTTTTTATATTGGAGAGCGGTTTATGGATTACCTGAATTAAAGTGATAAATGTTTATGCAGGACCCTTA
ATTACCGTCTGCGGTTCGATATACCCTTGGTGGGCAAGGACTGCGAGTATGCGCTGGTCCAGGATTTGCCCGCATCCGTTTACATAAGCACAGAC
GAACTGGATGACCTGCAGCGTTTGAAGAGGGTGCGTTATCTTGGGAATTAGTTACAAGGGTTACTATATAAAAAAATGTTCGTCTCCAGTTAAAT
GCCATCTATCCTAAGTTCGTCAACATTGAAGTAGCCACGGAACGGGCGCAGCCCTTCTCCGTTTTACTGCGCGGTACACCAAAGATTACGGAATC
GCTGGCTCTGCCCGTGCATTTTCGCTACCATGCCCCCAGTGATAAGCGGTGTGGTGATCTTGAAGTCTGAATTGCTTTCGTCCACTAGACTAATC
AATTAATCCTCACAGTTTGGCGGCAACGGTGGCCATACCCCTACCCGAGCTCTATCTCAACTGCCCGATGGCTGATAGTGCGCTCATCGAAAACG
AGTTGGTTGCCCGGCCCGATAAGCTGTACTGCCTGAATGCGCCGGAAAGCCGTTTCGACGAGAACCATATCAAGGATGGCCAACCCACGACCATG
GCTAATCTGGAGCGCTGCAACTGGAGGCGGGTGCACGTGGACTGCCAGCTAAAGATGCCGCTGCGTGCCGAGATTCCGGTAGGCCATGCTAGCGC
CTACGGTCCAGTTCTGTGCGGCACCATCCTGCTAGGTTGGTCTCTGGCCCTGTGGACCAT
(SEQ ID NO: 133)

Exon: 1001..1342
Exon: 1395..1451
Exon: 1504..1739
Exon: 1795..2065
Exon: 2126..2290
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT4974
ATGTTACTTCCGCGGTATTTTTGCTGGAACCTCCAACGCTGCACGATGGCGTTTTACGCTGTAGCCAGTGGGCGGCGGTCTGGAGTCTACGGCTC
TTGGGCAGAGTGCGAGGAGCAGGTCAAGGGTTTCAAGAACGCCAAATACAAGAAGTTTAAGACACGCCAGGAAGCGGATCAGTTCGTTAATGGCT
GCAAGTCGTATGCTCCGCAGGATGTGGCCGTGCCGCTGGGCAAGGAAAAGGCGTCACTGGCCAGTTGGAAAAACAGTATCGAAGTGAATAAGAAC
CCCAAGTACACAGATGAGTGGCCCGAAGAGGATCACGACCTAGCCGAGGATGATCTGAATGCTGCCATGAACGAGGTTGAGGGAGATCCAAAGCC
ATCTAACAGTAGCAATTTACCAGACATTCTCAATCGCAAGCGGAAGGGCACAACCAGCGGCGATAAGCGGAACAAGATCCCACGTCATGCCTCTC
AGGTCTCAGAAGCCACAGGACTCAAGCAAGTGGGTGCCTTCCAGTTTGAAATCGATGCAGAGGGCTATGTCATTGTGTACACAGATGGCTCCTGC
ATAGGCAACGGACGAGCCGGAGCCTGTGCCGGCTATGGCGTTTATTTCGGCAAGAATCACCAGCTAAACGCAGCCAAGCCCGTGGAAGGACGCGT
TACAAATAATGTAGGTGAAATACAAGCGGCCATTCATGCCATTAAAACAGCTCTTGACTTGGGAATACAGAAGCTGTGCATCAGCACAGACTCTC
AGTTTTTGATCAACTCCATAACGCTGTGGGTTGCGGGTTGGAAAAAAAGGGATTGGAAGCTAAAGAACAATCAGCCTGTTAAAAACGTTGTTGAC
TTCAAGGAACTGGATAAACTGCTTCAGGAGAACAACATCACCGTGAAATGGAACTATGTGGAGGCCCACAAGGGCATAGAGGGCAATGAAATGGC
AGACAAATTGGCGCGGCAAGGATCCGCCTTGTATAAGCAGAAAAATGGTTGAAAAGCTATTTTAAATTTACCGTATTTTTAGTATGTAATTGATA
TGGCAACGCTGAATAAATTTTAGTTA
(SEQ ID NO: 134)

Start ATG: 1

MLLPRYFCWNLQRCTMAFYAVASGRRSGVYGSWAECEEQVKGFKNAKYKKFKTRQEADQFVNGCKSYAPQDVAVPLGKEKASLASWKNSIEVNKN
PKYTDEWPEEDHDLAEDDLNAAMNEVEGDPKPSNSSNLPDILNRKRKGTTSGDKRNKIPRHASQVSEATGLKQVGAFQFEIDAEGYVIVYTDGSC
IGNGRAGACAGYGVYFGKNHQLNAAKPVEGRVTNNVGEIQAAIHAIKTALDLGIQKLCISTDSQFLINSITLWVAGWKKRDWKLKNNQPVKNVVD
FKELDKLLQENNITVKWNYVEAHKGIEGNEMADKLARQGSALYKQKNG*
(SEQ ID NO: 135)

Name: RIBONUCLEASE H1
Classification: enzyme
Gene Symbol: rnh1
FlyBase ID: FBgn0023171

Celera Sequence No. : 142000013384605
TTTGTTGATTTATTAAAACATTGTTATCTTGGTTTGTGTAATCGTATCTTGAACTAACCACTTGATGTGTTCTTTTAGTTGTCCTGCCCCATATT
GGATCCGCCACGAAGCGCACCCGTGCCGACATGTCCACCATTGCTGCCCATAATGTGCTCCGCGGTTTGGCTGGGGAGCCCATGTTGTCGCCCGC
CTACTAGTAAATTCAAATGGGAAATATGGCTTTCTACCGCTAACCAGTTTGGAATGTCCGCCAAACAAAGTGCGAAAGGCCGCCGATGACCTTGG
CATGCCAGTAGATGTGAAAATAAAAAAAACAATTAAAAAACAAGTATTTGCTGTTGCAAATTTATTAAATTAAATATGTGGGAATCTAATCTATA
CCGTAAGATTAGCTCAACTGATTAATATGGAATAGGTAAAGCAATAGAATAATTGGTGCTAGAGAATGAGAAACATAATTTAAATACTAATATAG
TATATCGTAGGAAATAATATTGTACGTTTTAAGAAATGAGAGCAGAAAACATTGATTTAGTAATTCGCAAAGTTTAGCTCTGCACAATTGCAAAA
CCTACCACTTTTCCCCAAAATGTATCGAGGACCTTCAAACTGCTGATTTCGCATCCAAAAGTCCCAGGAACGGCTGCGGGAGCTTGTCGGATCAG
GATCGGAATAGGATCATCGCTTCTTAAAACTGGGTGCTTATGCCGCTTGAGAGTTCGCTCGCGAAACCCGACTTCGGTTGTAGTTTTTCAACCTG
CTCCCACTGATTATGGCTTTGCTGATCGAATATAATAATTGAAGGCCCCTGGGCATGGCCCGTTGGTTTCAAGGTGCTGGGGGCGAATCCCAGGG
ATTACTATGTGGGCATTTATCTGCAGAAAGAGAACTGCAACTGCAACTGCTGCAACCAGCAAGAAAGCAGACCGGCGACTGAGCAGGACAGTAGC
CCCATAAGGCAGTGGCTCTAAATGAATACTGCCCCCAGCTGACTACGCCGATGTGCCGGAAGTCAAGAGGTGCAAAGTCCCCTGTCAACAACGAC
GTGGTCGATTTGGCAGTGGGTTCGAGTCGTCGTTTCCACAAGTGATCCAAGAGGATGTACACCATGTTGTACAGTAAAGGATGTAGTAGTATATT
AAATTGAACGATTAATCAGTATACCTGTTACTCCAAAAGTAAACGGTATACTTCTTTCAAAAATAAGTAACGGGAAGAAGAAAACGTTTTCATTG
CATACAAGTATATGTCTGTCCTTTCGAACAACTCGATCTCAGGACATAAAGCATTTTTAATTTTTCAAAAATATGTATGTAACAGTTGTGGGCGT
GGCAACGATTTGAAACAATCTTTTGCAGCGTAGACGTAATCTGTATGCCTAATCTAAAGATTACAGCTTTTTATAGTTCCTGTAGGCTATTGATA
TCAGTCCTAGTTGCTTTTAGGGCCCCCACCTAACAAATACTCGTACTTCTGGCCCCTTATCAGTATAAAGATTTTTGTCTTATCTCTTTAGTGGT
TGACAGACAGTGTCTAAAAGTATTTTGGCAAGATTTCATTAAGGTTTCTTGAAGGTTACAAATGAGTAGGTTAACGTTTTTGCTGTTTAGTTTTA
TCATGTTTCTGCGTAAATGTTGATCTTTAATGTCACCTTTTTAGTTGATTTATTTAAAGATCGTTATTTTTGCATAACTTTCAGTTGTCCTGCCG
CATATTGTGGCACCATTACTACCTATAATGTGATTCGTGGCTTGGCTGGGGATCCCATGTACCTAGTTGCCCACCTACTATTACATTTAAATGGG
TTTAGCCGCATCCCAGTAAATGTGAAATAGAGTAAAAAAACATTTTCCTGATGCAAATTGATTAATTAATGTGGAAATCTAATCTAATGGTATAG
TTTGACTGATTACTACGAAATATGTATGAAAATCGCTCATAGAAACGTAAATAAATAATGACTTTAATTATATAAAGCTATATATAAATAATCAA
TTTTATAATTGTAAACTTTTCTTTTTACTGTAATACTTTAATACTATCCCTAAAAATTGTATAGGAACGCGCAGGAAATAGTAATGTGAATTTCA
AGAGATGAGAGCAAATTAAAATGTAAAAGCTTAAGAGAACCTTTTAAGCCTAAGAGCGGGGCACAGAAAAAGCTTGAATTGTCATTTCGAAAATT
TCCACTTAGTTCAGCCCTGCAATTCGCCGCTACTAGTTGATATTAAGTGCTATATTTTCCCCCGAAATGTCTCGTGCGACCAGGGCTTTTAAAGT
GCTGATTTCGCATCCAAATGTCCCAGCACCGGCTCTGGAACTGCTCCGATCCCGTGGAGCGGAGACCATCATCTGCCAGAGTGTGCCGCCCTCGA
GGGATGAGATCCTGCAGAAGGTGCCCGGCGTGGATGCCATCTATTGGGCCCATTACCAGCCCCTGAATGCCGGAATCCTGGATGCTGCTGGATCC
CAGCTGCGTTGCGTGAGCACCATGTCCTCCGGAATCGATTTTGTGGATATTCCGGAGTTCCAGAAGAGGGGAATCCCATTGGGCCACACTCCCGG
GGTGGTGAAAAATGCAGTGGCCGATCTCGCCATTGGCTTGATGATTGCAGCCGGTCGTCACTTTCATGCCGGTCGCACCGAAATCGAGAGGTAAG
AAAAGCTGATGGGCGCTTTTTTCTCAGAAGCTTTTAATATTGAGAGCTTTTCGGATGAGGGTTGCCAACTAGTTGCACATGCCCTATATACGGCT
CTACTTCTACACTCTTTTGGAATATCAGATACTTAAGTACACCTAATACTTACCAATCATTAATACGTTTCATATGAAAACATAATATAATATAA
AAATATTTACAGGTCCCAATGGAAAATCGAGCAGATCAACTGGATGATGGGTCAAGAGATTCGCGATTCCGTCATCGGTTTCTTTGGCTTTGGCG
GTATTAGTCAGGCCATCGCCAAGCGATTGCAGTGCTGGGATGTGGCCAAGATCATCTACCATACTCGCACCCGAAAGGAAAACGATGGCGACTTC
AAGGCAGAGCATGTGTCGTTTGAACAACTTTTACAAGAAAGTGACTTCCTGGTGGTAGCTGCTCCACTTACAAACGAAACTAGAGAGAAATTCAA
TGGAAAGGCATTTAATCTGATGAAGAGGAGTTCTGTGTTTGTCAATGTGGCCAGAGGAGGTAGGATTTTAACTACATAACTGTATGAACGCTATT
GCATACCCGTGGATTTTTTCAGGTCTGGTAAATCAAACTGACCTTCATGACGCCCTGACAAATGGTACAATTTCTGCCGCAGGCTTGGATGTGAC
CACACCAGAACCACTGCCCGCCAATAGTCCTCTTCTCAATGTGCCCAATTGTGGTAAGCTAGAACATTTATTTCTCTTCCCTGAGTGAACTGAAA
TATTATTTATATATTTCCACAGTTATCCTTCCCCATATGGGCACTCAGACAATGAAGACTACCATTGAAATGGGATTGCTTGCTGCCAATAATAT
TTTGAACGCCATCGAAGGGAAGCCCATGATAAGGCCAGCCTACTGAGAACATGCAAAATTTGAATGGAAGAAACTTTACCTGTATCCTACTCGGA
TCGGAAAATCAATATTAAAAAATGATATTAAACATATAAATGTCGAACTTGTTAACCGCAACTATAATGGATTGATATTTTTTCTTGTTTAATTG
AATAAGTGAATAATTATGAAAATTATGAACGTAACCATAAAAGCTCTTCATGCGTTTTGTTGTCAGCTTTTTCTGTGATAGGGGGATCTGGTGCT
CTATAAAAGTCCGGCGACAAAGCCAACCGTTTGTCAGTCGTTTAAGAAACGCAGGGAATATAACGTCGGTGCTAATAGACTCCGATTTTTGAGCA
TTTAAGAGCTTCAGAGAGGAAGAGCAATCAAAAAGCTTCTAACTGCTCACGAAAAAAGAGAATATTCGAAACTCTGCTCTGTGTCAGTGATTATC
TATAAAGTGTGGCACTTGTAATTATTTTTCCTATCAAATAATATCTTTTCGTCACCAGAAGGACTTAAAATGTCAACAACAAAGCCGTTTAAAGT
GCTGATAGCACATACCGATGTTCCGCCAGAGGGAATTGAAATCCTGAAGGAGCAATGCGAGATCCTGCAAGTAATAAATGAACCTCCAAAAAATC
GGCCTGAAATTCTAGAAAAGATCAGGGGGGCTCATGCCGTTATTTGGGGTGGTCGGGACATACTCAATGCCGAGATTCTGGACGCCGCTGGTCCG
CAATTAAAGGCGGTATCCACCATGTCGTCGGGGATAAACAATGTGGATGTGCCGGAGCTAAAGAAAAGGGGTATCCCCTTGGGAAGTACTCCTGC
GATGCTGACTGTTGCGGTAGCCGATCTTACGGTGGGCCTGTTGATCGCCGCTGCCCGGAGGTTCCAAGAGGGTCGAAGGAAGATAGACAGGTAAA
GCAAAACAACCTGTCATTTTTTATTAATTACTCTGATATCGCAAAGTTTCGTATCCTTGATTACAGTGATAAATGGGATAAGGACCATCTTAACT
GGATGCTGGGTCAGGATATCCGTGATTCCACCGTGGGCTTCTATGGCTTTGGAGGCATTGGCCAGGCAGTGGCTAAGCGTTTGATGGGATTCGAT
ATTAAGCGCATGTTATATACCACCCGGAATCGCGTTAGCCAGGATATCGAGGAGCGGTTCAATGCCAAGAAGGTGGATTTCGAAACGCTTCTGGC
GGAAAGTGATTTCCTCATCATTGCATCCCCATTGACCAAGGAGACATTGGGATTGTTTAATGCCACCGTCTTTAATAAAATGAAAGAAACGGCAG
TACTGGTCAACGTTGGCAGGGGCAGTGAGTATATCCGAAAAAAGCAAACTAAAATGCCTAATGCCTTTCATTCTAGAAATTGTCAACCAAGATGA
TCTTTACGAGGCGCTTAAATCAAACCGAATTTTTGCTGCTGGACTAGATGTTATGGATCCGGAGCCCCTTCCTTCCAACGATAAATTACTTACTC
TAGACAATGTTGGTAAGTTATTATGTATCATCTACATAGGGTCAGAAACTATTTATATTTTTATCTCATTAGCGTTTTTTGGTATTTTTCTCAAG
AATGATAAGAACTGCCATTCAAAGAATTCTTTTGAAAACCTGACACTTTACGTTATAATCTATAGTTCCCTTACCATTAGGCACTTCATTTATCT
CGTTTGTTTCTTTTCATGAAGTGGTTACTCCTCATGTGGGCTATGCCACCCGGAGAACCCGTGTTGATGCAGCCAATTTGGCTTCGCGTAATGTG
CTCAAAGGATTGGCAGGAGAGCCGATGTTGTCACCCGCCTACTAAAATCTATCTAATCGGAAACAGAAATCAATGATTGAAAGTATGTGATTTAA

Sequence Listing Page 62 of 62

TTACAAAACTAACTTGTCGAAACGTTATTCACTTGTATTGTCAGCCTCTTCTTTAGCCACCAGGGGCAGATACAGTGGATCCCACTCCTCCCGCT
GCAGGGCCTTTAGATACTTCCTCCTCTCCTGGAGGACTCGCGGCACTAACTCCGGCTGCTCCCCCTTGTGTTTCTGTGATATTTCCAGGGCCCGC
CGCCAGTTGTGCATCCGCAGGGCTAGTCCGACTGCCTGTTCGATTTTCTTGCCGTGCAGCAGGATGGTCTCTGCCTCAAGCATCCTGCCCAGCAT
TAGTGAGTTTTCGGCCATCTGCTCGGCACTCGAGGGCGTCAGGGCCTTCAGGTGCTGCAGGTAGCTCACCTTGTCGATTTGCAGTGCTGCCGAGT
AGGCCTCCTCGCTGATCTGCAACTGGTGCTTCCTGGTCGCCACCGCCGCAAGAGTGGCCCACAAGCTGGAATGCTGGCCCATTCGGCAGATCTTC
AACGCCTGTTGCCACTGCCCTTCCAAAAGCGCACGATGCAGGATCTCGCAGTACATGTTAACATTGACGGGGAGTAGGGCGCCGGCGGAACGGAA
TGTGAGCACGGATTCCTCAAAGCTTTCGATGGTAATGTGTTTGCCAAATTCCCTAGGTGAAAGAGATTTTTAAGCAATTTAAAAAATAGTACAAT
TAATCTGGATTAACAGATAGCATTAAAAGTACAATGAAGCCTTGAAGTGATTTCAATTTAAAATAAAACCCGACATTCTAAAACAAGTTGAGTTA
GTAAGTACATCTATGTTCCTTACGTCGTATCCAATGTAATAGTGGTCAGGGCAATGATCGTAGGATCGGAGGCTCCTTCCCCGGGACAATACCAG
ATGCTGTAGCACGAGTCGTGTACTCCCACCAGAATATTTGTTTCGCTGGCCCACATAATGGCGGTGAGTTGGGTGCCGATCTTGTAGATCTCATC
(SEQ ID NO: 136)

Exon: 1001..1086
Exon: 2269..2404
Exon: 2474..2655
Exon: 2863..3194
Exon: 3313..3378
Exon: 4049..4460
Exon: 4532..4869
Exon: 4922..5047
Exon: 5247..5365
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT5232
ATGTGCCGGAAGTCAAGAGGTGCAAAGTCCCCTGTCAACAACGACGTGGTCGATTTGGCAGTGGGTTCGAGTCGTCGTTTCCACAAGGCTTTTAA
AGTGCTGATTTCGCATCCAAATGTCCCAGCACCGGCTCTGGAACTGCTCCGATCCCGTGGAGCGGAGACCATCATCTGCCAGAGTGTGCCGCCCT
CGAGGGATGAGATCCTGCAGAAGGTGCCCGGCCTGCGTTGCGTGAGCACCATGTCCTCCGGAATCGATTTTGTGGATATTCCGGAGTTCCAGAAG
AGGGGAATCCCATTGGGCCACACTCCCGGGGTGGTGAAAAATGCAGTGGCCGATCTCGCCATTGGCTTGATGATTGCAGCCGGTCGTCACTTTCA
TGCCGGTCGCACCGAAATCGAGAGGTCCCAATGGAAAATCGAGCAGATCAACTGGATGATGGGTCAAGAGATTCGCGATTCCGTCATCGGTTTCT
TTGGCTTTGGCGGTATTAGTCAGGCCATCGCCAAGCGATTGCAGTGCTGGGATGTGGCCAAGATCATCTACCATACTCGCACCCGAAAGGAAAAC
GATGGCGACTTCAAGGCAGAGCATGTGTCGTTTGAACAACTTTACAAGAAAGTGACTTCCTGGTGGTAGCTGCTCCACTTACAAACGAAACTAG
AGAGAAATTCAATGGAAAGGCATTTAATCTGATGAAGAGGAGTTCTGTGTTTGTCAATGTGGCCAGAGGAGGCTTGGATGTGACCACACCAGAAC
CACTGCCCGCCAATAGTCCTCTTCTCAATGTGCCCAATTGTGAAGGACTTAAAATGTCAACAACAAAGCCGTTTAAAGTGCTGATAGCACATACC
GATGTTCCGCCAGAGGGAATTGAAATCCTGAAGGAGCAATGCGAGATCCTGCAAGTAATAAATGAACCTCCAAAAAATCGGCCTGAAATTCTAGA
AAAGATCAGGGGGGCTCATGCCGTTATTTGGGGTGGTCGGGACATACTCAATGCCGAGATTCTGGACGCCGCTGGTCCGCAATTAAAGGCGGTAT
CCACCATGTCGTCGGGGATAAACAATGTGGATGTGCCGGAGCTAAAGAAAAGGGGTATCCCCTTGGGAAGTACTCCTGCGATGCTGACTGTTGCG
GTAGCCGATCTTACGGTGGGCCTGTTGATCGCCGCTGCCCGGAGGTTCCAAGAGGGTCGAAGGAAGATAGACAGTGATAAATGGGATAAGGACCA
TCTTAACTGGATGCTGGGTCAGGATATCCGTGATTCCACCGTGGGCTTCTATGGCTTTGGAGGCATTGGCCAGGCAGTGGCTAAGCGTTTGATGG
GATTCGATATTAAGCGCATGTTATATACCACCCGGAATCGCGTTAGCCAGGATATCGAGGAGCGGTTCAATGCCAAGAAGGTGGATTTCGAAACG
CTTCTGGCGGAAAGTGATTTCCTCATCATTGCATCCCCATTGACCAAGGAGACATTGGGATTGTTTAATGCCACCGTCTTTAATAAAATGAAAGA
AACGGCAGTACTGGTCAACGTTGGCAGGGGCAAAATTGTCAACCAAGATGATCTTTACGAGGCGCTTAAATCAAACCGAATTTTTGCTGCTGGAC
TAGATGTTATGGATCCGGAGCCCCTTCCTTCCAACGATAAATTACTTACTCTAGACAATGTTGTGGTTACTCCTCATGTGGGCTATGCCACCCGG
AGAACCCGTGTTGATGCAGCCAATTTGGCTTCGCGTAATGTGCTCAAAGGATTGGCAGGAGAGCCGATGTTGTCACCCGCCTACTAA
(SEQ ID NO: 137)

Start ATG: 1

MCRKSRGAKSPVNNDVVDLAVGSSRRFHKAFKVLISHPNVPAPALELLRSRGAETIICQSVPPSRDEILQKVPGLRCVSTMSSGIDFVDIPEFQK
RGIPLGHTPGVVKNAVADLAIGLMIAAGRHFHAGRTEIERSQWKIEQINWMMGQEIRDSVIGFFGFGGISQAIAKRLQCWDVAKIIYHTRTRKEN
DGDFKAEHVSFEQLLQESDFLVVAAPLTNETREKFNGKAFNLMKRSSVFVNVARGGLDVTTPEPLPANSPLLNVPNCEGLKMSTTKPFKVLIAHT
DVPPEGIEILKEQCEILQVINEPPKNRPEILEKIRGAHAVIWGGRDILNAEILDAAGPQLKAVSTMSSGINNVDVPELKKRGIPLGSTPAMLTVA
VADLTVGLLIAAARRFQEGRRKIDSDKWDKDHLNWMLGQDIRDSTVGFYGFGGIGQAVAKRLMGFDIKRMLYTTRNRVSQDIEERFNAKKVDFET
LLAESDFLIIASPLTKETLGLFNATVFNKMKETAVLVNVGRGKIVNQDDLYEALKSNRIFAAGLDVMDPEPLPSNDKLLTLDNVVVTPHVGYATR
RTRVDAANLASRNVLKGLAGEPMLSPAY*
(SEQ ID NO: 138)

Name: HYDROXYPYRUVATE REDUCTASE-LIKE
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384610
CATTTCGATGGTAGGTCTCCCAAGGCAACAGAAGCACAATCATCACCAGAACGAAGAGTATAAGCACTGGTATGATGTAGCCGTGCTTGCAGGAA
CAGATATTTCGCTCATCCTGGAGCCCTAGGCCGCAATTGGGACGCCGGCAACACGATGTGGTCAAAGGGGTTGGCTCTTCCGGTGCTCTGGGCAC
TGGCTGGTACTCTCCGGGTATCTCATGCACTACGCGACGCTCGGACATGGCAAGGGGATCAGGACTAATGCTGACTGGCCATTGTCAAACATTTT
TCACAGCCGAGCCTATTTATTATTCGCGCAGTTGTGGGAAAGTATCACCCGCCCACGCAAACAAATGGGCAGTGTTGGACAGCACAGCGCGGTAG
TCGTCTGCGCTGGCTGCTAAAAAAAAGCTAAAGGATAAATTAATCCAAGTCCCTGCTCAGAAAAATAAGTTGTCGTCAGTGCATTATTTCAGCAT
TTACTTCGATTTAAGTTTTAACGCCATAGAGTCCATTAATTCTCTTGAAGTTAATAAATGTTTATCGCTTTAATTCAAAACTGATAAACTTTCTA
TGGTCCTATTTATTTAACGACCCAATTTTGGCGGGAAACAAGCCGGCGGAACATTGCTGACGCGTATGCGTGACGCCAGCTAACACTGGTCGCCG
TGGTAAAGAATTTAGTCTGTCTTAAAATCTTCCGGCTGAGAGGGCTGAAAATTTTGACGGCTTCGAAGCATTTGCTGCAATATCAATTTCGTCGG
GTTTATTTCGAGTATCGCTTAATCAGGACGCGACCATGGCTGCGAGATTGATGAACGCCCAGGCACAGGTAGGTTCTAGAGCGGAGCCTGTGCCT
CCAGTCGGCCAATATATAACCACGGCTATATATACGTTTACGTATAGAATCTGTGAATGGAACCCCGAAATTCCAAGCTGCGATAAAGACAACTG

GACAGAGCACTGCGCGAAAGTTTACAAAAAATCATTGCCCATTTCTTACACACCCAGCAGGATGTGGGCAGCGAAAAATAGCAAATTTTTCGCAC
AGCGTTTTCTAACCTAAAATCATAAAATTCGAAGTGGTTAGGTAACCGAGTTCGCAGTGTTTGTGATTCTACAGGCCCTGCATCCCAAACATGTA
TACTGAATACGCAGCAGTGAACCATGCGAAATCGTTAGCTCTCAACAATTAACAGCGATTCGTGGGGGTTCGATGGTTGGCATAGTTGCATTTAC
ATAATCGCCGGGGTCCAGTTATTTAACCAGGAGGCGAACACCCTCTAGAGCATATATCTTGTGGCGGAGGACCGTCTTATCTGTGACAGGTTTAC
TTACACTTTGATAATGCCAGCACTAAATATAGCTTAAAAAAGTTGCGCCGTTTAACTTGAGTATCACGCGCATTGGAGGAGTTTTGCCTTTCAAG
TGGGGTTTTTCCACGTCAGCTTCGAGAAAGGTTTCACTGTACTCTGCCCATAAGTTAACGACCTATTTGACGTAATTGTCATTGCAATTGTTTCG
ATTTGCGTGTATGTACATACAGTCGTGTCGTCACGTGGTTCTTCTAATTGGAGTGTTCTGTAGAATATTGTAACAATTTGAAAGGCTTACAAACA
AACTATATTTCCAGCTACTTTTTATTTTTTTATTCTGCAGTTCGAAGAACCTTAAAGCACTTTGGCTAGCACTTAAAATACTTTGATTGTTAAAT
GTAAACTTTCAATCATTTTACTAATCTCAAAAAAATATTTGGAAAAATTTCACTCTGAAGCGGTAAATGGATCAATGGATTATTTTTGGCTATTC
AAAAATTTCAAGACGATTAAAATTTATTAGCTTTAGCAATATATTGATCTTAAAACAAGTGAAAGCGGTGATAATAATGTTTTACATTTGTTATA
TATGTATGCAAGATTAAATGTACAGTAAAGAAGAATTTTCACAGATATGGTCCCCACATGATTGTACTCTTGTCAGAATATCTTTGGGAATTATC
ATTTCCTGATAGAGGAATCAATTTAATTAAAGTGACGAGGACTCGTCCTCTTGACATGATAATCAAGTGTTTATTGGGCTACCAAGCGAATAAAT
AAAATCTCACAGTGTGCGAAGTGCAAATAAACTAGAGAATCACATTGTGTTAATTACTTGATCTTGATTGCTAAATGTACCACTTCACCATATTT
AACAGTTCGACTTCTTATCTGCTTTCCAGGTGTGTCGACTGGGCAAGCATGTTGCGTCCGAAGCCACAGTGGTGCGTCAGTTCCACGCCTCCTGC
TACACCGCCTCCAAAGTGGCTCTGTCCAAGTTCGACTCGGACGTCTACCTGCCGTACGAGAAGCTGAACAAGCGCCTGGAAGTGGTGCGCGGTCG
CTTGAACCGCCCACTGACTCTCTCCGAGAAGGTGCTGTACTCGCATCTGGACGATCCCGCAAACCAGGACATCGTGCGCGGTACTTCGTACCTGC
GTCTTCGCCCCGATCGTGTGGCTATGCAGGATGCCACTGCACAGATGGCTCTGCTTCAGTTTATCTCCTCCGGACTGAAAAAGGTGGCTGTGCCC
TCCACTGTTCACTGTGATCATTTAATCGAGGCCCAGATTGGTGGACCCAAGGATTTAGCCCGTGCCAAGGACCTGAACAAGGAAGTGTACGATTT
CTTGGCCAGCACCTGTGCAAAGTACGGATTGGGCTTCTGGAAGCCAGGCAGCGGAATCATCCATCAGATCATTCTGGAGAACTACGCTTTCCCCG
GCCTGCTGATGATTGGTACTGACTCACACACCCCCAACGGTGGTGGCTTGGGTGGCCTGTGCATTGGCGTTGGTGGTGCTGATGCCGTCGATGTG
ATGGCCGACATCCCCTGGGAGCTGAAGTGCCCCAAGGTGATTGGTGTCAATTTGACTGGCAAGATCAGCGGCTGGACCTCGCCCAAGGATGTTAT
CCTGAAGGTTGCCGATATCCTGACCGTCAAGGGAGGCACCGGTGCCATCATTGAGTATCACGGCAAGGGTGTTGACTCTATCTCTTGTACAGGCA
TGGCCACCATCTGCAACATGGGTGCTGAGATCGGAGCTACCACCTCTCTGTTCCCCTTCAACCAGCGCATGGCTGATTACCTGAAATCGACAGGC
CGTGCTGGCATTGCCTCCGAAGCCCAGAAGTACCAGGCCAAGATTCTGTCCGCTGACAAGAACTGCGAGTACGATGAGCTGATTGAAATCAACCT
AGACACCCTGGAGCCCCATGTTAACGGACCATTCACTCCCGATTTGGGCCATCCCATCAGCAAGCTAGGCGAGAACTCGAAGAAGAACGGGTACC
CTATGGACATCCGTGTAGGTCTTATTGGCTCTTGCACCAACTCTTCGTATGAGGACATGGGTCGCTGCGCCAGCATCGCCAAGGATGCCATGAGC
CATGGCCTCAAGTCGAAGATTCCTTTCAATGTGACTCCCGGATCAGAGCAGATCCGTGCCACCATCGAGCGCGACGGCATCTCTGAGGTGTTCGA
CAAGTTCGGCGGTACCGTTCTGGCCAACGCTTGCGGTCCCTGCATTGGACAGTGGGATCGTAAGGACGTTAAGAAGGGCGACAAGAACACCATTG
TCACCTCCTACAACCGAAACTTTACTGGCAGGAACGACGCTAACCCGGCCACCCATTGCTTTGTCACTAGTCCCGAGTTGGTCACCGCTCTGTCC
ATCGCCGGTCGTCTGGACTTCAACCCGCTGACCGACGAGCTTACTGGTGCTGATGGCAAGAAGTTCAAGCTCAAGGCTCCCTTCGGCGACGAGCT
GCCCGCCAAGGGTTTCGATCCCGGCCAGGACACCTACACTGCTCCCCCACCCGTAAGTACATTTAAATTCCCAAACTGATTTATATTGTTCTTAA
GAATCAATATGGAAATCCCACAGAGCGGCGAAAATGTCAAGGTGGCTGTCGACCCCAAGTCGACGCGTCTGCAGCTGCTGGAGCCTTTTGACAAG
TGGAACGGCCAGGATCTGACCGATCTGACTGTGCTGATCAAGGTTAAGGGAAAGTGCACCACTGACCACATCTCCGCTGCCGGACCCTGGCTGAA
GTACCGTGGCCATTTGGACAACATCTCCAACAACATGTTTATCGGAGCCACCAACTACGAAAACAACGAGATGAACAACATCAAGAACCAACGCA
ACGGTAGCTGGGGAGGAGTTCCCGACGTAGCCCGCGACTACAAGGCCAACGGCATCAAGTGGGTGGCCGTCGGCGATGAGAACTACGGCGAGGGT
TCGTCCCGCGAGCATGCCGCTTTGGAGCCCCGTCACCTTGGTGGTCGTGCCATTATCGTCAAGTCCTTCGCCCGTATCCACGAGACCAACCTGAA
GAAACAGGGTCTTCTGCCTCTCACCTTCGCCAATCCCGCTGATTACGATAAGGTTTGCGACTCTTAGCTTCTGTGACTAAGGTCATATTAACCAT
ATCTTTGTACTTCAACAGATCCAGCCCACGAGCAAAATCTCCCTGCTCAACCTGAAATCCCTTGCGCCTGGAAAGCCCGTAGATGCCGAAATCAA
GAATGGCGACAAGGTCGAGAGGATCAAGCTTAACCACACCCTGAACGACCTACAGATCGGCTGGTTCAAGGCCGGCAGCGCTCTCAACCGCATGA
AGGAGCTGGCCCAGTAAATGGTCCTGGACCTACTTAAGACACCCAGTCAAGAAGCCTGATCCCAACCTTCTTCCTGTAGGTGAACACACTCAAAT
TCACAACGGAAGCAATCGAATTATGGTATTGTTATTCAATTCTTTTCAAATTGTTTATATTATATTTTGACTATATCGAGTGTGCAGCTTTAAAA
GTGAATTATGTAGCCGAACGATAGCGAGAAATTGTAAGAGTTTTATATATATAATTATACACAATTTTATTTTTAATTCTGGCTATGCATGCGTT
TCCTTCAATTTTTGTTCTTTTTGAATTTGTCCAAATGCTCTACAGATTGCCTCTACTATGAAACTGTTTTAAGTGCGAATAAAACTCAAGTAATA
TGTATTAAACCGATTCTTTCATTTAATAAACAACAGTTAAAACAAAAAAGCGGACAATAAGTGCCGTCAATTCATCCCGTGTCCTCTATATTTTC
TTCATTATTAACATAATTTTATCAATTATAAGACGTAAGACACAACAATTTGCACAATAAAGCATAATATCAATAATAGAATCTACTGGGGCAGA
TTACTTAATTATTCACCCATAGCTTTTGGAAAATATGTCGAATTGTCAATCAAATATAAATTATTAGTAAATCCAATTCTAGGACTATGAAACGC
AGAGCTCAAAGTAAAACTTCCGTTGCTTCCAGCACGGATTTCTTTTCACTCTCCGACAAGCCATCGTTGGGAAGAAGACGAGCCCTACTGGCTGC
AAAACTTAAGCGTCAGGAACAGAGTACAACGTCCTTTGACTCCAGCACAGGCTCCTACACTTATACAGACGCCACTTCTTTGCGAAAGACCCCCA
TCACCTTCTCACCTAGCCCGGAGTTCATGAAGACCGCCAAGGCTAAATTAAAGTTAATCGCATTGTATGAAGATCACAAATGCTTGTGGAATCAG
CGCAACAAAGATTTCTTCAATTTCGAGCTCAAAGACAGAATCTGGGATGCGATTGCCGATGAAATGAAAGCGGACTCGCCATCTGGGTTTTGGAA
ACATATGATTCACAAGCTTCGCTATAAAGTTGAGATGGAGCGCATACAAGAGCAGGGTGCAAAGTTTTCGGGTGAATCGCCGCAGCCAAAACTAT
TTTATTCAGATAATCTGCTGTTTCTAAATCACATGTTTGACCGAGAAGGGGGAAAACCCCCTCGAGAGATTGTATGTTTATAGTTAACGAACAAA
TCACTTTAGTATTTATTCTACTTTTTACTCAGCCAATGCATCTTAAGCCTTCGGGACCTACTCTCGAAAAGAATCCGTCTAGAAACCTGCGACAT
GTTCAGGAAAAACGTAAACGTACGCCCATTAGAGAAAAGATGGCTTCGCTTGAGAAGTTGAGGA
(SEQ ID NO: 139)

Exon: 1001..1086
Exon: 2215..3852
Exon: 3919..4422
Exon: 4484..5049
Start ATG: 2494

Transcript No. : CT5284
CACCCAGCAGGATGTGGGCAGCGAAAAATAGCAAATTTTTCGCACAGCGTTTTCTAACCTAAAATCATAAAATTCGAAGTGGTTAGGTGTGTCGA
CTGGGCAAGCATGTTGCGTCCGAAGCCACAGTGGTGCGTCAGTTCCACGCCTCCTGCTACACCGCCTCCAAAGTGGCTCTGTCCAAGTTCGACTC
GGACGTCTACCTGCCGTACGAGAAGCTGAACAAGCGCCTGGAAGTGGTGCGCGGTCGCTTGAACCGCCCACTGACTCTCTCCGAGAAGGTGCTGT
ACTCGCATCTGGACGATCCCGCAAACCAGGACATCGTGCGCGGTACTTCGTACCTGCGTCTTCGCCCCGATCGTGTGGCTATGCAGGATGCCACT
GCACAGATGGCTCTGCTTCAGTTTATCTCCTCCGGACTGAAAAAGGTGGCTGTGCCCTCCACTGTTCACTGTGATCATTTAATCGAGGCCCAGAT
TGGTGGACCCAAGGATTTAGCCCGTGCCAAGGACCTGAACAAGGAAGTGTACGATTTCTTGGCCAGCACCTGTGCAAAGTACGGATTGGGCTTCT
GGAAGCCAGGCAGCGGAATCATCCATCAGATCATTCTGGAGAACTACGCTTTCCCCGGCCTGCTGATGATTGGTACTGACTCACACACCCCCAAC
GGTGGTGGCTTGGGTGGCCTGTGCATTGGCGTTGGTGGTGCTGATGCCGTCGATGTGATGGCCGACATCCCCTGGGAGCTGAAGTGCCCCAAGGT

GATTGGTGTCAATTTGACTGGCAAGATCAGCGGCTGGACCTCGCCCAAGGATGTTATCCTGAAGGTTGCCGATATCCTGACCGTCAAGGGAGGCA
CCGGTGCCATCATTGAGTATCACGGCAAGGGTGTTGACTCTATCTCTTGTACAGGCATGGCCACCATCTGCAACATGGGTGCTGAGATCGGAGCT
ACCACCTCTCTGTTCCCCTTCAACCAGCGCATGGCTGATTACCTGAAATCGACAGGCCGTGCTGGCATTGCCTCCGAAGCCCAGAAGTACCAGGC
CAAGATTCTGTCCGCTGACAAGAACTGCGAGTACGATGAGCTGATTGAAATCAACCTAGACACCCTGGAGCCCCATGTTAACGGACCATTCACTC
CCGATTTGGGCCATCCCATCAGCAAGCTAGGCGAGAACTCGAAGAAGAACGGGTACCCTATGGACATCCGTGTAGGTCTTATTGGCTCTTGCACC
AACTCTTCGTATGAGGACATGGGTCGCTGCGCCAGCATCGCCAAGGATGCCATGAGCCATGGCCTCAAGTCGAAGATTCCTTTCAATGTGACTCC
CGGATCAGAGCAGATCCGTGCCACCATCGAGCGCGACGGCATCTCTGAGGTGTTCGACAAGTTCGGCGGTACCGTTCTGGCCAACGCTTGCGGTC
CCTGCATTGGACAGTGGGATCGTAAGGACGTTAAGAAGGGCGACAAGAACACCATTGTCACCTCCTACAACCGAAACTTTACTGGCAGGAACGAC
GCTAACCCGGCCACCCATTGCTTTGTCACTAGTCCCGAGTTGGTCACCGCTCTGTCCATCGCCGGTCGTCTGGACTTCAACCCGCTGACCGACGA
GCTTACTGGTGCTGATGGCAAGAAGTTCAAGCTCAAGGCTCCCTTCGGCGACGAGCTGCCCGCCAAGGGTTTCGATCCCGGCCAGGACACCTACA
CTGCTCCCCCACCCAGCGGCGAAAATGTCAAGGTGGCTGTCGACCCCAAGTCGACGCGTCTGCAGCTGCTGGAGCCTTTTGACAAGTGGAACGGC
CAGGATCTGACCGATCTGACTGTGCTGATCAAGGTTAAGGGAAAGTGCACCACTGACCACATCTCCGCTGCCGGACCCTGGCTGAAGTACCGTGG
CCATTTGGACAACATCTCCAACAACATGTTTATCGGAGCCACCAACTACGAAAACAACGAGATGAACAACATCAAGAACCAACGCAACGGTAGCT
GGGGAGGAGTTCCCGACGTAGCCCGCGACTACAAGGCCAACGGCATCAAGTGGGTGGCCGTCGGCGATGAGAACTACGGCGAGGGTTCGTCCCGC
GAGCATGCCGCTTTGGAGCCCCGTCACCTTGGTGGTCGTGCCATTATCGTCAAGTCCTTCGCCCGTATCCACGAGACCAACCTGAAGAAACAGGG
TCTTCTGCCTCTCACCTTCGCCAATCCCGCTGATTACGATAAGATCCAGCCCACGAGCAAAATCTCCCTGCTCAACCTGAAATCCCTTGCGCCTG
GAAAGCCCGTAGATGCCGAAATCAAGAATGGCGACAAGGTCGAGAGGATCAAGCTTAACCACACCCTGAACGACCTACAGATCGGCTGGTTCAAG
GCCGGCAGCGCTCTCAACCGCATGAAGGAGCTGGCCCAGTAAATGGTCCTGGACCTACTTAAGACACCCAGTCAAGAAGCCTGATCCCAACCTTC
TTCCTGTAGGTGAACACACTCAAATTCACAACGGAAGCAATCGAATTATGGTATTGTTATTCAATTCTTTTCAAATTGTTTATATTATATTTTGA
CTATATCGAGTGTGCAGCTTTAAAAGTGAATTATGTAGCCGAACGATAGCGAGAAATTGTAAGAGTTTTATATATATAATTATACACAATTTTAT
TTTTAATTCTGGCTATGCATGCGTTTCCTTCAATTTTTGTTCTTTTTGAATTTGTCCAAATGCTCTACAGATTGCCTCTACTATGAAACTGTTTT
AAGTGCGAATAAAACTCAAGTAATATGTATTAAACCGAT
(SEQ ID NO: 140)

Start ATG: 366

MQDATAQMALLQFISSGLKKVAVPSTVHCDHLIEAQIGGPKDLARAKDLNKEVYDFLASTCAKYGLGFWKPGSGIIHQIILENYAFPGLLMIGTD
SHTPNGGGLGGLCIGVGGADAVDVMADIPWELKCPKVIGVNLTGKISGWTSPKDVILKVADILTVKGGTGAIIEYHGKGVDSISCTGMATICNMG
AEIGATTSLFPFNQRMADYLKSTGRAGIASEAQKYQAKILSADKNCEYDELIEINLDTLEPHVNGPFTPDLGHPISKLGENSKKNGYPMDIRVGL
IGSCTNSSYEDMGRCASIAKDAMSHGLKSKIPFNVTPGSEQIRATIERDGISEVFDKFGGTVLANACGPCIGQWDRKDVKKGDKNTIVTSYNRNF
TGRNDANPATHCFVTSPELVTALSIAGRLDFNPLTDELTGADGKKFKLKAPFGDELPAKGFDPGQDTYTAPPPSGENVKVAVDPKSTRLQLLEPF
DKWNGQDLTDLTVLIKVKGKCTTDHISAAGPWLKYRGHLDNISNNMFIGATNYENNEMNNIKNQRNGSWGGVPDVARDYKANGIKWVAVGDENYG
EGSSREHAALEPRHLGGRAIIVKSFARIHETNLKKQGLLPLTFANPADYDKIQPTSKISLLNLKSLAPGKPVDAEIKNGDKVERIKLNHTLNDLQ
IGWFKAGSALNRMKELAQ*
(SEQ ID NO: 141)

Name: aconitase
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384610
ATGAATAAATATCAAAACATTTTTCAAAAGTTTGATTATTATCCTCGTTTTTCTCGATGTTTATGTAGGCACGCTCCATATCTGCTTTTAATCAA
AACATTGAACAACACAAAAAATGTAACAGTAACTATGTTTGGGATAGAATGATTGATAAATGAGTGCTTGCAACAGGTCCTGAAATTTATAGACT
GAACGGTTACCCGATATATATATATATATGTATGTATATGTTGTTAGTTATTCATTGGTTACAAATTAATTTATTTTATTGTATTGCTTATATAA
AGACATGAGTTTATAATTTAATGGTGGATACAGATTTTTTCTAATTTAAAGTAGCAACCGAAAGTTACAACAAAACTAGTATGTGTAATCTATAC
ATCCCACATTAGTAGTACAGAATAATTTAGTAATAATATATATACATACTTTATAATGGTACGAATTAATCCATTTGAAAATTTGTATGTTACAA
CTTTAGAACATTTGTTTGCCCAAAAATAAGGATTCATATTTTTAAATAAAATTCTTATAAAGGAATGTGTTTAGATGGTTAGAAAGAGCCACCAC
TATCTTAGAATATGTTGCTAAAGTTTCAGCGTTGCAAGCTTATTTCAGAACGTTGCCTCAATCATACTAACGCCCACAACTGTCACTGCTACAGT
TTTGGAAAAGGTTTTGATTTTATCATTTGTCTTGCACATTGTATCGATGTGCCAAAAATATGATGAGGCCAAACATATACAATGGTCATATCCAA
TAGTCAGAAATTAATAAAAACAAACAAGTTTTTTAAAAATACCGCACATGCAATTAGTGCGCATAGTGACATCTGCAGTCGCTAAAAGAGACCCA
AGTGTTAAAAGCTTACTCGACTAGAAGCTATAAATGGCGATTAATTCCTCTAAGGGAATACCCTCGATGTCCTTATGAAGGCAGTGGAGTAGCAC
AGAAAGGTAAACAGTACCTACGACTGATTTATTGAGATTTGTGGAAAAAGTACTACAGCCACACTGAAAACTCAACTCTGCTGTTAAACAGCTGA
AGACAAGTAGACAGGCAGACAAACTCTAAAAATGAACGGAAAGTATGTAGTTAGCGCCATCCGAGCTCTCCGGTTGACCAATTTCAGCCAGTGCA
AAGGAGCCGCTAGCAGTTTCACTGTGCGCCACTATGGTAAGCCGCGATAGCCAGAATAAAAACGTGTGTTGCCATTTCATAACATCCCGCGATCG
GCGGTTCTTCTCCTGCAGCCTCTCCTCCCAAGCGATTCTACAAGAAGACTTCCGTACTGAGCGGCGACAGCGGCTATGAAGTGGTGTTGGATCAC
CGGAAACTGAAAACGCCCAAGGGCACACCCTTCATCGTCCGCAGCGAACCCCTGGCCATTGCTGTAGCCACTGAGTTCGACGCTCAGAAGGAAAA
CATCGAGCGTTCCCGCATGCACTTATCCGCGCTCTGCTTCACGGCCATTGACAATCCCAATCACCTCTCCAAGTTGGACATGGTCAACTACCTTC
TCAACTTCATCGCCACAGACACGGTGCTCTTCCAGTACGATGTGAGTGAATCAACTGAGAATTAGAGTGCACATTCCACAGACATATATCTTTTG
CAGGACGAAAAGGACCTGCAGGACCTTCAGGTGAATGAATGGGACCCGGTGATCGCCTGGTTCAACCAGCGCTACGACACAAACCTGCAGAAGAC
CATGAACATAACGCCGCCTCAGGTCAGCGAGCAGGATAAAATGAATGTCGCAAAGCATTTTCAGTCCTACAGTTTGGAAACTCTGCATGGTAATG
CAGACCATAAGTCTGGAGTTCAACGTCTATTAAATATATTTTCCTCCAGGCTTCATTTTCGCTGTGGACACCTTAAAGTCGATTGTCCTTGCCTG
CGCCGTCATCGAGCAGATGCTTACCGTGGAGAAGGCTGTGGCCCTGGCGCGTCTAGAGGAAGAATACCAACTTAAGTTCTGGGGTCGCGTGGAGT
GGGCACATGATTTAAGCCAACAGGAGTTGCAAGCACGCCTGGCGGCTGCCGTGCTCTTCGTACACCTTAACTGTTCGGAAAACCTTGTTAAGCAA
AAGATAATTCTTTAAAATTAAAATACCTGTTCAACATACATATGAGCTGACTACCACAGGGTTATGGTAGCACGTATGTAGGTCTCCTAGGACCT
AGGACATAATAATAGATGTATATAAATCGTGCCTAGTTTGAAACTTATCAAGGTCAGGTCATCCTCCCTTTTTTTTTAGCTCTTACCGGTTTTTT
TTTGTTGTAATAATACGGTTTATATTATCATTTTTTCATACTTTCTTTAAGCACGAAAGTAACATACTCTTTTGACGTCTCTTATAACACAACTG
AATTTTAGTTCTGATTTTAATTAGTAAGCCACAAGGATTCTGGTACAGCAATACGTGGAGGCAGTGAACATAAGGAAGTACATTAAGTTTTTTGG
AACTACACATGTACAAATGTGTAGGATATATGTAACATTTTTAAATTTGAATGAGATTACTAAATTTTAGAAATATTTAGTTTGTTTAATCCTAA
TTTAAGGTTCGGTTTTTTTGCACCTTGACATAGAACCCTATTTTTGGAACCCATTGGCAAAACATGGACATTTATTTATCTTACTTAAGAAAAAA
TTAAGTGCTAGTGTAATAGGCGCTTAGAGGAAGTCTCAAAAAACAAAAATAATTAAGCAATTTTTTTTCGTAGGTGTGGTATATTCTGATAAATA
CTTGCTTGGTATTTTAAAATAGTTACGGTACAGTCCTACTGTACACTGCGGTCACACTGGTTCGGACGTGGGTGGCGCATCATCGGTGGTATTCT

GTTGCTAATTAATCAAGTGCAAAACTACATTTTTCGCCAGTAAATCCGAGGAAAGCTAAGTTTGCAAGAAAACAAACGAAAGCAAAGGCAGTTGA
TAATATTACTGGCGCGTTTGGTAAGCAGCGTCGTTCGAGTGCGTGATTGTTCCAATGTTTGTGCTGGTGTGCGTTTGTGAGTGCCTTTTCACTAA
AAAAAAATGTAAAAAAAAAGTGTTGCCAAAGCAGTGAGGCATACATTTTCCCAGTCGCTTTGTTTC
(SEQ ID NO: 142)

Exon: 1001..1176
Exon: 1254..1561
Exon: 1619..1799
Exon: 1855..2105
Start ATG: 1077

Transcript No. : CT5298
TACTACAGCCACACTGAAAACTCAACTCTGCTGTTAAACAGCTGAAGACAAGTAGACAGGCAGACAAACTCTAAAAATGAACGGAAAGTATGTAG
TTAGCGCCATCCGAGCTCTCCGGTTGACCAATTTCAGCCAGTGCAAAGGAGCCGCTAGCAGTTTCACTGTGCGCCACTATGCCTCTCCTCCCAAG
CGATTCTACAAGAAGACTTCCGTACTGAGCGGCGACAGCGGCTATGAAGTGGTGTTGGATCACCGGAAACTGAAAACGCCCAAGGGCACACCCTT
CATCGTCCGCAGCGAACCCCTGGCCATTGCTGTAGCCACTGAGTTCGACGCTCAGAAGGAAAACATCGAGCGTTCCCGCATGCACTTATCCGCGC
TCTGCTTCACGGCCATTGACAATCCCAATCACCTCTCCAAGTTGGACATGGTCAACTACCTTCTCAACTTCATCGCCACAGACACGGTGCTCTTC
CAGTACGATGACGAAAAGGACCTGCAGGACCTTCAGGTGAATGAATGGGACCCGGTGATCGCCTGGTTCAACCAGCGCTACGACACAAACCTGCA
GAAGACCATGAACATAACGCCGCCTCAGGTCAGCGAGCAGGATAAAATGAATGTCGCAAAGCATTTTCAGTCCTACAGTTTGGAAACTCTGCATG
GCTTCATTTTCGCTGTGGACACCTTAAAGTCGATTGTCCTTGCCTGCGCCGTCATCGAGCAGATGCTTACCGTGGAGAAGGCTGTGGCCCTGGCG
CGTCTAGAGGAAGAATACCAACTTAAGTTCTGGGGTCGCGTGGAGTGGGCACATGATTTAAGCCAACAGGAGTTGCAAGCACGCCTGGCGGCTGC
CGTGCTCTTCGTACACCTTAACTGTTCGGAAAACCTTGTTAAGCAAAAGATAATTCTTTAA
(SEQ ID NO: 143)

Start ATG: 77

MNGKYVVSAIRALRLTNFSQCKGAASSFTVRHYASPPKRFYKKTSVLSGDSGYEVVLDHRKLKTPKGTPFIVRSEPLAIAVATEFDAQKENIERS
RMHLSALCFTAIDNPNHLSKLDMVNYLLNFIATDTVLFQYDDEKDLQDLQVNEWDPVIAWFNQRYDTNLQKTMNITPPQVSEQDKMNVAKHFQSY
SLETLHGFIFAVDTLKSIVLACAVIEQMLTVEKAVALARLEEEYQLKFWGRVEWAHDLSQQELQARLAAAVLFVHLNCSENLVKQKIIL*
(SEQ ID NO: 144)

Celera Sequence No. : 142000013384171
CCAGCTCCAGCAATTATATAGCCTCCAACGCCAGCAACTCAATCTCGACCAGCGCCAGCAACCCAAGCTCCACCGGCGCCAGCAATCCAATTACC
ACCAGCGCCAGCAACGAATCGGCCAGCAGTCGTCGAGCCAAGTTCAGGATAAATCAGATGAGTCGCGATGTGCCCGTTGGGCTGCCGGACACTCA
TCAAACCGTGAATCTGGAGGAGGCGGCCAACACCACCAAGGATTGCCTGCTGCATTTGTTGGAGAAATACAACGAGACCCGCATCCGCAATCCGG
TGGGTCGTCACCAGAGCATCAGCGTGGACTGGCGGGTCAGCGACAATCTGGAGTACCGCTCCATGAGCTCCATCAACGCCTTCTTCCAGCGCCAC
AACCCCAATGGCGGCGGCCACAACGTACGCCACATTCAAGCCCAGCTGGAGGAGAAGGCGGCGGGCAAGTAGGTGCCCATATCCACAGCCCTCTG
TATATATGCGATATATATATTTGTATGTAGAGTACAGATCAACTAATTGGCACATAGGTAAATCTACAAAGCGTCGAATGGAACAAATTAATATT
TATGTACTTGATGTAAGCAATAAATCAAATTAATTTATTGAATAAAACTGAAGCAATGATTCGTTTCTATTGACGCGGGATTGAATTTTGTTGGC
ATCCCACGATATTTTATAAAAATGAAATTAAAAATTAAAAACGCGATTTATGTACTACCAACTAGAAAATCAAAAACAATTTATTGCAGAAAAAC
AAATATTAACTTATAAAATGTACAAAATTGTTTTAGTAAACTACATTTTACTGCTACGTCTACAACCAAAGTAATGCGGATGTGTTGGTAATTTT
GAAACAGGACAATCGCGTTGTTTTTGTTTTGTTTATTGATGTATGAGTTGAATATGGTTTAATTATACATAGAGTGTCTATACATATAAATATTA
GGAGAATACTTTGGATTTGTTCTTAGTTAGGCCTTACAAATTAATGCTTTGTATAAGTGTTATGAAGAATAGGCTCTGCCTATGTGTATAGTATG
TATAATAATCTAGTTTTTGTACATGATAGTTTCAGGCAAAATTGTTTTCATAATTTGCCCAGAGATCATAGCAAATCATAAAAGACATTTTTAGC
ACTGGTTAAGAAATGAGAGCGCGACAATTTGTGTCCATTCGGCGGCATTCATATAAATAAGGCATCCAAACGTGCAGAAATTGACGAAGTTAATT
CAAAGGCATTCCTCTTTTTTTTTTTTGTTTTCCACTGGTCGAATTGGTTACAATGTTAGTAGGTCGCAAAAACAAAGCAGCAATGAGCCGAAATG
CGGCTTATTGGGGCATCGTTTTGGCGCCCTTAATATGCAAGACAAAACTCAATTCTACTCTCCCCTCAGTTTCAGTACTTGGATGAAGTGGCAGG
GCAGAGAAAGGATGAGTTTTGTTCACCCGGCAAATTTCAAATGCAAAAGTTGCCGGCGAAATTTGCAAGGATTTCACAAAGTTATGTAAAGTTAG
TATTCCATCGTTATAAAGGTTAAATTTCGGTTGGCTTCAAGATAGTTAAGACTAATTCCATTTAGCTTGCGGTCTCTCTCTTCTTGTTCAATAGT
TGTTTGTTGTTAAGAACTAATCACTTAGTTTATGGCATTTCTCACTAGAGAAATCTAAAAAGTTTCATTTAGCTCGAGCTTACTGGTTGACTTAC
AACTAATTACTGGTTACGAGTAGTTGAAGACTAACGATTAATATTCGCAACTGTCGCCCTTGCACTGCATAAAAAGGTTCGTAATAAAAAATTAG
GAAATACTACACAATCGCAGTGGCTTGTAAAAAATAAAATTACAAATTGCAATTCGGTGGGTTGGCCAGCGAATCTGGAGCATTAGTTGTGGCGC
GGCCGCTTCAACATCGCCCCAAAGTGTGCCCCCAACCCAAATCCACCGCTGGAGCTGGAGCTGGAAGTGGCGGACGAACTGGGAGAACTGGTGCG
CATGCGCTTTGCGGGCGATAGTTTCTTGGGTGCCTGGGCCAGACGTTTGCGCTCCTTCATGAATTCTGTAAACAAAGGAAGGAAAACGAGTGTTA
TTAATACGTGTTAGGTGGAATTGCCAAATCAAAGTCAGCTGCTGCATTTCCGGTTGCCCCTGTTCACAAGTCACTGATCCCTAAACAGCAGGCGC
CGCCTGTTTTTCTGTTTTTGCACATTTTGATTTCGGTTTCGGGTAGATTCCCAGATTGTGGCACGTGGACGGCAGCACTTCCCTACCAGAGGGTT
GCAGATCCGCACAGGGGTAGCAAATAAATGCCAGACGGCAGCCAGACAGTCGGTCTTTAGCCGGTTTTCAGGTAGTCCGGTGAAAGCAAGAGTGG
TGGTGCTACATAACTGCATAAATTATGAGCTCTAGCTTACTGGCCAAAGCAGCAAAAAGTGCACTTTAAGTAAAGCGAGTTGAGGCGTTGGGGGA
TTCAAAGGCTTCCCTACTGACCACCCGATGCGGGTGCATTTATTATGTTCCGAACAGACACAATTTTTTTATGATTATAATTACACATGCATGTG
CTAGTGGCATTTATAAAAAACGCTCAGTACAAAGCAATCAAAGGGAGGTTTGATAAGACCATGGACTCTGGATGGTGGTGCATTGAAAGCCGATC
CCCAGACCCCTCTCCCGTTTTCTATAATGAGGTCAGGCCATAGACAAAGCGGAGTCACAGCTGTTGGCATTTATAGATGCAGCCAGCCAGCCCGC
ATGCTATCGATCTGGAAACCAACCCCCGCGTTGTGGAGGATCAGAAGAGAATCATTCGGTTTAGGGAGATGAGGAGCTGAAACAGCTGCAGTCAG
CTTTGACTTACCCTTCTGGACGAAAATAAATCTCCCACAAAGCATTGGCTAATTGCTATAATTTGGGTCTAAGTTTCACGAAAAACGCCCACAAC
TAAAACGTGAATATAAACAATAAATGCGAAGGAGTGGACTTAAAACCAATCAAACAACCCCTTATGGAGTTTAGTATTGTAAGTACAAAATCCTG
CACAAAATATTGGTTTGGCATAAAATCATTGATGAAAATCGTTTTCATCGAGTTTGCAAAACAAAGAGCACGAATCTACTTTTATATCTCGAGCA
CTATATTCGGAAATTTTTAGATAATACTCTCTACTCTACAGATAATTTTGAAAAATAATATCGTATCAGTCCGATTACAAAACAAGCCTGATAAG
TTAAAAAAAAAAAAAAAAACACCCTCAACTTCCTCCTGAGAACCGAAAATAAACAGGGAATAAAAGGAAAGCTATGGGAAAACACTTTGTAACGTC
TATCGAAGTGAAATGAAGCCTGACCCTGGGAACCGTCAAGCTCTACTGATCAAAATGGTGTAGAACATCCCCCAAAACTCACCTGTGATTTTTGG
CTGTCTCTTGCGCAGGACTATGGAGGATGTGCTTGTCGTGCTGGAGGAGCTAAGCCGCATTGCCAGCGACTCGTCCTGGGAGTCGTAACAAGATT

CATTATCCGTGTTCGACTCTAGCGAGGAATTGACCAGATTGGAGCCAAAGTTCTCCCGTTCTGAGCGCTCGTTGACCAAAATGTCCATGTCGCTA
GGACTTGCATCCGCGGAAGGGCGTACGTGGGCGGCCCGTGTTAGGGTGTACATCTCTGGGGCGAAGCTCGACTCCTGGAAGCTGACGCGCTCCCA
AATGTAGGGTGATTTTTCAGCTAAAGGGCAGCCGGCGCGGAAGTCAAAGCCCCATTTTTGCGTGGCCAGTTCTTGATGGCGCTCCAGTTCGGAAT
TAAAGGGTCTAAAGAGGATATATTGTTAGCTATTGGTCAAAATCCAACTGTTATTATAGAAACTCACGTTTTGTTGGCTGTACCCTCGGCGGATT
TGGAGCTACCGAAGAGGTCACGCTTTATGCGATTCAACTGACGACCGCATGCCAGATTGCGACTCACCGCCGGGCTGCTGCTCATCTTGCAGAAC
TCACTGATCATCACAGGATTCAGGACTCGGGCACTGACCATGTTGAGTCAATATATATTTTTTTGGGATCCCCTAGTGTTTTCTACTCTGTTTTG
AGACGCACTTTTCTTGCCACTTGTTTGCGAATTACACGCCAAAGCGAACTGTCAAACTTTTGGCGCCAAAACTTTGTGTTCAGACAGCCCCAAAA
GAGAGAGAGGCAGTCTCCACACGAATACAAATCACGGTCTCCACACGCGAGCGTGTGTGTATGTGAGAGGGAGAGCGAGTGTTCTGTGTGTGCGT
TGTGCTGCAGCTTATTTTACGTCTTGCTGCGTTCAAAAGTGAAATTTCACGCTGCAATTGTTTATAAAAATAATTATAAACAAATGCCTTGGTCC
AATAGCACTTGGTCACTATCTTTGAATGGCGATTCGAACACACTGCACTGCTAGTCGACTCACAAAACGAAACGTTTGCGGGTCTCGTTGGAGTT
TTTGTATGAGTTAGCTGCCAATGGCAGCACCTTTGTATTATATTTGTCTTTACAACTTGAAGTCGTTTTTACAGCGATGTTTGTTAACCTTTTCG
GCTATGAGCGCACTGCGCACTAGATTTTTAAATATAGCGCTACCGATCGAAGCGAACCTCTCTCGACGAACTCGGAGAAACGAATAAAAGATAAA
TAAAACACTGGGCAAAAGCAAACGTCAAACAACCACCAGAGGCGTTGCCAACTGGAAATTCAGAGCGGTTCACGCTCTCTCTGTAGCAACCCTCG
AATTCGAAAAGATCGGAAAAGCAGCAGGAGCGAAAGAGATAGGGAAAAAGAATGCGCTTTTAATGTTAATCATATCGAAAGAGCAATGCACTTCC
TTTGAATTGTTCTTTAAACTTATATAGCAAACGTATAAAAAATACTCAGAAAAATAAAAGTTTCCTAACAAAATTTAACTAAGGCATCTGAGTTT
AAAAGTTTTGATATTATGAGCTTTAATATAATTATTGATTGTTGGAATCATCATATAGTACAATATATAATACGTATTCATTATTATTATTATTA
TTATTATTATCATTATTTTCATTATTTCCTGTCAAATAATATTCACAGCTCATAAGCCCATAGTTCATTTGTAAACAGTATTCAACCAGATTTTA
TTTTTAATGTTTTTGAAATAACCAATTTAATTATATTTTAAACTGTCCAAGGTTCCTTCATAGAGCGTATCAAGAAAGTCGTCACAACTTCCACA
ACCTCTCTCTCTCTCACCATATGTCTCCCACTCTCTCGCACGCCATCTACCCATCCCTGCCATTTCCATCCGTGTGTTCTGTTCGCTGCCTTCTT
GGTTGTTGTTGCATCGGTGGAGCTGTACTTTTAGTTGCGATTGCGATGGGAAGATACGAAAAAACGATGTTATGGTTTTGGTTTGTTTGGCCTCA
AACTGGATTTTTAGTCGTCGGAGGGAAGTGGCAGGGGGCATTTGGGGCACCAATTCTTTTCACTTTCCTCGTGTTGCCAAGGGGAAAATCGCGCT
TGCATTGTGGGGCACTGGTCCACCAAATATACATTTGTACGATGTATGTATGTATGTATGTAAAATAATGTGCACGTCTAGTTCGAATTTCCTTG
TGGTGTTTGCATAGCACTGGGTATTTCAAATTTCCGTTAT
(SEQ ID NO: 145)

Exon: 4645..3868
Exon: 3808..3408
Exon: 2060..1001
Start ATG: 4031 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT5316
ATTCGTTTCTCCGAGTTCGTCGAGAGAGGTTCGCTTCGATCGGTAGCGCTATATTTAAAAATCTAGTGCGCAGTGCGCTCATAGCCGAAAAGGTT
AACAAACATCGCTGTAAAAACGACTTCAAGTTGTAAAGACAAATATAATACAAAGGTGCTGCCATTGGCAGCTAACTCATACAAAAACTCCAACG
AGACCCGCAAACGTTTCGTTTTGTGAGTCGACTAGCAGTGCAGTGTGTTCGAATCGCCATTCAAAGATAGTGACCAAGTGCTATTGGACCAAGGC
ATTTGTTTATAATTATTTTTATAAACAATTGCAGCGTGAAATTTCACTTTTGAACGCAGCAAGACGTAAAATAAGCTGCAGCACAACGCACACAC
AGAACACTCGCTCTCCCTCTCACATACACACACGCTCGCGTGTGGAGACCGTGATTTGTATTCGTGTGGAGACTGCCTCTCTCTCTTTTGGGGCT
GTCTGAACACAAAGTTTTGGCGCCAAAAGTTTGACAGTTCGCTTTGGCGTGTAATTCGCAAACAAGTGGCAAGAAAAGTGCGTCTCAAAACAGAG
TAGAAAACACTAGGGGATCCCAAAAAAATATATATTGACTCAACATGGTCAGTGCCCGAGTCCTGAATCCTGTGATGATCAGTGAGTTCTGCAAG
ATGAGCAGCAGCCCGGCGGTGAGTCGCAATCTGGCATGCGGTCGTCAGTTGAATCGCATAAAGCGTGACCTCTTCGGTAGCTCCAAATCCGCCGA
GGGTACAGCCAACAAAACACCCTTTAATTCCGAACTGGAGCGCCATCAAGAACTGGCCACGCAAAAATGGGGCTTTGACTTCCGCGCCGGCTGCC
CTTTAGCTGAAAAATCACCCTACATTTGGGAGCGCGTCAGCTTCCAGGAGTCGAGCTTCGCCCCAGAGATGTACACCCTAACACGGGCCGCCCAC
GTACGCCCTTCCGCGGATGCAAGTCCTAGCGACATGGACATTTTGGTCAACGAGCGCTCAGAACGGGAGAACTTTGGCTCCAATCTGGTCAATTC
CTCGCTAGAGTCGAACACGGATAATGAATCTTGTTACGACTCCCAGGACGAGTCGCTGGCAATGCGGCTTAGCTCCTCCAGCACGACAAGCACAT
CCTCCATAGTCCTGCGCAAGAGACAGCCAAAAATCACAGAATTCATGAAGGAGCGCAAACGTCTGGCCCAGGCACCCAAGAAACTATCGCCCGCA
AAGCGCATGCGCACCAGTTCTCCCAGTTCGTCCGCCACTTCCAGCTCCAGCTCCAGCGGTGGATTTGGGTTGGGGGCACACTTTGGGGCGATGTT
GAAGCGGCCGCGCCACAACTAATGCTCCAGATTCGCTGGCCAACCCACCGAATTGCAATTTGTAATTTTATTTTTTACAAGCCACTGCGATTGTG
TAGTATTTCCTAATTTTTTATTACGAACCTTTTTATGCAGTGCAAGGGCGACAGTTGCGAATATTAATCGTTAGTCTTCAACTACTCGTAACCAG
TAATTAGTTGTAAGTCAACCAGTAAGCTCGAGCTAAATGAAACTTTTTAGATTTCTCTAGTGAGAAATGCCATAAACTAAGTGATTAGTTCTTAA
CAACAAACAACTATTGAACAAGAAGAGAGAGACCGCAAGCTAAATGGAATTAGTCTTAACTATCTTGAAGCCAACCGAAATTTAACCTTTATAAC
GATGGAATACTAACTTTACATAACTTTGTGAAATCCTTGCAAATTTCGCCGGCAACTTTTGCATTTGAAATTTGCCGGGTGAACAAAACTCATCC
TTTCTCTGCCCTGCCACTTCATCCAAGTACTGAAACTGAGGGGAGAGTAGAATTGAGTTTTGTCTTGCATATTAAGGGCGCCAAAACGATGCCCC
AATAAGCCGCATTTCGGCTCATTGCTGCTTTGTTTTTGCGACCTACTAACATTGTAACCAATTCGACCAGTGGAAAACAAAAAAAAAAAAGAGGA
ATGCCTTTGAATTAACTTCGTCAATTTCTGCACGTTTGGATGCCTTATTTATATGAATGCCGCCGAATGGACACAAATTGTCGCGCTCTCATTTC
TTAACCAGTGCTAAAAATGTCTTTTATGATTTGCTATGATCTCTGGGCAAATTATGAAAACAATTTTGCCTGAAACTATCATGTACAAAAACTAG
ATTATTATACATACTATACACATAGGCAGAGCCTATTCTTCATAACACTTATAC
(SEQ ID NO: 146)

Start ATG: 615 (Reverse strand: CAT)

MVSARVLNPVMISEFCKMSSSPAVSRNLACGRQLNRIKRDLFGSSKSAEGTANKTPFNSELERHQELATQKWGFDFRAGCPLAEKSPYIWERVSF
QESSFAPEMYTLTRAAHVRPSADASPSDMDILVNERSERENFGSNLVNSSLESNTDNESCYDSQDESLAMRLSSSSTTSTSSIVLRKRQPKITEF
MKERKRLAQAPKKLSPAKRMRTSSPSSSATSSSSSGGFGLGAHFGAMLKRPRHN*
(SEQ ID NO: 147)

Name: cyclin-dependent protein kinase inhibitor
Classification: enzyme_inhibitor
Gene Symbol: dap
FlyBase ID: FBgn0010316

Celera Sequence No. : 142000013384447

GCGCAGGAATTCCCTAATGTTCCCGACCTACATGTACTTCTGATAGTTGCCGAGGTCAAATGTTGTTGTATTTGTATTATACCTCAATATTGGTA
TATTCAATATCTAATAGTACCCAATTCAATTGCAAAGATAGTCATTAAAAAAACCTAAATCACTTGCAAATTGACTTTTCTGCCGGAAAAGCAAC
CTTGACACACAAAGTTAATTAGTTTATCTGGAAGTCATGTGAGAAATTTGTAAATAAATAAATAGAAAATTTTTCGCAGTAATTTAAGTGGGCCT
AATCCCTTTTAAGCATCTTGGTTTTACGATGACACCGCAATAAGGTACAACTTTATATTGTTTTTGCAATCAGCTTGAGTCTTTATTAGGCATCA
GTCTTTCTCTCTAAGTTTCTTCGTGCAATAAATGAGGTTCCAAACTCCGTAGATTTTTCCTTCTTTGTTGAATCCAGATCCTGCAAAGAAAAAAG
AGCAAACCCCTAGGTCTGTCCAGGAATGTATTTTCGTGTTTGTCGACGGTCTGAGCTTTGGTGAAGCGTGAAAATGTGGCAGTCACTGAGTGGAA
TCGATGGGGGGATTGACGCGTGCCCAACTGGTGGGCCAAACACTTCGGATTGCTACGGTTCGTATTGCTATTGAGCCAAAGGGACCCGGAGCGCA
TCACTCCGGTCCAAAATGTAGGCGGATGTGTGTCTGTTTCGGGGAAAGATGGTCTTCTGTCGGCAAGACATATACATAGGTGTTAAATATGATTG
CATTAGTTTTATACTACGTATAAGGAAGCTTTGATTGGATCGAAGCGACTGAAGGCGACCCTCGTCCTTGAAATTCGGTAGCAGTGATTATAACT
CATAGCCCCCATTTGGAGCTAGGCTCCGCTCAGGTCTTTGAAAGTCTTGGGGGGCACAGTGCCCCTTTGATTTTCGGTTTGCTTTTGCTAAGTCC
AACTCTCGTTTTTGGAACTTTTGGGGTGGTGGATGGAGAAGGGGGCTTTGTGGGGTTTGGCACACACGATACACACATCACTGATTGATCACTGC
TCATGTTAACTTAAGTTCGTTCATGGTGTTGTTGTTGGTTGTGGTTGTTGTTGTTGGGCGTCTCTTTAAAGTCTCTTTCTCTCGCTTTCTCTCGC
TACTTTTCGCTTTGGGAGGTAAATAAAGTTCACATTTTCTCTCTTTCATTTTGTATTTTTGTGGTTTAAAATATTTAATTAGCATTAAGATCTCT
GCTGTATTGAAATTTGCTTAAGTCGTAAGTTTGTTTTTAATCTTAGTGTGGGTGGTGGGGGTGTTTGGTGAGCGGGACAGAGAGAAAGGGGAAAG
AGAGTTGTATCGACTTTAGACGATAGCCGGTTTTATCATATTAACTTTTTGCTTATACCGTAACGCATTCAATATTTCTCTTTAGATTTTCACAC
GCGAGAGGATTAGGATTACACTTTCCGATTCTAGCGAGGCCAGGAGCACGATCTCGTTTTAAACCTCGATGCGGCCTAGCGCCTGTTGTCCCGAT
AGCTTCGCTGGCCGCCGCCGCCGCCACGCTCGCGAAACGGTCGCGAATCCCGCGAAGATCCGCCGCCACCGCTGCGATTTCCGTACTCCCGTCGA
CGACCGCCCGCGGAGCCGTTGTTGCCGTCCCGATTCCGATAGCCGCCGGGTCCACCCATACCGCCACCGGATCCTCCACCGGCTCCCATGCCACC
GCCCGCAGCCGCCGCCTGGGCAGCAGCTAACCCGCCAGCTCCATTGCTACCGCCATTGGCTGCTCCGCCGTAGACGGGGAAGCCAGGCGGTGGCA
CTGTGGGTAGGCCAGCATTCTTCCAGGCAGCAAACTCCTCGTAGCTCGGCGCCTTGTCGAAGCCCGGTGGTGGTGGTCGCTGGGGAGGCGGATAA
TCCGGTAGAGGCGGGGCACCGGGTCCATCGTAGTACCGCACCGGTGGCGGCAGCTGCTCGTACATGGCAGCTGCTGCTCCCGGTGGAAGGGCACC
TGCTGCTCCCGCTCCAGCTCCTGGAATCGGCAGCTGGGCGAACGGAGGAACGAAGGGCAACGGCGGAAGTTGGCCGTGCATGTTGCGCATGTAGT
CCGCCACGTATGCTTCAGCAGCTGCCGCCGAGGACATGTAGCGTTCCCATGACGGCATGGCCATGTCGCCCGGTCCGCCGGGTGGCGCTCCTGCT
GCACCTCCCATCTGGCGGTACGGGGAACCGCTTCTTTTAAAGCCACCGCCCGGCGGAAGGCCCATGCCATGATGGTGACGGTACGGCCGATGGTG
TGGTGCTCCGTGGTAGCTCCTCTTGTGCCGCATCGGGCCCAGGTGGTCGTGATTTGATCCTCTGCCTCCGCCACGACCTCCCCCTCCATGGCCAC
GCGAGGATAGACTCCTGGGCGGCTTGTAGATCACGTGTATACCTTTTTCTCGCATAACTCGAGCCGTCTCCTTGGATTTCTTGAGTATGGGAGTG
AGTTCGATTTGTTCATCCTCGGGAAAGAGACGACACAGCTCGCCGCCAATCTTGGGCTCAATCTCCTGGCCATCGCGACCGATCTTCACCGGCTT
GCCCTCGTTCCAGGTGTTGTGCAGGTGCAGGGTGGCGTTGAAAGACAATTCCTTGCGGCAGATCCAGTCAAGCTCGATGACGCCGCCCAGTGCCT
TGGGCGAAATACTAGGCGGCAATACCCAGGCCACCTGAGGAATGTCCCGCCGTGAGGGGGCTGCCATCCGGGCGAATCCTGCAAATTTACCTAAA
AGCAAAATCGGATTATAATAGAGGTTTTGAAGACATAGACATTGTATGTATCTTATTCTTAAGAAACTAAGAAAGTATAAGAAATGAGAAACATT
GTTTACTCCTTGAACCTACCACTCTCGTTGACCGAGAAAATGAGCAGGACGTTTCTGGCCTCCTTGAAAGCCTGGTTAAGATTGGCGTCGTTCTG
CGGCAGCGTGGCCCACACACTCTTGTTCTTAGACAGCTGGACGTTGTCGCTATTGTTCGACTTGATGAGGAAGAACCGTGTGTCTCGGAATAGGT
AGTTCAGCTTGGTCATGTAGTCGTAGCCCTTCTGCGAATGTGAGTGCGTACCGCCACCGACAGAATCTTTTTCCGGCGTGGAGCTCTTGGAACTG
GGTTTGCCCCGGCCGTTGCCGCCACCATTTCCTCCGTTTCTCTTGTGCTGAGTGCCCGAATCCGAGTCAGAGGACTCGCTGTCGGACTCCAAAGT
TGGAAGGCTTGGTTTCTCGTCCTCAGCCTCGCTGAGATCGCTCTTGTGGCCAGCAGAATCGTTGGCATTGGAGGGTATCTTGGTGCGCGACTTCT
TGGCGGACGGCTGTCGATCCTCGGTATCCGGGGATTTGGATTTGACCTTATCCGACGCCTCAGATGAGGTTGTTTTCTTCGTCCCGCTATCCGTG
CGCTTCTTTTTCTTCCCACCATTTAGCTCCTCGGGAGTGGGTTCCCGTTTGGCTTTGTTCTTGGCGGAAGATTTGGAGGATTTGGTCTCGACAGC
GGGTTGAGGGCTTTGCTTGGCAGGCTTCTTGGTTTTCCGCTTGCTACTGCCCGCCAGGGAAGATGTGGCAGTGCTGACGGAGCTGATGCTCGGCT
CCGAGTCGGATGAGTCTCCACCATTCGATTCGGAAGCCTCACTCCTTGTGTTGAACTCAAAGTCTTGCAGCTCCTCGGCAATGTCCGCCTCGTTC
TCGTCGAGGCCCAGGTGCACTGCATCCAAGTCCGCCATCTCGCGCATCGGCAGCGTTTGTTTACCTGCTCCGAAATCGGAAATCGGAGTACCAGA
TGAATGGAGCACCCACGCACACGCACACACGCAAACCAAGAAAAATATATAGAGAAAAAAGCCGATCGATCGGCAAGGTAAGAAAAGGTCAGGGA
AATACAGGTATTCCCAAACTCACGGGCTGCTCTTGGCATTAATTGTGTGGACACCGGTCTAGCGCCACTTTTTGTTCACTTTTAACGCAATATAT
CCCTTTAATATCGCGAAATTACGCCAATTTTACAATGCTTACACACAAATTCTGCGTCACAGCGGCGACGAATTGGCGATGGCGTCAGAAGAGTG
CGGCTATATGTCTGCAGGCCGCGACTATCGGACCACTATCGATAGGCGGATGCAGCTGAAAAAGGTAGCTAGAAATAGCTGAAAATGCACTGCAA
TCGGTTATGTTATCGTTCCTAACGAAGCGAGGTAAACAAATGCACCACAATCAGTCGGATTTCCCGACTTTTCCGCTTTCCTTGCTGGACGACA
GCGATCTAGAGCCACAGAGATGTTATATACCCGCGTGGGAGAACTCTACTGGAACTGGATGGTACCGTTGTCACCTTTGCGATGGCAGCTACGCA
GTTTGTTGGGTAACTCCGCGTGCAGGCAGTGAAACTTGTTGCTTCCTTGATGGAATTGTAACCTCCTTGACGCGGTTCTCCCCCACCAATCAGCG
GTTGGTGCTTCTGGAGCCACTTAAATTAGTTCCCTGCGTGAAGAGGATTTCATGCGTGATTACAGTCACCCAGGAGCTCCTTCAGCGACCTCCGG
TTTCCCTGGAGGATCTGAAGGACGATGTGCGAATCTTCCTGCGCCACCTGAAGCTTACCAAAGGATGCTCCGTGCAGCACAGACGCCTTGTGCAG
CTGGGCATTGCCAGTGTGGAGATATTCGATGCTCCAGGAGTTGCTGATGACGAGTGTTTTGAAATAGCCCACGATGCTGAGCTACTCCTGGCGGA
CATACGCCTGGGAATGCCCTTTTCTTTAGATTTTATCTTCAAGTATTTGCCACACAGCTTCGAGCGACCCATGGAGCAGTTGGAGAAGCTCCTGG
AAACCTCTAAAATCAGCTTTTCGCATAGATTTCCTACTACAGCATTGGTTGTGGGTCCGGTGGACTGTGGAAAAAGTGGTCTACTCAGTGAGTTC
CTGCGTCGTCATAGCTGCAACTGTTTTTACATTACAGCCAGCCAGGTGCTGCGCTCATATCCCGGCGAAACCGAAGAGGAGTTGAGGAGGATCTT
TCAGGCTGCTCAGACTTTCAAGGAGAAACTA
(SEQ ID NO: 148)

Exon: 4066..3919
Exon: 3772..2870
Exon: 2750..1001
Start ATG: 3934 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT5320
CCAATTCGTCGCCGCTGTGACGCAGAATTTGTGTGTAAGCATTGTAAAATTGGCGTAATTTCGCGATATTAAAGGGATATATTGCGTTAAAAGTG
AACAAAAAGTGGCGCTAGACCGGTGTCCACACAATTAATGCCAAGAGCAGCCCCAGGTAAACAAACGCTGCCGATGCGCGAGATGGCGGACTTGG
ATGCAGTGCACCTGGGCCTCGACGAGAACGAGGCGGACATTGCCGAGGAGCTGCAAGACTTTGAGTTCAACACAAGGAGTGAGGCTTCCGAATCG
AATGGTGGAGACTCATCCGACTCGGAGCCGAGCATCAGCTCCGTCAGCACTGCCACATCTTCCCTGGCGGGCAGTAGCAAGCGGAAAACCAAGAA
GCCTGCCAAGCAAAGCCCTCAACCCGCTGTCGAGACCAAATCCTCCAAATCTTCCGCCAAGAACAAAGCCAAACGGGAACCCACTCCCGAGGAGC
TAAATGGTGGGAAGAAAAAGAAGCGCACGGATAGCGGGACGAAGAAAACAACCTCATCTGAGGCGTCGGATAAGGTCAAATCCAAATCCCCGGAT
ACCGAGGATCGACAGCCGTCCGCCAAGAAGTCGCGCACCAAGATACCCTCCAATGCCAACGATTCTGCTGGCCACAAGAGCGATCTCAGCGAGGC
TGAGGACGAGAAACCAAGCCTTCCAACTTTGGAGTCCGACAGCGAGTCCTCTGACTCGGATTCGGGCACTCAGCACAAGAGAAACGGAGGAAATG
GTGGCGGCAACGGCCGGGGCAAACCCAGTTCCAAGAGCTCCACGCCGGAAAAAGATTCTGTCGGTGGCGGTACGCACTCACATTCGCAGAAGGGC

TACGACTACATGACCAAGCTGAACTACCTATTCCGAGACACACGGTTCTTCCTCATCAAGTCGAACAATAGCGACAACGTCCAGCTGTCTAAGAA
CAAGAGTGTGTGGGCCACGCTGCCGCAGAACGACGCCAATCTTAACCAGGCTTTCAAGGAGGCCAGAAACGTCCTGCTCATTTTCTCGGTCAACG
AGAGTGGTAAATTTGCAGGATTCGCCCGGATGGCAGCCCCCTCACGGCGGGACATTCCTCAGGTGGCCTGGGTATTGCCGCCTAGTATTTCGCCC
AAGGCACTGGGCGGCGTCATCGAGCTTGACTGGATCTGCCGCAAGGAATTGTCTTTCAACGCCACCCTGCACCTGCACAACACCTGGAACGAGGG
CAAGCCGGTGAAGATCGGTCGCGATGGCCAGGAGATTGAGCCCAAGATTGGCGGCGAGCTGTGTCGTCTCTTTCCCGAGGATGAACAAATCGAAC
TCACTCCCATACTCAAGAAATCCAAGGAGACGGCTCGAGTTATGCGAGAAAAAGGTATACACGTGATCTACAAGCCGCCCAGGAGTCTATCCTCG
CGTGGCCATGGAGGGGGAGGTCGTGGCGGAGGCAGAGGATCAAATCACGACCACCTGGGCCCGATGCGGCACAAGAGGAGCTACCACGGAGCACC
ACACCATCGGCCGTACCGTCACCATCATGGCATGGGCCTTCCGCCGGGCGGTGGCTTTAAAAGAAGCGGTTCCCCGTACCGCCAGATGGGAGGTG
CAGCAGGAGCGCCACCCGGCGGACCGGGCGACATGGCCATGCCGTCATGGGAACGCTACATGTCCTCGGCGGCAGCTGCTGAAGCATACGTGGCG
GACTACATGCGCAACATGCACGGCCAACTTCCGCCGTTGCCCTTCGTTCCTCCGTTCGCCCAGCTGCCGATTCCAGGAGCTGGAGCGGGAGCAGC
AGGTGCCCTTCCACCGGGAGCAGCAGCTGCCATGTACGAGCAGCTGCCGCCACCGGTGCGGTACTACGATGGACCCGGTGCCCCGCCTCTACCGG
ATTATCCGCCTCCCCAGCGACCACCACCACCGGGCTTCGACAAGGCGCCGAGCTACGAGGAGTTTGCTGCCTGGAAGAATGCTGGCCTACCCACA
GTGCCACCGCCTGGCTTCCCCGTCTACGGCGGAGCAGCCAATGGCGGTAGCAATGGAGCTGGCGGGTTAGCTGCTGCCCAGGCGGCGGCTGCGGG
CGGTGGCATGGGAGCCGGTGGAGGATCCGGTGGCGGTATGGGTGGACCCGGCGGCTATCGGAATCGGGACGGCAACAACGGCTCCGCGGGCGGTC
GTCGACGGGAGTACGGAAATCGCAGCGGTGGCGGCGGATCTTCGCGGGATTCGCGACCGTTTCGCGAGCGTGGCGGCGGCGGCGGCCAGCGAAGC
TATCGGGACAACAGGCGCTAGGCCGCATCGAGGTTTAAAACGAGATCGTGCTCCTGGCCTCGCTAGAATCGGAAAGTGTAATCCTAATCCTCTCG
CGTGTGAAAATCTAAAGAGAAATATTGAATGCGTTACGGTATAAGCAAAAAGTTAATATGATAAAACCGGCTATCGTCTAAAGTCGATACAACTC
TCTTTCCCCTTTCTCTCTGTCCCGCTCACCAAACACCCCCACCACCCACACTAAGATTAAAAACAAACTTACGACTTAAGCAAATTTCAATACAG
CAGAGATCTTAATGCTAATTAAATATTTTAAACCACAAAAATACAAAATGAAAGAGAGAAAATGTGAACTTTATTTACCTCCCAAAGCGAAAAGT
AGCGAGAGAAAGCGAGAGAAAGAGACTTTAAAGAGACGCCCAACAACAACAACCACAACCAACAACAACACCATGAACGAACTTAAGTTAACATG
AGCAGTGATCAATCAGTGATGTGTGTATCGTGTGTGCCAAACCCCA
(SEQ ID NO: 149)

Start ATG: 133 (Reverse strand: CAT)

MPRAAPGKQTLPMREMADLDAVHLGLDENEADIAEELQDFEFNTRSEASESNGGDSSDSEPSISSVSTATSSLAGSSKRKTKKPAKQSPQPAVET
KSSKSSAKNKAKREPTPEELNGGKKKKRTDSGTKKTTSSEASDKVKSKSPDTEDRQPSAKKSRTKIPSNANDSAGHKSDLSEAEDEKPSLPTLES
DSESSDSDSGTQHKRNGGNGGGNGRGKPSSKSSTPEKDSVGGGTHSHSQKGYDYMTKLNYLFRDTRFFLIKSNNSDNVQLSKNKSVWATLPQNDA
NLNQAFKEARNVLLIFSVNESGKFAGFARMAAPSRRDIPQVAWVLPPSISPKALGGVIELDWICRKELSFNATLHLHNTWNEGKPVKIGRDGQEI
EPKIGGELCRLFPEDEQIELTPILKKSKETARVMREKGIHVIYKPPRSLSSRGHGGGGRGGGRGSNHDHLGPMRHKRSYHGAPHHRPYRHHHGMG
LPPGGGFKRSGSPYRQMGGAAGAPPGGPGDMAMPSWERYMSSAAAAEAYVADYMRNMHGQLPPLPFVPPFAQLPIPGAGAGAAGALPPGAAAAMY
EQLPPPVRYYDGPGAPPLPDYPPPQRPPPPGFDKAPSYEEFAAWKNAGLPTVPPPGFPVYGGAANGGSNGAGGLAAAQAAAAGGGMGAGGGSGGG
MGGPGGYRNRDGNNGSAGGRRREYGNRSGGGGSSRDSRPFRERGGGGGQRSYRDNRR*
(SEQ ID NO: 150)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: BcDNA:GH01918
FlyBase ID: FBgn0027616

Celera Sequence No. : 142000013384171
ACACAATTTTTGAATTGTTTAGAAAAATAAGAACGATCTATTAAATGGCATAATTCAAAAATATCAAGTTTAAGCCATATACATGTATAAGTTAC
TTTTAAGTTTGACCAGTACAAAGTATATAGGAATTTATAATGGGGAAGCCAAGCTATATTATAATGAATAATTATTATTATTATAATGAATAATA
TCAAGATATCAGGGTTGTGCTTGCACCACAATTATGAAAAATAAAGTAATGACCCAGAAGTCTGTTATCATCTATTTATAAGCAGTTTGAAACAA
ATTAAAACCCACTTTAAATTTTATCAAATAAATATATTACCAATATACATTTAAATTTCGAACATTACATAGCAAAAAAATGTCAATTGAAATCA
ACAAATTTTTGAAAATGCGAGCCATATTTTCATTAAACGAGCTTGTATTTTTTGAACCCGAACCGTTTTTTTTTTCAAGTTTAAAAAGAATTAAC
TAACTCTAACAAAATCTAATATTTCAGTCGGTGTAGTAAAAACATAAACATAAACGATTTCAAATGTATCCTGAATACGCGGTAAACTTGTGTTT
ACCAACACCGCCTCTTAGACTATTCAGGCCTGCCAGATCTCCAAAAAAATATTATTTAGATAAGTTAGTGACACAAAAGGTTTAAGTCTTAACTG
CGCTTAGCTGGGCTTTAAACCCACTGCCTATTCTTTGCTAATTGGAGTATTGCAAATCAGTTTTGAATCTGATTTATTTGTCCCGCTTACCAATT
TTAATTGTGTAAATTCATTTGGTTTTACTTGGCCAACTTACAAATAATAGAATAATAAAAATGAAAGCCGTCTGTTTAATTATTAAAATAATGTG
AATTAATTGGATTATTAATCTGGGCGTTATTATATAGAAAAGAAACCTAACTAACCAATTGCGGAAATATCGATAGCATCGCAATAAAATCTATA
TTGTGCCACCTCCAATTCACACAGGTCGGTCACACTGGGCAGGCTTGCCAATTTCAAGAGCCGCGGCCACACTACTGCGAATTCTATACTGCAAC
TCGATCGTGCGTGTTCTGTATTTTTGGGAGTGCGTTGTTAGAAATTCGGCCACAAATAGAATCCGCTGTCCTGGAACGAGTCAGAAACCACGGGA
AATTGACTTCCGGACTAAATAGCGTTCTTGTGTGTCCATCCGTGTGCGTGTGTCCGCATTCTGCAGTGTGCGTGTGTGCGAAAGAGAGAGGGCGA
GCGGTGCAGCCGCAACTGGGAAATTCGATTGCCAATATTTCAGCAAGGAAGCTATGTCGAGCGGTCAGCAATTGATGGCCGATTCGCCAGCCTGC
AGCTCAAGTGACCATTCGCCGCTGGCCAAAAAAAGGCGTTTAGAGTTGTTGGGTGACGGAGTGGGGGCAATGGGAATGGAAGAGGAAGAAGCCGG
CGGAGCAACGAGCAGCAGTAGCAGCAACAACTACGAAAATCACGACAAAGCAGGCGGCGTTGACATTTCGGGCAAGTGCCAGAGCAAGACGACTA
GCGAGCACCAGCTGGAATTGTGCGTATCGTCGTCTACCTCTGACACATGCGGCGTTAATGCTGCGGCGAAGCGAGCCGAAAAGCAGAAACTGAAA
CAGAGCCAAGGAAGCGGCGACGACGTTAGTACCTCGTCAGCAGTGGAAAAGGAAGGAAGCAAGCGGCCGGAGAAGCGCAATTACCTGAACACCAC
CACAATAGAATCGCAAGAAGCCTCCTCCAGTGCATCCGCCACTAGCAACAGCAACAACAACGTCAGCTCCAGCAACAATAACAGTAATAACAGCA
CTAATAACCGACAACTGGAAGGAAGCAGCAACATGGCTGGAAACAGTGCCGCCGCCGGCGGAGATATCGATGAATCGCTGTACTCGCGCCAATTG
TACGTCCTGGGTCACGATGCGATGCGTCGGATGGCCAATTCGGATATCCTTCTGTCGGGACTTGGAGGACTCGGCCTGGAGATAGCCAAGAATGT
GATTCTGGGCGGCGTGAAATCGATCACCTTGCATGACACAGCAACTTGTGGGGTATGTGTGTGGGGCGAAGAAAAAATCGATAATTTTCCAGGCG
GACGCGGGAAATGCCCGGAAAGGCTGACTTGGCATCCCTGGTCTTAGTGAATCATTCAGTTTTTATTTGATTTATTTATCATAGACTTCGCGCGA
AATAAGGTTAGGTTAACATCTCTATTTGCTTGCAAAAAATTCGTTTTGTGTGTGTAATTCGGTTTTCCTTCTTTTTCTATTTGCCTCAAAATGTC
TGCGCCATGCGAAAAGTGTGTGAGCGGGACAACCGTATGCGCATCGCTCGCTGCCGTTGTGTTTGCATTCCCCTTTGCTCAACGCATTCGGTTTT
GTTTTATGCACTGAAAGATTCAACTTAAGATCTATGAGTTTCTCATAAACCGTAATATATCAATTATTTAGTTAATAGCCTTTCAATTTAAAGTT
TTCTTGTATCATAAAAACTTTTTTGTTCTAATGACAAATATGTCTTTGCTGTACACTCGGCACAGAACCAATTTTCCTTTGTTAGTCATGGCTCC
CGTCTGCTAATTTCATCACCGTTGATATATAATATTAATGATTATTCGTTTGTCTTGCAGCTCCATGACTTGTCGTCGCAATTCTATCTCACGGA
AGCCGATATCGGCAAGAATCGTGCGGAGGCCTCTTGCGCCCAGTTGGCCGAGTTAAACAACTATGTGCGCACCGTTTCGCACACGGGGCCGCTTA
CCGAGGAGTTCCTGCGCAAGTTTCGCGTTGTGGTACTGACCAACTCCGACGGGGAGGAGCAGCAGAGGATCGCCAAGTTTGCCCATGAAAATGGC

ATTGCTCTGATCATCGCCGAGACGCGCGGACTGTTCGCCAAGGTGTTCTGTGACTTTGGCGAGAGCTTTACCATTTACGATCAGGATGGCACACA
GCCGATCTCCACCATGATAGCTAGTATCACGCACGACGCACAGGGAGTCGTCACCTGCCTGGACGAGACGCGCCATGGTTTTAATGACGGTGACT
ACGTCACCTTCTCGGAGGTGCAGGGCATGCAGGAACTGAACGGTTGTCAGCCCCTTAAGATCACAGTGCTGGGACCCTACACATTTAGCATCGGT
GATACCAGCAAGTTTGGAGAATATAAGAGCGGAGGAGTGGCCACCCAGGTGAAGATGCCCAAGACCATCAGCTTCAAGCCCCTGGCACAGGCCAC
TGAGGAGCCGGAGTTTTTGATCTCCGATTTCGCAAAGCTGGACTCGCCGGCCACGCTGCACGTGGCCTTCAATGCCCTCTCCTGCTACCGCAAGG
CCCATAATGGAGCCTTACCGCGTCCCTGGAACGAGGAGGACGCCAACAGCTTCCTCGAGGTAGTCCGAGCCAGCAGCAACGCGGAAGTCGACGAA
AAACTGGTGCTGCAATTCGCCAAAATCTGCTCGGGTAATACGTGCCCGCTGGACGCGGCCGTTGGTGGAATTGTGGCCCAGGAGGTGCTTAAGGC
CTGCAGTGGAAAGTTTACACCCATCTACCAGTGGTTGTACTTTGACGCCCTGGAGTGTCTGCCCACAGAGGGTGTCGAGGAGGCGGATGCCCAGC
CGGTGGGCTCGCGCTATGATTCTCAGATTGCCATATTTGGCAAGAAGTTCCAGGAGAAGTTGGCTGACTCGAAATGGTTTATTGTCGGCGCCGGA
GCCATTGGTTGTGAGCTATTGAAAAACTTTGGAATGCTGGGCCTGGGAACTGGCAATGGCCAGATTTTCGTCACAGACATGGATCTCATTGAGAA
GTCGAATCTGAACCGGCAGTTCCTGTTCCGCCCGCATGATGTGCAGAAGCCTAAATCAATGACGGCCGCCGACGCTATCAAACGGATGAATCCGG
AAGTGAATGTCACCGCATACGAGTTGCGCGTTGGCGCCGAAACAGAGAAAGTCTTTTCCGAAGATTTCTTTGGAAAGTTGGATGGTGTAGCCAAT
GCGCTGGACAACGTGGATGCTCGCATATATATGGATCGCAAATGCATCTTCAACCGCATTCCGCTCGTCGAGACCGGAACTCTGGGAACTTTGGG
CAACGTTCAGGTGATTGTGCCCTTTGCCACCGAATCTTATAGCTCCTCCCAGGATCCCCCAGAAAAGAGTATTCCCATCTGCACGCTGAAGAACT
TCCCCAATGCCATCGAGCACACTCTGCAGTGGGCGCGTGACGCCTTTGAGGGCGTCTTCAAGCAGTCTGCAGAAAATGCTGCTCAGTACATCGCC
GATCCTCAGTTCACCGAGCGAATCGCCAAGCTGCCTGGTATTCAGCCTCTGGAGATCCTCGATTCCATCAAGGTAAGGATAGAATTTACTTCTTT
GCCTAATATGTTGTACTTAATGGTAATTTATTTTTACAGAAAGCTCTGATCGACGACAAACCCAAGAGTTTCGCGCACTGCGTGGAGTGGGCCCG
TCTTTATTGGGAGGATCAATATGTTAACCAGATTAAGCAGTTGCTCTTTAACTTCCCACCTGATCAGATCACCTCCAGTGGTCAGCCGTTTTGGT
CTGGTCCCAAGCGGTGCCCCGATCCCCTGGTCTTTGATGTCAACGATCCCATGCACCTCGACTTTATCTACGCAGCCGCCAATCTTCGAGCTGAG
GTCTATGGCATTGAGCAGGTTCGCAATCGCGAGACGATCGCAGAGCTGGTACAGAAGGTTAAGGTTAGTTGTTCGAGATTAATACCGTCGGGGAC
CATTTCTGATATTATTGATTTATAGGTGCCCGAGTTTAAACCCCGTTCGGGCGTGAAAATAGAAACCAATGAGGCAGCAGCCGCCGCCTCGGCCA
ATAACTTCGATGACGGCGAGTTGGACCAGGATCGCGTTGACAAGATCATTTCAGAGCTGCTAAAGAACGCCGACAAAAGCTCCAAGATCACGCCA
CTTGAGTTTGAAAAGGACGACGACAGTAACTTGCACATGGACTTCATTGTGGCCTGCTCAAATCTACGCGCCGCCAACTACAAGATTCCGCCAGC
GGATCGCCACAAGTCCAAGTTGATTGCTGGCAAAATCATACCTGCTATTGCCACCACCACGTCGGTGCTCTCTGGATTGGCTGTGCTCGAGGTGA
TTAAGCTGATCGTCGGCCACCGGGATCTCGTAAAATTCAAGAACGGCTTCGCCAACTTGGCATTGCCGTTCATGGCCTTCTCTGAGCCGCTTCCT
GCCGCCAAGAACACATACTACGGCAAGGAGTGGACGCTGTGGGACCGTTTTGAGGTGACCGGGGAGCTGTCGCTGCAGGAATTCCTCAACTATTT
CGAGGAGAATGAGAAGCTTAAGATCACCATGCTCTCGCAGGGCGTGTCCATGCTGTACTCGTTCTTCATGCCCAAGGCCAAGTGCTCTGAGAGAC
TGCCGTTGCCGATGTCGGAGGTCGTGCGTCGCGTGTCCAAGCGTCGCCTGGAGCCACACGAGCGATCCCTGGTTTTCGAGATCTGCTGCAACGAT
GTGGATGGCGAGGATGTGGAGGTGCCCTACGTCCGTTACACGCTGCCCTAAGCCCGTCTATATTCCTAATTTAACCATTAAATTATTTTACGATC
CCGTTTTGTTGTCGGCGACGCGTTTTGGAATCGCGCAGCTCCAACGAAGGAGTTACTGTCTAGCTGTTTGCATTTTAATTTTCACAACACCATTA
CGAGAGCAGCCCAGATCTAGAAATTATATAAAATGTGTGTGAATCCTCTAAGGAATGGCAAAATAATACGCATCATACGAAATACAAAGACTCGA
CTAAAAGCAACACTTAAAATGCATCTGATGAAACTCTCTGCTCAGCATAGTTGTAAAGGTAACGAATTACGAAAAACCGAAGGCGGATTTTAATC
GCATTGATTAATTGGAAATTGAAAACTGAATGAGCCAGGCGGAAAATTTCTCTTCACTCATATATTTTTTTTATATGGAAGCATAAACTAATTAC
GTCATTGTATTAAAAGGAGTAAAGCAAATGAATAAAGCTGTATATTTCATATGGTAATCGACCTGCTAGACGACTCAGATAATTTCGTTCAGCAC
TTGACGTCTGGTAATCTCATTTCCCCCGCCACTTCGGAAATTAAAATTGTAATGCATACTGCTCTGCCAGTGAAGTATATAGGGGATGCCATCTA
TCCGTACGCCAGTCAGTTTCAGAAAGTTACGTGACACAATTAAATATTTTATGCCCTCTCAAGACGTTTATACCACCCCCGCCCCGCACCCAAGG
AGGCTGCTGCCACCAAAGTGCAATTGGCAAGTGCCGTAAAGTTGCACCGCTCATGGAAAGCGTTGGGCGGAGTGGCGGCGTCCTCTTATAATTAA
ATATTACACGCAATGCAACTGAAGTATGGCCAAAGTTATGCAGTTTCGCATCTCACTCTTGGCCTTTTGCGGCTTTTTGGCAAACTTGCTTGAAT
TATGCAGTTAATGAAAACAAAGCGAGGCGAGGAAAGTGGCTGCGCCGATCAGCTTTGTATCCGTCGAATAAGTGTGTTCTGGGCAGGGTAATCAA
AGTTTTGGGTTTGTAGTTCGACTCCTTAGGGCTCTGATTGTTAGCATCTAAGTATTTAAGATTTACATATAAGATCGTCTTATTACTTAGAGCTT
ACTTTAAAAAGATGAGTGAACAAACTATTTACAAGGCAAAGTGGAAATGCTGGGTCAGAATTAAGATTAATACCTATCTAAATTTGAGGTGAAAG
TAGGTGACTAAGTTTTCAAATAGAGCTGGGAAAATTAGAGATACATTACAGGAGTACCACAAGAGATTTAGAATATGAATATTCCTGTTCTAACA
CCACATTACAGTACATTTTTATGTTTTTTAAGATTAGTTTCTCAAAAATGAACAGACAATTTTGTTTTATGAAAAGAGTAATCCAAATATTATTC
CATATTATTCATTTCGTTCTATTGGTTTTGTTAAGCTGGACTTCTGAATCACTGAAATGTAAAGACTTACATGTACATTTTTCGATCGTACATTC
ATATGTGCAT
(SEQ ID NO: 151)

Exon: 1001..2047
Exon: 2626..4347
Exon: 4410..4718
Exon: 4776..6040
Start ATG: 1838

Transcript No. : CT5340
ATTTCAAGAGCCGCGGCCACACTACTGCGAATTCTATACTGCAACTCGATCGTGCGTGTTCTGTATTTTTGGGAGTGCGTTGTTAGAAATTCGGC
CACAAATAGAATCCGCTGTCCTGGAACGAGTCAGAAACCACGGGAAATTGACTTCCGGACTAAATAGCGTTCTTGTGTGTCCATCCGTGTGCGTG
TGTCCGCATTCTGCAGTGTGCGTGTGTGCGAAAGAGAGAGGGCGAGCGGTGCAGCCGCAACTGGGAAATTCGATTGCCAATATTTCAGCAAGGAA
GCTATGTCGAGCGGTCAGCAATTGATGGCCGATTCGCCAGCCTGCAGCTCAAGTGACCATTCGCCGCTGGCCAAAAAAAGGCGTTTAGAGTTGTT
GGGTGACGGAGTGGGGGCAATGGGAATGGAAGAGGAAGAAGCCGGCGGAGCAACGAGCAGCAGTAGCAGCAACAACTACGAAAATCACGACAAAG
CAGGCGGCGTTGACATTTCGGGCAAGTGCCAGAGCAAGACGACTAGCGAGCACCAGCTGGAATTGTGCGTATCGTCGTCTACCTCTGACACATGC
GGCGTTAATGCTGCGGCGAAGCGAGCCGAAAAGCAGAAACTGAAACAGAGCCAAGGAAGCGGCGACGACGTTAGTACCTCGTCAGCAGTGGAAAA
GGAAGGAAGCAAGCGGCCGGAGAAGCGCAATTACCTGAACACCACCACAATAGAATCGCAAGAAGCCTCCTCCAGTGCATCCGCCACTAGCAACA
GCAACAACAACGTCAGCTCCAGCAACAATAACAGTAATAACAGCACTAATAACCGACAACTGGAAGGAAGCAGCAACATGGCTGGAAACAGTGCC
GCCGCCGGCGGAGATATCGATGAATCGCTGTACTCGCGCCAATTGTACGTCCTGGGTCACGATGCGATGCGTCGGATGGCCAATTCGGATATCCT
TCTGTCGGGACTTGGAGGACTCGGCCTGGAGATAGCCAAGAATGTGATTCTGGGCGGCGTGAAATCGATCACCTTGCATGACACAGCAACTTGTG
GGCTCCATGACTTGTCGTCGCAATTCTATCTCACGGAAGCCGATATCGGCAAGAATCGTGCGGAGGCCTCTTGCGCCCAGTTGGCCGAGTTAAAC
AACTATGTGCGCACCGTTTCGCACACGGGGCCGCTTACCGAGGAGTTCCTGCGCAAGTTTCGCGTTGTGGTACTGACCAACTCCGACGGGGAGGA
GCAGCAGAGGATCGCCAAGTTTGCCCATGAAAATGGCATTGCTCTGATCATCGCCGAGACGCGCGGACTGTTCGCCAAGGTGTTCTGTGACTTTG
GCGAGAGCTTTACCATTTACGATCAGGATGGCACACAGCCGATCTCCACCATGATAGCTAGTATCACGCACGACGCACAGGGAGTCGTCACCTGC
CTGGACGAGACGCGCCATGGTTTTAATGACGGTGACTACGTCACCTTCTCGGAGGTGCAGGGCATGCAGGAACTGAACGGTTGTCAGCCCCTTAA
GATCACAGTGCTGGGACCCTACACATTTAGCATCGGTGATACCAGCAAGTTTGGAGAATATAAGAGCGGAGGAGTGGCCACCCAGGTGAAGATGC

FIGURE SHEET 70

CCAAGACCATCAGCTTCAAGCCCCTGGCACAGGCCACTGAGGAGCCGGAGTTTTTGATCTCCGATTTCGCAAAGCTGGACTCGCCGGCCACGCTG
CACGTGGCCTTCAATGCCCTCTCCTGCTACCGCAAGGCCCATAATGGAGCCTTACCGCGTCCCTGGAACGAGGAGGACGCCAACAGCTTCCTCGA
GGTAGTCCGAGCCAGCAGCAACGCGGAAGTCGACGAAAAACTGGTGCTGCAATTCGCCAAAATCTGCTCGGGTAATACGTGCCCGCTGGACGCGG
CCGTTGGTGGAATTGTGGCCCAGGAGGTGCTTAAGGCCTGCAGTGGAAAGTTTACACCCATCTACCAGTGGTTGTACTTTGACGCCCTGGAGTGT
CTGCCCACAGAGGGTGTCGAGGAGGCGGATGCCCAGCCGGTGGGCTCGCGCTATGATTCTCAGATTGCCATATTTGGCAAGAAGTTCCAGGAGAA
GTTGGCTGACTCGAAATGGTTTATTGTCGGCGCCGGAGCCATTGGTTGTGAGCTATTGAAAAACTTTGGAATGCTGGGCCTGGGAACTGGCAATG
GCCAGATTTTCGTCACAGACATGGATCTCATTGAGAAGTCGAATCTGAACCGGCAGTTCCTGTTCCGCCCGCATGATGTGCAGAAGCCTAAATCA
ATGACGGCCGCCGACGCTATCAAACGGATGAATCCGGAAGTGAATGTCACCGCATACGAGTTGCGCGTTGGCGCCGAAACAGAGAAAGTCTTTTC
CGAAGATTTCTTTGGAAAGTTGGATGGTGTAGCCAATGCGCTGGACAACGTGGATGCTCGCATATATATGGATCGCAAATGCATCTTCAACCGCA
TTCCGCTCGTCGAGACCGGAACTCTGGGAACTTTGGGCAACGTTCAGGTGATTGTGCCCTTTGCCACCGAATCTTATAGCTCCTCCCAGGATCCC
CCAGAAAAGAGTATTCCCATCTGCACGCTGAAGAACTTCCCCAATGCCATCGAGCACACTCTGCAGTGGGCGCGTGACGCCTTTGAGGGCGTCTT
CAAGCAGTCTGCAGAAAATGCTGCTCAGTACATCGCCGATCCTCAGTTCACCGAGCGAATCGCCAAGCTGCCTGGTATTCAGCCTCTGGAGATCC
TCGATTCCATCAAGAAAGCTCTGATCGACGACAAACCCAAGAGTTTCGCGCACTGCGTGGAGTGGGCCCGTCTTTATTGGGAGGATCAATATGTT
AACCAGATTAAGCAGTTGCTCTTTAACTTCCCACCTGATCAGATCACCTCCAGTGGTCAGCCGTTTTGGTCTGGTCCCAAGCGGTGCCCCGATCC
CCTGGTCTTTGATGTCAACGATCCCATGCACCTCGACTTTATCTACGCAGCCGCCAATCTTCGAGCTGAGGTCTATGGCATTGAGCAGGTTCGCA
ATCGCGAGACGATCGCAGAGCTGGTACAGAAGGTTAAGGTGCCCGAGTTTAAACCCCGTTCGGGCGTGAAAATAGAAACCAATGAGGCAGCAGCC
GCCGCCTCGGCCAATAACTTCGATGACGGCGAGTTGGACCAGGATCGCGTTGACAAGATCATTTCAGAGCTGCTAAAGAACGCCGACAAAAGCTC
CAAGATCACGCCACTTGAGTTTGAAAAGGACGACGACAGTAACTTGCACATGGACTTCATTGTGGCCTGCTCAAATCTACGCGCCGCCAACTACA
AGATTCCGCCAGCGGATCGCCACAAGTCCAAGTTGATTGCTGGCAAAATCATACCTGCTATTGCCACCACCACGTCGGTGCTCTCTGGATTGGCT
GTGCTCGAGGTGATTAAGCTGATCGTCGGCCACCGGGATCTCGTAAAATTCAAGAACGGCTTCGCCAACTTGGCATTGCCGTTCATGGCCTTCTC
TGAGCCGCTTCCTGCCGCCAAGAACACATACTACGGCAAGGAGTGGACGCTGTGGGACCGTTTTGAGGTGACCGGGGAGCTGTCGCTGCAGGAAT
TCCTCAACTATTTCGAGGAGAATGAGAAGCTTAAGATCACCATGCTCTCGCAGGGCGTGTCCATGCTGTACTCGTTCTTCATGCCCAAGGCCAAG
TGCTCTGAGAGACTGCCGTTGCCGATGTCGGAGGTCGTGCGTCGCGTGTCCAAGCGTCGCCTGGAGCCACACGAGCGATCCCTGGTTTTCGAGAT
CTGCTGCAACGATGTGGATGGCGAGGATGTGGAGGTGCCCTACGTCCGTTACACGCTGCCCTAAGCCCGTCTATATTCCTAATTTAACCATTAAA
TTATTTTACGATCCCGTTTTGTTGTCGGCGACGCGTTTTGGAATCGCGCAGCTCCAACGAAGGAGTTACTGTCTAGCTGTTTGCATTTTAATTTT
CACAACACCATTACGAGAGCAGCCCAGATCTAGAAATTATATAAAATGTGTGTGAATCCTCTAAGGAATGGCAAAATAATACGCATCATACGAAA
TACAAAGACTCGACTAAAAGCAACACTTAAAATGCATCTGATGAAACTCTCTGCTCAGCATAGTTGTAAAGGTAACGAATTACGAAAAACCGAAG
GCGGATTTTAATCGCATTGATTAATTGGAAATTGAAAACTGAATGAGCCAGGCGGAAAATTTCTCTTCACTCATATATTTTTTTTATATGGAAGC
ATAAACTAATTACGTCATTGTATTAAAAGGAGTAAAGCAAATGAATAAAGCTGTATATTTCATATGGT
(SEQ ID NO: 152)

Start ATG: 838

MAGNSAAAGGDIDESLYSRQLYVLGHDAMRRMANSDILLSGLGGLGLEIAKNVILGGVKSITLHDTATCGLHDLSSQFYLTEADIGKNRAEASCA
QLAELNNYVRTVSHTGPLTEEFLRKFRVVVLTNSDGEEQQRIAKFAHENGIALIIAETRGLFAKVFCDFGESFTIYDQDGTQPISTMIASITHDA
QGVVTCLDETRHGFNDGDYVTFSEVQGMQELNGCQPLKITVLGPYTFSIGDTSKFGEYKSGGVATQVKMPKTISFKPLAQATEEPEFLISDFAKL
DSPATLHVAFNALSCYRKAHNGALPRPWNEEDANSFLEVVRASSNAEVDEKLVLQFAKICSGNTCPLDAAVGGIVAQEVLKACSGKFTPIYQWLY
FDALECLPTEGVEEADAQPVGSRYDSQIAIFGKKFQEKLADSKWFIVGAGAIGCELLKNFGMLGLGTGNGQIFVTDMDLIEKSNLNRQFLFRPHD
VQKPKSMTAADAIKRMNPEVNVTAYELRVGAETEKVFSEDFFGKLDGVANALDNVDARIYMDRKCIFNRIPLVETGTLGTLGNVQVIVPFATESY
SSSQDPPEKSIPICTLKNFPNAIEHTLQWARDAFEGVFKQSAENAAQYIADPQFTERIAKLPGIQPLEILDSIKKALIDDKPKSFAHCVEWARLY
WEDQYVNQIKQLLFNFPPDQITSSGQPFWSGPKRCPDPLVFDVNDPMHLDFIYAAANLRAEVYGIEQVRNRETIAELVQKVKVPEFKPRSGVKIE
TNEAAAAAASANNFDDGELDQDRVDKIISELLKNADKSSKITPLEFEKDDDSNLHMDFIVACSNLRAANYKIPPADRHKSKLIAGKIIPAIATTTS
VLSGLAVLEVIKLIVGHRDLVKFKNGFANLALPFMAFSEPLPAAKNTYYGKEWTLWDRFEVTGELSLQEFLNYFEENEKLKITMLSQGVSMLYSF
FMPKAKCSERLPLPMSEVVRRVSKRRLEPHERSLVFEICCNDVDGEDVEVPYVRYTLP*
(SEQ ID NO: 153)

Name: Ubiquitin activating enzyme 1
Classification: enzyme
Gene Symbol: Uba1
FlyBase ID: FBgn0023143

Celera Sequence No. : 142000012789666
TATTTTCTTTTTTTTTTAGTTTTCTTCAAGAACCCACAAATTCCCGTTTGGCTAGCACTGCATTTCGCCATCTCTTTCTGATTCGCTCGCTGGAT
CGGCGTCCCTCTCTCTCTTCCCAACGCCCACTGTGCGTCGCAACTGGTTTAACGTTCTGATTCGACTTTTATGGCTGCCGCTGCAGCACGGCCGT
GGGTCGCCTCTGATCGGAATTTCAAAACAGTGGAGCGTGTTGTGGATGTTGGGGCAACAGTGGGTGGCATGTGTGGTGCACAGTGGTCACACACG
GCACAATTCGTGGTTGAAATGTGTGAGGGACTTTAAAAATTTTATAAGAAACCGATTGGTTTGCAAGTGAAACAATAAGCGGTGTTTTCATTTTT
TTGGTTAGCTTTTATTTGCGTGCAATACAAACTATGACAAAATTTGCCTAATAAATAGAGCCTAATTTTTGGGCCGCTCGATGAGCCTAAAGACT
ACGAGTTGCGGATCAAATGGATTGATTTGGACAAGGACATGGACCGGACATAAGGCTAGACAGTACAGATTTATACTATGCGATCGGATATCGTA
TACAATTTTGGTTCAGCTGCTCGGAAATCGCATTCGAGTTCGCGTTAAACATGTGTGTGTGTGTGTGGTGTGTGTGTGGTGTGTGTGGGTG
GGTGTGTGTGTGCATAGAATTCAGTTATATTGCTTATATAAATAACTCTGCTGCCTTGCAAACATAAGGAATTATTTTTGGATCACAATAAAATT
ATAAAAACATATATCTATATATATATATATGTATATACATATAGTATATAACGAAGGTAATAACGCAAAACCAATATGCAATGCACAGGTTTTGG
AACCACCAAGCATTGGGGCACTGGGAAGGACTAGATAACAAGAGCAGCACGGTCTGCAAAATATAACTAAGCGCGGAGACTAACAGCTAACAGAC
CACAGGAGTATTTCAAGTACAAAACATTATCGGCCGCAGCGGCGATCAGCTCAGAGCGTCTCCCTGGTGTCAAGCTCAACCAATGGCGGCACTGG
CTCCAACTCCGCACTCTGGCTTCTGCTCCTACTTAGGCTGGGACTGGGGTTGCTCCTTGAACTTGGACTGGTGTGGTGGCTTGCGTCTGCACTGA
TATTACTTGGCTGATTTTGTTCATGGTTGTTATGCGGCGACGAGGTTGCCGGGGTCAGAGGAGCCGGAAGTGCTGGCGTGCCGGGCGGGGAGAGT
GCTGGCGGAGTGAGTGGGGCAACGGCCACTTCCCTTGTCTGTGGCGGCCAGTGGATGGACCTTAAAACGCTTTGGCTGCTGCTGGAGGAAGTGGA
GGGACTTTCAGCATGGCCTGAAGCCAACGAGGATCCCGAGGTAGAGGCAATATTGTCATCGTCAGTCTTGGCCGTCTTCTTCTCCTTCTCCCTCT
TCTCGCGCTCCTTCTCCATGTCGGCTATCTTCTTTAAGTAGTTTTTGTCCTGGGTCGGACATTCGAGGTGGACGCAGTGGAAGATCTAAGAGCAA
GGAGAGCATTAGCTTATCGGACATGTTTTGTGGCGCTGCACTGCTACGTACCTCATTCGCTGTGTTGCGTGTGCCCACAATGCGGATATAGACCA
CTGGACGCGGAGTAAAGTGAAAGTTCTGCCAGGAGCGGGTCCTGTCGTTGCGGCGGTCCACGACCATTTGCCATTCCTTGCGGTTCGTCGAAATT

TCGATGTAGAAGCTGTAGGTGCGATCATCGCAGTCCCACAGCAACAGCCTCATTGAGCCCAAATAGTAGGGTTGGCCCAAACGGACGACGATCTC
GCCGCTGCCCAATTGGTGGCAAGTATATCCCGAGTCCCAGTCGTAGCGCACATAATCGCCGTTGATAAGCGCGTTGCGGGTGCGACTCACGCCGT
CCGTCACAATGGCGCTCATCTCTACGGTGGCCACGTTCGTCTTGGGCGCCACAAAATGGTTAACTAAACGCGGCACCTTGGCCGTGTGCATGGCT
TCCAGACCCACAACATGGAATACCTATATATTAATGGAAAGGGAAAAAGTTAAAGAATGGGGAAAGTTTGAAGAGATCACTGCTGACTTACCCGG
TTTACAGTGTTCTGGGTGCCCACCAGTCGAATGAATCTGACGGGTCGTGCTTCGAAGTATAAGTATTGCCAGGAGCGGCAGTGGTAGTCGCTGTA
GTCGACCACGCGATCCCAATGCTGCTGGTCGCCGGACACCTCAACGTAGTAGGAGTACGCCCGGCTGTCTCTGTCCCAGAGCAGCATGCGAATGT
GATTGATCATGCAGAACGTGCCCAATTCGACCACAATGCCCGCATCTTTGCTGTCCGTAATGCAGTGGCGCGTATACCCGTTCTCCATGTCATAG
GTGGTCACATCTCCATCCAGCAGCGCGTCGCGACACTCTCCCTGGATGCAGCGCGACAAAAACGTCTCCGCGGCCACGTTTTCCTCCGGCCAGAG
CGCCGCCCTGTAGGGCAGCGCCTTTGAAGTGCTGCGCTCGTCGATGGCGTCGAGAATCTTGTCGGGATCCAGGATGCCCGAGGGACGCACCACCT
GCAGCAGATGCTCGAGGTTCATCAGTGGCAGGCGGACATAACTAACCACGGACTTGAAGTCCACGTTGCTATTGAAGCGGCTCCACTTCCACACG
GCCAAAAAGATCTGCACCTCGGGGGCGAAGAAGCAGTCACGCCGTAGTACCTCCTCCAGCGATTCCTGTAAGCATTACATACTCTTAGTGCCAAC
TTTACCAATTGGTTGTGAACTTACCTTGGATAGCGTATTGAAGCTGTTGTGCAGCAGCAGGTCGCCGGCATTGCGATCCATGAACATTAGGCAAA
CCTCGGTGAGTTCCTCTAGATTGTATAGACGCGCCGCATCAAGAATCATGCAGACATTGTCCAAGGCCAGATACTGGCGTAAATAATTCGATATG
GCCATCTCCAGATCCTGGAAACCATACTGATTGGCCATGCCCAGCACATCGATGGTGGAATCCTCGTCCAATGTGGACAGCAGCAGTGTGCCCGA
GTAAATGTAGCGCAGCAGCACCTTGAACGCTTCCAGCGGCACCTCAAGCGGTATTTGGCGCTGTGTGGTCTCCGCCATGCCGCCGTACAGCAGCG
CCCGGAAGTATTCGCTGCGTGCCGCGAGTATGACGCGGTGGGCGGGTATGCGCTCCTCCTCGACGATGAACTCCACGTCCGCGTACTGTTCGTTC
ATGCAGAGGCGCGCCATGTCCGCTGAGAAGCGATCGCCCAGATCGACCACGTCGGTGTAGTCCTGCTCCATGGCGCCCTTCTTGCCGCCGCCGGA
CATCTTATGGTGTCCCTGGCTGCTCATCCTTCTCTTTTTTGTTTTTCTTCCGTGCGATGTGTATTTATGTGTGTAAGCAGCCAGAGGGAACAGTT
GACAATTAACGTTTCGTCTCGCCTGCTGCGTCAATCCATCGATGACAGTTAGTGATATCGATAATATCGATGGCACAATAGGGATTCTTCTATTG
CGGCGAAAAACTGTTATATGTGCAGTGTGACCGTAGGTGTGTATACCATTTAACGCGTACAACAACCATATCGACAGCCGTCTGCTAGCGAGCAC
ATGAACCACATGGTTGCATCCGATAACATTTAGCGAATACATGAACCAAATGGTGTCTGTCTAATATGCCACCACTATTAGCGCGTTTCGGGTTG
GTGTCTCTGCGCGCTCACTGGTCACACACGGTCAGTCTAGCCACAGCAGTTAGCGAGTGCAGTCACCACAGTGCGAGTGCTTATCGATAAAACCA
GCAAGTCATCGATTTTTAGACCGAAGCGCTCTGTCAACTGCTGCGCACGGTCACTCTACACAAGTATTTCGTACCGTTTGTACGAGAAAACAGAG
AAGAGAAAAACACAAGCTCAGCAACGCATCGATATTCGGCACAGTCCCAAAAGCAAACGAAGTGATAGAAGCTGCGTTTCTTAGCCAATTACCTC
TTCATTGCAATCATGAAGTTCCAATACAAGGAGGAGCACGCCTTCGAGAAGCGTCGCGCCGAGGGCGACAAGATCCGTCGCAAATATCCAGACCG
TGTGCCCGTAAGTACTCAAAAATATATATATAAATGCATATAGGTATAAAGAGACGTGTGTGTGTGTGTATATATGCGTGCGAGTGTGTGTGTAT
GTGCGAGCTTCTGTGTATGCGTTTGTTTTGCGTCGTTTTTTTTCTCGCTCTTTTTTTTTGTGTTTGCACCGAAGAAAATCAATACTGCGCATATT
GGGTATTTCGATTGTTATTACAATATTATTGCACTGGCACATCAGGTGGCTGGGGAAATTTGTGCGATGGGTATTGCATAAAGTGCATTTTGCAT
TACTGGTGGGGGGAACAGGCGACAAGCTCTCAAAAGAAATTCAAACGAAAATTCTGCCCCCTGCATACACACATACGCACGCATACACGCGCACA
CAGGCACACAGATGTCGACAGGAAAAAACAAAAGCAAAAAAAGGGAGAGAACAAAGCAGC
(SEQ ID NO: 154)

Exon: 3525..2780
Exon: 2725..2087
Exon: 2018..1572
Exon: 1510..1001
Start ATG: 3352 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT5456
TTTTTCGCCGCAATAGAAGAATCCCTATTGTGCCATCGATATTATCGATATCACTAACTGTCATCGATGGATTGACGCAGCAGGCGAGACGAAAC
GTTAATTGTCAACTGTTCCCTCTGGCTGCTTACACACATAAATACACATCGCACGGAAGAAAAACAAAAAAGAGAAGGATGAGCAGCCAGGGACA
CCATAAGATGTCCGGCGGCGGCAAGAAGGGCGCCATGGAGCAGGACTACACCGACGTGGTCGATCTGGGCGATCGCTTCTCAGCGGACATGGCGC
GCCTCTGCATGAACGAACAGTACGCGGACGTGGAGTTCATCGTCGAGGAGGAGCGCATACCCGCCCACCGCGTCATACTCGCGGCACGCAGCGAA
TACTTCCGGGCGCTGCTGTACGGCGGCATGGCGGAGACCACACAGCGCCAAATACCGCTTGAGGTGCCGCTGGAAGCGTTCAAGGTGCTGCTGCG
CTACATTTACTCGGGCACACTGCTGCTGTCCACATTGGACGAGGATTCCACCATCGATGTGCTGGGCATGGCCAATCAGTATGGTTTCCAGGATC
TGGAGATGGCCATATCGAATTATTTACGCCAGTATCTGGCCTTGGACAATGTCTGCATGATTCTTGATGCGGCGCGTCTATACAATCTAGAGGAA
CTCACCGAGGTTTGCCTAATGTTCATGGATCGCAATGCCGGCGACCTGCTGCTGCACAACAGCTTCAATACGCTATCCAAGGAATCGCTGGAGGA
GGTACTACGGCGTGACTGCTTCTTCGCCCCCGAGGTGCAGATCTTTTTGGCCGTGTGGAAGTGGAGCCGCTTCAATAGCAACGTGGACTTCAAGT
CCGTGGTTAGTTATGTCCGCCTGCCACTGATGAACCTCGAGCATCTGCTGCAGGTGGTGCGTCCCTCGGGCATCCTGGATCCCGACAAGATTCTC
GACGCCATCGACGAGCGCAGCACTTCAAAGGCGCTGCCCTACAGGGCGGCGCTCTGGCCGGAGGAAAACGTGGCCGCGGAGACGTTTTTGTCGCG
CTGCATCCAGGGAGAGTGTCGCGACGCGCTGCTGGATGGAGATGTGACCACCTATGACATGGAGAACGGGTATACGCGCCACTGCATTACGGACA
GCAAAGATGCGGGCATTGTGGTCGAATTGGGCACGTTCTGCATGATCAATCACATTCGCATGCTGCTCTGGGACAGAGACAGCCGGGCGTACTCC
TACTACGTTGAGGTGTCCGGCGACCAGCAGCATTGGGATCGCGTGGTCGACTACAGCGACTACCACTGCCGCTCCTGGCAATACTTATACTTCGA
AGCACGACCCGTCAGATTCATTCGACTGGTGGGCACCCAGAACACTGTAAACCGGGTATTCCATGTTGTGGGTCTGGAAGCCATGCACACGGCCA
AGGTGCCGCGTTTAGTTAACCATTTTGTGGCGCCCAAGACGAACGTGGCCACCGTAGAGATGAGCGCCATTGTGACGGACGGCGTGAGTCGCACC
CGCAACGCGCTTATCAACGGCGATTATGTGCGCTACGACTGGGACTCGGGATATACTTGCCACCAATTGGGCAGCGGCGAGATCGTCGTCCGTTT
GGGCCAACCCTACTATTTGGGCTCAATGAGGCTGTTGCTGTGGGACTGCGATGATCGCACCTACAGCTTCTACATCGAAATTTCGACGAACCGCA
AGGAATGGCAAATGGTCGTGGACCGCCGCAACGACAGGACCCGCTCCTGGCAGAACTTTCACTTTACTCCGCGTCCAGTGGTCTATATCCGCATT
GTGGGCACACGCAACACAGCGAATGAGATCTTCCACTGCGTCCACCTCGAATGTCCGACCCAGGACAAAAACTACTTAAAGAAGATAGCCGACAT
GGAGAAGGAGCGCGAGAAGAGGGAGAAGGAGAAGAAGACGGCCAAGACTGACGATGACAATATTGCCTCTACCTCGGGATCCTCGTTGGCTTCAG
GCCATGCTGAAAGTCCCTCCACTTCCTCCAGCAGCAGCCAAAGCGTTTTAAGGTCCATCCACTGGCCGCCACAGACAAGGGAAGTGGCCGTTGCC
CCACTCACTCCGCCAGCACTCTCCCCGCCCGGCACGCCAGCACTTCCGGCTCCTCTGACCCCGGCAACCTCGTCGCCGCATAACAACCATGAACA
AAATCAGCCAAGTAATATCAGTGCAGACGCAAGCCACCACACCAGTCCAAGTTCAAGGAGCAACCCCAGTCCCAGCCTAAGTAGGAGCAGAAGCC
AGAGTGCGGAGTTGGAGCCAGTGCCGCCATTGGTTGAGCTTGACACCAGGGAGACGCTCTGA
(SEQ ID NO: 155)

Start ATG: 174 (Reverse strand: CAT)

MSSQGHHKMSGGGKKGAMEQDYTDVVDLGDRFSADMARLCMNEQYADVEFIVEEERIPAHRVILAARSEYFRALLYGGMAETTQRQIPLEVPLEA
FKVLLRYIYSGTLLLSTLDEDSTIDVLGMANQYGFQDLEMAISNYLRQYLALDNVCMILDAARLYNLEELTEVCLMFMDRNAGDLLLHNSFNTLS
KESLEEVLRRDCFFAPEVQIFLAVWKWSRFNSNVDFKSVVSYVRLPLMNLEHLLQVVRPSGILDPDKILDAIDERSTSKALPYRAALWPEENVAA

ETFLSRCIQGECRDALLDGDVTTYDMENGYTRHCITDSKDAGIVVELGTFCMINHIRMLLWDRDSRAYSYYVEVSGDQQHWDRVVDYSDYHCRSW
QYLYFEARPVRFIRLVGTQNTVNRVFHVVGLEAMHTAKVPRLVNHFVAPKTNVATVEMSAIVTDGVSRTRNALINGDYVRYDWDSGYTCHQLGSG
EIVVRLGQPYYLGSMRLLLWDCDDRTYSFYIEISTNRKEWQMVVDRRNDRTRSWQNFHFTPRPVVYIRIVGTRNTANEIFHCVHLECPTQDKNYL
KKIADMEKEREKREKEKKTAKTDDDNIASTSGSSLASGHAESPSTSSSSSQSVLRSIHWPPQTREVAVAPLTPPALSPPGTPALPAPLTPATSSP
HNNHEQNQPSNISADASHHTSPSSRSNPSPSLSRSRSQSAELEPVPPLVELDTRETL*
(SEQ ID NO: 156)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013385193
ATATGTACCATGTAAATTCGTTTCTTCGATCAGAATTGATTTTGGCCCGAAAATCGTCTTCTAGCACAACACGCACACTTATACGCGTTCTCGTC
TCTTGTTTTTACTCACCCAAGCAAGCAAATTATATTTTTAGATTTCTTACGCTCTCAGCGGGAGTGAGCGGAAAGAGAGTAATTTTGGCCGTCAC
CAAAAAAGTGGCTGCATAGTGCCAAACCAATGTATGGCCGTTACGCATCTTGTTATTCTAGGGTCTTTGGTAAGACACAGGCGTGATGTCGCTTA
CGAATCAAATTATATATATGTATATACGTAATGTAAGGTAACTAATGGTAACGTACACTGTTATAAATATTAATGCCAAGCGCAGAACTTTCAAA
ACTGTTACTTGCAATATATTTACAGTTGCTTAAGCCTAGCCTAGTGGTCTAGATTATATAGCTAGATTATTTTGAACGATCCGATCCTGAACTTG
CAGCTACTTGGGTTCGTGATGCGAAAGCACAGCAAATGTGGGGGGGTTAAGTGAGCATCGTATGATGACCACAATTCAAAGAACAGATTCCATAC
ACTCGTCTATGTGGCTAGAGAAAGAACTATCGATCCACGGGGAATTCAATTCTTAAGGATTTATTTAATCTCCAGCAGCCTTGCTTGCTACTCCA
ATGTCTTCCTCTTTCCGGTTTTAACAATATTTACACTTCTGAAGGCCTAAAAAGATCGCTGGCTTACAACATGTGATACATCATATACATATATA
ATCTAGTAATTATGTAATTATCGAATATTTCTGCATCATTAGATTTAGTTGCTTAACTCTCGCATAGTTTAAACTTGCATCTATGTATCTGCTGC
TCTCGCTGTAAACATAAAAGTCAAGGAAGAATCTCTTGAACCACATAACACATGCACTTGCTTTAAAACGGGAAACAGAGGAAGCAGAAAAAAAA
CATTACAACAAACTCGACTCCTAAAGCTACGTGTTATCCTAAATATCCGCTTAGCCGTCGACGACCATGCGTTCCGATCCGGAGTCGCACTGCTC
TATGACCAGGCGAGCGATGCGCTTGATCTCGCAGTAGGGACTCTCGTGCTCGATTAGCTCGTTGAGGATCTGGATGCCGTTCTCCTGCTCCACCA
GCTTGCAATATTTTTCGGGATAAACCTGTGACGGAATGCAGAAGTTAGTACACAATGCACCAACAATGGGAAAAGGAATTGCTCCCCCACCTGTG
TCAGATTGGCCAGGGCCCAAACAGCCCAATGTTGGCACTGGGGCGTCTCGTAGCAGCGCACCAGGCTGAGGATCGGCTCAAAGCTGCGGTAGTTG
ATGTTCCGCTCGCTCTTGATGTTCCACCGCTGAATGGCGGCCACCATGCGCTCCAGCACGTGCTCCCGGCTGGGCGTCTTGATCGTCCAGGCATC
CGCTCCGTCCGAGGCAATGTGCGCCAGCACTCCAGCCGCATTGTAGCTGACCTGGAAGCGCAGGTAGGCATGGTTAGCACTGGCCATCTCTCTCT
CCCGCACTCTCGCCACCACACTCGCACTAGCACCACCCACCTCGATGCCATCGCTCAGGGAGTCCAGCAGACGGGCAAACACCTCAATGAACTCC
TGGGTCATCAGCTTGGGCCGCAGCCACTTCACCTCGGCCACATTGCCCAGCAGGCCCATCATGTTGCGCAACAGCTCGTCACGATCCGGGAAGGT
CTGTTTTGGAAAAGGACAGTTCAGCTTAAGAAGTCTGGATACAGGAAGTTAACCTATTTCTTCATGAAACCAAGGAGTATACATTTGTTCGCTTT
CTCTATGCAGCTCTTAAATTAAATATTTTAGTTCCCAATCTTATCTTTGTTGCGCTGCGGATAATGGCAAGTTTTTGGAGAACTTACATGTAAAC
ACTTAAGGAAATACTCCATGCCACGTCCATCGAGGAATCTCTTACAATTAATAGCAGTCTCATCGGTTACGTTCCACATGGTGGACCAAGCCACC
TCCATCACATCGTCGAAAACGGAGCGAGTCAGCCGATCCTTTATCAACGTGAACATGGTCTAAAGTCAAGAATATCACCAATAAGTACAATAAGT
TCCGGCAAACAGTTGATAGGCAAGACACTTACACTAACTACGCCCAACTCGCCCAGGAAGAGCTTCTGTCGCCCATCCACCTGGCAAGCGAGTGT
GTTCAGCAGGTAGATTGCTATGCGCTGGACAAATCCCTCTTGCTCCGTCTTAGAAACGCCGTGCAGCAGGATCTTGATGAGACGCTCGTACTCGA
AGAGCTGAAAACCAGACATTTAGCTGTACTTAATATAATATTAGATTAGGCGGTGCTTACCACATCGACTGGCATGTGAAACTGGGTGAGCGTGA
GGTAACCATTCCGCAGCATGGTGTCGTCGGTGATGTGCATCTCCATGCCATTGAGCAGCGTGCGAATGATGTGATTGCGCAGTAGTGCTCCAAAC
TTGGATCGATCCCTGCCCTTGACAATGTAGAACAGCGTGGCACTAATGAAGATGAAATTTAGAATTAAATACTATTTTCACTTAACTTCAAAGCT
ATAAACCCACCTGCCGGAGATTTGCATGTGCTTGAACTTGAGATGCCGATCCATGGCGGAGAGCACAACATCCAGTGCTGTGTGTATGTCCTTGC
AGTTCTCGAAGCGGAAGAGATGGTACAAGTCGTTGAGAACTCTTGTCAGAAGCACTGGTCTGTCGTGGTAATAACGCGCCGCAGTAAGGATTTGC
TGCTCGTTGGCATCGCCAGCTACCTCCAAAGCTGGAATATCGTGTCTTTTGCAGGCCCAGTGGGCCGTGTGATAGAGGCCTAGGAACTGCAGCGG
TCGCTGGGTGCGGGACGCTAGCCCCGGGATGTCTGTGAGGGCAAAGTGTTGCTCCATTTTGGGGCTCTGCTGCATGCCACTGGTAGTTGTCGACT
CCTTGGTGGCCACACCGTTGCCGGCCAAATTCGTGCCAGAGATATCCAAATGTGTGAGATGTCGCAAGTTGTCCATCAGCATCTCCAGCGTCTGA
TCGGGCAGGTCGTAGGTGCCGTGGCCATTTCCGGAACTGGAGATGGATATGTCCAGTGTGCACAGACGCCTCAGGCAGCAGATCGCATGCAGCTG
GTTGGCGATGGGCCACACATTGAACAGGATGAGCGTGTGCAGATTGGGCAGCGAGCCCAATGCCTCAAGGCTGAAGTTGGCCAGCACGCAGGAGG
TCAGGTCCAGGTGGCCCAAGTCGTGGAGGTGAGCGAACTGCAGGCGGTGGTGCATCACAACACCGTTGAGCACCAGCCGCCGCAGATGCGGACAA
GTCAACTGGAAGTCCACTGGCTCCTTCTCGTTGGGCTCCGCGTACTGCAGCAGATGGGAACTGATGCCCAATTCCAGGGATCGCAGACTGTCGCC
GTAGTGGGCCAGAAGGTGGTGGGAACCAACGGATATCATGTCACAGTACCACAAGGACAAAGCGAACAGTTTGTGCCGCATCAGAGTCTCCAAGC
CTGCAAAATGTATCAAATAGTATTTCAATATGTTTTAAACTTATTCAAGTCAATGTGGTTCAGCAATAAATATGCAATAGAAGGTTGATTGGATA
TCTATCAATTCGAAGGTAACACATTTACATAAGTGTAATTTTTCAAATGAACTTGCATCTGATTTTGTATAAACTTTTAGAGGTGCGGTTGCAAA
TATTTAAATTTAAGTTTGTCTGTTTGAAAGTCTGACAGATTCCAGTATAAATTCCGTTCAATTACTATTCAATGGAGCTCAACAACACCGGATGT
GGGCGGAGAACACTACGGATGGCGGGCAGAGCTCACCTATACTGCTTAGGGTGCTGTTGCGAAGATTGACGATCTTGAGCGAAGTGCGGTGTGTG
TCCTCGAAGAGGCGGATGACGCTGTCGTCCAGCGGGCGATTGAATCGCTGATAGTTCTCGAGGAAGCCGTCGCAGATCTCGTTGGGCAGCACAAT
GCCCGGATTGAGGCCGCGCTGGCCATCTGGCCGGTGGCTGCTAATGATGTCCAGATTGTTGCACAGCTTCTGGTAGGCGATCTCCTTGAGGGTCA
GCGGCTCCTCGTCCAGCGAGCCGTCCTCCATCAGCCGCACCTTGCAGCTCATCTTGGGGCCGCAGTTCTTGTGCTCCGCCAGTGGGGCCTCAATA
ATGGCCCTGTTGTCTAAAACGAAACGAGGCGATGGGAGGTATGATTAAACAAAATTTCAATAAGCGTGAAACTAGTTTTTGGGTATGTGGTCATC
ATTTCATCATTTTGTGAAATATTGAAATTACTGTTCTTTGAAATAAAAAAAGTGTTGAAACAGAATTCAGAAACGATATCGGAGAATATACATGA
TAATTTATTTCAAGTCATGAAATGACTACTTCACATTATGATTATTATAGAAATGAACTTATATTGCTGATAATAAAATTAAATTAAACACGGGT
TTTCTATCACAAAATACAAAACTATTGTAGACCGGCTTTTACTTTAATCACGAGACATGCACATGTAATGCGTTCGATTTTTCAATTAATTTAA
ATGAATTTGATTTTGGCCCATTAATCCATCCAGGTGCTCAAACTCAATACTCTGTCGATTATACATGATTTTATAGCCCCTTATTTGAGATTACA
AGTCATGATGGAACGGATGAGTGATTCAACCTTTGAATCACATCAATGAATGAATGAAAGTGCCCTTTTCTTTTCAAGATTACAGACATGGATTG
CCATTGAAGTGTTTTCCATTGAGTGAATTAAATATTTTGTCACTTTCAAATGAGCCCTTAACATCAATGTTTATAAAATGAGCTTACAATGTATT
ATTATACTAAGATAAATGGGCAATGACTTGACATTCTAGATTATATACTTTTTGATGTACGATTTCTTTAGTTCTTTTGTAAGCTAGCCAGGAAT
TAATCAATTTAATTAACGAGTATAGTTTGTGTTTACATGTTGCACTTTTTCGACTAATTATTGTTTGGGTATAGGAAGCGGGCTTGCCCTTGCAG
TCGAACCCTTGCAGCTCCTAACTTTTGGAACTTGAGTTGCCATGGATGACTGGCCAATCTTGCCCAGACTTTTCAACGCAGGCACGTGCCATTGT
TTTAATCTGTTTTCGGCTCTTGGCTTCCGATAGTCATGTACCCCTGCTGTTACATAACCAAGGGTCATCTAATTGGGAAGAATGCGGTATTAATA
CGGGGACTATGATCCTGGTTACATCCAGGCAGATGGTTATGTCCATGTCGTGGCGTGTGTATGTATATGCACAAGTTCCGCGGATCTCAAAGG
TACATACATGCATGTAAAAAACAAATGGCTTGCGTGTGTCTGTGTGGGTGCGTAGTTATTGAAGAAAAAAGCACAAAAACACTAATAAAGCGTCG
GCCTGTCTGGCTTATCTGGCCAACAAAACTAAGCGGAGTGACCAAAATAACACGGAACTGCGAGCAGCGACAGTCAGCTGTCCGGATATTTTTAC
CCGGAGTCTCGGAGTTGCTGGCCGACTGGCCGTGGAGCCCCACGCTTTCTGTACCTTTTATTTTGCTTTAGTGTCGCCCCAAAAAAGCAGCCTCC
AAAATCCCTCGCTGCTTTTGCTTCTGTCGTTGCGTTTGTCTTTGCTTTTGCGTTTGCTTTGCCACTGCTGCTCTGTCTTTGCGTTCGTTTTGCCA

ACGGATTTTCCGAACTTCGAGCGATTTTTCCGCGATTGCGCAGCGTTTTACCGTTACACGCGGCACTCGAGCGCCAGAAAATTCCAATTGTTATT
CTCTAATTTTACGATTTGCGTATGGAAATCACTTCATTATTTTGGTTTCTATTTTCTTTCTTCTCGCCAGTGTGACCAGATGCCGAATGCGCTCC
AACACCCAATGCTGTCTACCTAACACTACTTCGCACTAAAAAATACCGAAAGTATCCTTTCATATTCGAAAGCTAATCCGAAAATTCTGGAACTC
CGAAATCCTGACTTTTGAAAATCTAAAGTTAGTGAATAAATGTTATGCAAAGGCTTGCAGTTAAGATATGCAATTACTTAATGTCATTAGCCCGC
GCAAGAAAAACAGACACTTGAATTGGAAACTATAGTTTATTTTGTAAGTTAAGCGCTGAAATAAATCAATTGTAAATGTACACATTGTTAGTCGG
CGGCGGCGTGCTTGCCTGGGTTCTAATTTGTAGTTCTCTTGCTCCGATAATGCGAAGAAAACCGACAATTGCTTCCCTCGCTGTAGGGATACTTT
TTAAAGACTAAATCACTGCGTTGCAGAATCATCATAATCATCATAATCGTATTGTATAATCCGGATGCCGTGCCGTTGGCTTTCGGACTGGCGTA
ATAAATAAACTTGCATCGTTTGCGTTTTAGGTGCTACGTAAAAAATGATAGAACAAATGCGGGGAGCCGCATGCAATTCGGATAGCTCCCCCTTC
TAACCGGACAGATCTCCCTGATCGAAGATGCCCTGGTCGTAGAGCTCGGCCACCACTCTCCGACCGCCGAAGAACCGGCCGTCGAGTGCCTCCTT
GCCCCGCATGGCCTCCGCTCCTGCCGAGAACTCCACGAAGATCTTCACGATGATCTCCGCCTCGTCGTCGTCCTCGTTCTCCGTCTGCTTCTCGT
TGAAGATGATCACGCGACTGACGGTGCCGAATTTACTGCACTCCTCCTGGATCTCCTCCTGCAGGGTCTCGTCCACATCCTCGGGTCCGACCATA
TTTCGCAGGATGATTACACGTGAGTCCACCGGCCGCATCAGTCGCTGCATTACCAACTGCCGCGCGCTCTGGCCCTTGATGGACATGTTCTCCTG
CTGCTGCAGCGTCTGCACGTCGCCCTCATC
(SEQ ID NO: 157)

Exon: 5870..5565
Exon: 4193..3837
Exon: 3515..2576
Exon: 2512..2341
Exon: 2284..2123
Exon: 2054..1893
Exon: 1710..1561
Exon: 1476..1231
Exon: 1165..1001
Start ATG: 4116 (Reverse strand: CAT)

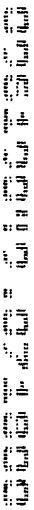
Transcript No. : CT5498
TCACACTGGCGAGAAGAAAGAAAATAGAAACCAAAATAATGAAGTGATTTCCATACGCAAATCGTAAAATTAGAGAATAACAATTGGAATTTTCT
GGCGCTCGAGTGCCGCGTGTAACGGTAAAACGCTGCGCAATCGCGGAAAAATCGCTCGAAGTTCGGAAAATCCGTTGGCAAAACGAACGCAAAGA
CAGAGCAGCAGTGGCAAAGCAAACGCAAAAGCAAAGACAAACGCAACGACAGAAGCAAAAGCAGCGAGGGATTTTGGAGGCTGCTTTTTTGGGGC
GACACTAAAGCAAAATAAAAGACAACAGGGCCATTATTGAGGCCCCACTGGCGGAGCACAAGAACTGCGGCCCCAAGATGAGCTGCAAGGTGCGG
CTGATGGAGGACGGCTCGCTGGACGAGGAGCCGCTGACCCTCAAGGAGATCGCCTACCAGAAGCTGTGCAACAATCTGGACATCATTAGCAGCCA
CCGGCCAGATGGCCAGCGCGGCCTCAATCCGGGCATTGTGCTGCCCAACGAGATCTGCGACGGCTTCCTCGAGAACTATCAGCGATTCAATCGCC
CGCTGGACGACAGCGTCATCCGCCTCTTCGAGGACACACACCGCACTTCGCTCAAGATCGTCAATCTTCGCAACAGCACCCTAAGCAGTATAGGC
TTGGAGACTCTGATGCGGCACAAACTGTTCGCTTTGTCCTTGTGGTACTGTGACATGATATCCGTTGGTTCCCACCACCTTCTGGCCCACTACGG
CGACAGTCTGCGATCCCTGGAATTGGGCATCAGTTCCCATCTGCTGCAGTACGCGGAGCCCAACGAGAAGGAGCCAGTGGACTTCCAGTTGACTT
GTCCGCATCTGCGGCGGCTGGTGCTCAACGGTGTTGTGATGCACCACCGCCTGCAGTTCGCTCACCTCCACGACTTGGGCCACCTGGACCTGACC
TCCTGCGTGCTGGCCAACTTCAGCCTTGAGGCATTGGGCTCGCTGCCCAATCTGCACACGCTCATCCTGTTCAATGTGTGGCCCATCGCCAACCA
GCTGCATGCGATCTGCTGCCTGAGGCGTCTGTGCACACTGGACATATCCATCTCCAGTTCCGGAAATGGCCACGGCACCTACGACCTGCCCGATC
AGACGCTGGAGATGCTGATGGACAACTTGCGACATCTCACACATTTGGATATCTCTGGCACGAATTTGGCCGGCAACGGTGTGGCCACCAAGGAG
TCGACAACTACCAGTGGCATGCAGCAGAGCCCCAAAATGGAGCAACACTTTGCCCTCACAGACATCCCGGGGCTAGCGTCCCGCACCCAGCGACC
GCTGCAGTTCCTAGGCCTCTATCACACGGCCCACTGGGCCTGCAAAAGACACGATATTCCAGCTTTGGAGGTAGCTGGCGATGCCAACGAGCAGC
AAATCCTTACTGCGGCGCGTTATTACCACGACAGACCAGTGCTTCTGACAAGAGTTCTCAACGACTTGTACCATCTCTTCCGCTTCGAGAACTGC
AAGGACATACACACAGCACTGGATGTTGTGCTCTCCGCCATGGATCGGCATCTCAAGTTCAAGCACATGCAAATCTCCGGCAGTGCCACGCTGTT
CTACATTGTCAAGGGCAGGGATCGATCCAAGTTTGGAGCACTACTGCGCAATCACATCATTCGCACGCTGCTCAATGGCATGGAGATGCACATCA
CCGACGACACCATGCTGCGGAATGGTTACCTCACGCTCACCCAGTTTCACATGCCAGTCGATGTGCTCTTCGAGTACGAGCGTCTCATCAAGATC
CTGCTGCACGGCGTTTCTAAGACGGAGCAAGAGGGATTTGTCCAGCGCATAGCAATCTACCTGCTGAACACACTCGCTTGCCAGGTGGATGGGCG
ACAGAAGCTCTTCCTGGGCGAGTTGGGCGTAGTTAGTACCATGTTCACGTTGATAAAGGATCGGCTGACTCGCTCCGTTTTCGACGATGTGATGG
AGGTGGCTTGGTCCACCATGTGGAACGTAACCGATGAGACTGCTATTAATTGTAAGAGATTCCTCGATGGACGTGGCATGGAGTATTTCCTTAAG
TGTTTACATACCTTCCCGGATCGTGACGAGCTGTTGCGCAACATGATGGGCCTGCTGGGCAATGTGGCCGAGGTGAAGTGGCTGCGGCCCAAGCT
GATGACCCAGGAGTTCATTGAGGTGTTTGCCCGTCTGCTGGACTCCCTGAGCGATGGCATCGAGGTCAGCTACAATGCGGCTGGAGTGCTGGCGC
ACATTGCCTCGGACGGAGCGGATGCCTGGACGATCAAGACGCCCAGCCGGGAGCACGTGCTGGAGCGCATGGTGGCCGCCATTCAGCGGTGGAAC
ATCAAGAGCGAGCGGAACATCAACTACCGCAGCTTTGAGCCGATCCTCAGCCTGGTGCGCTGCTACGAGACGCCCCAGTGCCAACATTGGGCTGT
TTGGGCCCTGGCCAATCTGACACAGGTTTATCCCGAAAAATATTGCAAGCTGGTGGAGCAGGAGAACGGCATCCAGATCCTCAACGAGCTAATCG
AGCACGAGAGTCCCTACTGCGAGATCAAGCGCATCGCTCGCCTGGTCATAGAGCAGTGCGACTCCGGATCGGAACGCATGGTCGTCGACGGCTAA
(SEQ ID NO: 158)

Start ATG: 384 (Reverse strand: CAT)

MEDGSLDEEPLTLKEIAYQKLCNNLDIISSHRPDGQRGLNPGIVLPNEICDGFLENYQRFNRPLDDSVIRLFEDTHRTSLKIVNLRNSTLSSIGL
ETLMRHKLFALSLWYCDMISVGSHHLLAHYGDSLRSLELGISSHLLQYAEPNEKEPVDFQLTCPHLRRLVLNGVVMHHRLQFAHLHDLGHLDLTS
CVLANFSLEALGSLPNLHTLILFNVWPIANQLHAICCLRRLCTLDISISSSGNGHGTYDLPDQTLEMLMDNLRHLTHLDISGTNLAGNGVATKES
TTTSGMQQSPKMEQHFALTDIPGLASRTQRPLQFLGLYHTAHWACKRHDIPALEVAGDANEQQILTAARYYHDRPVLLTRVLNDLYHLFRFENCK
DIHTALDVVLSAMDRHLKFKHMQISGSATLFYIVKGRDRSKFGALLRNHIIRTLLNGMEMHITDDTMLRNGYLTLTQFHMPVDVLFEYERLIKIL
LHGVSKTEQEGFVQRIAIYLLNTLACQVDGRQKLFLGELGVVSTMFTLIKDRLTRSVFDDVMEVAWSTMWNVTDETAINCKRFLDGRGMEYFLKC
LHTFPDRDELLRNMMGLLGNVAEVKWLRPKLMTQEFIEVFARLLDSLSDGIEVSYNAAGVLAHIASDGADAWTIKTPSREHVLERMVAAIQRWNI
KSERNINYRSFEPILSLVRCYETPQCQHWAVWALANLTQVYPEKYCKLVEQENGIQILNELIEHESPYCEIKRIARLVIEQCDSGSERMVVDG*
(SEQ ID NO: 159)

Celera Sequence No. : 142000013384767

ATCCTCCAGCTGGAGTTTCTCGCGCAGCTCACGCTGCAGCAAACTTGGCTTGATGATAAACGTGGAGATGCGACGCAGGATGTAGGAGAAGGTCT
TGATCAGCAGCAGGAAGTCCTGACGCGGTACGCCCACCAATCGCTCCAGTTCCTCGAGTGTGTACTCCGGTTCGGTGTTACTTGTGGGGTTCTCC
TCGGTGCTGCTGTCCACCCGGCCGGTGGTCGTCACACTGGTGCCCACTGTACTACTGGTGGCACTCGCCGATGCTACGCTGGGACTCATCTGCCG
GTGGGTGTAGAACAGAACCGTCGTAAAGGTCTCGTAGGGCAAGGCATTGATGATTTTGATGCCCTCACGGGCTCTAAGATATAAATGCAAGAAAT
TAATCTCTATAAGAACATTGATATTACATACCTTTCCGTGATCTTTATCCAGTTAATGCTCATTGTGAGATATATTTAAAAATTTTTAAGGAACA
TAGAGTTATTAAGTCTTTACCAGCACTTCTTTTATTATGACTTTAATATTATTTGTTTATACAGACCAACAATATACAAAAAACTATCGACTTGC
CACGGTGCGGTGCTGCCACACAGTTACTACTGCCAATAATAACGGTAAGTGCTGACTAAAATACAAAAATATTACATTTTGCGATGTGATTTTAA
ACATATTCTTTATTAATTTTTTAGATTTAAATGTTTTATTAAATTAATTTATTTTTCTGTATTTAGGCCTGAATAATTTACCTTATAAAATTACA
ATGTTTTAAATAATATTTGCTGTTATGTTTCCTGCAAAATAAAATTCGTGAAAAAAAGCCGCACCAGCAAATATCAATACCAGATTGTCGACGGC
ACCGACGATCGACGATTCAATTTGTAGAAGATTATCAAGTACGAATAGTTTTCCAACTCATTAATATAATCGTCCTACCTGGCAACTCCGCTGAT
GCCTATCGATGCTCCGCTCGATAGCGCCAACAATCGATAAGCAGTATTTGTGTATTGGAAACGCGGCTTAACTTAATGCAGATTTTTCCGCTGAT
TCGGCTGCGAAAGATGCACTTTTAAGGCGCAGCGAGTGCACCCACGCCCCGAGTTCGAGTGCAGTTGCAGTCGGGAAAGCTTGACAAGTGCGCGG
AGCAAGGAGAGCGACGAGTTCGTTGAGCTACAGCGAAACGGAAAAGTGTAAAAGCGGGGTAAACAGGCGCAGCGGAGCGGATGATAAACGGAACT
CGGGATCGGAAAATTGGAAGCAAAACCAACCACCGATTATAAAAAATAGTCAGCATCTTAAAAGTAAGGATTTCAAGCTAAGGTTTCAGCGAAAG
CCCGAGAAAAACAAAAACCCCAACTAAACTAACGGAACAGTGCGTCGGGATATATGCATGTGTATGTGGTATACGTATGTGTCTTTGGCTGCG
TGCGATTGTATTGTTCCTGTGTAAATAAACAAAACCCGGCTCTTTAGTCTTCCACTAGTTCGTTTCGCGTTTCTCTGCGAGGAATTTTTGTTGAA
AAAACTCAATTTGGCATAGCATAACTTCCAGTTTATTTCCCTATTCTGCAAACTGTGTGTATCAGTGTGCTGGTGCTTCCAGCATGCCGTAAAAA
TCGATAGCGCGTCGTCGGTTGTTTATTTTATGCTTCGTCTGCATTTTGCAGCCCCTTTTTATCGCTCTCCCCTTTTCAGCCACCCTTGCACACAC
TCACACTCTCTCCGGCGGAGTCGTGTGATGCATACACACACACACACACAGACACATGCATACGCCTGATACGGGAAATTAAAAATAATACTTTT
TATCGCGGCATGCAAAAGGCAAAGCTGCAAAAACAGAAACAATTCCAATTCCAACAGCAATAATCTAGCCATGCAATCAATTTTAGCCAAACAAT
AAAAAGAATCGTTTGGTTTCAGTTTCCCCGCTTTTCTTTTCCGTTATTTTCCTCTCTATATTCGGTTTTATCGCATTTTCCGCTCATTATGGCAG
TTTAGCATATTTATGCTGGAAAAATATTGGGGTTTCTTCGCTTCTTACCTTTGTTTTACGTTTTGTTTTGCTGTCGGGCTGTAAAAACAGCAGTT
AATCCAATTAAGAAAAATAAAACTCTAAATGCCATCGCCACCACGAATTCGAAATCACCTTTTATCTACTCAAAAGATATTCATCTTATTTATTT
TCCAAGATAAATGTTAAATTATAAATATATTATAGAACCATACACTTGTTGAAATAGAATTTCTGCTAACAGCTGCGAGTTTTACAGTCATAACT
ATTATTATTATTTATTAACTTAGATTTCTACAGGCTGCGATTTTATAAAAATGATTCAATTTTTTATCTAGACTTTGTTATTAAAATTTCTACAT
AAGCAGAAAATAATTGCTGCAATGACAAATATTTCATTTTCAGCTTGTGTTTATCGTAGCTTATTTTTTGTTAAATGTATATTAAAGTATTTACT
CCCCTTCTCATGTAATATACATATATTGAAAAAACAGTACTTTTGTCTATTAGAATATATTTATACCCTCACTTATTGGTTCATCTCGAAAACTG
GTCGAGTAAACTGAGAATCTTGAGATAGTTTCTTGAATTGGATATAATTTGCATGGTTGGCCAATCTTTTGGGTCGGCTATGCCCGCCTCTTTGC
TTCGTAGAGGAGCTTGGGCACCGGGCACTTGCAATTGGCACCAGCTTCGGGCCAGTCAGTCCGCCAGACTTGGTCTTTGGGTCGAGATGTAGAGC
TGGATAGTGTGCCACACTATATAGGGGATACTACTGCGATACAGACACCGCGGACACGGCTGACATGCATTAATGCTGCGAATAATGCCTATTGC
AGACGGGGATAATGGAGTCACAGAAGCGGCCTTCGTTGGACTTACACACGGATGTGCCAGCAGGATTAGCAGCTGGAGGATCTGGCCTGGGAGCT
GCAGCTGAGATGTCGCCCACTTCCGGTTTCCTGCCGGACATGCCGCAGTGGAAGAAGGACCTCATCCAGCGCCGGAAAACGAACGTGGCCCGCAC
CCAGGCGGCGTCCATCACCTCGCCCACCGATGGCAGTTGTGGGGCTTTGGCAGAAGCCAACGCAGCTCCAGGTGCAATTGCAGGTGAGTGGTGGT
TGGACAAACTGGAATACTTTCACCTGACACGCAAATTAAAGGTATTTTCAAGCCAAGCATTTCTGTCAAGGCATGTTAGGTGCAAGTATTCGTAT
TTCTAATCGCTATTTCTTGCATTCTTGACAAACGAAATAATTGCACTTACTTTTGAGCTCCATACTTATCCCTTTTAAATGATACCGTTCGGTAC
TTAAAATAAATTCAACGAACTATAGACTTCGGAAAGGTTTTTAAAATATTTAAAAACTGCCGTAGCAAATAGTAATCAGGGTGAAATATATTGAC
TGGAAAAATGCGAAAGACTAATTGTGACTTACACAATCTGCAATTGCTCAGTTGGCGTTAACCAGCCATGAGTAATGGTAACAAGTGTTTTTAAT
TCATTTTGCCAACTTTTACGATTTCCAATACCAGTATACTTTTAAATTAGCCGCCTTACATATTCGCTTATCGATACGATATTCGCTTATCGATA
GCTCACAGAGTTGTCAGATTGCGGACGAATAAGATAAAAAAAACCAAGTTATGTTTTAATGTTCTGTCTTTATAACATTTGTATTTGCTTTCTTT
CTTCAATTTTTTTTCTAACAGATTTCACAGAACCGGCGACAATCAGTAGCACTAGTCAAAAGAGAAACATGATCGGTTCAGAGGAAAAGTCTGAG
AAATCTTCTATTTCCAATACCAATTCCGATTCCACTGGAGGTCATCACTCTGTTGTTGCCGTCTCCCTTTCGCCCGATGCGGCAGCAACAACAAA
TGTAACAGTAACACCAATACCAAAGCAGCGATCGAGTTTACTCAACACAAGAAGTCAGGAGAGGGAGATGGTGCGATATATTCTAAGCGAGAGTG
GAGAACGGGATGGAGAGCTTGAGAGCGGCGAACAGCCGGCTGGTGTGGTGAGTAACAGCCGGTGCGGTGAAGTTGAAACTGGCACAATTGGATCG
CCGTCGTCGTCAGCAAATCAAAATCCAAACCCAAATCATTTAAAAACGAAATGCAAACCGGGACAGAGCGTTGCTGAGGGCAAGCCTTCAGCTAA
AGAGACCATCGTCGATAACAGCAAAAGCTGCAGCAAAACCAAGAGTATTTCCGATAAATTGCAGAGCAACAAGTTTATAATTCAACAGCAGCAGC
AACAACAACAACAACAGCAGCAACAACAGCAACTGTCGCCCACAAAGGTAACGGTAAAACCGACAATGGTCGCCATGCAAGAGATGAAGAAGACA
ACCAAACAAAATGGCCAGCACCGACATCTAGCGGGCAAAATTGGCAGCGTAGCAGGAGGCGATGTGGATCCACAACATCCACCGACGAATCCCAT
ACCAGATTCATTGGACACCGGTGAGGATCTGAGCTACGGACCCGGAATTGTGTCCAAGCTGCGATGCCGCTACTTGAGCCTGGCCCTTCGCGAGT
CCCGCCAGCAGAGCAGCAAACAACGCCTCCAACGCTCCACCAGTCTGAACACCCTGCTCGACCGCGACGATGACGAGGTGGAAGTGGAGGAGCCC
GAAATGACCAACAGCCAGGTGCGTGCCAAATCAACACCGCCACCGATATTGGGGGCAAAACCGACACCGAAACCCAGCAGCCAGCATCAGCGTCC
CGTCAGTCTGGGCGCCAATGGAGCTGGATCAGCTGTTAACCCGCCCTCGAACTCGGATCAGGCCCAAACGGGCGCCGTTGCCAACGGAGGCGCAG
GATCTGGCCAACGTTCGCGTCACTTTAAGCGCGGCAACGAGGTGATGAAGCGGGCACGTTCCGTGGAGGCTCTGCTCTGCGAGAAATCGCCATGG
AACAGCCAGAGAATCAGCACTGCCGGCGCAGCTGCAGCAGCAGCACCTTCACCACCTGCTCCCAAGGCCACAGCCGCTGCTCCCTCACCTGTTAC
ATCGCCCACCTGCGTTACCATCGAGGACAAGATCCACAATGCCCGCGAACGACTGCACAGCGGGACGGATACGGCGCCACCCAAGCGTCTGACCT
CCATCATCGATGACACCGAGCGGCCGCCACCGGATCTGGTCAAGCAGACGCTCAAGATGTTTGAGGCGAGTGCTAATCGACGACCGCGCGCAGCC
CATCGTTCCAATGGTGTTGGCGGAGTGGCCAGCAAGGTGGCCAACTACAAATCGATCATTAAGGATCAGAAGCAACCATCATCAGCAGCGGCGAC
GCCACCGCCGACCGGCATGGGTTTTGCCTCCTCAACGCCGCTAAGGCATGTCCATCCGGATATTATACCCCGTCAGGTGGATTCGCCCGTATCGG
CGTTGAGTGTAATGATGCGTCGCATGGAGCTGCAGGAGCCCGAGACGCCGGAAAGGGAGACACGGGACGCGGAGGCCACACCGCAGAGCGAGGCG
CTAAGTGAGACTGAGCGAAATGATCGCGATGAAGGCGATGGCGAAGTCGATGACGACAACCACAACAACAACGACGACGATCACGACGACGGCGA
CGACGGCAGCGACAACAATGAGCAACGCGATAAAATGGGCGCGGCGGCGGCAGGCGATAAGCCTAAGCCCCCAGCGGAATCGGCAGCGGGAGGCG
CCCAACGATCATTCGCTGCCTCGACGGAGAACGCGCATGTAGCCAGCGGTAGTAGCAGCAGTACCAGTGCCAGTGTACGGAAGCTCAGCAACAAC
AACGACTCCAGCAGCGGACCAGCGGTGACCAAACAGATCGGTGTCATCCGTCCGCTATTCAATAGCCAGGGAGCCGGGAGCACGCCGCTAACGAG
TCGCGAGATCGAAAAGAATCGCATCAATGAGATGAAGAAGTCGACGGCCACAGATGCCGGTGGTTCGGTATCCGGATCCGGAACGGTTGCTGGTG
CTGGATCAGGAACCTCGCCCACCACTAGTCTCGACAGCGTGATAAACACCAAGGAAGCGGCCAGCAGCGAAACGGATGCCAGTGCCTCGCCACTG
TGGACATTGCGCAAGCTGAGGAATCAGAGCCAGACGGCCGGCGGAGGATCGGGTCCCAGTTCGAGCCTTCATTCCACAGAGAACACCTCGATGGT
GTTCAACTTTCCAAGAGCACCAAGGAAGTGCCCGACTACATCGAAAGCGACGTTGTGATTTACAGGCGCAAGCGGGAGCTGCCAAAGGTGAGTC
CGGATTGGGTAAATGGTTACTACTACGAGGGACTACGATTTCCATTTCCGTTCCTTGACGCAATTCCTTCGTGCGTTTCGTTTTTTTTTTTTTTT
TTTTTACGAAATCTTTCCCGGAAGAGTCACATTTTCGACGTCTTATCGGCGGGCAGCCTTGCGGATTATTCATGCTTAACAATTACCCCATGCAT
TATTATTTTCGCCGATAGTAATTTGGTTTCTTTCGTCCGTCCCCAATATCTTTGTTGTTTTGGCTCATTTTCCGTTTCTTTCTCGCGTACTTTTT
TTGTATTATTATTATTATTTTTTTTTTTTTTTTTTGTGTCATACGGCGGCGGCAGCCATGCCGTATAAACAAATATGAAACAAAGCACACAGAGA



ACAGCGATCATGCGCATTTCGAAAGTTCATCAAGGCAGGGCGAGAACGGAACTGAGGAACTGCGGAGAATTGGGTGGCGCAGTGACAAAGCGCCA
CTTGGATACTCTTTCTTTCTTTCTTTCGAGGGAACTCATGTGCCATATGTATGTACATATATCTTTATATCTTCGCCTTCTGGGAAATTAGTCAT
GTGTCGTGAATACGTCGTTAATAACGCCAATATTGCCAAGATGACTGACTAACTGCTCACATGCGATAGGGGATCTCCTCCAGCTGTTCGATCGC
TGATCGTGTTAATACCCATTTAGGAGTTTTACAGATTAGGAAGCAGTTGTTAGTTAAGGAACTTTGTGTTTTTTAGTTGGTATTGCACCACCAGG
AAATTATTGGACTACATTTAATATATTTGCAATATATACAAGGGATCAGTAATGTAAAGGCCCCACTCTTTCAATTATCATTGAAATTAGCAGAA
CTACAGGTTTCCAATGACTTCTGATGGGTATGTGTGTGTGGCCATTTATTATCTGCCGGCAACCAAATCATTGTGTTGATCAATAAGTATCTGGC
CAAGATTACACAGCACAGTCGGTTAATCACAACAATACGGCGATCTGGCAGATCAGTTGGGGGGGATCTGCCACTGCCACTGCCATTGCTGGTGCT
ATTGCTTTAGGAAGTGGCAAACCCCTAATAGAGATCGAAGCTTGCATCACAGCTGCGAATAGTTCGATGTGATCTTCTGCTCCGAGTCAATTAAA
ATTCGCCTTGAATAGCTCGCCGATCGATAGCCCCGGATCGTGTGCGACATGAACAGATGCCCCTCCTATATGTATATGCATATACATAACTCGAA
ATATATATATATATATATGTATATATACATAACACATATATCTGCATATTCTTTCCCAAGTCTGCTTTGTTCCCAGCCAGATGCAAGTCTCATCTGC
TGGCAGTCTTCTGCCTTCGGTCGCTTCTTCTTCGTTTGGGCTCTTCTGTGGCTGCACTTTTCGAGATCGGAAGAATGGGAAACCAGTTTTGAAGG
CATGCATATGGACATGAGAAGATATTTCTGCGCTTCCTGCTGCTGCCAGCAAAAGTCCGAGTCTGTAGAGATATGTATGTGTACACAGTGCCCAT
GAGATATTATGTGTCTGGTCTGTCTGTCTCTCGGTCGGCATGTCTGTGGGGAACTTTATTCTTGGGGCACAGCAGCTCCTCGGGATGCCGGTTTC
GATGGTATAGAATGGGATGGGATGCAAGGCAAGGCTGCTCCTTACAGCTGTTCCTGTTGCCTTGCCAGACATGTTTAAATACCCTTTATTTTGTG
ATGGCAATTGAGCTTTTTTTTTATTGTTTATACTCTGATAATCAATTCAGTAGCTCAACTTGAATGATTCTTGTTTATAGTAGATATCCAATACG
TATGGATTGTTTTGATATGAAAGAGACACACAGAACTTGTTAATATATATTTATTAATACCAAATTAGGAGTACAAAGCTCCACAATGGTGTCAA
ACCCAAATATTGTTCTTCGCAATTGGAAAAGCGAATGGTACAGACCATACTCTATAGAGTCTTTATAGCTCTCCCTTAGCTTTAGACTTAGCTTT
TCGGTGCGGTTGAGTTTTCCTCTTGCCTTCTTCTCGTTGGCAAACCCGTTTTGTTTGTGCTTTGTGCCGTTCTCCTCTCCCACTCCCTCTCCCTC
TCTCTCTCTCTCTCTCTCTCCCTCTCAGCTGCCATGTTTCTCTCTATGTCCATATCCATATCTCCATATCTCAATGGCTCCATGGCTCCATGG
CTCTCTTCGCCCTCTTCCTGCCACTGAACTCAATTTTGTCAATTCTTTTTTGAGGCTCACTTCTACTTACTGTGTTTGCTTTTGCTTTTTGCCTT
TGCCTTGTCTCTTTTATCTCGCTATGAACTTTATTATCTGCGGCATTGGTATATACATATATGGCATATATAGCATATGGTATGGCATGGTATAG
TATATGGCTGGGGGTCGATTTATGCCACAAAAAAAAAAAAAATACAAAAAAATGGGCCAAAAACAGTGGGACAGTGGGTTTTGGGGAGGGTGGGGA
GGGAAGGCGTGGAGAGGAGAGGAGCGGTGCCGATAGAGTAGATATATGACATGGAACGGGACTGGGAACTGAAATTGGAACCGGGACCTGGACTT
GGTACTTGGTACACTGGTCTGGACCTCTGGAACCCCCGGCGTGAGTCACAGATGACCCATAACACAACGTCGATTAAGAATGGCTTTCCATGAAT
TTCACTTTTCGAACACATGGTGACCTGGAATTTGGACAGATTTTCTTGTGGAAGGGGTGAAGCTGATCCTCCTTTGTAAATTGTCGAGAGACAGC
CATTTAAATCCAAAAAAAAAAAAAAAAGAACTGAAATGAAATACTTATGGTAAACGAGTTATGCATCAGCGAAAAGAGGAGGGTTGCTGGACGTTC
TGCAACTTCTGTAGGTAGTTAAAGCGAAATAAAGGCGTGTTTACCATTAAATGATAATATCTGAAGCAGCAGAAGAACATTGCAAATAGCTTTAA
CAACATTCGAAAGCAATAACACATTTTTTAAGTGCCTTGTTTGCATTTTAACGAATTTCATTTCCCAGCTAACAAAACGTTTGCAATGAAGATAA
TGAATATTTTTGTTGGGGGGGTTGTATACTAATTCAAAATCAACATCTACTGTATTTTATTTATTATTTGAACTATTTGTGAACCCCCGGGGAAT
GCCAAGAGTCAAGCATTTATTGATTGTACTAATCGTTTTTTTTTTTATCATCTTATCCTTTTAGCCAAATGAACCTGGCTTCGTGCTCCTGGGC
GATCTCTCCGTGGAGACGTCGACGGACACGGACTACGACGACTACTCCATGTGCCCGCCATCGCCGTGCGATGTGGAGTTTGAGAATGCCAACAT
TGTGATCGACGGCAAGTCCAGCATACGCCAGAAACCCAAAGAGTCTTCGGTATGTACTACACCAAGGGATATTGCCGGGATTGGATTGGAGATCG
ACTAGATCTCAACTCAATTCCAAGCCATATGTATATGTATGCGGTCGTTACATACTCCACTACTAATGAGTGAGTCAGGTGCGGCGTTTTGTTTT
TTTTGCCACCGAATGGTAGATAGCATTGGTTTTTTTTTTCAATTCCAGTTTGGGTTGTGTATGTGAAAAGGATAAGATAAGATTACTTGGGCCCC
TTGGCAAGGAGGGAATGTACATACATACACATGTACACACACACGCACACATTCGAACTTTTTGACCACTAACTTCGACGGGTGGTGAGGACGTT
GATAAGCGGGAATGTAAAGCATAAACAATTTTGCCTTATATAACATTTATATCGAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTCGGTCGGTCGTCGCCTGTCC
CAGGGACTATTAATCAACCCGCATTAGGTTTGTCTTATTTCGGGATTTGTTTGCCCATTTGGAGCTGCTTGTGTTGCGTCCCCAGATCTGTTCGC
CTGGCGCTAATTTATTTATTTATTCCTTTGCTCGGGTGCGTTCCATCAGTGTGACTGATATGGGAATCGCTACTCTACTATTGTCTTTAGCCTCA
GCAGCCATCGGCTGTATTTCGGAATCAATTCAATCGTTTTCCGTATCGCATCGCATCGAATTGCGTCGGTCTGTTGGGGTTTGTTCTCCGATAAG
GAAGGAGCTCGAATTCTGCAGTCATTGATTGGGGTTGACTCATTGATATGCCATTGTGATAAGGCATCAATCGATGAGTAAGTGCCGATTGGGGT
TGGGAGTCGCTTTTGAAGCAATCTATTTGCCATTAACCCAATGTCACGGTTATATGCATTTAAGAAAAATATCAAATGCATTATGCATATACACA
CCATATTGCCAAAAGTCCATCAATGAGTTGTATATTTTATTTATTTATAACAAGGCATTGGTCCAATGCTTTCGTCTAACCTTGAATTTTTATGG
CTAGCAGAGAAACTACTTAGTTTCGGATATATATTCGGTGATTTCTGGACCGCTAAATGTAAATCGAACGGCATCTGGTTATGCAAATTACATAA
AGACCAATAGTTAAACGAAACCAAAATAAAGGATAGAAAACCATAAACATATATCTTTAAGTGTCAAAATGTAAAATCCAAATAGTTATCACTAA
TTTCAATGGCGCTAGTATTATTGTAAATTCTACATTCGCTTTGTTATCAGCAATGCCAGCTAGTCATACATTTATGCCAAATTAAAAATAGTTTC
GTTTAAAGGGAAAGTGGTTGAGTGGCATGATTTCAGTTCACTACGGGTATTAATTATATGACTAAAACAGTTTGGCATGTAAAAATCTATAGCAA
AAATGGCATTTGATTATTAGTTATTATTATTATTATTCAACAAATGATTAATTATAATATGAACGCTGCGACGTGTGGGGATAGCGACTTCAGAT
TCTGCCACATTACTTGATACCTTGATTGAACCCATCGAAGTGAAAGTAATCTCAGAATCGATCACTGATCAAATTTCTTTCGATTTTCCCACAGT
TCCGCGTGCAGTTCAACGACACGCTGACGTCGACGTTTGAATACCCCTCCGAGGCATCGATGACCATCGAGGATCCGCCGTACGCCGATCCCTTT
GGCCATGTGAGCAAACACCATCAGATGCTGCTCGCCGAGCAGATGCATCTGTTGCAGCACCAGGAGCAGCTGGAGCTGGAGCAGATGCACCAGCT
GGGGCTGGCGCCGGAGCAGCACCATCATGTGACCGTCGACGAGATCATCGAGCTGCCCACATCGACGGCGGGACATGGACATGGCATCGGACTTG
GACACAGGTCGGGGGCGGCGGGGGGCGGTGGCACGATGCTGGGGAATTTACCGTTGGGTAAGTAATATCTGTTCCACCGAGTCCATCCAAGCGTG
CATTGTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTGTTGTTGCTGTACGCTGTACGAGATGTATGTTGTGTGTTGTTGTATGTGGCAT
GCAGCAGCGAATGATGATGGAATGGCTTTTTGTCTTTGTCTCTCTCTGCGCTCTCTATTATCGTCTCTATCTCTCTCTCTGTCTGCCTGATTGCC
TGCATCCAAGCCTCTCTATCTATCCATCTCTATCTATACCCGTCTCTATCTCTGTCACTTGCCTTGTCCTTACTCTTGACTTACCATCAACCAGC
GTTGTGTTCTTGAGTTTTGTTTGTTTGTTTACCATCATTAATACCCACTCATCCATCACACATCGTCGCGATCTCGTTTTTTTTTTTTTAACACTT
TCGTTTGCCTTGGGCGGATCGCGAATATACAATAGCAATTGAGAAACCCCAAAGACAACTCAAGACACTTGTTTAGCAATGAACGTAGAAAGGTA
GTGCCAATGAGCAGCAGGGAAATATACATAATGTAAATCAGCTGGATAACCATCCTTACAATGCTACTTATAAAATGTGATGATGTGAAGGAATT
TACATGCACCATCTTATGCTCATTTTAATATTTACACTGTTCCAAGTAAAATGTTTCCAAATTAAAGAAATCAATGTAAAGTTCTCGTATAAAAC
TGATTTAAACTAGAGTTTATAGGACTACGACGAACCCAGTTCGGAACTGGGTGACCCGCAAGCCCACATCCCATGCCTGGCTAAACTCTCGGGTA
TATAACAACGAAGGTTTCTGCACTTTACAGATGCTGATAATAGAGCCACAGAGCATCTTGTCTCCGTATCCGTTTCTGAGCCCGCTCCAAACTCC
GCTCCAGCCTCCGTCTCCGCTTCAGTCTCCGCCTCAACTTTCGTAACCGTCTCAGATCCCAAATGTCGTAGCGCCAGGACCTCGGGCAACGGCGG
CTGCTGGCCGTGGCCGAAGTTCCGTACGGTCCTTGGTGCTCAGTTTCGCCGGCTGACCAGGCGCATCAGGTGGGTGCAGCCATCAGCTAGCAGCA
GCCCCTTCCAATGCCCCGTTTACCGATCCCCGATTCACCTGCTCTTCTATATACATACGCTATGTCACAGCTCTCAACGAACCAAAAGCTAAACC
CAAGCCACCGAGTTCTCCAAATAGCAAACCATCGTGCTACGGTCTTTTCTGGCTGAAAGGCTTTCAATTTCGCCTCACGCATATTTGCAGATTAC
CCAAGTTTAGGGAGGGGTATTATCTTGCCACAGTCGCCACAACAGCAGTCAACGCAGCAGCAGGAGCAGCCAGAACCTGCAATAGCCACATCGGC
AACAGTGGCAGGATTAGCAGTGGCAATGGCAACCGAAGTGGAAATCGAGCCACCACTACCAGCACCACCAGTCACAGTCGCCAAGCGCCCGCAGC
TCCCGGCGAAGCCAGCACAGCAGCAACAACAGGCGGCGCGTAGGGCCAGGCCATCGGTGCTGCTTAAGCCGCAGTACGCCTGCTTCCTTCAG
CACGACGATGATGCACCCAAATCCCAGCCAACTGCTGCTGGACGACCGCGCAAGGCAGCCTCGTTTTCATTGGGCAATCAACGGCAATCGAAGGA
GCAGCAGCAACATCATCATCATTACCAGCCACAGCATCAGCAGAGTAAATATGAACGCAACGATTGCAGTAGGAGTCGGGGCAGTTGCGAGAGTC
CAGCTCCAGAACACCAGCAGCGACGTCGTCGGCCTAGTCTGCCGTCGTCGCTGGCTTTGTCCAATGCCAGCTCGGCCCTGCTCCAGGCACGCATT

FIGURE SHEET 76

CCAGGCACCACGCTCTACTATGTCTGATGGCCACCCGATATGAAAAGCATTAGACTCCAAACTCCAGATAACCAGATATCCAGATAACCAGATAC
TCCAACTCCGAACCGATTTGAAACCGCCAGCGAAACGTAGGCATTGCCCAAGCTTTACTATATGTTTACAACTAGGCTAAAGAACACCCATCATC
CCTTGGATACCTCTTGGTGACCCCGTTCCGCTCCCAAAAAAAAAAAAAAAACAAAAATATATATTGGTTTGATGGCCGCTAAACTGTAAAGTGTAA
CCCTGTGCATATCCGACTCACTCCAAAACAAATAACTCAATGCGGAAACCAGGAACACCAAACCCGAACACACCAATCACAACACACACAAGAAA
ACAAACACTGGGGCAACCGGACACTCGAAACACACGTTTAATCGATTCATAGATGCGATTCACGATGCTTCCCGATGTCGATGCACTGCCGCCGT
TAATCGTTTATGCGATGCTCTGGATAACAATCAACAGTAATTCGCGAATTAGCGAGCGAAGAATACGCGAAGGATGATGGATTTTAGAACTAACC
TAAATGATGGATAATGCTGGTGTCCCCATGTTTCACTAAAACCAAACCATGTTCCTATGACTGCTGCTTGATAATGCCCTGCTCCCCCGTCTGTA
TTCATTATCCACAACCTTAGGTATAAGATGCTCCATAGTCTTTAGCAACCATTATATGATAGTTTACCTAGTAAATCGTATGCCAATCATCAGAT
TGAACTGTACTATGCCCACCCAGCCCATGTGGAAGTTAAAGATTATTGTAGAAAACTATTTAGGTCACCTATAAATGTTGGCAACGCCTAAGAAT
TAAGCTAACTACTCAGCTAGAGATCGCAGAAACCGAAACAATTGCGATAATTGATAACTAAGTGTTCATGGCAAATTTTGGGGTGTAACTAAACG
TTTAATAAACGAAAAGTAAAGCAACTAAAGCTGCAGACAAATCAAAGAACCTTTATGTAGCGGCTAATTTCGACATGTGTTCGGTGTAAACCAAA
CAAAAACGAATCACAGAACACTAGTTAGTGACTATTTTCATTTCAGTTACGTACTTAAGTATATATATTTGTGCACCCGTGTGAGTTGGCGTTAG
TTATGTGTTATGTGCTTATGTATGTTTGCTTTGTTTGGCTCAGTTCGGTTTGGTATGCAGTTGTGGGGCATGTATTGAATTGCAATTTGCGATTT
GAAATTGTAGCCATGTAGTTACGCTAACCTACCTTCTCGCCCCCGCTGTTTCACGCCACCCAAATGGTTTTTCATTTCAACAACAACCTTTTGTT
AAAGTCACCGCTGTCGCTTTGTTTGTTTGCTATTTGTTTACTTCTATTTCTATTTTTTGTTCATACCAATTTCTTTTTGCAGATATTATTTAAAT
GTAACAGAATACATAAGCAAAGCGTTGAAATAATATCTATTGTATACCAAAACCAAAAATATCTATGATAACAAACAAGCAAAGGCAATTAAACC
GATCCGTAAACTGAATAACCGATTAATAACTGCAGCCGCTCAACCCGAACCGCAATAAATAACTATCAAGTAAAGAATAGAACAACTTAACAATG
AAAAATGCAATATTCAATATGCGAAATGACAAATGCCTAATGCCAAATGCCAATCCAAATAACCCAATAACCGATTCAAGTGCGAGAACAGAAAT
GCCACACCTCTAACCCAGTGCACTTGCTCTGTCTGCTCCGCTGGGCAATCAAACTAATCGCCAATTCATATTATTATTAAGGTAACTAACCCAGA
TTAGAACAGACACTCGAACACACGCACACACCAGCCACCAACACCACTTGGCACATCCTAGTCATATCATCAACTTCCATCGCTCATCTCCACTT
CCATTTCTTTATCCACTGGTCATGTTTCGTTTTCATTTGCTTGAAAAGATCCAGGCGAGATCCTCCTTTATCCACAACACCGTCACCTCATCTCG
ATTATATATACATATAAATATATATATATATGTTCTGAAATATATATTTCCCAACTCGGAGCCACCTTATTTATCATTGTACTAACCCCAAATCC
TTGGAAGGATTTAAACCCACTTGAAATAAAGATATACAGTCGATTAATCTCGTTCTACACATAATTGCAGGCTCCACGGCTCTGGGCTTCTACAC
GCCCATGAAGGGCACGGCGATGGACAACCTATTCCAGCTGGGTGTCACCCGATACGCCCTGCCCGAGAGCAGCAGCAGTGGGAGCAGCAATGGCA
GCCACAGTCCAGGCAGCAACGGGAGCAGTCCAGCCGGAGCTGCGGGCAGCCGGTTGATGTTCAACGGGAATGGCAGCATTATGGGCATCGGCGAG
GGACTGATCAAGGAGGGCGACTTGGCGGCAACGGAAGCAGGACCTGGAACTGCAGATGGAGCAGGTGCCTCCAAGAAGGGTTCAGCTGTGGACGA
GGATGATTACCATCTGACGGCGACGCCGGGCGCCGAAGTTGTGTACAGCGAGGGTACACAGAAAACGGATTTGCTATATTAGGTCGTCCTGCCAG
CCAAAAAACCGGAGCGTCTAGCTCTTTTTCTACCGGTTTCCACCAAACTCCAAACCTTCCGAGCATAACAACCTACCACATCCTGATCGTTCCCC
TAATTGAAAAGCGTGCACTTAGGTGAAATATCAACTTCGGTTAGACGCGAAAACAGTAACGAAGGAAAGAAAAATAAAAACAACAAGGCAACGTA
AACCAAGTATGGCAAGAAATCCATAAAGATACGTATATAAATAGATATTATTTGTAAGTTTGTAAGCCTAGAGATCCGATGTGTATGTGTACAAC
AGCAAGCGTGTGTGTCTGTCTTCTTTATAAATATATATATATGGTTTTTTTTTTTGATAAATTAATAATTATATTATTGTAATGTATCTACATA
CGGCACTGAATGAACAACTTTGCTGCTGCAATTGTATTTGTATTTGTATTGTGTATTCCATTTACGGCATTTTGATAGTAAATATACAACAACAA
CAAATCAACGTATTTCCGACTGCATCCCGAAGGTTACTGAAACCTTAATCCACGAAGTACGCGACGAGCGGTTAGTCCCGCCCGAGTATTAACTT
AATGGATTCTAACGATCCGATCTTGTGACCCATCATCATCCCTTTTCGCGACCCTTCCAAAACGAAAATGAAGAACATTCTAAGCTCCGCTTGCC
CATTCAGCGGAAGAAAGCAAAGGAAAATGTAACATTTGCCTCATAATTATTATATACATTTAGCGCTTATTGAATATTTTTTACAATTGTATTCC
GTAAATAAATATAAAATACATCAACATCTAGTCGCGTGTTTTAAGTTAAAGGAAGTTAAGGCCAAAGCAAAATGTTAGCAACAGTTTTTGTTAAA
AGTTAACATATATAATAATGGTAATTTAAATATTCAAATCTATGAAGTGACTTATTTTATAAGTCCACTTATGTTTGTTATATTTAATTGGTATT
TAGAAAAGGATTCATTTTAAATTAACACCGTTGAGGGTTCAATTTTGGTAGTGCGTCTTTGCTAACCATGCCGAGTGGGATCAAGTCCTTGCTAA
GTTAGGATGTTGTCTTAGCTAACTGTGCCATCCCTGGTCGGGGTGTGTCTTAGCTAACAATTACGTGTCGATAGATATAATGCTATCGATATGAC
AGAGTGTCGGGAACAATCGATAGCATTACTTCGATATCGGTACTAGTGCCACCTCCAGTTTTGTGATTGTGTCAAAAATACAGGGTTTTATTGTT
GCACTAGCAATTTAATCCGAGGAATATAAATTTTGTGTGGAGTTATGTTCGAGACGTCGTTGCCAGCGATTCAAGAGGCGAGCGGTCACACGTGT
ATGTGTTTCACTGGCGGTGCGGGCGCCAACTCCGCCAAAAAGCGTACTACTTTTAACCTTAGTTGACATTGAAATGTACCCGCTTAGTTGGATGT
CCACGATGGTGCGTGTGTGTGCGTATATGTGTGCTATGCGGCGTCTGTGTGCGCGAGTGTGTGTGTGGGATTGCAAAGGAGGATGGGAGAAACGA
GAGCAGAGCAAAAACAAAAACAAAAGGAACCTGCTGCACATAGTCGGTGCATGCGAGCGTGCTTATGTGTGTGTGCGTGCGTGCTAGCAAAACAA
CTGCAAGAAATCAGCAACAGTAGTAGAAGAAGAGAAGCTGTATCACTGATAAGGAGGCTAAACAACAACAAAAACAGCAACGATAATGTGCACCC
TTTCGAAATGCAAACAAAACAAAGCGTTGTAGTTGTGTAATCATTCGTTGTG
(SEQ ID NO: 160)

Exon: 1001..1298
Exon: 2853..3123
Exon: 3727..6263
Exon: 9471..9644
Exon: 11210..11552
Exon: 14808..15186
Exon: 15556..16722
Start ATG: 2862

Transcript No. : CT5502
TGTATTGGAAACGCGGCTTAACTTAATGCAGATTTTTCCGCTGATTCGGCTGCGAAAGATGCACTTTTAAGGCGCAGCGAGTGCACCCACGCCCC
GAGTTCGAGTGCAGTTGCAGTCGGGAAAGCTTGACAAGTGCGCGGAGCAAGGAGAGCGACGAGTTCGTTGAGCTACAGCGAAACGGAAAAGTGTA
AAAGCGGGGTAAACAGGCGCAGCGGAGCGGATGATAAACGGAACTCGGGATCGGAAAATTGGAAGCAAAACCAACCACCGATTATAAAAAATAGT
CAGCATCTTAAAAACGGGGATAATGGAGTCACAGAAGCGGCCTTCGTTGGACTTACACACGGATGTGCCAGCAGGATTAGCAGCTGGAGGATCTG
GCCTGGGAGCTGCAGCTGAGATGTCGCCCACTTCCGGTTTCCTGCCGGACATGCCGCAGTGGAAGAAGGACCTCATCCAGCGCCGGAAAACGAAC
GTGGCCCGCACCCAGGCGGCGTCCATCACCTCGCCCACCGATGGCAGTTGTGGGGCTTTGGCAGAAGCCAACGCAGCTCCAGGTGCAATTGCAGA
TTTCACAGAACCGGCGACAATCAGTAGCACTAGTCAAAAGAGAAACATGATCGGTTCAGAGGAAAAGTCTGAGAAATCTTCTATTTCCAATACCA
ATTCCGATTCCACTGGAGGTCATCACTCTGTTGTTGCCGTCTCCCTTTCGCCCGATGCGGCAGCAACAACAAATGTAACAGTAACACCAATACCA
AAGCAGCGATCGAGTTTACTCAACACAAGAAGTCAGGAGAGGGAGATGGTGCGATATATTCTAAGCGAGAGTGGAGAACGGGATGGAGAGCTTGA
GAGCGGCGAACAGCCGGCTGGTGTGGTGAGTAACAGCCGGTGCGGTGAAGTTGAAACTGGCACAATTGGATCGCCGTCGTCGTCAGCAAATCAAA
ATCCAAACCCAAATCATTTAAAAACGAAATGCAAACCGGGACAGAGCGTTGCTGAGGGCAAGCCTTCAGCTAAAGAGACCATCGTCGATAACAGC
AAAAGCTGCAGCAAAACCAAGAGTATTTCCGATAAATTGCAGAGCAACAAGTTTATAATTCAACAGCAGCAGCAACAACAACAACAACAGCAGCA
ACAACAGCAACTGTCGCCCACAAAGGTAACGGTAAAACCGACAATGGTCGCCATGCAAGAGATGAAGAAGACAACCAAACAAAATGGCCAGCACC

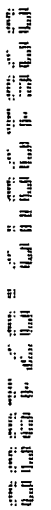
GACATCTAGCGGGCAAAATTGGCAGCGTAGCAGGAGGCGATGTGGATCCACAACATCCACCGACGAATCCCATACCAGATTCATTGGACACCGGT
GAGGATCTGAGCTACGGACCCGGAATTGTGTCCAAGCTGCGATGCCGCTACTTGAGCCTGGCCCTTCGCGAGTCCCGCCAGCAGAGCAGCAAACA
ACGCCTCCAACGCTCCACCAGTCTGAACACCCTGCTCGACCGCGACGATGACGAGGTGGAAGTGGAGGAGCCCGAAATGACCAACAGCCAGGTGC
GTGCCAAATCAACACCGCCACCGATATTGGGGGCAAAACCGACACCGAAACCCAGCAGCCAGCATCAGCGTCCCGTCAGTCTGGGCGCCAATGGA
GCTGGATCAGCTGTTAACCCGCCCTCGAACTCGGATCAGGCCCAAACGGGCGCCGTTGCCAACGGAGGCGCAGGATCTGGCCAACGTTCGCGTCA
CTTTAAGCGCGGCAACGAGGTGATGAAGCGGGCACGTTCCGTGGAGGCTCTGCTCTGCGAGAAATCGCCATGGAACAGCCAGAGAATCAGCACTG
CCGGCGCAGCTGCAGCAGCAGCACCTTCACCACCTGCTCCCAAGGCCACAGCCGCTGCTCCCTCACCTGTTACATCGCCCACCTGCGTTACCATC
GAGGACAAGATCCACAATGCCCGCGAACGACTGCACAGCGGGACGGATACGGCGCCACCCAAGCGTCTGACCTCCATCATCGATGACACCGAGCG
GCCGCCACCGGATCTGGTCAAGCAGACGCTCAAGATGTTTGAGGCGAGTGCTAATCGACGACCGCGCGCAGCCCATCGTTCCAATGGTGTTGGCG
GAGTGGCCAGCAAGGTGGCCAACTACAAATCGATCATTAAGGATCAGAAGCAACCATCATCAGCAGCGGCGACGCCACCGCCGACCGGCATGGGT
TTTGCCTCCTCAACGCCGCTAAGGCATGTCCATCCGGATATTATACCCCGTCAGGTGGATTCGCCCGTATCGGCGTTGAGTGTAATGATGCGTCG
CATGGAGCTGCAGGAGCCCGAGACGCCGGAAAGGGAGACACGGGACGCGGAGGCCACACCGCAGAGCGAGGCGCTAAGTGAGACTGAGCGAAATG
ATCGCGATGAAGGCGATGGCGAAGTCGATGACGACAACCACAACAACAACGACGACGATCACGACGACGGCGACGACGGCAGCGACAACAATGAG
CAACGCGATAAAATGGGCGCGGCGGCGGCAGGCGATAAGCCTAAGCCCCCAGCGGAATCGGCAGCGGGAGGCGCCCAACGATCATTCGCTGCCTC
GACGGAGAACGCGCATGTAGCCAGCGGTAGTAGCAGCAGTACCAGTGCCAGTGTACGGAAGCTCAGCAACAACAACGACTCCAGCAGCGGACCAG
CGGTGACCAAACAGATCGGTGTCATCCGTCCGCTATTCAATAGCCAGGGAGCCGGGAGCACGCCGCTAACGAGTCGCGAGATCGAAAAGAATCGC
ATCAATGAGATGAAGAAGTCGACGGCCACAGATGCCGGTGGTTCGGTATCCGGATCCGGAACGGTTGCTGGTGCTGGATCAGGAACCTCGCCCAC
CACTAGTCTCGACAGCGTGATAAACACCAAGGAAGCGGCCAGCAGCGAAACGGATGCCAGTGCCTCGCCACTGTGGACATTGCGCAAGCTGAGGA
ATCAGAGCCAGACGGCCGGCGGAGGATCGGGTCCCAGTTCGAGCCTTCATTCCACAGAGAACACCTCGATGGTGTTCAACTTTTCCAAGAGCACC
AAGGAAGTGCCCGACTACATCGAAAGCGACGTTGTGATTTACAGGCGCAAGCGGGAGCTGCCAAAGCCAAATGAACCTGGCTTCGTGCTCCTGGG
CGATCTCTCCGTGGAGACGTCGACGGACACGGACTACGACGACTACTCCATGTGCCCGCCATCGCCGTGCGATGTGGAGTTTGAGAATGCCAACA
TTGTGATCGACGGCAAGTCCAGCATACGCCAGAAACCCAAAGAGTCTTCGTTCCGCGTGCAGTTCAACGACACGCTGACGTCGACGTTTGAATAC
CCCTCCGAGGCATCGATGACCATCGAGGATCCGCCGTACGCCGATCCCTTTGGCCATGTGAGCAAACACCATCAGATGCTGCTCGCCGAGCAGAT
GCATCTGTTGCAGCACCAGGAGCAGCTGGAGCTGGAGCAGATGCACCAGCTGGGGCTGGCGCCGGAGCAGCACCATCATGTGACCGTCGACGAGA
TCATCGAGCTGCCCACATCGACGGCGGGACATGGACATGGCATCGGACTTGGACACAGGTCGGGGGCGGCGGGGGGCGGTGGCACGATGCTGGGG
AATTTACCGTTGGATATTATTTAAATGTAACAGAATACATAAGCAAAGCGTTGAAATAATATCTATTGTATACCAAAACCAAAAATATCTATGAT
AACAAACAAGCAAAGGCAATTAAACCGATCCGTAAACTGAATAACCGATTAATAACTGCAGCCGCTCAACCCGAACCGCAATAAATAACTATCAA
GTAAAGAATAGAACAACTTAACAATGAAAAATGCAATATTCAATATGCGAAATGACAAATGCCTAATGCCAAATGCCAATCCAAATAACCCAATA
ACCGATTCAAGTGCGAGAACAGAAATGCCACACCTCTAACCCAGTGCACTTGCTCTGTCTGCTCCGCTGGGCAATCAAACTAATCGCCAATTCAT
ATTATTATTAAGGCTCCACGGCTCTGGGCTTCTACACGCCCATGAAGGGCACGGCGATGGACAACCTATTCCAGCTGGGTGTCACCCGATACGCC
CTGCCCGAGAGCAGCAGCAGTGGGAGCAGCAATGGCAGCCACAGTCCAGGCAGCAACGGGAGCAGTCCAGCCGGAGCTGCGGGCAGCCGGTTGAT
GTTCAACGGGAATGGCAGCATTATGGGCATCGGCGAGGGACTGATCAAGGAGGGCGACTTGGCGGCAACGGAAGCAGGACCTGGAACTGCAGATG
GAGCAGGTGCCTCCAAGAAGGGTTCAGCTGTGGACGAGGATGATTACCATCTGACGGCGACGCCGGGCGCCGAAGTTGTGTACAGCGAGGGTACA
CAGAAAACGGATTTGCTATATTAGGTCGTCCTGCCAGCCAAAAAACCGGAGCGTCTAGCTCTTTTTCTACCGGTTTCCACCAAACTCCAAACCTT
CCGAGCATAACAACCTACCACATCCTGATCGTTCCCCTAATTGAAAAGCGTGCACTTAGGTGAAATATCAACTTCGGTTAGACGCGAAAACAGTA
ACGAAGGAAAGAAAAATAAAAACAACAAGGCAACGTAAACCAAGTATGGCAAGAAATCCATAAAGATACGTATATAAATAGATATTATTTGTAAG
TTTGTAAGCCTAGAGATCCGATGTGTATGTGTACAACAGCAAGCGTGTGTGTCTGTCTTCTTTATAAATATATATATATGGTTTTTTTTTTTGA
TAAATTAATAATTATATTATTGTAATGTATCTACATACGGCACTGAATGAACAACTTTGCTGCTGCAATTGTATTTGTATTGTGTATTC
CATTTACGGCATTTTGATAGTAAATATACAACAACAACAAATCAACGTATTTCCGACTGCATCCCGAAGGTTACTGAAACCTTAATCCACGAAGT
ACGCGACGAGCGGTTAGTCCCGCCCGAGTATTAACTTAATGGATTCTAACGATCCGATCTTGTGACCCATCATCATCCCTTTTCGCGACCCTTCC
AAAACGAAAATGAAGAACATTCTAAGCTCCGCTTGCCCATTCAGCGGAAGAAAGCAAAGGAAAATGTAACATTTGCCTCATAATTATTATATACA
TTTAGCGCTTATTGAATATTTTTTACAATTGTATTCCGT
(SEQ ID NO: 161)

Start ATG: 308

MESQKRPSLDLHTDVPAGLAAGGSGLGAAAEMSPTSGFLPDMPQWKKDLIQRRKTNVARTQAASITSPTDGSCGALAEANAAPGAIADFTEPATI
SSTSQKRNMIGSEEKSEKSSISNTNSDSTGGHHSVVAVSLSPDAAATTNVTVTPIPKQRSSLLNTRSQEREMVRYILSESGERDGELESGEQPAG
VVSNSRCGEVETGTIGSPSSSANQNPNPNHLKTKCKPGQSVAEGKPSAKETIVDNSKSCSKTKSISDKLQSNKFIIQQQQQQQQQQQQQQQLSPT
KVTVKPTMVAMQEMKKTTKQNGQHRHLAGKIGSVAGGDVDPQHPPTNPIPDSLDTGEDLSYGPGIVSKLRCRYLSLALRESRQQSSKQRLQRSTS
LNTLLDRDDDEVEVEEPEMTNSQVRAKSTPPPILGAKPTPKPSSQHQRPVSLGANGAGSAVNPPSNSDQAQTGAVANGGAGSGQRSRHFKRGNEV
MKRARSVEALLCEKSPWNSQRISTAGAAAAAAPSPPAPKATAAAPSPVTSPTCVTIEDKIHNARERLHSGTDTAPPKRLTSIIDDTERPPPDLVK
QTLKMFEASANRRPRAAHRSNGVGGVASKVANYKSIIKDQKQPSSAAATPPPTGMGFASSTPLRHVHPDIIPRQVDSPVSALSVMMRRMELQEPE
TPERETRDAEATPQSEALSETERNDRDEGDGEVDDDNHNNNDDDHDDGDDGSDNNEQRDKMGAAAAGDKPKPPAESAAGGAQRSFAASTENAHVA
SGSSSSTSASVRKLSNNNDSSSGPAVTKQIGVIRPLFNSQGAGSTPLTSREIEKNRINEMKKSTATDAGGSVSGSGTVAGAGSGTSPTTSLDSVI
NTKEAASSETDASASPLWTLRKLRNQSQTAGGGSGPSSSLHSTENTSMVFNFSKSTKEVPDYIESDVVIYRRKRELPKPNEPGFVLLGDLSVETS
TDTDYDDYSMCPPSPCDVEFENANIVIDGKSSIRQKPKESSFRVQFNDTLTSTFEYPSEASMTIEDPPYADPFGHVSKHHQMLLAEQMHLLQHQE
QLELEQMHQLGLAPEQHHHVTVDEIIELPTSTAGHGHGIGLGHRSGAAGGGGTMLGNLPLDII*
(SEQ ID NO: 162)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: bif
FlyBase ID: FBgn0014133

Celera Sequence No. : 142000013384767
GATATTATTTGTAAGTTTGTAAGCCTAGAGATCCGATGTGTATGTGTACAACAGCAAGCGTGTGTGTCTGTCTTCTTTATAAATATATATATATG
GTTTTTTTTTTTTGATAAATTAATAATTATATTATTGTAATGTATCTACATACGGCACTGAATGAACAACTTTGCTGCTGCAATTGTATTTGTAT
TTGTATTGTGTATTCCATTTACGGCATTTTGATAGTAAATATACAACAACAACAAATCAACGTATTTCCGACTGCATCCCGAAGGTTACTGAAAC
CTTAATCCACGAAGTACGCGACGAGCGGTTAGTCCCGCCCGAGTATTAACTTAATGGATTCTAACGATCCGATCTTGTGACCCATCATCATCCCT
TTTCGCGACCCTTCCAAAACGAAAATGAAGAACATTCTAAGCTCCGCTTGCCCATTCAGCGGAAGAAAGCAAAGGAAAATGTAACATTTGCCTCA



TAATTATTATATACATTTAGCGCTTATTGAATATTTTTTACAATTGTATTCCGTAAATAAATATAAAATACATCAACATCTAGTCGCGTGTTTTA
AGTTAAAGGAAGTTAAGGCCAAAGCAAAATGTTAGCAACAGTTTTTGTTAAAAGTTAACATATATAATAATGGTAATTTAAATATTCAAATCTAT
GAAGTGACTTATTTTATAAGTCCACTTATGTTTGTTATATTTAATTGGTATTTAGAAAAGGATTCATTTTAAATTAACACCGTTGAGGGTTCAAT
TTTGGTAGTGCGTCTTTGCTAACCATGCCGAGTGGGATCAAGTCCTTGCTAAGTTAGGATGTTGTCTTAGCTAACTGTGCCATCCCTGGTCGGGG
TGTGTCTTAGCTAACAATTACGTGTCGATAGATATAATGCTATCGATATGACAGAGTGTCGGGAACAATCGATAGCATTACTTCGATATCGGTAC
TAGTGCCACCTCCAGTTTTGTGATTGTGTCAAAAATACAGGGTTTTATTGTTGCACTAGCAATTTAATCCGAGGAATATAAATTTTGTGTGGAGT
TATGTTCGAGACGTCGTTGCCAGCGATTCAAGAGGCGAGCGGTCACACGTGTATGTGTTTCACTGGCGGTGCGGGCGCCAACTCCGCCAAAAAGC
GTACTACTTTTAACCTTAGTTGACATTGAAATGTACCCGCTTAGTTGGATGTCCACGATGGTGCGTGTGTGTGCGTATATGTGTGCTATGCGGCG
TCTGTGTGCGCGAGTGTGTGTGTGGGATTGCAAAGGAGGATGGGAGAAACGAGAGCAGAGCAAAAACAAAAACAAAAGGAACCTGCTGCACATAG
TCGGTGCATGCGAGCGTGCTTATGTGTGTGTGCGTGCGTGCTAGCAAAACAACTGCAAGAAATCAGCAACAGTAGTAGAAGAAGAGAAGCTGTAT
CACTGATAAGGAGGCTAAACAACAACAAAAACAGCAACGATAATGTGCACCCTTTCGAAATGCAAACAAAACAAAGCGTTGTAGTTGTGTAATCA
TTCGTTGTGAACACACCACACACACACACACACACACAACACTTGTTTAATAATACATTTTAATTCTATTATTTTTGATTTAATTTTTGCCTGTTAT
TCAAATCGATCTGTGTTTTTGCAGTTGGCATTCGTTATTAATTAAATCAGCCGCCAACAGCTGAGCGAGAGAGCAATCGAGAGCGACAGGAGAGG
ATCCACTTCCAATCGAATCGGGTGGAATCGAATAGCAGGGGCTTGGTAATTAAAAGGAAGACCGAACTGAACTGAACTAAACTGAAACGGAACGA
AGCGAAGCGAAGCGCGGCGAGGCGGCAAGAAACGAAAAGAAAAGAACGAAAGTCGGCAGAGTCGGAAAGTCGGCAAGTCTGATTGTCGGCAAAGT
CGCAAAGTCGGAGAGTCACAGTCTCAATCGCAGTCGGCGAGAGATTCCACTCGTGTCGCACGTCCGTTCGTTTCCACATTGTCGTTATAAAAATA
GCAACGCCTTAAACGATCGCATCAACCTCATCAACAGAACACCACCAGAAATCACCGCCCCCTCCTACGCCTCAATCGCCATCGCCACCGCATCC
CATCCCCATCATCTTCATTAGCAGGCAGCCTGACAGAGTAACTAACTGATCTTGATTGCGACCATAATCACCGTCATCATCATGTAATCCTTCAC
TAACCAATTGATTTCCGCTCGTCCACCAAATAGATTCCAAACTGCCGTTTCGGCAGCCGGCAAGATTTCACGAAATCTAATGGCCAAGGACGAGG
AGGATGATCTGCTGCCCGACAAGGATGCGGCCAAGGGCTTCTATGCCAAATACGAGCCCAAGGAGATTCTGGGCAGGTAAGAATCGAACTACACT
TGCCGTGATCTCAAACCTCTTATTAAATCCTTTTAAATTCAGTTGAAGTATTATTGATCCTGCACTTAACCATTCAAATACGTTTCTTTCTATTT
ACTTTGCGTAGTTAATTTTGCAAATTTAAGATCATAGAAACATTGATACTTGTATCCTCAGAAATCACTAGAACGTCCAAATATTGATTGTTTCT
GCTTTCCCAACCTCTTACTGCCAAGTCTGCAGTAATGCAGTTTGGGCTAAATGGTGCCAAGTGAGTCAGCCTCATCAAGCTTCCATGGCATGGAG
CAATGGCATGGGCTGCTTTTCAAGCGGCGCCTGTCTGCCGGCCTACTCACGCCACAACGAAGATCAGAATTTGCCAAGCAAATAGCAGAGACTAA
GCGAAAACAAGGGCTAATTACATATTACAATTCTAGGGATTAGAGATTAGATAAATACCCGATCATGGCAATGTCAAGTGCAGCAGAAGCAGAGC
TCTTTATCTACATGCAATGTTTGTCTTACAGGGGCATCAGTTCGACCGTGAGGCGATGTATCGAAAAGGAGACGGGCAAGGAGTTTGCCGCCAAG
ATCATCGACTTGGGCGCCACCACAGAGTCAGGCGAGACGAATCCATATCACATGCTGGAAGCAACCAGACAAGAAATCTCAATACTGCGCCAGGT
CATGGGGCATCCCTACATAAGTTAGTCTCACATAGCACCCACATGTACTTAATTCCACCACTAACCATCTACATTATCGTGCACAGTTGATCTGC
AGGATGTGTTCGAGTCAGATGCATTTGTTTTCCTCGTCTTCGAGCTGTGTCCCAAAGGTGAACTCTTCGACTATCTGACCTCTGTGGTGACGCTA
TCCGAGAAGAAGACGCGCACCATTATGCGACAAATCTTTGAGGGCGTCGAGTACATACACGCGAAGAGCATTGTCCATCGGGATCTTAAGCCCGA
GAATATCTTGCTGGACGAGAACCACAACGTTAAGATCACGGATTTTGGCTTCGCCAAGCAGTTGCAAGAGGGCGAGAAACTTACAAGTAATTATA
ACACAGCATCCTTCTGTATTCGCTAAGCTAAACTATATGTACTTTCCCCCTATTAGATCTGTGCGGAACGCCGGGTTATTTGGCTCCCGAAACGC
TCAAGTGCAACATGTTCGAGGGATCCCCCGGCTACTCGCAGGAAGTCGACATGTAAGAGCGAATAAACTAGCCACTTATTATTACACCTTTTTTT
GGCTCACTTAAATTATAGAAGCAATTTAAGCACAAAAAGTATCACATTTATTGTAATACGAATTGTCTGCTCAAATTACTAAATTGCTTATGTTA
ACAGCTAATTTTATTATTAAAAATTTTTGCTTACATAAAAAAAGAAAGGTCTAAACTTTTGTATCGATATTAGACCCGTTTTCCTTTTTTTTTTG
TTTTATAGACGCAAATTTTGCTGATACATTTCATTAACTAGTGTTCCTCGTGTCAGGCGATTTGTTTTGATCTTTAGGTGTGCATTTTAATGAAT
GAGTCAGAAGCAGAAAGGCATAATAATCTGAAATCTGAGTAGTTCCGATACCGACGTCTATATTTCTTCGGTTCAGCAAAACGTAGGGCTTTTTG
TATTTTTGAGTTCTTTAACGTTTCCCACTGGTATCTACGTTACTTGGTTTCAGCAGAAATTTTTAATAGGAAAAATTGACACCTTTTACCCATTT
CTTTTTCGATTTCTTTTTGTTGTTCGGAGATGGGCCTGTGGCGTGATTATGTTTACGCTGCTCGTCGGTTGTCCACCTTTCTGGCACCGCAAGCA
GATGGTCATGCTGCGGAATATCATGGAGGGCAAGTACAGCTTCACCTCGCCGGAGTGGGCTGATATTTCAGGTTGGTCAAATTGATATGCACATG
CCAAACGTATGCTTATTTACTTGGTTTCGATTGATTGCAGAGGATCCCAAGGATCTGATACGCAAATGTCTAGTCGTTGATCCTTCGCAACGTAT
AACCGTCAAGGAAGTATTAAGACATCCATTCTTCAACCAAATGGTAAGTGCCGGAATTGTTGGCAGCCGCCGGGCTCCAATTACCACGACCACCA
CCACCACCACTACTACAACCGCCTGTACAAGAGGAAAATCAGTCAAATTAGTTCAATTAGTCGCCAAGAATGAGGTCCGCCTACGAGTCGTCTTT
TGTGCTCGGGCAGCAGTCTATAGTTTTCGGGTTCCTGTTCTTGTACATAGATACTAGATCTCTAGTTGATGGGTTTAACCTCGGGTGGGTTAATC
TTCTACACAACCAATCCACCAAAACAACCAAACACCTGGCCCTGCAAATGTTTCTAAACACAACGTACATCTAAGAACACACACTCTGATGGAAA
GAACACCCACCTGTGACTCACAAACCAACCACTCACAACAGCCTATTAACAGCTTCTTCTTACTGTTACCTCCTAAAAATACGATTATGATTTAT
AATTCGGTTAGGGTAGCAGCCTAACCCCCCGTAGTTTAGTTCAATTGTCAGATTTATAGCCTGACAGGATCAGTCATTAGTTTGGATCCCCCGCC
CCCCTTAAAAAGAAAAAGAAAGGAAAACCCTTCGGAACCTCTTGCGTTTTGTTAACTTTTTATTTCTATGATTACTATTTATTATACCAAACATT
TTCTTTCTTCTTTTCCTTACATATAAACTATATATCAAATCGAATCCAATTAATTTTAAACGAACCCAAACGAACGATAACGAACACACACTACC
ATCGATAGCTGTTCGAGCAAAACATTGATGGCCTCAAGCGCAGCCTGTCGACCAAGTCCCGACGAATGAGTCGCATCACTGAGATCGCACTGGTA
ACGAACCGTTCCCGGACTAACCCAAGCTCTCTCTATCTCTTAATCTCTCTGTGCTGTGTGTCTCCGTGTTCATATATTGATATCGGAGCCGTAAT
CGTAATCGCTCTAATAACGATTATCCCGATAATCCTGATAATCCCGATAATAAAATCAAGCAATCGGGCCGGCAGACCCAACTCATGACCATATG
CAACCCTGCCGGCCCAGCATTCGTGTGTCTGTTTTCCGTTGCATTCTGTTCTGTTTCGTTCTGTGCCGATCTAATATAACCCAGCTAAACTGTAC
ATCATAGTGCATATCAATTGTATACTATACATACTTATTTATTTAAAATCCGTTCAGGTCATCTGTGCCAAGCATAATAACTTTTAACCGGCCGG
CAATAGCCAGCGAAAAACGAAACAAAAAACGAATACGTACCCGATCTGCTTCGTTTTTGTTTGCATCTGATTTGATTTGCTTGTCGACTGATCGAT
GCACCACAATGATAACAAAAAAAGAATATATATATATACATATATATAACCCTTCTCTATAATCCCATTCCTTGTTGTACTCGATGTTTTTTTGT
CGATTTTGTGTGTTTTTTGTACAAATCAACCGATTGCCTCGATAACTAAAAACGATAACACACGTCTGCAGCTCTGCGCTCGCCATTTGAATCAT
AATCTGTTAAGTTAATAACTGTGTCTGCATGCCAACCAACCAAAAAAAAAGCAAAACAAAAATCCAGCAGGGTTTCCCTTATCCCAACCTCCAAA
GAAAACCCCACAATTCCTATTTTGAGTCACTGCATGCAAGCGTGCATTAACCATTCAGTCAGCGAGAAGAAGATTTGGCGATAGTAG
ATAGTAGAATTCACAGAATAGATACAATACCCCATCAAGGTGCATATAAGTATGAAACACGAAGGTATATATTATTGGTAGTCCACTAGGATGTT
GTACACTTCCCACAGATCAAATAAGTAGACTGTAAGTTGAAGTCATTTTAGGTATTATATTCATATACGTATAAGAACGTCCTGTGCTTCACCCA
ACCCAATTTTTAATTTAACCTCCGTGACTGATAAACCAATTTTAATTTCTTCCGGGCCCACTCTGCTGCTGCCTCTGACCCTCCTGCCCACTGCC
AATCTCATCCTTCCTCCGTCTCGCCTCGCCTTCGGTTTTTTGTTTATTAATCGCGGTGTCGACGGGATCAGGTGTTAATGGGTGATCGCCGGCAT
CCGGCCCCGCCCATCGCGCCCGCCCAAACGAACAGCAGGCATCTGCTGCAACCCGAGGCGTCATCGTATCGCTTTGGTCAGCTGAACAGTAGTTG
CGCCGGTGCCCCCAATTATCTGTACTGTGCGCCACAGAGCTCCTACTCGTCGAATCGAATGCGCGACGGGGCGCTGGACGATGCGGGTGCCAGTG
CTGCATCCGCCACCTGCCATGTCATGTCGCCATCCAACGCCTCCAATTCCTACGCCACCAACACCACAGCCAACACCTCGAACTCGGCCTTGGCA
TCCGCCTCCTCCCACAAAACGCTCACGGCGATGGTCTACTATCAGCAGCAACCGCAGCAGCATCAGACGCAGCAGCAGCAAGTACCAGCA
GCAACAGACGACACAGCTGCCGGTGCAGCTGCAGTTGCAGCATCCACTATTGCAGACCGGTGGCGATGGCAAGCAATCGGTGTATGCACCTCCTA
CAGTGCAGGCAGGTTTTCCATTGATATTCTTTGATCTTGCTTACCCAACACGAATGGCCCAGCGGGCGATGGCAGGAATCGCTAGGGAAACGTTA
AATTGCATACCACAGAGCAGGACGAGTGTGCCCCACAATTGCATTAGAGTTGCCTGAGATTTTTCATCATTAAAAGAATACTTAAAGCTTTGCTA
CGATCATTTTAAATGTTTATATACAAATGCCTTTTCTTGACAAATGTTTATTTGAACTATTTATTTAATTGTGTATGTTTATATTTCCTTAAATA

TTATATTTAAATGTTAACTTATGTTGATTACTTTTGAAACATTTAACTTTCTATATTAATTTAAATAATAATTTCGTTTAAGACTATATATCAGT
CAGTTTTGTATGGAATTTTTCGTTTTTGCTAACGTTTTTTGACAGCCGCGTGGGTTATACCTAATATTTAGTTGCCACACGTACTATTACCGATT
AATTTCTAGTGCTTTTAGTTGATTCGAATCAGTCCACTCCACTCCATTAATCATCAGAGACAAGCTGCACTCGATTCACCTTCATTGTATCACTC
ATCCATTAATCCATTTCACACCATTATGTCGTTCGGCTGTCTCTTTCTAAATGATGTTCGATCCGTCGATGGATCGTTATATCTAGCGATCGATA
TGCTTTCCACTGCTGCTTTCCATTCAAACCAAATCATTCGTCTACTATTTAGCGTAAGACTTTGAAAGTACCTCTACTGCATTATACTATTACTA
TTACTATTACTATTATTATATTCTCTTATAGCTGACACTTAGTCATATCATAGCGAGTAAACACTATGTTTGTATTATATGCACCTTTCTTTAGT
ACATATCTCTCGGGTGAACTGGATGATATTTACAAGAACTGTATGTAGTTGACTTGCTTCTGCCGTTTATACCTCTGTGTTGTAGCCCCTATAGT
AAATATATAGTATATAGATCATTAATCCCGCCTATCAGTGTCTCTCATTTGTCTCATGTGTCTTGCGGAGGAAGTCAGGATATTTAGATAAGCTA
ACTAGCATGATAGACTTAAACTTAACTATCAATAACCCAACATCCACATTGAAAAAACTATGGTGCTTTTCGATCGTAACGTTAACGTTATTAAC
CATTGCTTCTAATTACGTTGTAATATCAACTGTAAGCTTTATTTTATTCGGATTTAATATACTTTTGGGTGTGCATATGCTGCCCATCTATAATC
GTATCAATTATGAAATAACGCCAAAATCGATTCACTGACGGATTATTTTGTTTAATTTCTCCTCTGTTGATGATGTTATACACGTTTTGTTTGTG
TGTCATGTCCTCTATATTGTCAGAGTCTCAACGCCCTTATAAGATGTGTGTCTATAAGTCGGTGTTGTGGAGACTCCCTTGTGAGTAAACCAAGT
CAAACTGAGATAGATTTGCATACAGTATTATATCCATACAACCACGCCCACTCCGCATATACCTAAAATTATCGTCTATGTATATTCGTTCTATC
TGCATAATGCTACACATATGTCTATATATATATATATCTATCTATGTATGTATGTATGTATATCGCGCCAGTTGTCAATGTTGTTGTTCACCTCA
AAATGTTTCTCTTACTGTAATTACCCCGCTAACCCATTGTCCTAACCTCTGACCCCTGACCCCAAACTGTTGGCTAATGGCTTTCGGTTATGGCT
TTGTTGTCTTCTGTTACGGCCTCCGCTTGACCATCTAAACTATAAAACATTCGAAACGAAAGTAACTAATGCCACCCAGAATCACTAACGAATCA
TCTATCGAAAAAACACTGACTGACCCAGTTGTTGTACTCTTCACTAAAAAATAACAACCATAAGAAAAGGACTAACACTGGCTGTCTACGATCCG
TGTTGTTGTTCCTCCTTTGTGCGAGGAAGTAACCATTAACCATTAGGCTATAGTTCACCAACTGCTAACCACGAGTCGAATTAACAAAAAAAAAA
AAAACCATAAACCCCTGCTAATTTAACCCGTGGCGTGTGCACCTCTAACCCAAACACGAAGCCAAAAGAAAGAGATCGATCCGCATTGCCGAGTA
TCCAGATGGTTTAATCCGTATCCTTTGCCCTCTCTCTCTCCCTCTCTCTCTCTCTGTCTCTCTCTTTCTGATGTTTAGCTGCGCAAACAAAGT
CGCTTCAACGCGCGCAAAAAGTTCCAATTCGCCATACTCGTGATACGGGCCATCATTCGGATACGGCGCCTACGCTTCACCGCCGAGCCGCTGCA
CGTTGAGGAGGCCATCCGGGATCCGTATCGCGTCAAGGTTCTGCGCAAAGGTGAGTTGCTACAACAATTCATATATCGAATATAGTACACTAATT
CAACTTTTGTTGTAGGTCATCGATGGCTGTGCCTTCCGTGTCTACGGGCATTGGGTCAAGAAGGGTGAGGGCCAGAATCGGGCCGCCCTCTTCGA
GAATACTCCCCGCACGGAGCTCCACGCGCTCTACATCAACAATCTCAGCCGATAGAAGGCGGTCGGGCATGGGGCATGGGCCATGGGCCATGGGG
AATGGGGCGTGGCGGAGTCGCGCTGATCTACACAAGCACACACACACACACACACACAGAAAGAAAGAAAAAAGAAAATAAGAGGAAACACAGTA
AGCAAGAAACCAAGAAACAAACCAACAAACGAATTAGCAAAAGCTACTACTATGAGAAGCAGGAAATTGCGATTGCAACAGGACACACCAAACAC
ACCAAAAAGGATTCAATCCATCCATACATTCGGATTCGCCTCGTTCTGGACGGACAGCCAACACGCAGGTGTACATATATACGTATGTATGTATG
TATGCATGCCTAGTAACATTACCTCCCCTGCCTTCTTCGTCCTTGTGATTTTGTTTAATACTTTTTAATTCGATTTTATTGCGTCTAATGCGCGC
CAGCCATCTAGTGTAATCAGTTAGTGTAGTGAATGTAGCGTTCAACCACGGCCATGCATACCACCCAGATGGTACATGGCTATCCAGTGGTCCAA
CGTTATGACCCGGCGCCAGAACGAGCCGAATCGGATGACGAGATGCGATTGATTGTTGGGTTGGGGGAATGTACACACCTCATCTCACCATACTC
CACACCCAACTAAGCCCACACAAGCAAGCGTACATGCATATGTATTTTCTGTTAATGATTCTATTAAATTATTTAATTGTATTGCTAAGCGTTTA
CATTTTAATTGTTATGTTGTAGTATACACAATAAATAAAAACAAACAAAAAAAAAAAAAAAGAACGAAATAATAAGCTGAAAACAAATCCATTGC
CCATTGCCTCCTAGTTAGTTGAGCAACTTAAGGATTATGGCAATTAATAATGGCTTAAGATGTTAGATGTGCTTGTCGCAATTGTATTTCCGCTC
GCAGCAAGCGGGAAATTCGCGATTGATGTTCACAAAGTCGCGCTGCTTGCAGCCCGGTGGCGGAGCGACTGCATCGCAGGTTTTGAAGGTCACCA
AGCCATCCGC
(SEQ ID NO: 163)

Exon: 1001..1095
Exon: 1640..1755
Exon: 2219..2356
Exon: 2882..3060
Exon: 3127..3411
Exon: 3477..3567
Exon: 4115..4251
Exon: 4316..4413
Exon: 6437..6943
Exon: 9106..9264
Exon: 9326..9460
Start ATG: 2265

Transcript No. : CT5552
TTGCACTAGCAATTTAATCCGAGGAATATAAATTTTGTGTGGAGTTATGTTCGAGACGTCGTTGCCAGCGATTCAAGAGGCGAGCGGTCACACGT
TTGGCATTCGTTATTAATTAAATCAGCCGCCAACAGCTGAGCGAGAGAGCAATCGAGAGCGACAGGAGAGGATCCACTTCCAATCGAATCGGGTG
GAATCGAATAGCAGGGGCTTGATTCCAAACTGCCGTTTCGGCAGCCGGCAAGATTTCACGAAATCTAATGGCCAAGGACGAGGAGGATGATCTGC
TGCCCGACAAGGATGCGGCCAAGGGCTTCTATGCCAAATACGAGCCCAAGGAGATTCTGGGCAGGGGCATCAGTTCGACCGTGAGGCGATGTATC
GAAAAGGAGACGGGCAAGGAGTTTGCCGCCAAGATCATCGACTTGGGCGCCACCACAGAGTCAGGCGAGACGAATCCATATCACATGCTGGAAGC
AACCAGACAAGAAATCTCAATACTGCGCCAGGTCATGGGGCATCCCTACATAATTGATCTGCAGGATGTGTTCGAGTCAGATGCATTTGTTTTCC
TCGTCTTCGAGCTGTGTCCCAAAGGTGAACTCTTCGACTATCTGACCTCTGTGGTGACGCTATCCGAGAAGAAGACGCGCACCATTATGCGACAA
ATCTTTGAGGGCGTCGAGTACATACACGCGAAGAGCATTGTCCATCGGGATCTTAAGCCCGAGAATATCTTGCTGGACGAGAACCACAACGTTAA
GATCACGGATTTTGGCTTCGCCAAGCAGTTGCAAGAGGGCGAGAAACTTACAAATCTGTGCGGAACGCCGGGTTATTTGGCTCCCGAAACGCTCA
AGTGCAACATGTTCGAGGGATCCCCCGGCTACTCGCAGGAAGTCGACATATGGGCCTGTGGCGTGATTATGTTTACGCTGCTCGTCGGTTGTCCA
CCTTTCTGGCACCGCAAGCAGATGGTCATGCTGCGGAATATCATGGAGGGCAAGTACAGCTTCACCTCGCCGGAGTGGGCTGATATTTCAGAGGA
TCCCAAGGATCTGATACGCAAATGTCTAGTCGTTGATCCTTCGCAACGTATAACCGTCAAGGAAGTATTAAGACATCCATTCTTCAACCAAATGG
TGTTAATGGGTGATCGCCGGCATCCGGCCCCGCCCATCGCGCCCGCCCAAACGAACAGCAGGCATCTGCTGCAACCCGAGGCGTCATCGTATCGC
TTTGGTCAGCTGAACAGTAGTTGCGCCGGTGCCCCCAATTATCTGTACTGTGCGCCACAGAGCTCCTACTCGTCGAATCGAATGCGCGACGGGGC
GCTGGACGATGCGGGTGCCAGTGCTGCATCCGCCACCTGCCATGTCATGTCGCCATCCAACGCCTCCAATTCCTACGCCACCAACACCACAGCCA
ACACCTCGAACTCGGCCTTGGCATCCGCCTCCTCCCACAAAACGCTCACGGCGATGGTCTACTATCAGCAGCAACCGCAGCAGCATCAGACGCAG
CAGCAGCAGCAACAGTACCAGCAGCAACAGACGACACAGCTGCCGGTGCAGCTGCAGTTGCAGCATCCACTATTGCAGACCGGTGGCGATGGCAA
GCAATCGGTGTATGCACCTCCTACAGTGCAGCTGCGCAAACAAAGTCGCTTCAACGCGCGCAAAAAGTTCCAATTCGCCATACTCGTGATACGGG
CCATCATTCGGATACGGCGCCTACGCTTCACCGCCGAGCCGCTGCACGTTGAGGAGGCCATCCGGGATCCGTATCGCGTCAAGGTTCTGCGCAAA

GTCATCGATGGCTGTGCCTTCCGTGTCTACGGGCATTGGGTCAAGAAGGGTGAGGGCCAGAATCGGGCCGCCCTCTTCGAGAATACTCCCCGCAC
GGAGCTCCACGCGCTCTACATCAACAATCTCAGCCGATAG
(SEQ ID NO: 164)

Start ATG: 258

MAKDEEDDLLPDKDAAKGFYAKYEPKEILGRGISSTVRRCIEKETGKEFAAKIIDLGATTESGETNPYHMLEATRQEISILRQVMGHPYIIDLQD
VFESDAFVFLVFELCPKGELFDYLTSVVTLSEKKTRTIMRQIFEGVEYIHAKSIVHRDLKPENILLDENHNVKITDFGFAKQLQEGEKLTNLCGT
PGYLAPETLKCNMFEGSPGYSQEVDIWACGVIMFTLLVGCPPFWHRKQMVMLRNIMEGKYSFTSPEWADISEDPKDLIRKCLVVDPSQRITVKEV
LRHPFFNQMVLMGDRRHPAPPIAPAQTNSRHLLQPEASSYRFGQLNSSCAGAPNYLYCAPQSSYSSNRMRDGALDDAGASAASATCHVMSPSNAS
NSYATNTTANTSNSALASASSHKTLTAMVYYQQQPQQHQTQQQQQQYQQQQTTQLPVQLQLQHPLLQTGGDGKQSVYAPPTVQLRKQSRFNARKK
FQFAILVIRAIIRIRRLRFTAEPLHVEEAIRDPYRVKVLRKVIDGCAFRVYGHWVKKGEGQNRAALFENTPRTELHALYINNLSR*
(SEQ ID NO: 165)

Name: Phosphorylase kinase gamma
Classification: protein_kinase
Gene Symbol: PhKgamma
FlyBase ID: FBgn0011754

Celera Sequence No. : 142000013383929
CTTGGCCAACTGCATCACGGCGTGCCACATGACCGGCCACCAGCGAGATCTGCTTACGTTCCTGCAGCACATCCAGCCGGGCATCGAAGAGTGCA
AAGCCGCGATGACCACTGTTATTATTCACCGGCGAGCGTGTAATCCGTTGCCACTCCTGCACATCGGTGCGCGTTCTGTCGCCGGTGTCCACCAG
ATGGTAACTGGTTATACCGTCGCAGATCACACAGAATCGTTCCGAAACGAAAACTATGGTGTAGTTGTAGTCACCCGACCGATGTAGTTCCCCAT
CGCCCTGATCCCTATAGTCCACCGTGAGGACAACGCGCTGGGCACGTGCGCGTCCAGTCTGTAGATCGTAGTTGCACTGCACCAGCTGGTGGCGC
TTGTTAAAGAAGTAGCTGCAGTGGCGCATCCATGGATCGGCTACCAGGTGATTGTGTCGGGCAAAGAGCTCCGTGTGCAGCAGCGAGAACTGATT
GCTGCTCGGATCCAGCACGTAGGCATCACATCCAAGTTCCTGGCGAAGAACAGGCACCGAATCGAATGCCAATTTGTAGCCAGAAAAGTCCGAGC
ACACCAGGTTGCGATCCACTTTCAGTTCCACCACCGGCATCTTGCTTTACTGCGCCAATGCTGAGTTGGATTATATTGGAGATTTCGAAAAAATA
GAGATAGATATTCCAAAACAAATCAAATCAAATCGGTAGTAGACCGGATAGAGATGGCAGATGACCGTTCGGCCGTGACTCGTATCGACTTTTTA
TCGACAAGTGGGGGATATGTACGATACCTTGGCAATTTTCAAATCTAATAAGATTCCTTTTTTTAGTTTGAAATTTAACTAAACAATTAAATAGC
TAAAAAGAAAACATTAGTTAGTCACATATTTTTTTATCGAATCGAAAGTTTAAGCAATGTATCGATATAGCCCACATCGGTATCTAGCTCATCTC
GATAGCGCCTGCCTATCGACGGACGGCCATCGGTAGTTGCGTGCCGTGGGAAAAACATAACGGGAGCGGAGCAGCTGTTGCCTGCTAATTGAAAA
ATTAGACACAAGAACGCAAAATTGTGAGTTTCGTGTGGAGTTTGGCCAAGTGAAAAGCGTTGGCGGGAGGCGACTACTCCACCACAACAAATCCA
GTAGTAGCTGCAATACGACTCACCCGACTCCACAAAGTTAGTTTAGTGACACAATTCGGTACGTGCGATAGGGCGAGGGGCAACTCAAAAGTTCA
AAATCTCAAGTATATCAAGTAATTCCGCATCGTCGTGTTCCGCCCACCCAAAATAATGCACATTGAGGATGCCAAGTGACGAGAGAGTAGAAGCG
ACGATGTCCACGGTGCGCCTGCCCATTGTGGGCATGACTTGCCAGTCGTGTGTGCGCAATATCACAGAGCACATTGGCCAGAAATCGGGAATCCT
TGGCGTGCGCGTCATTCTCGAGGAGAATGCGGGCTATTTCGACTACGATCCCCGACAGACGGATCCCGCCCGGATAGCCAGCGATATCGACGACA
TGGGCTTCGAGTGCAGCTATCCAGGGGATGCAGCAGATCCTCCCGAAACTCCCGCCAGCGCATGGACCAACATACGGGTGGTGGGCATGACCTGC
CAGTCGTGCGTGCGCAACATCGAAGGCAATATCGGCACCAAGCCGGGCATCCATTCCATTGAGGTGCAACTGGCGGCCAAGAATGCCCGCGTTCA
GTACGATCCCGCCCAGTATGATCCCGCCCAGATAGCCGAGCTCATCGATGACATGGGTTTTGAGGCTAGTGTGCAGGAACCTCGATCGCCATCCC
AATCGCCGTCGCCCGCCCCCGCCTCATCACCCAAAAAGAGGGCAACTCCTACTCCTCCACCTCCTTCATATGCTCAAAATGGTTCGGCAGTGGCC
ATACCCGTCGAACAGGAGCTACTGACCAAATGCTTTCTGCACATCCGAGGCATGACGTGCGCCAGCTGTGTGGCCGCCATCGAGAAGCACTGCAA
GAAGATCTACGGCCTGGACAGCATCCTGGTAGCCCTGCTGGCCGCCAAGGCGGAGGTCAAGTTCAATGCCAATGTTGTGACGGCCGAGAATATAG
CGAAATCAATCACGGAGCTGGGCTTCCCCACCGAACTCATCGATGAGCCGGACAACGGCGAGGCGGAGGTGGAGTTGGAGATTATGGGCATGACT
TGCGCCTCCTGCGTCAACAAGATCGAGAGTCATGTGCTTAAAATAAGGGGCGTGACCACCGCCTCCGTCACACTGCTAACAAAGAGGGGTGAGTG
TTTTTTGTGTACTTAAGCTAAGTGGCTTTCTGGAACTAGTTTATCCCGAGAGAATTTCAAATCACGTTCTGGGTCATGCATTCGAATCGAATTGC
GAGTCTGGAAGCATTCCACAAGTGGCAGTGCCAATTGTTATGCAATATTTATAATAATAAACACCTGGAATGGGGCCATCAACCGATATGCACCT
GTTGCGCTTTATTCTTGCCCAACGAGCACAGGTGTTAAATTCGATCATATATCTTGTATATCTTAAGGGATCGAATAATGCAATGGGAGTAATGA
GCTGTAACAGAAGCAAACTATTGGCAATCGTTAATTGATGCAACTTGTGGCAATAACAAATATTAAATAAGCCATTCAAGGGAATTTCGTAGAAT
GCCCTTATTTGTTTTGCATTTCGCAGAAAGCGACAGCTGTTCCTTTTTATTAACCTACTAGCATCGAGTTCGAGTAGAATCGGTGCAAATGTTTT
TTTTTTTTTATTGTTCGCTTTTCACAATTTCCACAATTGAAAACTGGCCCAGCAATTGTTTATTGCAACTGATATACTCGATTTACTTTATGCT
TTTTTTTCTGGGGAGGGTGGCAGGTTCGTTGATAAGAAAGTGCGAGGAGCACTATACTCATATGCATGTATGTATGTATGTACTTTATAAACCAT
ACACTACTAACTATGCTTTCAGCAAACAATGCCAGTGGCAACTAGATTAAATAGCTGGAATTCACCACGCTCGTGTGCGTGGGCAGTAAAGCTAT
CTGGAACACTTGGATGAGGGGAATTCAATGGCAAGCCGAGAGTCGGGATATTTAAAATATTCAAGATATTCGCTAAAAAACACATAATATAATTA
TTGTTTTGTTGGGCGCTGGCAGCTCGAGTTTTATTTGCCAGATTATAGCGTGTTTTTTGCGAGTGTTCAGGAAGAACTTATATATACATATTTAT
GTATGCGATTAGCTGACAAAGAACAAATGAAATGATTTGAGCTCTTTGTTTTCATAAACTTTATACTGCCAATCGCATTTACCAATTAGCATTTA
AGCCATGAAACTGAAAGTCCGCCTGGCCAAAGAAAAATCAAAACAAAAGTGAAAGAGCTCCAATACGCCTTGAAATACAAGTACATACATATAAT
GTATGTACATATATATGTATGAATGTATAATAATTTATATACCCGCGATTGGCGGGCAAACGAGCGAGGAACTAATCTCGCTTTTGTCTGGAAAA
AAAGAGGGAAACCTCTCTCTTTTTCAGCTTTGCAGTCTTTCTGCTCCGCATGCGTGGCCACGAACTCCACTTCCACTTCGTACACAGCGAGAAAT
GGGGCTAACTATGATATAAGTATTATATAGAAGAGTGCTATCTACTTCGGCATATGATCAGCATATAAAATCTACTAATATTTAAAAGCACGAAT
CGTACAATGTTTAGCAAGTTTCTTTTATTTTATGTTAAGCACGCACTTTTTCTTCGAGTGCATTTCTAGTTTCATTCACCTTCACTTTGATTTAG
AGCTGTTTTTACTTTACTTTTGCTTTGCCAGCTCAAAAATGTTGATTTGAAATTAGTGAACTAGTGGCGAATTATGCAATAACTTGGCTTTGATC
CACCACATTCACATTGAATTCTGGCTGATTTACGAATATCGGTTTGCATACCCGTATTTATGTATGTACTAGATGTACGTGCGCCGTTTTGAGAA
GCTCAATTGCAAATTCAAAAATGAAAATGCATAAATGGGGAGCCTCGTAATTATGATTGCAATGGAACTGGTTTTCGATTTTTTCGCATTCGACA
TGGAGACATGCGCACGGTGGAGAAAAGCGAGCGAAACTGTTGCGATTAAATGACACTGAAAATAATTTCAGACATTCAAAAGTGGTATGAAAACA
GCGAGCCCACATGAATATCAATCGCTGGCAGCTGTATGATGGTATATAAAGTACAATATCGCTTGTTTTTTTAAAGTTTATTTGTTTATTTTGAA
TTTACATATATACTTATTAAGATACTTAATTGTATTGTAATCATTTTCGAAAAACAATTACGTACCAGTCATGCTTCTGAAAGAGTTCATGATG
TTTTGGGCCAGCGAAGTTGGACTTCTGCCATATGGATTGGTCCAATTCCGTGCGGCTTCTTATCTTTCAATCAATTAGCACTTAAACTTCATTTA
ACTAGCTTAACTTGTTGTTTGCCAATTGTTACTTGGCTTGTTTGCAGTTTGTTTGCCGCAAGTCGGTAGTCGAAATTGGGAATGTAAACTGTTGA
GCAAAACATATGTTTTCCTCCGATTCTTATCGTCCGGCGATAAGTGAACGACAGAGAACGAACCACAGGCAATCTCAATTCAAATTGAAAATGTT
CTAAAATTGTAACAACGAATCGCGGGCGATAAGATGCAATGGGCGGGCAAATAAAAGAAAGAAAGAACAAAAAAACTGAATCGAGAGCCCTAGAA

AATGTATATTTCGACGACTGCAGTGGAACTTGCATAACTCATAAGGGATAGATTAAGATACCCACATATATTACTTTTGCTACTTTACTTTTGAT
TCGTTGAAATTCGAAAATGAAGTTCGAAAAAGCAATTTCTTGTGTAAACACACGAAACGCATCAATTATCAATTGAAAAGTGGGCTAAGATCGAT
CGGTAGCACTGATAATTAGCGACAATTGTCACATTCGGTGTGATCAACCTAATCCTTCCTCAATTTTGCACACGACCCATCGTCTGGTGTCCACT
TGGTGGCCCTCTAATTGAACGATAAATAATGATATCATGGGTTCTGTCAGCTCCCAAGCGATTCCCTTTGCTTCAATCTATGCTATTAATTTGAA
GGCATATCTACAGATGACTCAAACAAACCGTTGCTCTAATCTAAACGTAAATTTGCCTAGTTACAGTTTACGCGATGACGAAACGAAACAGAATG
ATCTTTTGTTCTATTCCCACTTCTGATAAGAACGTTGAACTAACAACGATTGCAATGAGTAGGCAAAAAGTATGCAGGCTCACAAATGTTGATAG
ACTGAAATGTTGTGCCTGTTAATAAAATAAAAGTATTACTAAGCGCAGCCGATGGCTAAAACCAGTTTTCTTGGCCTCTGCGAACGAGCATAATA
ATTCTATAATTTCTTTAAAATTATTCTTGGCTTGAGGAATAACTCATTATAGAACTGTATGATGAGTATGGTATATGGCGATTGCTCGCTTATCA
ATGAATCCAATTGAAGCCAGTGACAATTTCCCCTCTTCAAATAAAGATCGGAAATGTGAAAAACTAATAAGACGATGAATGGGAGAACCTACTGG
GGGAATAACATAGCCAACAGATGGCAATAATGTCGAGAAATTCCAGTTGCGGGCCAAAGTTGTGGGCGACAACATGCTCTAATCATGTAGAGAAA
CGGCAGCGATTCAGTTTACACATTCTACATAGTTAAAAAGAAGCTATCTTATCTACAAATTGTGCTGGCGGGGAAAGGCAATGAACCTACAGCTG
CGATATTTTGTGACCAAGATTCCCGGAGCCTCTGAGCCCCACGGATTTTTCTATAATCCGACTGAATGATGCGATAGTTTTTGGCCACATGTCTG
CTATATGGGCAAATAATACTGCCTTAAGTTGTGAAATGAGGCAAATGTATGTAGCTCACAAACCAGAAACTATAAGCCATTGCTTATATCAAATC
TGTCGCCATCGAACCGGTTGTATGCTCCAATTTCAATACCAGAACAACCGGCATTATTTCCACTCAACGACGGTGTACAAACACTTTTCATTTGA
CGCCAGGGAAAAAGGAAACCCACAAAAATTCCCTAGGTTCCTCTGTCTATGTCCAAGGAAACATATGGAAACACTAGCCCTTCTCCTATAGAGTT
TTCGCTGGTGTCTTGTCAAAACACAGGAGTAGCCATATAAATGTGCTAACAAGCTCCAGAAAACTGTGATGAAATTGATATGGCATTCAGATATGC
GAGTGCACATTCAGATTCACTTACACATACTCATGGAAATGAAATCGAATATACCTGAAAAGTAGTAATATTTCAATTCCCTAGATATACAAAGC
TCATGCGGCTTCATTATTTTTCTTGGCTTGTACGCTTGGCATAGCAAATATCGTTATTAAAGATCAGCAGTATATAGCTTTCACTTCAATCAACT
GAATCTTTGATAAATATCCTATGTGAATATTCACTGGCCATTTAAAGTGGCTTTCTCTATTTTTTTTTAACGACTGGTTCTGTAAAAGTTGCACA
TGAAACAAGTCCGGTTTTTCAGTGTACCAATTGAAACTAACTAGGCTGAAATGAGGAGGAATAATAAATACTACGTCACTATAATTAACTTATTC
GACTGATTTTAATAGATGATATTTAAGTTCTATCAACTTATAATCTTAATCTTAATTTTTACAGGCAAATTCCGGTACATCACGGAGGAGACGGG
TCCCCGGAGCATCTGCGAGGCGATCGAGGCGCTGGGATTCGAGGCCAAACTGATGACCGGCCGAGACAAGATGGCCCACAATTATCTGGAGCACA
AGGAGGAGATACGGAAGTGGCGCAATGCCTTCCTCGTCTCGCTAATTTTCGGTGGACCCTGCATGGTGGCCATGATACTTCATGCTGGAGATG
AGCGACAAGGGACATGCCAACATGTGCTGCCTCGTGCCCGGCCTGTCGATGGAGAATCTGGTGATGTTCCTGCTATCGACACCAGTGCAGTTCTT
CGGTGGCTTTCACTTCTATGTGCAATCCTATCGTGCGATCAAACACGGCACCACGAACATGGATGTACTGATCTCGATGGTCACGACCATCTCGT
ATGTGTACTCAGTGGCCGTGGTGATCGCCGCCGTGCTGCTAGAGCAGAATAGCTCCCCACTGACCTTCTTCGATACGCCGCCCATGCTGTTGATC
TTCATATCGCTGGGTCGCTGGCTGGAGCACATAGCCAAGGGAAAGACCTCGGAGGCCTTGTCCAAGCTGCTGTCGCTCAAGGCGGCCGATGCCCT
GCTGGTCGAGATATCACCGGACTTTGATATCATCAGCGAGAAGGTGATATCTGTGGATTATGTACAGCGTGGCGATATCCTAAAGGTGATACCGG
GAGCCAAAGTTCCAGTGGACGGCAAAGTTCTGTACGGTCACTCCAGTTGCGATGAATCACTAATCACCGGGGAGTCTATGCCGGTGGCCAAGCGA
AAGGGATCCGTCGTAATCGGCGGTTCCATTAACCAAAACGGTGTGCTCCTCGTAGAGGCAACGCACACGGGTGAGAATACGACGCTCGCGCAGAT
TGTGCGATTAGTGGAGGAGGCCCAGACGAGTAAGGCGCCCATCCAGCAACTGGCCGATCGGATTGCCGGCTACTTTGTGCCCTTCGTTGTTGTAG
TGTCCAGTATAACGCTGATTGCTTGGATCATCATTGGTTTTTCCAATCCAAACTTGGTGCCCGTGGCCATGGAGCATAAGATGCACATGGACCAG
AATACCATCATCGTTAGTTATGCATTTAAATGTGCCTTGAGCGTGCTGGCCATTGCGTGTCCATGTGCTTTGGGCTTGGCCACGCCCACCGCTGT
AATGGTGGCCACTGGAACGGGTGCGATCAATGGCGTGCTGGTGAAAGGAGCCACTGCCCTAGAGAATGCCCACAAGGTGAGCGAGCGAATAACCA
TGCAAAACTTTAACCCACTTATACGCTTTTTACGCTTCCCAAATATTTTAGGTAAAGACTGTGGTCTTCGACAAGACCGGCACCATAACCCATGG
CACTCCGATGACCAGTAAGGTTACCCTCTTCGTCACAGCCCAGGTCTGCAGCCTGGCGCGTGCTCTGACGATCGTGGGAGCCGCCGAGCAAAACA
GCGAGCATCCGATCGCCTCCGCCATTGTGCACTTCGCCAAGGATATGCTGAACGTGGGCGCCACACCTCAGGCCGGCAGCTTTGGCAAGAGCAGT
CACTTCCAGGCCGTGCCCGGCTGTGGCATCCGCGTCACCGTCTCCAATTACGAGCAGACTCTGCGACAGGCGTGCAACGCCGATCGGATCATTAA
CTACGAGAACCTGCATCGCACTCATCCACAGGGTTCGGTGCCGGTGGACAATGGAGCCAGTATCGAACACTTGCTGCCGCAGCGCAGCGTACGCA
AGTCCATGGAGCTGAACAATCAGCAGTTGCTATCCGACTTGGTATTGGAACCGGAGGAAGAGCTCCTTACGGATCAGAAAATCATCGATTCACCC
GAGATTCTGGTGCTGATCGGCAATCGCGAATGGATGGAACGCAATGCCATCGAAGTGCCGCTGGAGATTAGCGATTGTATGACGCATGAAGAACG
AAAGGGACACACAGCTGTGCTATGCGCCCTCAACGGGCAGCTGGTGTGCATGTTTGCGGTGTCCGACATGGTCAAGCCAGAGGCCCATCTTGCCG
TCTATACACTAAAGCGAATGGGCATCGATGTGGTGCTGCTCACGGGGGATAACAAGAACACGGCAGCCAGCATTGCCCGAGAGGTGAGTGTCCAG
CGTGCTCATAGCAATACTGTTCCTAGGCTAATGAACTTATGTATATTCATTAGGTTGGCATCCGAACCGTGTACGCGGAGGTTTTGCCCTCGCAT
AAAGTGGCCAAAATCCAGCGGATACAGGCCAACGGTATACGCGTGGCCATGGTGGGCGATGGAGTCAACGACAGTCCGGCGCTAGCGCAGGCAGA
TGTGGGAATTACGATTGCAGCGGGCACGGATGTTGCCGCCGAGGCATCGGACATTGTCCTGATGCGCAACGATCTGCTGGATGTGGTGGCTTGCC
TGGACTTGTCCCGCTGCACGGTGCGTCGCATTCGGTACAACTTCTTCTTTGCCAGCATGTACAATCTGCTGGGCATACCGCTGGCCAGTGGCTTG
TTCGCACCGTACGGCTTCACCCTGCTGCCATGGATGGCGTCCGTGGCCATGGCCGCCAGCTCCGTGAGCGTGGTATGCTCATCGCTGCTGCTCAA
GATGTATCGCAAGCCCACGGCGAAGACGTTGCGCACGGCAGAGTACGAGGCGCAGCTGGCGGCGGAACGCGCAAGTGGGTCCGAAGACGAGCTGG
ACAAGCTGTCCCTCCATCGTGGCCTTGACGATTTGCCCGAAAAGGGTAGGATGCCATTCAAGCGGTCCAGCACATCACTGATTTCGCGCATTTTC
ATGCACGACTACGGGAACATCACTTCGCCGGATGCCAAATACGGGGAGGGACTGCTGGATCCCGAGGAGCAGTATGATGGCCGCACCAAGATCGT
GAGGAGTCGCTTCCATGCCAATGACAGCACCGAACTGCAAAAGCTGTGAGCTAAACGATGGCAACTAGCAAGCTACTAGCAACCACAATCAAACC
GAAGACCTTAAAACGACAAATTTTCAGTGAAATTGTTAGCGGACTATAAATTGAACCAGTAAGAGAGCGAATTATAAAAACCTATGTACATATTT
GCAAATTGTTTTGACAAAGGTTGAGCACTAGGATACTAGGGTTATCTTTGATCTACGTGCAGTCTAATATGAGTTTGTGTGACTCACATGTGGGA
AAAGATATAGGTATCTTAAGAAAATATTCTCGGTATGTAAATATATATAGCATAATCACGAAGTCATTCACTTTCATTTTAAGTATGGTTTTTTG
AACTACTGAGGTGCCTTTTTATGTTAAAGCCACTACATACTTGTCTTTTCTTACAAACGTTGTATTGGAGATTGTAGAAAACAAAGATGACATTT
CGTTACCACTGATTCTAGAGATCTTTTGTTCCAAAATCAATTTGTGACCGGTTTTCCATTTCTTAGTGCCGCACCCACACCGTCCCCCTTTTCTA
TACAATTGTTATTTTCCTATCTTTTTTATTTTATTAAGAAACCTACAACAACAAAAGTTCGATACGATAGCTTCTTCTTTTCCACTTGATTATAT
TATTATTATTATTGTATACAAATCTTTTTTTTTTTTGTTATAATCGTAAGTGCAATATTTTTATTATTAAGTTCAAATGAACAAAGGCAAAGGAG
TCCACAGACCAGGAGATAAAACCCAGACATTAATCATCATTGAACTATTGTTACTCATTGTTAATTCACATTATCATATATATGCACATATGCAA
AAGGTAAAATAAATCAAAAGACGAAAATCGAACAAAAAGACCATTTGACCCCATATCGGCATTAATCCTTAATTGTGCTATTCGCGGACGACGAA
CACTTGTAAGACAATTGGGCACAAGCATAAGGCAAATTGAAACGCAAAAGAACGATTAACATTCTTTATGTGTAACTTTATTGTTTATAAACAAA
AAGC
(SEQ ID NO: 166)

Exon: 1001..2273
Exon: 6715..7961
Exon: 8032..8448
Exon: 8554..8823
Exon: 8889..9644
Start ATG: 1334

Transcript No. : CT5824

AAAAACATAACGGGAGCGGAGCAGCTGTTGCCTGCTAATTGAAAAATTAGACACAAGAACGCAAAATTGTGAGTTTCGTGTGGAGTTTGGCCAAG
TGAAAAGCGTTGGCGGGAGGCGACTACTCCACCACAACAAATCCAGTAGTAGCTGCAATACGACTCACCCGACTCCACAAAGTTAGTTTAGTGAC
ACAATTCGGTACGTGCGATAGGGCGAGGGGCAACTCAAAAGTTCAAAATCTCAAGTATATCAAGTAATTCCGCATCGTCGTGTTCCGCCCACCCA
AAATAATGCACATTGAGGATGCCAAGTGACGAGAGAGTAGAAGCGACGATGTCCACGGTGCGCCTGCCCATTGTGGGCATGACTTGCCAGTCGTG
TGTGCGCAATATCACAGAGCACATTGGCCAGAAATCGGGAATCCTTGGCGTGCGCGTCATTCTCGAGGAGAATGCGGGCTATTTCGACTACGATC
CCCGACAGACGGATCCCGCCCGGATAGCCAGCGATATCGACGACATGGGCTTCGAGTGCAGCTATCCAGGGGATGCAGCAGATCCTCCCGAAACT
CCCGCCAGCGCATGGACCAACATACGGGTGGTGGGCATGACCTGCCAGTCGTGCGTGCGCAACATCGAAGGCAATATCGGCACCAAGCCGGGCAT
CCATTCCATTGAGGTGCAACTGGCGGCCAAGAATGCCCGCGTTCAGTACGATCCCGCCCAGTATGATCCCGCCCAGATAGCCGAGCTCATCGATG
ACATGGGTTTTGAGGCTAGTGTGCAGGAACCTCGATCGCCATCCCAATCGCCGTCGCCCGCCCCCGCCTCATCACCCAAAAAGAGGGCAACTCCT
ACTCCTCCACCTCCTTCATATGCTCAAAATGGTTCGGCAGTGGCCATACCCGTCGAACAGGAGCTACTGACCAAATGCTTTCTGCACATCCGAGG
CATGACGTGCGCCAGCTGTGTGGCCGCCATCGAGAAGCACTGCAAGAAGATCTACGGCCTGGACAGCATCCTGGTAGCCCTGCTGGCCGCCAAGG
CGGAGGTCAAGTTCAATGCCAATGTTGTGACGGCCGAGAATATAGCGAAATCAATCACGGAGCTGGGCTTCCCCACCGAACTCATCGATGAGCCG
GACAACGGCGAGGCGGAGGTGGAGTTGGAGATTATGGGCATGACTTGCGCCTCCTGCGTCAACAAGATCGAGAGTCATGTGCTTAAAATAAGGGG
CGTGACCACCGCCTCCGTCACACTGCTAACAAAGAGGGGCAAATTCCGGTACATCACGGAGGAGACGGGTCCCCGGAGCATCTGCGAGGCGATCG
AGGCGCTGGGATTCGAGGCCAAACTGATGACCGGCCGAGACAAGATGGCCCACAATTATCTGGAGCACAAGGAGGAGATACGGAAGTGGCGCAAT
GCCTTCCTCGTCTCGCTAATTTTCGGTGGACCCTGCATGGTGGCCATGATATACTTCATGCTGGAGATGAGCGACAAGGGACATGCCAACATGTG
CTGCCTCGTGCCCGGCCTGTCGATGGAGAATCTGGTGATGTTCCTGCTATCGACACCAGTGCAGTTCTTCGGTGGCTTTCACTTCTATGTGCAAT
CCTATCGTGCGATCAAACACGGCACCACGAACATGGATGTACTGATCTCGATGGTCACGACCATCTCGTATGTGTACTCAGTGGCCGTGGTGATC
GCCGCCGTGCTGCTAGAGCAGAATAGCTCCCCACTGACCTTCTTCGATACGCCGCCCATGCTGTTGATCTTCATATCGCTGGGTCGCTGGCTGGA
GCACATAGCCAAGGGAAAGACCTCGGAGGCCTTGTCCAAGCTGCTGTCGCTCAAGGCGGCCGATGCCCTGCTGGTCGAGATATCACCGGACTTTG
ATATCATCAGCGAGAAGGTGATATCTGTGGATTATGTACAGCGTGGCGATATCCTAAAGGTGATACCGGGAGCCAAAGTTCCAGTGGACGGCAAA
GTTCTGTACGGTCACTCCAGTTGCGATGAATCACTAATCACCGGGGAGTCTATGCCGGTGGCCAAGCGAAAGGGATCCGTCGTAATCGGCGGTTC
CATTAACCAAAACGGTGTGCTCCTCGTAGAGGCAACGCACACGGGTGAGAATACGACGCTCGCGCAGATTGTGCGATTAGTGGAGGAGGCCCAGA
CGAGTAAGGCGCCCATCCAGCAACTGGCCGATCGGATTGCCGGCTACTTTGTGCCCTTCGTTGTTGTAGTGTCCAGTATAACGCTGATTGCTTGG
ATCATCATTGGTTTTTCCAATCCAAACTTGGTGCCCGTGGCCATGGAGCATAAGATGCACATGGACCAGAATACCATCATCGTTAGTTATGCATT
TAAATGTGCCTTGAGCGTGCTGGCCATTGCGTGTCCATGTGCTTTGGGCTTGGCCACGCCCACCGCTGTAATGGTGGCCACTGGAACGGGTGCGA
TCAATGGCGTGCTGGTGAAAGGAGCCACTGCCCTAGAGAATGCCCACAAGGTAAAGACTGTGGTCTTCGACAAGACCGGCACCATAACCCATGGC
ACTCCGATGACCAGTAAGGTTACCCTCTTCGTCACAGCCCAGGTCTGCAGCCTGGCGCGTGCTCTGACGATCGTGGGAGCCGCCGAGCAAAACAG
CGAGCATCCGATCGCCTCCGCCATTGTGCACTTCGCCAAGGATATGCTGAACGTGGGCGCCACACCTCAGGCCGGCAGCTTTGGCAAGAGCAGTC
ACTTCCAGGCCGTGCCCGGCTGTGGCATCCGCGTCACCGTCTCCAATTACGAGCAGACTCTGCGACAGGCGTGCAACGCCGATCGGATCATTAAC
TACGAGAACCTGCATCGCACTCATCCACAGGGTTCGGTGCCGGTGGACAATGGAGCCAGTATCGAACACTTGCTGCCGCAGCGCAGCATTCTGGT
GCTGATCGGCAATCGCGAATGGATGGAACGCAATGCCATCGAAGTGCCGCTGGAGATTAGCGATTGTATGACGCATGAAGAACGAAAGGGACACA
CAGCTGTGCTATGCGCCCTCAACGGGCAGCTGGTGTGCATGTTTGCGGTGTCCGACATGGTCAAGCCAGAGGCCCATCTTGCCGTCTATACACTA
AAGCGAATGGGCATCGATGTGGTGCTGCTCACGGGGGATAACAAGAACACGGCAGCCAGCATTGCCCGAGAGGTTGGCATCCGAACCGTGTACGC
GGAGGTTTTGCCCTCGCATAAAGTGGCCAAAATCCAGCGGATACAGGCCAACGGTATACGCGTGGCCATGGTGGGCGATGGAGTCAACGACAGTC
CGGCGCTAGCGCAGGCAGATGTGGGAATTACGATTGCAGCGGGCACGGATGTTGCCGCCGAGGCATCGGACATTGTCCTGATGCGCAACGATCTG
CTGGATGTGGTGGCTTGCCTGGACTTGTCCCGCTGCACGGTGCGTCGCATTCGGTACAACTTCTTCTTTGCCAGCATGTACAATCTGCTGGGCAT
ACCGCTGGCCAGTGGCTTGTTCGCACCGTACGGCTTCACCCTGCTGCCATGGATGGCGTCCGTGGCCATGGCCGCCAGCTCCGTGAGCGTGGTAT
GCTCATCGCTGCTGCTCAAGATGTATCGCAAGCCCACGGCGAAGACGTTGCGCACGGCAGAGTACGAGGCGCAGCTGGCGGCGGAACGCGCAAGT
GGGTCCGAAGACGAGCTGGACAAGCTGTCCCTCCATCGTGGCCTTGACGATTTGCCCGAAAAGGGTAGGATGCCATTCAAGCGGTCCAGCACATC
ACTGATTTCGCGCATTTTCATGCACGACTACGGGAACATCACTTCGCCGGATGCCAAATACGGGGAGGGACTGCTGGATCCCGAGGAGCAGTATG
ATGGCCGCACCAAGATCGTGAGGAGTCGCTTCCATGCCAATGACAGCACCGAACTGCAAAAGCTGTGA

(SEQ ID NO: 167)

Start ATG: 334

MSTVRLPIVGMTCQSCVRNITEHIGQKSGILGVRVILEENAGYFDYDPRQTDPARIASDIDDMGFECSYPGDAADPPETPASAWTNIRVVGMTCQ
SCVRNIEGNIGTKPGIHSIEVQLAAKNARVQYDPAQYDPAQIAELIDDMGFEASVQEPRSPSQSPSPAPASSPKKRATPTPPPPSYAQNGSAVAI
PVEQELLTKCFLHIRGMTCASCVAAIEKHCKKIYGLDSILVALLAAKAEVKFNANVVTAENIAKSITELGFPTELIDEPDNGEAEVELEIMGMTC
ASCVNKIESHVLKIRGVTTASVTLLTKRGKFRYITEETGPRSICEAIEALGFEAKLMTGRDKMAHNYLEHKEEIRKWRNAFLVSLIFGGPCMVAM
IYFMLEMSDKGHANMCCLVPGLSMENLVMFLLSTPVQFFGGFHFYVQSYRAIKHGTTNMDVLISMVTTISYVYSVAVVIAAVLLEQNSSPLTFFD
TPPMLLIFISLGRWLEHIAKGKTSEALSKLLSLKAADALLVEISPDFDIISEKVISVDYVQRGDILKVIPGAKVPVDGKVLYGHSSCDESLITGE
SMPVAKRKGSVVIGGSINQNGVLLVEATHTGENTTLAQIVRLVEEAQTSKAPIQQLADRIAGYFVPFVVVVSSITLIAWIIIGFSNPNLVPVAME
HKMHMDQNTIIVSYAFKCALSVLAIACPCALGLATPTAVMVATGTGAINGVLVKGATALENAHKVKTVVFDKTGTITHGTPMTSKVTLFVTAQVC
SLARALTIVGAAEQNSEHPIASAIVHFAKDMLNVGATPQAGSFGKSSHFQAVPGCGIRVTVSNYEQTLRQACNADRIINYENLHRTHPQGSVPVD
NGASIEHLLPQRSILVLIGNREWMERNAIEVPLEISDCMTHEERKGHTAVLCALNGQLVCMFAVSDMVKPEAHLAVYTLKRMGIDVVLLTGDNKN
TAASIAREVGIRTVYAEVLPSHKVAKIQRIQANGIRVAMVGDGVNDSPALAQADVGITIAAGTDVAAEASDIVLMRNDLLDVVACLDLSRCTVRR
IRYNFFFASMYNLLGIPLASGLFAPYGFTLLPWMASVAMAASSVSVVCSSLLLKMYRKPTAKTLRTAEYEAQLAAERASGSEDELDKLSLHRGLD
DLPEKGRMPFKRSSTSLISRIFMHDYGNITSPDAKYGEGLLDPEEQYDGRTKIVRSRFHANDSTELQKL*

(SEQ ID NO: 168)

Name: copper-transporting P-type ATPase-like
Classification: transporter

Celera Sequence No. : 142000013384811

TCGCCATCCTCGCTGCTGCCCGTGTAGCTGGCGGAGCTGAAGGAATCCGTTGAGGAGGCACTAAGCGAGCGGCTCCTGTACCGACTTGTCTTCTT
CAGAGCCGAGGACTGCTTGGTGGCCGGCGGAGGAACCACCACGCTGGCATCCTGCGGCGCCGGTCCAGCCTGCTGCTGCTTGTCGCCGCCTCCGA
ATCCAGGATCAACTACCACAGTGTCTGCCAGGTTGTTCATGGTGGAAGTAGAGGGTAATCTGGGGATTTCCTTACTATCCCTTAAATTGGCTCCT

TGCTCTAGCTCCTAGTGTTCCACCTTCTGCGACTCCAGAGCTTGCAATCCTTTTCCGCTGCTCCTTTGAATGGGCGCCTTGGATGTTATGTAAAG
TCTGAAATCCAAGCAGGATGCGCTGCAAATGGCTAGTGGTGTGGCCTGGGTCTATACGAACTGCACAATCACGTGATTTATCGACGTTGTGGAGA
CCACAAATTGCTAAATTAATTGTTTTTAGTGCGAGTCTCCTTTGTTTCACCTCTCCACTATTGTTTTTGTTCTTCTTCTTCTTTTGCGAATGGGG
GGCTACACTTTGGATCCGGGGCTTGATGGGAGTTTCCGGAGAGGGGATGATGATGCAGCCGTCGGCTTTCGGGCGACGTTGTTTGTGTGGCGACC
AAGTGGGGGATCGTTTGGCGATCGCTTATTGAATTTGATTTTATCCGGAGAAAAGAGAACTAAACCGAACCGAGGACAGTAAGCGAGACACGCGA
AAATACCAAAAGCAGAAGGCGTTAGTGCTATTCTGCAAGTGTGGTAAGTTCCCACTGAAGAAAGGCCAAAGTAACGACTTTTTAACTGAAATCGT
CTAAAAATTAATTTTTATAATTTCTTACCATTAATTATGTGTTTATTTTTTAATGAGCAAAGTAAATAAAGTGTGATTTACAACTCCTCAGCTGC
AAGTCTTTTAAATCTGGTAGCTGGATAATTTAATGAGTCAAAAAGAAATTGGCAAAGTATTCGAGGTTTATTAAAAACAAATAGTTAACACATTT
GGCCTACATATCCTCCTGTAGGTAGCCGCACAGCTCGTAGTCGTCCGCCGTGTTGACCAAGTGCGCTTCCCTAAGAAGGCCCTCCTTGTAGGTCT
GTCTCTTGACAATCAAACGCGACAATTCCTCCGGTGCAAGTGGTCCTTGCTTGGCGTGTTTCTGGATGAAGTCCGCCGCCAGTTGTCGATCCACG
ACGGACATCTCGAGGCTGCGACTCCAGGCGAGCAGGGCCAGCGGTCGCTGCGGACTCAGAGCCAGCGAGGGTGACACCAGATGGCGATACAGACA
GCCACCCACGATGTCTTGCAGCTGCTTCACTTGGCCGGGAAAAGCGCAGGGATGGTAGAGCATTACGATGGCACCTTCCGCCAGATTACGCACGT
ATCGCTGAGGAGGCAAGTAGGAATAGGTGCCATATTCAGCGGGCATCGGGCGATAGGGGCCACTGATAATACAGATTTGAATTTGAAATTAGCAG
GAAACTATAATATTGTTCGCCTTACTTGGTGGCAGGCAGATGGGAGTAGCTAATGGACTCATTAAGGCACTTGGCAGGCGGCAGATAGGCGCTAG
GTAGAAAGTGCTCCGTAAGAATGGCTTCTCTGGACAAATCCGGTTGGTACAAGCTGTGATTACTACTGATGCATAGGAAATTCAGGCTGTCACGG
ATGTCGTTTGGATCGAAGTCCACGGCAAGATTGCTCTGAAAATTGTTAATAACAATGATAGAAAAAGATGACTAATACTAAGCATTCATCGGTAT
TTAGGGGAAGTATTAGTTATATTGCCAAACTCACCTTGCCATCATCACAGCTGCTTTGTTTAGTCTTGTGCGATTCATTGGGACCCTGCGGAAAC
AATTTACCCTGCCAAGTATCCTGTGTGGTGGACTTCCCCGACTTGGTTTTGTTATCGACCAGCGGTTTTTTCTTCACCAAGTGCGGCTCTCCGGG
AGCTTGTGGAAACCACTTGCCCTGCCAGCCATCCTTGGTTGTGAACTCCAGCGGAGGAACTTCCTCCGTGGTGCTCTTCATTTTTAATTCAATCG
CTTCCTGCTGTTGTCCAGGGGCATGGGGAAACCACTTGCCCTGCCAGCCATTCTTGCCGGGCGTCGCACCTAATGGAACCTGCACACGTTGCACA
TCATTGGAAATGTCGGGTGGGGACTTCCCAATCTTCCCTAGCTTCTCATCAGGATCAAGAGTTGGCTCCAACAGATTGGCCTGCGACTTCTTGAT
GGATTTCGCATCGATGAGGGCGAACCCAAGGCACAAGAGGGTCAAGTAATGCCAAATAAACATAATAATTGCAAGCAAAAGAAAAACAAAAGCGC
AAAATAAGCAAACAAAAATATAATTAAGAACTTGGCAAAACAGCTGTGGAGCTGCGTTTTTCAACACTGGTCAAAGCATGACTTTGTTGCAGGGT
AGCAACAGGTTGTTTGGAGTTTGCATAAATCTCCGATGATAATTATGTGTTGTTTTAATAACTAAATTAAAATTATTTACGCCAAATTAAAGTAA
ATAAAGTTAATTTAAAATGACTACTTAAATCAAGCAGATTTAAAAGGAAATCAATGTATATTTGAAATATTCAGACTGGATTCTAAGGTTAAATG
ACAAATTACTCACCAGAAATCGGCTCATAATAATAAATCATTTTATTTTCAAATGCCCCCTGCGAACGCTCCCCCGCATTGCACACACCAGGGGG
TATTTTACGAAGTGCCCACACCTGGCCACACTGGTCGCAGCTACAAAAAGAAGAAGAACAAGGGCCAACTTGATGGTCACTTGCTACTGCGCTTT
ATTAATTCATTATTTTCCAAAATAATGCACATATATACCCGCCCACAGCCGCTCTGCGCCCCCGCTAATCGAAAAATGTGAGTGGTAAGCGTTTT
TACCAGAGTCTTATCAACAATTTAAGCCTCAATTCCCTTCCGTTTCCGTGATTCGCCACCCAGAAAACAATAACAAAGGGGTGTTGTTGTTGCTG
TCGCTGCTGCTGCGCTGGAAAAACAACTCGCATAAAATTTTAAAACGCACAAAGAAGGCGAACGTGGAAAGTTAGGCCAACAACCCAGTCGCGAT
GTCGTGGTTCAATCCCTGGGATGGCCTCAAAACGAAAATGTGTCGCTACCTGCTGCAGCGATACCTGGGCCAGTTTTTCGAGAATAACTTGAACC
TGGAGCAGCTGAAGGTGGACCTTTACAATGGCAAGGCTGTGGTGGAGGACATTTTCCTAAAGGTCAACGCCTTCAACGATCTCTTCGAGGACCAG
GGCTGGGCCTTCGAGGTGGTCTCGGGCCACATTGGCCGCCTGACTGTCGTGGTGCCGTGGAATGCGCTGATGACCAACGACAGTAGCCTGGAGAT
CCACAATCTAA
(SEQ ID NO: 169)

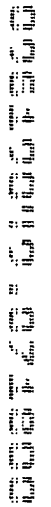
Exon: 2431..1840
Exon: 1745..1546
Exon: 1487..1001
Start ATG: 2343 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT5902
CGCAGCTCCACAGCTGTTTTGCCAAGTTCTTAATTATATTTTTGTTTGCTTATTTTGCGCTTTTGTTTTTCTTTTGCTTGCAATTATTATGTTTA
TTTGGCATTACTTGACCCTCTTGTGCCTTGGGTTCGCCCTCATCGATGCGAAATCCATCAAGAAGTCGCAGGCCAATCTGTTGGAGCCAACTCTT
GATCCTGATGAGAAGCTAGGGAAGATTGGGAAGTCCCCACCCGACATTTCCAATGATGTGCAACGTGTGCAGGTTCCATTAGGTGCGACGCCCGG
CAAGAATGGCTGGCAGGGCAAGTGGTTTCCCCATGCCCCTGGACAACAGCAGGAAGCGATTGAATTAAAAATGAAGAGCACCACGGAGGAAGTTC
CTCCGCTGGAGTTCACAACCAAGGATGGCTGGCAGGGCAAGTGGTTTCCACAAGCTCCCGGAGAGCCGCACTTGGTGAAGAAAAAACCGCTGGTC
GATAACAAAACCAAGTCGGGGAAGTCCACCACACAGGATACTTGGCAGGGTAAATTGTTTCCGCAGGGTCCCAATGAATCGCACAAGACTAAACA
AAGCAGCTGTGATGATGGCAAGAGCAATCTTGCCGTGGACTTCGATCCAAACGACATCCGTGACAGCCTGAATTTCCTATGCATCAGTAGTAATC
ACAGCTTGTACCAACCGGATTTGTCCAGAGAAGCCATTCTTACGGAGCACTTTCTACCTAGCGCCTATCTGCCGCCTGCCAAGTGCCTTAATGAG
TCCATTAGCTACTCCCATCTGCCTGCCACCAATGGCCCCTATCGCCCGATGCCCGCTGAATATGGCACCTATTCCTACTTGCCTCCTCAGCGATA
CGTGCGTAATCTGGCGGAAGGTGCCATCGTAATGCTCTACCATCCCTGCGCTTTTCCCGGCCAAGTGAAGCAGCTGCAAGACATCGTGGGTGGCT
GTCTGTATCGCCATCTGGTGTCACCCTCGCTGGCTCTGAGTCCGCAGCGACCGCTGGCCCTGCTCGCCTGGAGTCGCAGCCTCGAGATGTCCGTC
GTGGATCGACAACTGGCGGCGGACTTCATCCAGAAACACGCCAAGCAAGGACCACTTGCACCGGAGGAATTGTCGCGTTTGATTGTCAAGAGACA
GACCTACAAGGAGGGCCTTCTTAGGGAAGCGCACTTGGTCAACACGGCGGACGACTACGAGCTGTGCGGCTACCTACAGGAGGATATGTAGGCCA
AATGTGTTAACTATTTGTTTTTAATAAACCTCGAATACTTTGCC
(SEQ ID NO: 170)

Start ATG: 89 (Reverse strand: CAT)

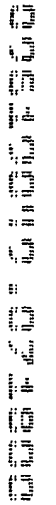
MFIWHYLTLLCLGFALIDAKSIKKSQANLLEPTLDPDEKLGKIGKSPPDISNDVQRVQVPLGATPGKNGWQGKWFPHAPGQQQEAIELKMKSTTE
EVPPLEFTTKDGWQGKWFPQAPGEPHLVKKKPLVDNKTKSGKSTTQDTWQGKLFPQGPNESHKTKQSSCDDGKSNLAVDFDPNDIRDSLNFLCIS
SNHSLYQPDLSREAILTEHFLPSAYLPPAKCLNESISYSHLPATNGPYRPMPAEYGTYSYLPPQRYVRNLAEGAIVMLYHPCAFPGQVKQLQDIV
GGCLYRHLVSPSLALSPQRPLALLAWSRSLEMSVVDRQLAADFIQKHAKQGPLAPEELSRLIVKRQTYKEGLLREAHLVNTADDYELCGYLQEDM
*
(SEQ ID NO: 171)

Celera Sequence No. : 142000013384570



CAATGTGTACCAGTCAGTAAGTTTTCGAACATCACAGGCGTAGAGGCGCAGCTCCCACATGGGCTCCATTAGCAAGGTGGCGAGGATGGCAGATA
TGGCAACCTCAACGAAAGCGCTGGCCGTCAAGATCAGCTGCTTCCGCGAAAACCTATGTGAATTCACTAAGTAAGTTCTTCTTCCAGTTTGATTA
GTTCACTCACTTGCGATCCTTGGCGTCCATGTCAATGAAAAAGCAGTGCATCATAAGTGGCAGCATGGTCATGAATCCCAGGTATAGCCAGGAGT
ACGTGCTTAACTCGTCGCGGCATGGAGAGCATGCGTAACTTTGGTTCACCTGAACAATATAAAAGTAAATTATTTTCCAGGCGCCGTTCCGAAGG
ATGCTAGAACATTAACCCGAGATCCTCTGGGACAGACCCCGCAGCTGCTCCAGCTGTTGTTTCCTAGCGGTGATCGCCCACAGTAGGCTCCTGGG
CAGCGTTCCAACGCGTCGTACATTCTCATGAAATCAAAACAATTACTTCGTATTGTATATTACATTAAACAAAATAAAAACAATACTCCTATCGA
TATCGGACTTATCGTTATCAGTAGGACCACTGAATAAACGAATAGGTTGTTCGTGCACTTAAATTAATACTAATTTATAAAATGATAATACATCA
GAAGCACATGCGAAATGTATTAAAAATAAGGAAATTATTTTCTACAGATTATATAATGGGCCCTAAGACTGCTTTCTAATTTGATCAAATTAATA
ATACTATATGTTTTTTATATATTTATTTACAATTAAACATGACTAGTAGAGTGTACATTCTTACAGTGCAACTTTCAATGATTTGATTTTATTTGAAA
TCCCAATTGCCAGAAATTTAAATTTAGGGTCCCTTATATGTACCACATAAACCAGTTCGATAGGCGCGCTTTTGGCATGGCCTGATAACTCTGGT
AAAAAGCACCGCGCGAACCGGTTCAATTCATAACTAGTTCGCCCGAACTGCACAACCCTAGCAAAAGAAATAGCTTAAATATAATTTATTTAACG
CGAATTGGACAACGAGCGGGTAGAAAAAACCCTGTGGCCGCAACCGCGACGCTCGCAGGATACGCAGCTCTTCGCCGTCGGGCAGGCAGGTAAAA
AGCAATGGCAATTGGAGTTGACCGCAGAACAACAGCAACGGCAGACGCCATTTTGTCTATTGGCCGGCTGATTTGTAAGCTCAATATTCGCGAAA
TAGTTACCGCGACTAGCTTCGAGTGGCGCAGCCAAGTAAGGGCTCCCCGCTGTCCAGAGCAAAGGCGAAAGGAAGAGCAATCGCCCATTTTGAGG
CCTGCGAAAAGTTGGGACTCGGTCGTCAGTTCGCTCGATTCCATTTGCGAAAAATAAATGTACGTGCGCGTGAGGAAGTGTGTGTGCGCGTGAAA
AAACAGTGAAAAATAATAAAAAGCCGCACTGGCCGCCGTCCTTGGGTGACTTCCGTTAATCTCTTACAACTTTAAAGCTATAGAAAGAATGTGA
GCAATTTACCGCCCTCGACACACCCAATGAACCGCTAATTTTGGCATCTTTCTATAACTTTATGCGTAGTTATTTTCACCACCCTTCGCCTACAC
CCTTTCCCCGCCCCTTTTTCCACCAGTGGCTCCCACCCACCGACCGACATTCCGCTTAAGGATGATGCCGGGCGGAGAGAGATAGAGAGTGAGTG
CAAAATCCGTAAACTTGGACGTGATGTAATTTTCGGCAGGAAAATGTTCTTTGTTTGCCCAAAAAAATAACAATAAATAAATAAGAATGAAGAGC
GAGGCGTAAAACAAAAACAATTTTAAATTAAACTCAAACGCACACACAAAAAGAGAGGGTTCTGTGGGTGAGCGTGCGTGCGTGTGAGTGGGTGA
GAGCGTAATTTGTGTGCTTTTGGAGCATTATTTGGCGCTTGCTGCCCCGTCTATTAAATAATATTGATTTTTCATATTCCAACCCAGCGCTCTCT
TACACACACGCAGGACCACTCACACACCCAAAACTGAGCTTCGTACACATGTGGGCCTTTTCGGTCTCTCTCTTAGCGCTGTATTTATCCGCCTC
TTATTGCCTCTTTCGCTTCGTTGCACTTTATAGATTTTTGCAAACTGGCCGCTGACCAGGCATTGGGAAAAAGGACAATAAGAGGGAGCCCAGAG
CAAGAAGTCCAACTAACCGACCAACTGTGCCTCAAGAAACAGCAAATCAGCGGGGAACTCCCAAACTGGACAAGCAGAAGCCCGGATACCTCACA
TTTGCCATAAGACACCAGTCAAAAAACGACGCGCACTGCAGAACGCATTAGGATTAGCCCGGCACTAGAGCTCGTGCATTAACATCCGCTTCCGG
TGCTCCGCAGAACGAGTTGGCTGGAGAGGATACCCCGCCACCATGACGTTCGACACTCGTAGGCACACCACCGGACAGCCGGGAAGCACAGCGCC
CAGCTCAAGCAGCAGCACCACCAGCACAACAACCACCACAACGAGTCCGGCGCAGAGTGCCGGATCAGGATCGGGCATAGGAACAGGCACAGGAA
CAGTCGCCAACTCGAGTCTGCCAGGAGGAGGATCAGGTAGCTTGGACGGCAACCAGGATCAACAGCCGGCCACAGACAGTCAGAGCTCTGATGAC
GTGGCCGCTTCCTTGTCAGCGAACAGCGTGGACAGCACCATCACAATAGTGTAAGTGGTCGTGCTGCCGTATTTGCATGACTCCGCCCAATTAGT
CGGGTTTTGTGCGTAGCACCAGTATGACCGCCACCCCTAAAGATCCCCAACATTCGTGTGTTTACTTTTGCGTAGTAATTCTTCCACATGCATTC
TTTGTTTGTCTATGGTTGGGCCAGCACAATGTTCGTAATTCATTTAACTATGTTTCAGATGATTTTGGCCAGGCCACTGGTTAGTGACCATAAAT
GTGGCAATAAATGTTATCTTTCTTTTTCTTCGATAGGTGCACTTGGCTGCTGTCCAGTTTTAGCAATGAACTTACCAAGCTTTACTAATATTACC
TTACCCGGCTATTACTATCTCATTTTGAATGCCCGTCCACGGCCTATCTTATCGCTTGTCCATCAAAATAAGCTAACACTGAAAATTACAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAATGTATGCGTTTTGGCATTTATTTTAATAGAAATAACCATTTAATAAACAGAAATGTTTATGGAAGGGTGTGCTTTGATTGA
CCCCCTAAGAACTTTTTTTTTTTATGTGTATTATTTAATTTGTTATTTTTAATATTGAATAATTGTCCATTTAATTAAATAGGCCTCCAGAGAAGC
TTATATCCTCGTTTCCCACGACGAAACTGAGATCACTAACGCAAAAGATATCCAATCCGCGTTGGGTGGTGCCGGTGCTGCCTGAACAGGAATTG
GAGGTTCTCTTAAATGCAGCCATCGAACTGACCCAGGCTGGTAAGTGTGTCCAAACGATTTATTTGATACCCTCTAAAGTCAATTTATTTGCAGG
TGTGGATCACGACTGCGAGCCATGTGTGGAGTTTATCGCAATGGACTGAGCACTTCCTTTGCCAAGATCCTAACCGACGAGGCGGTGAATTCGT
GGAAGAATAACATCCACCACTGTATCCTTGTGTCTTGCGGCAAGCTTCTACATCTAATCGCCATCCACATGCAGCGAGACAATCCCTATCTGCTT
GACTTGCTGGCTATTGTTTTTGATCCGGAGAACAAGTTCAACACATTTAACGCAGGCCGTCAACCGGAGTGCTTCGCAGCGCCGGACTACATCTG
GGGTCAGTTGGACAGCAACAAAATGTACGCCCGTCCGCCGCCGGAGCCCAAGAATGCGCGTGGCTGGCTTGTGGATCTTATTAACCGCTTCGGAC
AGTTGGGAGGCTTTGACAATCTACTGGAACGGTTTAACATCGGACTGGAACTGCTGAAGCGCAACCAAAACAAGTGCACTGGCAAGAATATTAGT
GTCGAGGGTAGGGTTGAAAATGGGGCTCAGGATAATCGCCTCACCCTTGCCCTCATACACAGCCTCTTGCGTCCATTCGGTCAATGTTATGAGCT
TCTAATGCCTGCCACTATAGCCAAGTACTTTATGCCCACCTGGAACGTTGTGTTAGACCTTCTGGACAGCTTCACAGACGAGGAGTTAAAGCGAG
AAGTGAAACCTGAGGGACGCAATGACTACATCAATGGGATTGTAAAGTCAGCCCGCTTACTGGCCAGCCGCTTGACTGGCCAGGAGGAGCTAATC
CGAGATCTTGAGATGTTTCGCCTAAAGATGATCCTGCGTCTGCTGCAGGTGTCCAGCTTCAACGGCAAGATGAATGCCCTTAATGAGATCAACAA
GGTGCTCTCCTCGGTCGCATATTTCTCCCATCGATCCCAACCTTTGCCCCACTGTATGCCCGAAGACGAAATGGACTGGCTGACGGCGGATCGCA
TGGCGCAATGGATAAAGTCGTCAGATGTATTGGGTGTCGTGCTCAAGGACTCGCTACACCAACCGCAGTATGTGGAAAAATTGGAAAAGATCATC
CGCTTTCTTATTAAAGAGCAGGCACTAACGTTGGATGATTTGGATGCAGTTTGGAGAGCGCAGGCCGGCAAACACGAGGCAATCGTGAAGAACGT
TCACGATCTACTGGCCAAACTTGCATGGGACTTTACTCCCGAGCAACTGGATCACCTCTTCGAGGCGTTCCAGGTGAGTTTTCTGCTTTAAAAGT
GTATTAAGTAAGTTTAAGTTTTAAATTATGATTATTACATTTTCCGCGATGGTTTGTATATAAAATCTCATGAACAATGAAAACAATATTAATTT
TTATTTCAGGCCAGCATGACCACTGCCAATAAGCGGCAACGGGAAAGACTTCTTGAGCTAATACGCCGCTTGGCTGAGGATGACAAAAATGGTGT
GATGGCCCAAAAGGTGCTTAAGCTGTTTTGGACTCTGGCCCACAGTCAGGAGGTGCCGCCAGAGGTGCTTGATCAGGCGCTGGGCGCACACGTTA
AAATCTTGGACTACAGCTGCTCGCAGGAGCGGGATGCCCAAAAGACCATTTGGTTGGATAAGTGCGTTGACGAACTTAAGTCAGGCGATGGATGG
GTTCTGCCCGCCTTGCGTCTAATCCGGGATATTTGTTGCCTATATGATACCACGACAAATCATGCCCAGCGCACTCAAACGAGTACGAATCGTCA
GCAGGTGATTGAACGACTACAGAATGATTATTCCTTGGTCATTCTGGTCACCAATAGTTTGACTGCATACATGGAAAAGGTACGCCAAATGGTAA
CGGACTCACCAGGCCTGGATGCAACCAGAATCCTAATTGACGGAAGATTTCCGCATCACGTGCAAATAGCGGAGCGACTGGAGTTCCTTAAGTTC
CTGCTGAAAGATGGACAGCTATGGCTGTGCGCAGATCAGGCAAAGCAGATTTGGCATTGCTTGGCGGTCAATGCAGTTTTTCCGGCAGATCGTGA
GGAGTGTTTTAGATGGTTTGGCAAGTTGATGGGTGAGGAGCCTGACTTGGATCCTGGCATAAACAAAGACTTCTTCGAGAACAACATCCTGCAAC
TTGATCCGCATCTACTAACCGAAAGCGGAATCAAGTGCTTTGAGCGCTTCTTTAAGGCTGTCAATTCCAAAGAGGACAAGCTGAAGGCGATACAT
AGAGGTTACATGCTGGACAACGAGGATCTAATAGGAAAGGACTACTTGTGGCGGGTCATTACAACTGGAGGCGAGGAAATCGCCAGCAAGGCCAT
TGATCTACTTAAGGAAGTGTCGACGGCATTGGGCCCACGTCTGCAGGAGAATATCGCAGAGTTTCATGAAATGTTCATTGGTGAGTGCTGCTCCC
GCCTGCGCACACACTATGGAAATATCGTTATATTGGGCAAGACGCAGCTGCAAGAGGAATTAGATGCCCCCGATCAGTCGGATAATACCAACGAC
GAGTCTAAAGATTCAAAAATGCGTTTCATCGAGGCGGAGAAGATGTGCCGAATTTTAAAGGTGCTGCAAGAATACGTAAAGGAGTGTGATCGTTC
TTTCAGCGGCGATCGTGTTCACCTGCCACTTAGCCGGGTTACACGGGGCAAAAACACCATCTTATATATCCGCTTCCAGAACCCTGGCAGATCTA
TCGACGACATGGAGATCGTTACACACAGCAACGAGACGATGGCCGCTTTTAAGAGAAATCTACTTAAGCGAATCAAGGGAACTTCGACGGCCAAC
ATAAAGGTTGATCTCTTCTATGCTAATGACGAGATGATCGGGGTTTCCGATGAAATAAACCCACTTTATCAGTACACTATCCGGGATAAGATGAA
TCTTACAGCAAAACTCACGCCCGTGGGTACGGGTCTAGCCAGCAGTCCCGACTCCTCGAGCGACTCGAGCACAGGATCTCCTCCGCGTCCCTGCC
CTGACATGCAGCGTGTGGAGTCAGAAAGCACGCTACCCGGTGTGATCATCTCGCAAAACTACCAGTACACAGAGTTCTTTCTAAAACTGTACCAA
CTGGGCAGTGATCTCGAGCACGGTCGTCTTCGAGACAGTGCAAAAGTTTTACTACACCTGCTTCCCTGCGACCGCCAGACGATCCGTCAGCTAAA
GATTATGTGCAAGGTGCCGAAGGCTGCCGTAACGGTGGCTGTGACGGGTGACAAGATCGCTAAGGATGAGGAGGAGAAACTGTACCCCACTGAGC

FIGURE SHEET 85



AGGCGGGGATTGAAGATGAAGAGGTAAGACTATAGTTAGTCGAGTTAGTTCATTCAGGAAAGCTATAATGGTTATTTAATTTAAATTGTTTTCTG
TATCAATCTCTTAATATCTCTTCTTTTTAGGAACACTGCACGCCAGAGCAAATGTTTTTGCACCCCACACCTGCTCAAGTGCTATACAACCTTAG
TGTGTTGCACGGACTGCTGATTCCCGCGCTAGATCCACTAGGAGAAAGTGCCCTACTAGTGCAGTCTGCATGGATGCATTCTGGCTGCGCTCATT
TCGTGCTGGAACTGTTGACCAAAAACAATTTTCTGCCTAGCGCCGATATGCACACAAAGCGTGCGTCCTTCCAGTGTGTGTTGAGGTTGGCAAAG
CTGTTCCTGTACATAGTTGGCAGTGTATTGTCTCGTGTAGGCGATGAACCCATGATCTGCGACCTTGACAACGGATCCCGTTCCCAGGTTGACAT
CCTGAAGCAGAACTTCTCCACGATGCCCAGTAGCTCACAGGGAACATTGAGGGCGATCTCCGCGAAACTTGCTGTGATCCTTGCCCGCGAGATGC
TTTCAGCCAGCCCAGAAGGTGATCGGTGCCGAACGCTATTTAGCTCCACACTGCAGTGGTCATGTCCCGACATTTCAACCATTAAGGCGGTAGTG
CAACTGGCCTGGGCCTCGTCTTGCGGAAATCTTCAGGCTCTAGGCAATAGTAGCGGCGACTTTGAAGACGAGGTGATCGTGCCGGACGGGCAAGA
CTTTAGCATGTGCAAGGAGGCGCTAGAGGTTCTCACCATTTCGTTTATTCTGAATCCGAGTGCCAACGAGGCGTTGACTAGCGATCCGAACTGGC
CAAAGTTCATCACCTCCATTGTTCTGAAGAACCCGCTTCGCCACGTGCGTCAGGTGGCCTCTGAGCAGTTGTTTTTGGCTTCTACCTATTGCGCT
GGGGATCGGCGACCGTTCGTATACATGGTTAACTTGCTGGTTGGCGCGTTGAAGACGCTGGTTCCCCAGTACGAGTCAACTTGCGCTGAGTTCTT
CTCGGTGCTGTGTCGGACCCTTTCTTATGGATGCATCTACAACTGGCCGCTGCAGATTAGCGAGGGATTGTTAGGCGATGAGATTAAGTGGCTGC
AACGCATTCGCGAAAACGTCCACGCCACCGGCGACACACAAGTGCATGAGGAGCTCCTTGAAGGCCACCTCTGCCTTGCCAAAGAGCTAATGTTT
TTCCTTGGCGCCGATTCAAAGGCGCAGCTGAACGAGCTCATCCACGAACTGATCGACGACTTCCTGTTCACGGCCTCTCGCGAATTTCTGCATTT
ACGGCGTCATGGCAGTCTACGGCAGGACACCGTCCCGCCACCAGTTTGTCGCAGTCCGCACACAATCGCCGCTGCTTGCGATCTCCTCATTGCCT
TGTGCCAGCTCTGTGTTCCTAATATGAAGCTACTCACCAATACACTTATAGACTTCGTCTGCACGGGTGAGTGTTGGAATCGTAAGATCATTTCA
TGATTAAATGTTTCCTCAATTTTTTGTAGATACTGATCCGTTGCGCGAATGGGATTACCTGCCGCCGGTGGGCGCCAGGCCAACTAAAGGTTTCT
GCGGACTAAAGAACGCAGGTGCCACTTGCTACATGAATTCGGTGTTGCAGCAGCTTTACATGGTACCAGCGGTCCGGGTGGGTATTCTGCGAGCC
CACGGCGCTGCCACCACCGACGGCGAGGATTTCAGTGGCGATTCCGATTTGACGGGAGGCGGTCTTGGATCGGCCCTATTCTCGGGTCCCGCTTC
TGCCCTAGTCAGCCTCCCCTCGTCGTCGTCAACTATCGAAGACGGTTTGCACGATGTGCGAAAGAACTATCACGTTGTGATCCTGAAACATGTGC
AGGCCATATTCGCCCACCTGGGCCACAGTGCGTTGCAGTATTACGTTCCACGTGGTCTCTGGACACATTTTAAGTACAAAATTGTTTCATTGATT
GGCATCACAATGATATTAATATATTATAATTTTTGTTTGCTAGGCTACTGGGAGAGCCCGTGAATCTTCGCGAGCAGCAGGATGCCGTGGAGTTC
TTCATGTCCTTGCTTGAAAGTCTCGATGAAGGACTTAAGGCGCTAGGCCAGCCACAGCTTATGAATGCCACTCTGGGCGGTTCGTTCAGCGACCA
GAAAATCTGCCAAGAGTGTCCCCATCGCTACTCCAAAGAGGAACCATTTAGTGTATTTAGTGTCGATATTAGGAATCATAGCTCATTAACCGAAT
CTCTGGAGCAGTATGTCAAGGGAGAGCTGCTCGAGGGAGCCGATGCATACCATTGTGATAAATGTGATAAAAAAGTAATGTTCTCATCTCTGATA
TTCATATACAATTAATTTTTATTAACATCATTTTTGTGTCCAACAGGTAGTTACCGTTAAGCGAGTGTGCGTTAAGAAGCTGCCACCCGTGTTAG
CCATTCAACTAAAGCGTTTCGAATACGACTACGAACGCGTCTGTGCGATTAAATTTAATGATTATTTTGAATTTCCACGTATCTTGGATATGGAA
CCATACACAGGTGAGTTTAACCGTAATTCCATACGTATATATCTTCTTATTGGATCTTCTTCTCCATGATCAGTGTCTGGCCTAGCTAAGCTAGA
GGGCGAGGTGGTGGAAGTGGGTGATAATTGTCAAACAAACGTTGAGACGACGAAGTACGAACTGACCGGCATTGTGGTGCACAGCGGACAGGCTT
CCGGCGGTCACTACTTCAGTTACATACTCTCCAAGTGCGTACCATAACAATGTTACAGTTTTTTTTAAGACTAATTCAATACAACACCTGCTCCA
GAAACCCAGCAAACGGCAAGTGTCAGTGGTATAAGTTTGACGACGGCGAAGTCACCGAGTGCAAGATGCACGAGGACGAGGAAATGAAGGCGGAG
TGCTTTGGCGGCGAGTACATGGGCGAAACCTACGACAACAATCTTAAGCGCATGCAGTACCGTCGACAGAAGCGCTGGTGGAATGCCTACATGTT
GTTCTACACCCGCTGTGATCAAACTCCCGTGCAGTATGAACCCAGCGTGGAGCAGTTGTCACTCGCAGAAAGTCGAAACATGGTTTTACCATTGC
CAAAGCCCATTGAGCGCAGCGTGCGGTGAGTGGAAATAGTGCTTGACCACTATACAGATACTTTTTAATTATTTTTTTTCGATTGCAGACACCAG
AACATTCGGTTTCTCCACTCCCGCAGCATTTTTTCCGTGGAGTTCTTTAACTTTATCAAAAAGTTGGTCAGCTGCAATCTACTTTCTGCTCGGAG
CAATAAGATCGTCAGTTTGTATTCAAGTGGTTTTATTTCCCGTTTAAAAAAACTATTATTTTTTTTAACAGACTCCTGCTGCAGAAGAGCTTTCAC
TGCTGGGCGTCCAATTAGCATCGCAGTTTCTTTTCCACACCGGCTTCCGCACGAAAAAGTCTCTGCGAGGCCCCGTTATGGAATGGTGAGTAGCT
TGGGAGGTATTGACTCGGGTATAATTAGGATACATCTTCTGCTTTACAGGTATGACGCGCTCTCACACCACATACGTTCCTCGGCACTAGTTCGC
AAGTGGTTCGCTAATCATGCGCTCCTCTCGCCGCCATCGCGTTTAGGCGAGTACATTCTGATGGCTCCGTCTCCGGATGTCCGTACTGTCTTTGT
CAAGTTGGTGGTTTTTTTCTGCCATTTTGCCATCAACGATGAACCTCTGACTGGCTATGACGGCGCTAATCTCTGCGAGCAGGTACTCATCAGCG
TGTTGCGCCTCTTGAAATCCGAGGCAGCCGACTATGGCAAACACCTGCCCCACTATTTTAGCCTTTTCAGTATGTACGTGGGACTAGGAACACGG
GAAAAACAGCAACTGCTTAGGGTGAGAACTATTTACAATAAGATTGCTTGCCATTCTAAACGATTATGTTCGTTTGCAGCTCAATGTGCCGCTGC
AGTTTATTCAGGTGGCGTTGGATGATGGCCCCGGTCCGGCAATAAAATACCAGTATCCAGAGTTCAGCAAGCTACACCAAGTGGTTTCGCACCTA
ATACGCTGCAGCGATGTAAGCGAAAAATGCCAGAGCTCCAACCAGAACGCCCGTCCACTGTCCAATCCGTTCAAAGATCCCAATGTTGCGCACGA
GGAGCTGACGCCCCTGTCCACTGAGTGCATGGACCTGCTCTTTAACCGCACGGGGTAAGGTGCATGGCATTTTACTGATAACTGTGCTCAGTTCA
GAGAGCATTTCAAGCCATTTCCTTATGAAAGAAACGTACAGTGAGTGCTTACGATCCGTTTTGTCATTTTTTTTTCAGCTACATCAAGAAAGTGA
TCGAAGACACTAACGTGGGCGACGAGGGTCTGAAGCTGTTGCAATACTGCAGCTGGGAGAATCCACATTTCTCTCGCGCAGTGCTAACCGAATTG
TTGTGGCAGTGTGGGTTCGCCTATTGTCACGACATGCGTCACCACACTGATCTGCTTCTGAACATCCTGCTGATCGACGACTCGTGGCAGCACCA
TCGCATACACAATGCTCTCAACGGAGTGGCGGAGGAACGTGAGGGTCTGTTAGAGACGATACAGCGGGCGAAGACGCACTACCAGAAGAGGGCGT
ACCAAATAATCAAGTGCCTGACGCAACTTTTCCATAAGTCGCCGATTGCGCTGCAGATGCTCCACACAAATTCGAACATTACTCGGCACTGGAGC
ATTGCAGTGGAGTGGCTGCAAGGCGAACTAGATCGGCAGCGGGGCATCGGTTGCCAGTACAATTCATACTCGTGGTCGCCGCCGGCGCAGAGTAA
CGACAACACTAATGGCTACATGCTAGAGCGATCGCAGTCTGCTAAAAACACGTGGTCCATGGCCTTCGAGCTCTGTCCAGATGAGGTCAGCGAAA
AAACGGTATCTAAAACATAACAATTATATTAAAGAATACTTTATTCTATTGATCGTTCATTATAATAGGATGAAAATAATGAGCCGAACTTGGAG
ACGAACATGGATGAGAACAAATCGGAACCGGTGGCTCAGCCAGGAGGAGTGCTTGAGGGATCTACCGGCGGCACAGAGCAGTTGCCCGAAAATAA
GACGCCAACCACAAGCAGCCCGTCGACTGCCGCCTGGCCAGCGCGTGGGGATAGCAACGCTATTCCACGACTTTCGCGTCAGCTATTTGGGGCTT
ACACTTCGACTGGCAGTGGCTCCACTAGTGGAGGTTCCGCGCCAACTTCCGCCTTGACGACAACGGCGGGTAGTGGGGCTAACAGCGAAACAGAA
AGCAGCGCCCAGGAAACAACCGGCGAGACGACCATTAACGGACTGACAAACAGCCTGGACCAAATGGAGATAACGGCCAAAAAGGTAACTCGGGC
GAACAATGTCTAGGACAAGTGTCCATCTATAAGGTGTGTGTCCGTTGCCGCAATTGAAGAGTTCGAGACGTCTAAAAACAGTCCCAGAAAACTAG
TAAACACAACAAACACATTTTACACTGGAACTCCAATCTGTATCTTTCTATCTGTCTTCTTTAATACGTGGATAGAAGATATGTAGTTTAGTCAA
ACTAAACATGTCCTCCCGACGTTCTTTTCCATTTATATTTATGTTTACTAAAAGACACTATGTACTTTAACAAGAACGTTGGTTAATATAAAAAT
ATTGGTTCGCTTCGACTGTTTACCCTTCGGTTTTCGAAGATCCACCACCTTCTTATTTAAACTCTTCTTTAATATTTCTACCATACTACAACATC
ACCCTCGGTAACCCTTGCTGCGTTTCGGTGTTTAATCCTTTATTGTATATGAATTGTAACCACAAACGCAGGGTGTGCGAAGTCGCTCCAAAGGA
GGCAAGCTCCCCCCGGTGCTGTTTCACCATCACCAGTTGCCGCCAGAGCAACAACTTAAACTGAAGCAGCAACAACAGCAGCAGCAGCAACAACA
GCATCAGCAACTACGTGGTGATATAAACAAGACTTCCTCAAGCCGCTTAATTTGATTTGACGCCAAGTTAGTTAGAGTTGTTGTTTCGTTTGAGC
TCAAAACGCCCGCCTTACTTTGTGTTTGTTGTTGTTTTCACGATCCCGGCACAAATGAGATGCACTTGCCATCCCCGGATCTGTCTTCCCCTTGG
CTTTTTATTTCCTTTACTGCAAGTTTTCTCTACTTATCCATGCAAAACCACGCACGCCACAATCAGTCCACACACACAAAATCACAGGGGTCCAA
CAAATTTGAATGTCAACGAAGTCAACGAAAACTAGTTGAAATACGATGGATATGTTTCTTAATTCGTACTTTTTTAAATAAAAAAACTAAGACTG
ATTTCTAATATACCGAATCTTAAAAATCATTGTTTTTTTGTATGTTATATTGAAAAGAGTGTTTTTTGGTTCTTCAGCGAATTATTTCAACGAAA
ATATACAATACAAAATATCAGTATATACATTTCATATAAAAAAGATATCCTAGATTAAAGTACATAACTAATCGTATTAGACTTTGACCTATTAA
GATACTACTTTATGATCCACTTTTGAGGCGTGAATGAACCCGAAAACACTCGAAGCAAGATTGCATTACCGCTTAGCTGGCACCCGTAGCACTGG
GCGATAGATTGTCAACCTCCACTAACCGAACTCTTTTTGTTGGCTATTCACAGAAGTGCCGCAGGGTGATAATAAAAAAGCTAGTGGAAAGTAAG

FIGURE SHEET 86

GACGAAGAGGACGCAACTACTGCTACCACAGCGGCCACCACAGAGGTCACAACATCGCCAGCGACAGCTATCGCAACGGCAGCAACTTTAGAGCC
TGCCGGAATGAGTGAGCTCACGACGATGGTAGAGAAAAATCTTATAATAAGCCAAGAAAATCCACAAGCGAAAAGCTCATTGCAATAAAATGTAT
TCGCAACCTAGCTGGAGGAGAAGATGATGAGTATCCATAGTGTTAAATGTAACCAAAGCAGCCTGACAATGAGAACGGTGTGGACAGGTGTTTAC
TAGTGGGGATCCCCACCGTCGAAAACGAGACTTAATGGGTAAATACGAGAAAAAGAGCAGAATCCGTAGATATTAACAAAGGATACTTGGTTGGA
GCGATGCGAGTCAAGGAACGAAAGTCTGGTAGATAAGGAGATCAAAACCAGCAAAGGTGTTTATTAGCTATCGAACTTTATAATTACCTTTAATA
ATAAACAAATACACCAATTTTTTGTTTGGTTTTCTGTTTTGTTAAGCATTAAAAGGGATATGTTTATTTCTCCTCATTGTAAATGTGTCCCTTTT
AATGTATAAATCTAAAAAAAAAAAAATGAAAAGAACACCTTAAACTAACTCCCACAACACTACACAGAAACGGACGTAGGCAGAAAGAAACACACT
CATAATCTATAAGAAGCGTTAAGTTGCACGTTTACAGTACCATATAATTGTATTTATATAGTATATAAATGATGTATTACGTATTGAAGCCGAGC
AACACTTACTATACTAACCGAAAAAAATCAAAATGATGGACACTTAGATACGATACTAGGAAAAACTAATCGAAACGAATCGGCTGATTGTAAGA
ATTAGGGCAAGAAACCAAATTGCATCTTTAGTACTCAGTACTCGCCTCTGAAACTGTTTCCATAATCATATTTCAACGGCATGAACCGATTTAAT
GGGATGCTAATTAAAACAAAACAGTATAAACTCAAGAGCAGAATGGACTAAAGCAACACGAGCATAAAGAAAACTTGATTATGGTCATAAGTACA
TATATTTTAAATGATTAGTGTTTTGTATTAAGTGAAATTTGTTAAACATTTATTACATTTTTATGTTCTAAGTTGCGAAATAAATGCGAAGAGAA
AGCAAAGCGCGCAATGTCATTCATGCCTTCTCTCAGTTTCCATTTCCGTTTCCGTTTACCGACAGCAATCAACTCAAAGTCTAACTTTTATGCCG
CGAGATTTTGTACGGAACTCAATTTTAAATTATGTATTCACAAAGATGTATTACATTTGGGAAATTAATGTTCGTTACATCCATTAAATTCAGCG
AAAATGAAACAAATAAATCACTTTTTAAAACCATTACTTTTGGCTTCCTTACTTACCCACAAAAACAATTCATGGCTAACAGTTTTAGACGTTTA
ATGGGTTAAAGATAAGAAAATTCCATTAGATGGACACTTTTTTACTTAACGATAATAAATGCACTTCGTGATCCCTGAACCAAAAGCAGGCTAGT
TAATATTTAAAATATAATTTTGTTTGTAAATGCAACAACTC
(SEQ ID NO: 172)

Exon: 1001..1134
Exon: 2124..2710
Exon: 3312..3460
Exon: 3515..4728
Exon: 4855..6768
Exon: 6871..8236
Exon: 8295..8718
Exon: 8784..9099
Exon: 9167..9320
Exon: 9384..9534
Exon: 9597..9905
Exon: 9969..10080
Exon: 10141..10250
Exon: 10310..10661
Exon: 10720..10979
Exon: 11099..11690
Exon: 11754..12149
Exon: 13449..14051
Start ATG: 2418

Transcript No. : CT6055
CACAACCCTAGCAAAAGAAATAGCTTAAATATAATTTATTTAACGCGAATTGGACAACGAGCGGGTAGAAAAAACCCTGTGGCCGCAACCGCGAC
GCTCGCAGGATACGCAGCTCTTCGCCGTCGGGCAGGCAGATTTTTGCAAACTGGCCGCTGACCAGGCATTGGGAAAAAGGACAATAAGAGGGAGC
CCAGAGCAAGAAGTCCAACTAACCGACCAACTGTGCCTCAAGAAACAGCAAATCAGCGGGGAACTCCCAAACTGGACAAGCAGAAGCCCGGATAC
CTCACATTTGCCATAAGACACCAGTCAAAAAACGACGCGCACTGCAGAACGCATTAGGATTAGCCCGGCACTAGAGCTCGTGCATTAACATCCGC
TTCCGGTGCTCCGCAGAACGAGTTGGCTGGAGAGGATACCCCGCCACCATGACGTTCGACACTCGTAGGCACACCACCGGACAGCCGGGAAGCAC
AGCGCCCAGCTCAAGCAGCAGCACCACCAGCACAACAACCACCACAACGAGTCCGGCGCAGAGTGCCGGATCAGGATCGGGCATAGGAACAGGCA
CAGGAACAGTCGCCAACTCGAGTCTGCCAGGAGGAGGATCAGGTAGCTTGGACGGCAACCAGGATCAACAGCCGGCCACAGACAGTCAGAGCTCT
GATGACGTGGCCGCTTCCTTGTCAGCGAACAGCGTGGACAGCACCATCACAATAGTGCCTCCAGAGAAGCTTATATCCTCGTTTCCCACGACGAA
ACTGAGATCACTAACGCAAAAGATATCCAATCCGCGTTGGGTGGTGCCGGTGCTGCCTGAACAGGAATTGGAGGTTCTCTTAAATGCAGCCATCG
AACTGACCCAGGCTGGTGTGGATCACGACTGCGAGCCATGTGTGGAGTTTTATCGCAATGGACTGAGCACTTCCTTTGCCAAGATCCTAACCGAC
GAGGCGGTGAATTCGTGGAAGAATAACATCCACCACTGTATCCTTGTGTCTTGCGGCAAGCTTCTACATCTAATCGCCATCCACATGCAGCGAGA
CAATCCCTATCTGCTTGACTTGCTGGCTATTGTTTTTGATCCGGAGAACAAGTTCAACACATTTAACGCAGGCCGTCAACCGGAGTGCTTCGCAG
CGCCGGACTACATCTGGGGTCAGTTGGACAGCAACAAAATGTACGCCCGTCCGCCGCCGGAGCCCAAGAATGCGCGTGGCTGGCTTGTGGATCTT
ATTAACCGCTTCGGACAGTTGGGAGGCTTTGACAATCTACTGGAACGGTTTAACATCGGACTGGAACTGCTGAAGCGCAACCAAAACAAGTGCAC
TGGCAAGAATATTAGTGTCGAGGGTAGGGTTGAAAATGGGGCTCAGGATAATCGCCTCACCCTTGCCCTCATACACAGCCTCTTGCGTCCATTCG
GTCAATGTTATGAGCTTCTAATGCCTGCCACTATAGCCAAGTACTTTATGCCCACCTGGAACGTTGTGTTAGACCTTCTGGACAGCTTCACAGAC
GAGGAGTTAAAGCGAGAAGTGAAACCTGAGGGACGCAATGACTACATCAATGGGATTGTAAAGTCAGCCCGCTTACTGGCCAGCCGCTTGACTGG
CCAGGAGGAGCTAATCCGAGATCTTGAGATGTTTCGCCTAAAGATGATCCTGCGTCTGCTGCAGGTGTCCAGCTTCAACGGCAAGATGAATGCCC
TTAATGAGATCAACAAGGTGCTCTCCTCGGTCGCATATTTCTCCCATCGATCCCAACCTTTGCCCCACTGTATGCCCGAAGACGAAATGGACTGG
CTGACGGCGGATCGCATGGCGCAATGGATAAAGTCGTCAGATGTATTGGGTGTCGTGCTCAAGGACTCGCTACACCAACCGCAGTATGTGGAAAA
ATTGGAAAAGATCATCCGCTTTCTTATTAAAGAGCAGGCACTAACGTTGGATGATTTGGATGCAGTTTGGAGAGCGCAGGCCGGCAAACACGAGG
CAATCGTGAAGAACGTTCACGATCTACTGGCCAAACTTGCATGGGACTTTACTCCCGAGCAACTGGATCACCTCTTCGAGGCGTTCCAGGCCAGC
ATGACCACTGCCAATAAGCGGCAACGGGAAAGACTTCTTGAGCTAATACGCCGCTTGGCTGAGGATGACAAAAATGGTGTGATGGCCCAAAAGGT
GCTTAAGCTGTTTTGGACTCTGGCCCACAGTCAGGAGGTGCCGCCAGAGGTGCTTGATCAGGCGCTGGGCGCACACGTTAAAATCTTGGACTACA
GCTGCTCGCAGGAGCGGGATGCCCAAAAGACCATTTGGTTGGATAAGTGCGTTGACGAACTTAAGTCAGGCGATGGATGGGTTCTGCCCGCCTTG
CGTCTAATCCGGGATATTTGTTGCCTATATGATACCACGACAAATCATGCCCAGCGCACTCAAACGAGTACGAATCGTCAGCAGGTGATTGAACG
ACTACAGAATGATTATTCCTTGGTCATTCTGGTCACCAATAGTTTGACTGCATACATGGAAAAGGTACGCCAAATGGTAACGGACTCACCAGGCC
TGGATGCAACCAGAATCCTAATTGACGGAAGATTTCCGCATCACGTGCAAATAGCGGAGCGACTGGAGTTCCTTAAGTTCCTGCTGAAAGATGGA
CAGCTATGGCTGTGCGCAGATCAGGCAAAGCAGATTTGGCATTGCTTGGCGGTCAATGCAGTTTTTCCGGCAGATCGTGAGGAGTGTTTTAGATG
GTTTGGCAAGTTGATGGGTGAGGAGCCTGACTTGGATCCTGGCATAAACAAAGACTTCTTCGAGAACAACATCCTGCAACTTGATCCGCATCTAC
TAACCGAAAGCGGAATCAAGTGCTTTGAGCGCTTCTTTAAGGCTGTCAATTCCAAAGAGGACAAGCTGAAGGCGATACATAGAGGTTACATGCTG

GACAACGAGGATCTAATAGGAAAGGACTACTTGTGGCGGGTCATTACAACTGGAGGCGAGGAAATCGCCAGCAAGGCCATTGATCTACTTAAGGA
AGTGTCGACGGCATTGGGCCCACGTCTGCAGGAGAATATCGCAGAGTTTCATGAAATGTTCATTGGTGAGTGCTGCTCCCGCCTGCGCACACACT
ATGGAAATATCGTTATATTGGGCAAGACGCAGCTGCAAGAGGAATTAGATGCCCCCGATCAGTCGGATAATACCAACGACGAGTCTAAAGATTCA
AAAATGCGTTTCATCGAGGCGGAGAAGATGTGCCGAATTTTAAAGGTGCTGCAAGAATACGTAAAGGAGTGTGATCGTTCTTTCAGCGGCGATCG
TGTTCACCTGCCACTTAGCCGGGTTACACGGGGCAAAAACACCATCTTATATATCCGCTTCCAGAACCCTGGCAGATCTATCGACGACATGGAGA
TCGTTACACACAGCAACGAGACGATGGCCGCTTTTAAGAGAAATCTACTTAAGCGAATCAAGGGAACTTCGACGGCCAACATAAAGGTTGATCTC
TTCTATGCTAATGACGAGATGATCGGGGTTTCCGATGAAATAAACCCACTTTATCAGTACACTATCCGGGATAAGATGAATCTTACAGCAAAACT
CACGCCCGTGGGTACGGGTCTAGCCAGCAGTCCCGACTCCTCGAGCGACTCGAGCACAGGATCTCCTCCGCGTCCCTGCCCTGACATGCAGCGTG
TGGAGTCAGAAAGCACGCTACCCGGTGTGATCATCTCGCAAAACTACCAGTACACAGAGTTCTTTCTAAAACTGTACCAACTGGGCAGTGATCTC
GAGCACGGTCGTCTTCGAGACAGTGCAAAAGTTTTACTACACCTGCTTCCCTGCGACCGCCAGACGATCCGTCAGCTAAAGATTATGTGCAAGGT
GCCGAAGGCTGCCGTAACGGTGGCTGTGACGGGTGACAAGATCGCTAAGGATGAGGAGGAGAAACTGTACCCCACTGAGCAGGCGGGGATTGAAG
ATGAAGAGGAACACTGCACGCCAGAGCAAATGTTTTTGCACCCCACACCTGCTCAAGTGCTATACAACCTTAGTGTGTTGCACGGACTGCTGATT
CCCGCGCTAGATCCACTAGGAGAAAGTGCCCTACTAGTGCAGTCTGCATGGATGCATTCTGGCTGCGCTCATTTCGTGCTGGAACTGTTGACCAA
AAACAATTTTCTGCCTAGCGCCGATATGCACACAAAGCGTGCGTCCTTCCAGTGTGTGTTGAGGTTGGCAAAGCTGTTCCTGTACATAGTTGGCA
GTGTATTGTCTCGTGTAGGCGATGAACCCATGATCTGCGACCTTGACAACGGATCCCGTTCCCAGGTTGACATCCTGAAGCAGAACTTCTCCACG
ATGCCCAGTAGCTCACAGGGAACATTGAGGGCGATCTCCGCGAAACTTGCTGTGATCCTTGCCCGCGAGATGCTTTCAGCCAGCCCAGAAGGTGA
TCGGTGCCGAACGCTATTTAGCTCCACACTGCAGTGGTCATGTCCCGACATTTCAACCATTAAGGCGGTAGTGCAACTGGCCTGGGCCTCGTCTT
GCGGAAATCTTCAGGCTCTAGGCAATAGTAGCGGCGACTTTGAAGACGAGGTGATCGTGCCGGACGGGCAAGACTTTAGCATGTGCAAGGAGGCG
CTAGAGGTTCTCACCATTTCGTTTATTCTGAATCCGAGTGCCAACGAGGCGTTGACTAGCGATCCGAACTGGCCAAAGTTCATCACCTCCATTGT
TCTGAAGAACCCGCTTCGCCACGTGCGTCAGGTGGCCTCTGAGCAGTTGTTTTTGGCTTCTACCTATTGCGCTGGGGATCGGCGACCGTTCGTAT
ACATGGTTAACTTGCTGGTTGGCGCGTTGAAGACGCTGGTTCCCCAGTACGAGTCAACTTGCGCTGAGTTCTTCTCGGTGCTGTGTCGGACCCTT
TCTTATGGATGCATCTACAACTGGCCGCTGCAGATTAGCGAGGGATTGTTAGGCGATGAGATTAAGTGGCTGCAACGCATTCGCGAAAACGTCCA
CGCCACCGGCGACACACAAGTGCATGAGGAGCTCCTTGAAGGCCACCTCTGCCTTGCCAAAGAGCTAATGTTTTTCCTTGGCGCCGATTCAAAGG
CGCAGCTGAACGAGCTCATCCACGAACTGATCGACGACTTCCTGTTCACGGCCTCTCGCGAATTTCTGCATTTACGGCGTCATGGCAGTCTACGG
CAGGACACCGTCCCGCCACCAGTTTGTCGCAGTCCGCACACAATCGCCGCTGCTTGCGATCTCCTCATTGCCTTGTGCCAGCTCTGTGTTCCTAA
TATGAAGCTACTCACCAATACACTTATAGACTTCGTCTGCACGGATACTGATCCGTTGCGCGAATGGGATTACCTGCCGCCGGTGGGCGCCAGGC
CAACTAAAGGTTTCTGCGGACTAAAGAACGCAGGTGCCACTTGCTACATGAATTCGGTGTTGCAGCAGCTTTACATGGTACCAGCGGTCCGGGTG
GGTATTCTGCGAGCCCACGGCGCTGCCACCACCGACGGCGAGGATTTCAGTGGCGATTCCGATTTGACGGGAGGCGGTCTTGGATCGGCCCTATT
CTCGGGTCCCGCTTCTGCCCTAGTCAGCCTCCCCTCGTCGTCGTCAACTATCGAAGACGGTTTGCACGATGTGCGAAAGAACTATCACGTTGTGA
TCCTGAAACATGTGCAGGCCATATTCGCCCACCTGGGCCACAGTGCGTTGCAGTATTACGTTCCACGTGGTCTCTGGACACATTTTAAGCTACTG
GGAGAGCCCGTGAATCTTCGCGAGCAGCAGGATGCCGTGGAGTTCTTCATGTCCTTGCTTGAAAGTCTCGATGAAGGACTTAAGGCGCTAGGCCA
GCCACAGCTTATGAATGCCACTCTGGGCGGTTCGTTCAGCGACCAGAAAATCTGCCAAGAGTGTCCCCATCGCTACTCCAAAGAGGAACCATTTA
GTGTATTTAGTGTCGATATTAGGAATCATAGCTCATTAACCGAATCTCTGGAGCAGTATGTCAAGGGAGAGCTGCTCGAGGGAGCCGATGCATAC
CATTGTGATAAATGTGATAAAAAAGTAGTTACCGTTAAGCGAGTGTGCGTTAAGAAGCTGCCACCCGTGTTAGCCATTCAACTAAAGCGTTTCGA
ATACGACTACGAACGCGTCTGTGCGATTAAATTTAATGATTATTTTGAATTTCCACGTATCTTGGATATGGAACCATACACAGTGTCTGGCCTAG
CTAAGCTAGAGGGCGAGGTGGTGGAAGTGGGTGATAATTGTCAAACAAACGTTGAGACGACGAAGTACGAACTGACCGGCATTGTGGTGCACAGC
GGACAGGCTTCCGGCGGTCACTACTTCAGTTACATACTCTCCAAAAACCCAGCAAACGGCAAGTGTCAGTGGTATAAGTTTGACGACGGCGAAGT
CACCGAGTGCAAGATGCACGAGGACGAGGAAATGAAGGCGGAGTGCTTTGGCGGCGAGTACATGGGCGAAACCTACGACAACAATCTTAAGCGCA
TGCAGTACCGTCGACAGAAGCGCTGGTGGAATGCCTACATGTTGTTCTACACCCGCTGTGATCAAACTCCCGTGCAGTATGAACCCAGCGTGGAG
CAGTTGTCACTCGCAGAAAGTCGAAACATGGTTTTACCATTGCCAAAGCCCATTGAGCGCAGCGTGCGACACCAGAACATTCGGTTTCTCCACTC
CCGCAGCATTTTTTCCGTGGAGTTCTTTAACTTTATCAAAAAGTTGGTCAGCTGCAATCTACTTTCTGCTCGGAGCAATAAGATCACTCCTGCTG
CAGAAGAGCTTTCACTGCTGGGCGTCCAATTAGCATCGCAGTTTCTTTTCCACACCGGCTTCCGCACGAAAAAGTCTCTGCGAGGCCCCGTTATG
GAATGGTATGACGCGCTCTCACACCACATACGTTCCTCGGCACTAGTTCGCAAGTGGTTCGCTAATCATGCGCTCCTCTCGCCGCCATCGCGTTT
AGGCGAGTACATTCTGATGGCTCCGTCTCCGGATGTCCGTACTGTCTTTGTCAAGTTGGTGGTTTTTTTCTGCCATTTTGCCATCAACGATGAAC
CTCTGACTGGCTATGACGGCGCTAATCTCTGCGAGCAGGTACTCATCAGCGTGTTGCGCCTCTTGAAATCCGAGGCAGCCGACTATGGCAAACAC
CTGCCCCACTATTTTAGCCTTTTCAGTATGTACGTGGGACTAGGAACACGGGAAAAACAGCAACTGCTTAGGCTCAATGTGCCGCTGCAGTTTAT
TCAGGTGGCGTTGGATGATGGCCCCGGTCCGGCAATAAAATACCAGTATCCAGAGTTCAGCAAGCTACACCAAGTGGTTTCGCACCTAATACGCT
GCAGCGATGTAAGCGAAAAATGCCAGAGCTCCAACCAGAACGCCCGTCCACTGTCCAATCCGTTCAAAGATCCCAATGTTGCGCACGAGGAGCTG
ACGCCCCTGTCCACTGAGTGCATGGACCTGCTCTTTAACCGCACGGGCTACATCAAGAAAGTGATCGAAGACACTAACGTGGGCGACGAGGGTCT
GAAGCTGTTGCAATACTGCAGCTGGGAGAATCCACATTTCTCTCGCGCAGTGCTAACCGAATTGTTGTGGCAGTGTGGGTTCGCCTATTGTCACG
ACATGCGTCACCACACTGATCTGCTTCTGAACATCCTGCTGATCGACGACTCGTGGCAGCACCATCGCATACACAATGCTCTCAACGGAGTGGCG
GAGGAACGTGAGGGTCTGTTAGAGACGATACAGCGGGCGAAGACGCACTACCAGAAGAGGGCGTACCAAATAATCAAGTGCCTGACGCAACTTTT
CCATAAGTCGCCGATTGCGCTGCAGATGCTCCACACAAATTCGAACATTACTCGGCACTGGAGCATTGCAGTGGAGTGGCTGCAAGGCGAACTAG
ATCGGCAGCGGGGCATCGGTTGCCAGTACAATTCATACTCGTGGTCGCCGCCGGCGCAGAGTAACGACAACACTAATGGCTACATGCTAGAGCGA
TCGCAGTCTGCTAAAAACACGTGGTCCATGGCCTTCGAGCTCTGTCCAGATGAGGTCAGCGAAAAAACGGATGAAAATAATGAGCCGAACTTGGA
GACGAACATGGATGAGAACAAATCGGAACCGGTGGCTCAGCCAGGAGGAGTGCTTGAGGGATCTACCGGCGGCACAGAGCAGTTGCCCGAAAATA
AGACGCCAACCACAAGCAGCCCGTCGACTGCCGCCTGGCCAGCGCGTGGGGATAGCAACGCTATTCCACGACTTTCGCGTCAGCTATTTGGGGCT
TACACTTCGACTGGCAGTGGCTCCACTAGTGGAGGTTCCGCGCCAACTTCCGCCTTGACGACAACGGCGGGTAGTGGGGCTAACAGCGAAACAGA
AAGCAGCGCCCAGGAAACAACCGGCGAGACGACCATTAACGGACTGACAAACAGCCTGGACCAAATGGAGATAACGGCCAAAAAGAAGTGCCGCA
GGGTGATAATAAAAAAGCTAGTGGAAAGTAAGGACGAAGAGGACGCAACTACTGCTACCACAGCGGCCACCACAGAGGTCACAACATCGCCAGCG
ACAGCTATCGCAACGGCAGCAACTTTAGAGCCTGCCGGAATGAGTGAGCTCACGACGATGGTAGAGAAAAATCTTATAATAAGCCAAGAAAATCC
ACAAGCGAAAAGCTCATTGCAATAAAATGTATTCGCAACCTAGCTGGAGGAGAAGATGATGAGTATCCATAGTGTTAAATGTAACCAAAGCAGCC
TGACAATGAGAACGGTGTGGACAGGTGTTTACTAGTGGGGATCCCCACCGTCGAAAACGAGACTTAATGGGTAAATACGAGAAAAAGAGCAGAAT
CCGTAGATATTAACAAAGGATACTTGGTTGGAGCGATGCGAGTCAAGGAACGAAAGTCTGGTAGATAAGGAGATCAAAACCAGCAAAGGTGTTTA
TTAGCTATCGAACTTTATAATTACCTTTAATAATAAACAAATACACCAATTTTTTGTTTGGTTTTCTGTTTTGTTAAGCATTAAAAGGGATATGT
TTATTTCTCCTCATTGTAAATGT
(SEQ ID NO: 173)

Start ATG: 429

MTFDTRRHTTGQPGSTAPSSSSSTTSTTTTTTSPAQSAGSGSGIGTGTGTVANSSLPGGGSGSLDGNQDQQPATDSQSSDDVAASLSANSVDSTI
TIVPPEKLISSFPTTKLRSLTQKISNPRWVVPVLPEQELEVLLNAAIELTQAGVDHDCEPCVEFYRNGLSTSFAKILTDEAVNSWKNNIHHCILV
SCGKLLHLIAIHMQRDNPYLLDLLAIVFDPENKFNTFNAGRQPECFAAPDYIWGQLDSNKMYARPPPEPKNARGWLVDLINRFGQLGGFDNLLER
FNIGLELLKRNQNKCTGKNISVEGRVENGAQDNRLTLALIHSLLRPFGQCYELLMPATIAKYFMPTWNVVLDLLDSFTDEELKREVKPEGRNDYI
NGIVKSARLLASRLTGQEELIRDLEMFRLKMILRLLQVSSFNGKMNALNEINKVLSSVAYFSHRSQPLPHCMPEDEMDWLTADRMAQWIKSSDVL
GVVLKDSLHQPQYVEKLEKIIRFLIKEQALTLDDLDAVWRAQAGKHEAIVKNVHDLLAKLAWDFTPEQLDHLFEAFQASMTTANKRQRERLLELI
RRLAEDDKNGVMAQKVLKLFWTLAHSQEVPPEVLDQALGAHVKILDYSCSQERDAQKTIWLDKCVDELKSGDGWVLPALRLIRDICCLYDTTTNH
AQRTQTSTNRQQVIERLQNDYSLVILVTNSLTAYMEKVRQMVTDSPGLDATRILIDGRFPHHVQIAERLEFLKFLLKDGQLWLCADQAKQIWHCL
AVNAVFPADREECFRWFGKLMGEEPDLDPGINKDFFENNILQLDPHLLTESGIKCFERFFKAVNSKEDKLKAIHRGYMLDNEDLIGKDYLWRVIT
TGGEEIASKAIDLLKEVSTALGPRLQENIAEFHEMFIGECCSRLRTHYGNIVILGKTQLQEELDAPDQSDNTNDESKDSKMRFIEAEKMCRILKV
LQEYVKECDRSFSGDRVHLPLSRVTRGKNTILYIRFQNPGRSIDDMEIVTHSNETMAAFKRNLLKRIKGTSTANIKVDLFYANDEMIGVSDEINP
LYQYTIRDKMNLTAKLTPVGTGLASSPDSSSDSSTGSPPRPCPDMQRVESESTLPGVIISQNYQYTEFFLKLYQLGSDLEHGRLRDSAKVLLHLL
PCDRQTIRQLKIMCKVPKAAVTVAVTGDKIAKDEEEKLYPTEQAGIEDEEEHCTPEQMFLHPTPAQVLYNLSVLHGLLIPALDPLGESALLVQSA
WMHSGCAHFVLELLTKNNFLPSADMHTKRASFQCVLRLAKLFLYIVGSVLSRVGDEPMICDLDNGSRSQVDILKQNFSTMPSSSQGTLRAISAKL
AVILAREMLSASPEGDRCRTLFSSTLQWSCPDISTIKAVVQLAWASSCGNLQALGNSSGDFEDEVIVPDGQDFSMCKEALEVLTISFILNPSANE
ALTSDPNWPKFITSIVLKNPLRHVRQVASEQLFLASTYCAGDRRPFVYMVNLLVGALKTLVPQYESTCAEFFSVLCRTLSYGCIYNWPLQISEGL
LGDEIKWLQRIRENVHATGDTQVHEELLEGHLCLAKELMFFLGADSKAQLNELIHELIDDFLFTASREFLHLRRHGSLRQDTVPPPVCRSPHTIA
AACDLLIALCQLCVPNMKLLTNTLIDFVCTDTDPLREWDYLPPVGARPTKGFCGLKNAGATCYMNSVLQQLYMVPAVRVGILRAHGAATTDGEDF
SGDSDLTGGGLGSALFSGPASALVSLPSSSSTIEDGLHDVRKNYHVVILKHVQAIFAHLGHSALQYYVPRGLWTHFKLLGEPVNLREQQDAVEFF
MSLLESLDEGLKALGQPQLMNATLGGSFSDQKICQECPHRYSKEEPFSVFSVDIRNHSSLTESLEQYVKGELLEGADAYHCDKCDKKVVTVKRVC
VKKLPPVLAIQLKRFEYDYERVCAIKFNDYFEFPRILDMEPYTVSGLAKLEGEVVEVGDNCQTNVETTKYELTGIVVHSGQASGGHYFSYILSKN
PANGKCQWYKFDDGEVTECKMHEDEEMKAECFGGEYMGETYDNNLKRMQYRRQKRWWNAYMLFYTRCDQTPVQYEPSVEQLSLAESRNMVLPLPK
PIERSVRHQNIRFLHSRSIFSVEFFNFIKKLVSCNLLSARSNKITPAAEELSLLGVQLASQFLFHTGFRTKKSLRGPVMEWYDALSHHIRSSALV
RKWFANHALLSPPSRLGEYILMAPSPDVRTVFVKLVVFFCHFAINDEPLTGYDGANLCEQVLISVLRLLKSEAADYGKHLPHYFSLFSMYVGLGT
REKQQLLRLNVPLQFIQVALDDGPGPAIKYQYPEFSKLHQVVSHLIRCSDVSEKCQSSNQNARPLSNPFKDPNVAHEELTPLSTECMDLLFNRTG
YIKKVIEDTNVGDEGLKLLQYCSWENPHFSRAVLTELLWQCGFAYCHDMRHHTDLLLNILLIDDSWQHHRIHNALNGVAEEREGLLETIQRAKTH
YQKRAYQIIKCLTQLFHKSPIALQMLHTNSNITRHWSIAVEWLQGELDRQRGIGCQYNSYSWSPPAQSNDNTNGYMLERSQSAKNTWSMAFELCP
DEVSEKTDENNEPNLETNMDENKSEPVAQPGGVLEGSTGGTEQLPENKTPTTSSPSTAAWPARGDSNAIPRLSRQLFGAYTSTGSGSTSGGSAPT
SALTTTAGSGANSETESSAQETTGETTINGLTNSLDQMEITAKKKCRRVIIKKLVESKDEEDATTATTAATTEVTTSPATAIATAATLEPAGMSE
LTTMVEKNLIISQENPQAKSSLQ*
(SEQ ID NO: 174)

Name: fat facets peptidase
Classification: endopeptidase
Gene Symbol: faf
FlyBase ID: FBgn0005632

Celera Sequence No. : 142000013384567
TTTACGTGTTCTCATAAGATATAGTTTATATTAATGTATATTCATATTTTTACCCATTCATTATCTCTTGGCGCATTTAGAATTTAAGTTTTTTT
TTTGCATTTTCCTTTTTTATTTTACGGTTTGGTATTACTTATAAACAAATTTCATATTATAGCTATAGTTTATTAGCTAGCGTTGTGTAACTTTC
CTCCGCAGGGCCATTACTTACATTGTTAAATCGAAACGTTAATGCAATTGTTTTGTTGTGTATGTCTAACGCAATTTATATGCTCTCTATCTTAG
TTACATGATTTTGTTGCGTAAACAAAGGGCTGCCCCAACTCCCAGCTCCCACATCTCGCATCCCATTTGCCCACCGCTCGGGAAATGCGCGCTTA
AGTGTTTAAAAATCGGAAAGATATATATGAACACAGGCAGCAAAGTGCAGACCACGAAAGTATATATATATATATATATATATATATATATAT
ATATATATATATATATATATATATATATATATATAGATAGGGGAGTAGGCGGTACAGAAGGTTACATAATATAACATAG
GAGGGCCTTATAAGTCAGAGCGTTGCTTAAAGCTAGAGAACTGCACGTGGTAATCGCAATCATTTTACCATCAACTTAGGTTACAATGTGGGTGC
CTTGCTGTGTGGCATATGCTTTTGTATGGATTGGATTCGCTAGAGCTAGAGCCTATAGTCTAGGGTTAGGGACACTCGCTGAACGCGGTGTCCTT
TGTTTCTTTTACACAAATATTACACTTACAATCGAGTTATTATGTGTTCATGATCGGTTCTGCATGTTCTGCCTGATTTGGTCTGGGACTTCAAG
TTAACAAAGAAAAAGTTGAGCCGGCCAAGAGCAAATAGTCAAATGCAAAACAGAATTAAATGCCTGCGTGTCCTGCTAACCCTCCTCCCAAACCC
TTCCGCGGACCCCTAATCAACCGCCGATCTATTGGCCAATCTTCAGGCAGGGATCTCAAATCAATTGAACAGTGCGGTTTGTTGCAGTTTCTTGC
AGCCAGGTTGCAATCGTTTATGTTCTAATAGTATAAATTAAATTAATCATAGGCTAGTTAATTAATAATAAGCGCGCTCAACGTTCTAACATCTG
GGAGCAGAAACCAAAATGTCAAAAAACAAACGAAAATGTACACACACAAAAAAAGAAAAGCGCTGCGCTTTGCTATGCTCTGCTCTTCTTCTCTCAC
TGCTCTTGTCCTCCGTTTCTGGCAGGGACCTGGTCATCCTGCCGCTTGGATACATTCAACGTGTTTTACCGCATATATAAAGCAAGTATTATATA
TATTAGGTATATATAACTATATATACTACATGTATAGTTTGTTGAGTTCTGTTGTTGTTTGTCTACTGTGTCGTGTCCAGCGTCGCAACCTAAAC
GATAAAATATTATTTGGCGTTCCCCACGCCACCGCCCCCTCCGCCGCTCGGCATACCGCCTACGCCCACTCCACCGCCGCCACCACCGCCTCCCT
GCCGCATCCGTATCGAAGGCCGACGCTCCGGCGTGTCGTACGGCGGTCTCGACGAGTTGGTGGCCGCCATCGAGTCGTCCATGTTGAGTCCGTTG
CCGCCGATCAGTTGGCTGCCGTTACCGCCTCCATTGCCGCCCAGCATCGCCAGCGTTTGGCCGCCCTGGAGTTGCTGTTGCGCTGCACTGCCTCC
TCCGCCACCCAGCGCCGCATTGACCTTGTGCTGCTGTTGTTGATGCGAGGAGGCGGCTGCCGCTGCTGCCACCGCCGCTGCTGCGGCCACCGCAT
CATGACCCGCCTGGCCGTCCGCTCCGTCCTGCGCCTGCTGAATCGCCTGGGGATTGCGAGGTCCGCCAAACTTAAGCAGGTTCCAGTCAAACACA
TAGTCGTAAGTGAAGCCCAAACGGTGGAACAAGTTGCGGAAGAGTTTGCGCAGGTGGCAGTAATCGGGACGCTGGTCGAAATGCATCTGGCGACA
GAAGTTCAGATAGTTGACGAACTCGCTGGGGAAGCCCTTGCACAGCACCACAATCGAGGTGGACAGCTTCTTCTCCGAGATCCTCTCGTACTTTT
GCCTCTTGTTGGCTGCCTTTAAGCCCTGCCAGGGCAAGGCGCCCAGATTGAAGTACATTAGGACGTAGCCCAGGGACTCCAGGTCGTCACGACGC
GATTGCTCAATGCCCAAATGTGTGTTGATGGAGGCATAGCGGGCAGTGCCCGTGAGGTTCTTGTTTTCCCGATAGGGAATGTGCTTCAGCGACCG
GGCATCGCGGAATTTCTTGGCCAGGCCAAAGTCAATGATGTACACCAGGTTGCCCTTTTTGCCAAGACCCATGAGGAAGTTATCCGGCTTGATGT
CGCGATGGATGAAGTCCCGCGAGTGTATGTAATCGATGCGGGAGATCATCTGGTCCGCCAGCAGCAGAACCGTCTTCAACGAAAAGCGGCGTGAA
CAAAAGTTGAAGAGGTCCTCCAGCGAGGGTCCGAGTAGCTCCATCACCATCACATTGTAGTCGCCCTCGCTGCCGCACCAGATTATGCGGGGTAT
GCCTATGCCACCCTGCATCGTCTTGTAGAACTTTGACTCGATGTGCAGCTGGGGGTGTTTGGTGCGGATGCACTCCAGCTTGATGGCCACCTCCT
CGCCAGTGTTGATCGTGGTGCCCAGGTAGATGTCGCCGAACGATCCCGATCCTATCTTGCGGCCCAGGCGATATTTGTTACCCACGCGCAGCTCC
ATTTTGTTACGTCTGTTTCTGTGGGTTTCTGTGTGGTAGAGTTCGGACTCCTCGGGTTCCTCGGATTTGCGTTGCCTTTCTGCGGGACCGGAGAA
TTGAAATTTAGTTTTAATTTTACAACACATTGCCTCGAAAAGAAGGCTGTACGCTTTTCTTACTCATAATACTACACGCTACACGAATTGATCGA
TCCCAGTTCAGATTAGCTGCGCTTAAAATATTATACAGATTTAAATATCTACGCCAAGGACTAAAACTTTTACTTTGTAATCGCGAAAGGATATT

GAAAGGTTGCTACGATGCAGGCAAATTGTTGAATTCGATCAGAATGTAAATATTCGTAGTATTCTTAGTTGCTTTGACTAATCATAGAAATAGCA
GCGGCGTCACAGGTTTTTACGAGTAAATATGAATCAAGTGACTTCGAAAATTCGGCTATTGACCACTAGCAACAATGTGTGATATTATTAGAAGA
GATTATTTGCAAGCAACAACACAATATCGAACGCCTTGTTAGCGATAGTGATAAAATATTCGTCGGATTTTGTTTGCTACAACTTTTGATTCTTC
TGACACTATATTGTGACACGTGATGACAACCCTGCTGTTTTGTACAGTTTGCTAAAAGTCTAATTTTGAGAGCTAACGGAGCTTCGTGAGTATTT
TCCAACACTTCTCCACTTTTCTCACCTGGCACTGTCCTTTCGTCTGAGCTCCTTTCTTCTTCTTGTTCCGATTTGTTCAAGGCAGTCGCTTATGG
CTTTGTATTCGAAGGGTTCTGTAATAGGAGGTACTAAGTTAATTTTTTTTTAGATCCTCAACATGGTTAATCGAAATTCGACCCGTCTCGCGATC
ACTTATATATAGAGAGTAATCCCCTGTTTTTATCGCATCTGCAGCGTAAGCCCGAAAAACGTGCAGAATTCGCTTTTGTTTGTGGTGATAAGGAT
TGTGGCACACAGACATGAAAACAACGCACGGCAACAATCGATATCGAAAATAGAAAACCGTTAGCTAAGAATAAAACAAGAGAGAGAGAGCGGGA
GAGAAGTAAGCTTGGCTTACGTTGACAACACAAAAATAGCAGAGAAAAGCGTACCAAAAGCAATTCGAAATGCAAATGCACAGTGGGCAAAAATG
ATAAGAACCCGAACCTCGCACAAAGTAAAAGTTTATCTCGTATATTTATATTTAAGAGTGAGTGCGTCATTGCATTCGGCTGTGTGTATTGATTA
CGAATGGGGAAAACAACAGATTTAATAAGTGATGAGTAACGATAATTTATATGCACAGAGCAAAATAGCACTACTTTTTGACATTCGTCACATTA
TTGTTTTAGTCATTTTAATATTATATTGTACTATTATAAAATAAAGCAAATGTGCCGTAGTGCTTTTACATCCTTGAATAGATATAATTCTTTTT
TTCAAGTGTATTTTTTACGTGACGACACCAGAAACATGGAGGTGAATCAGCAATCAGGAAAAGACAACGAAGAGATTAACAACAAATAGATAAAA
GAGACGTGTGTTTGTGTATGCGTGGAGTAAACAATCGGCGACAAAAGGGAGAGAAGTAAAATAAAACGCAGCGACTGTGAAAATGCCACTTAAAT
GACACTTTCAGTGGTGGAAAGCACAAACAAATAGCGAAGATAAAGCGCATGGAAGTCAGAAAACGAAGCAACAAGCCGAAAGTTTTCACTTGCCG
GTCAAATATCACAAAAATTTAGTTTAATTGTTTTCGGCGGCTCTCACTCACTAACCCCTTCCCACTCCTCTTTCCCACATTCTGTGCGCTTTCTT
TTACCGCTCACGCATTTCGATCGCTCTCTCTCTTTCTCTCTCTCTCTCTCTCCTCCTTTTCCCGACTCTTTATCACTCACTCTGCGGTTCTAACC
TCAAAACCTGCCTGTGTTTGTTGTTGTTTTCGCCTTGGCTTTGATTTATTTAACCGAAATGTACCGTTTTTTATTTGTATCTCCCATGTTCTACA
CAGAAAGAAATCACTGTATAAGCACTGTAAGTCAAATTGAAATGTGGTATTAATTTTAGGAGCTTTAATTTGTTTACTGGAAGGCTAGCAGGGAA
AACGCGGTCTTTCCTATTGGTAACTAAATATTTCCCAGGGTATCCAGCAGTTGTTTCGGACCAGCGGGTAAACACGAATTGATTACAATTGCAAA
ACAGCTGCACGTTGCGTTGGCGGCTGCCGAAAAGCTTCCGCAAAAAAACGCACTGGAGAACAAAGAAGATACAAAAAACAGTTGTTCCAGCAGGC
GCCACAAAAGTAAAAAGCTTAAGTAAACAGGGAAGAGCAAATGGAAAAACCAAAAACCAGAGCAAAACCAACGGGGAAACCTCAGAAGGGGAAGG
AAACTTGCAATTAATTGTCAAACGCTAATGGCCTCCGAAAACTAACGGCACTCCACGAATGCACTGCGAATAACGGGGCTGATAAGGAGCAGCCG
ATAGCGGGTGGAGAAGGGAAACTTGAACGCACAGTGGAACAAATTCCGCACTTACCGTGGCTTGTTTTTCTTATATTCCTTGTTTCCTATTCCGC
TTTGCCCACTTCCTCTGCTGGCGACGCTGCTTTTCCTTCTTCTAATTCGACTGAAATCGAAATCGAATTTTTTAATTGGATTGATTCTGCCACAA
TAATTTTCATTTTCTTTGTTTTAGAGCCCAGACGTTGTTTTTGTTGTAGTTGCCACAGTCGCACACAAACACACGCACACAGTCGCACTTTTTGG
GGCCACACGCAAGCGCATTTTATGCAATAATTTTAATAATACTGCATTGCTGCCATATTTCAGTTATTTTTATCGTTTATCTTCGAGTCGGTTAT
GCTGTTCTTCTCTGATTTTATGGCCACATTGATTAGCATCTTGTTGCCAATCAACTCGAGAAAATTAAACGAAACCAAACGGAACTCGGACTCTT
ATTAAAAAAACCAAACTTATGCGAGTCGTTTGCCCTGGCAATAGATTCGTGCACACTAGTCGTCCCGCCCGCACTCGCACGGTTTCTACCGCGAG
CACGTTGCTATCCCTCCTGCTTCAGCATTTTCACACCAACACAAAGACGAGGGCACTCACTCACACACTCGCACTCTCAATGAGCACTGAAATGC
TGTTGGGAAATTCGAGTTTTCCTGCGCGTGGTAACCGCCGCTTTTTCGCTCGCAAACGGGTCTGTCGATCCGAAACGCTACTGACCACTTACGTT
TTGCATCAACGCTGCGCTTTCGTTTCAATTTTTCTGGCTATTTCACATAGATTTCGACGATTTTTTACAAATTTACGCCATCTTGATATTCGCAG
TGTGACCGCGCCGATAATGAAGAAAATTACCATCTGGTATTTACTCCTCAGCGAATGTCTAGAAGATATGTAATTGTGAAAAACTGTGATTCATA
TACTAAGTTAAGATAGTCCAAAGTTGGTTTCGAAGTACCACATTAAGAAAATAGCGCAAGAGTATTGGAAAATCAAAAGAAAAACGAAATTATAT
CCTTGCAGCTAGCCATAAGTTCAAAGTTCGAGTAACTGGAAAGCTGTGAAATAGCCAAGTTGACAACGCTGTTTTTGTTATATGGGCACACTAGT
TCTTACATAGACCCAGTGCTGCCAGATGGACGAAAAATATTTTTGAGCTGCGCCACCTAGCGGATGAGTTGGCGAAAGTGGTATCCAGGTGGCGC
CCGAAACAAAAGGTGGCGCCTTATTTCAGAAATGCAATTGAAAATATCTAAAGTTATTGAAAGTTTTTGAATTATGCATTCAAAGGCCCATCTGC
TTAATTTTATTTTCAAAGAGAATACAATAAACAATACAAAAAAAAAAAAAATCATTCTGAAATGATATTTATACTAATATACAAATTTGATAACTC
AATAATATGTAAATAAAATTTATGTCTTAATTTGCAATGTTCTTAAGAAAAGTTGTTAACTCTTTTTACAGGCTTGTGCTCCAAATTCTCGTGTA
AATAGAAATTGAAAATGGATTTCATTGGCATGTCTTGCAGTTATAGGTAGCATGCCAATTTTGATGTTACACAGATGTATCGAAATACCTGAAAC
GTATACTTTTATTGCAGCAATACGAATAAAGCAAAACACGTGTGAATTCCATTAGTCCGCCCAACCGCTTTCCCCATTTACCCTCACATCGTGCA
TTTTCCGGCTGTGTAACCCAAGAAACGATGACATAAAAAAAGGAAGCAGATCCAGTTATGTATGCATATATGAGAAAATGTGTTTTTTTTTTTTT
GGGAGTATGTGCCAAGGTGTGTTTCTTTTTAAGTGGGGGTAGGGTAGAT
(SEQ ID NO: 175)

Exon: 6079..5983
Exon: 5370..5281
Exon: 3533..3446
Exon: 2834..1001
Start ATG: 2757 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT6302
TGCGAATATCAAGATGGCGTAAATTTGTAAAAAATCGTCGAAATCTATGTGAAATAGCCAGAAAAATTGAAACGAAAGCGCAGCGTTGATGCAAA
ACTCGAATTAGAAGAAGGAAAAGCAGCGTCGCCAGCAGAGGAAGTGGGCAAAGCGGAATAGGAAACAAGGAATATAAGAAAAACAAGCCACGAAC
CCTTCGAATACAAAGCCATAAGCGACTGCCTTGAACAAATCGGAACAAGAAGAAGAAAGGAGCTCAGACGAAAGGACAGTGCCAGAAAGGCAACG
CAAATCCGAGGAACCCGAGGAGTCCGAACTCTACCACACAGAAACCCACAGAAACAGACGTAACAAAATGGAGCTGCGCGTGGGTAACAAATATC
GCCTGGGCCGCAAGATAGGATCGGGATCGTTCGGCGACATCTACCTGGGCACCACGATCAACACTGGCGAGGAGGTGGCCATCAAGCTGGAGTGC
ATCCGCACCAAACACCCCCAGCTGCACATCGAGTCAAAGTTCTACAAGACGATGCAGGGTGGCATAGGCATACCCCGCATAATCTGGTGCGGCAG
CGAGGGCGACTACAATGTGATGGTGATGGAGCTACTCGGACCCTCGCTGGAGGACCTCTTCAACTTTTGTTCACGCCGCTTTTCGTTGAAGACGG
TTCTGCTGCTGGCGGACCAGATGATCTCCCGCATCGATTACATACACTCGCGGGACTTCATCCATCGCGACATCAAGCCGGATAACTTCCTCATG
GGTCTTGGCAAAAAGGGCAACCTGGTGTACATCATTGACTTTGGCCTGGCCAAGAAATTCCGCGATGCCCGGTCGCTGAAGCACATTCCCTATCG
GGAAAACAAGAACCTCACGGGCACTGCCCGCTATGCCTCCATCAACACACATTTGGGCATTGAGCAATCGCGTCGTGACGACCTGGAGTCCCTGG
GCTACGTCCTAATGTACTTCAATCTGGGCGCCTTGCCCTGGCAGGGCTTAAAGGCAGCCAACAAGAGGCAAAAGTACGAGAGGATCTCGGAGAAG
AAGCTGTCCACCTCGATTGTGGTGCTGTGCAAGGGCTTCCCCAGCGAGTTCGTCAACTATCTGAACTTCTGTCGCCAGATGCATTTCGACCAGCG
TCCCGATTACTGCCACCTGCGCAAACTCTTCCGCAACTTGTTCCACCGTTTGGGCTTCACTTACGACTATGTGTTTGACTGGAACCTGCTTAAGT
TTGGCGGACCTCGCAATCCCCAGGCGATTCAGCAGGCGCAGGACGGAGCGGACGGCCAGGCGGGTCATGATGCGGTGGCCGCAGCAGCGGCGGTG
GCAGCAGCGGCAGCCGCCTCCTCGCATCAACAACAGCAGCACAAGGTCAATGCGGCGCTGGGTGGCGGAGGAGGCAGTGCAGCGCAACAGCAACT
CCAGGGCGGCCAAACGCTGGCGATGCTGGGCGGCAATGGAGGCGGTAACGGCAGCCAACTGATCGGCGGCAACGGACTCAACATGGACGACTCGA
TGGCGGCCACCAACTCGTCGAGACCGCCGTACGACACGCCGGAGCGTCGGCCTTCGATACGGATGCGGCAGGGAGGCGGTGGTGGCGGCGGTGGA
GTGGGCGTAGGCGGTATGCCGAGCGGCGGAGGGGGCGGTGGCGTGGGGAACGCCAAATAATATTTTATCGTTTAGGTTGCGACGCTGGACACGAC
ACAGTAGACAAACAACAACAGAACTCAACAAACTATACATGTAGTATATATAGTTATATATACCTAATATATATAATACTTGCTTTATATATGCG

09/10/2020 14:09:20 Page 90 of 90

GTAAAACACGTTGAATGTATCCAAGCGGCAGGATGACCAGGTCCCTGCCAGAAACGGAGGACAAGAGCAGTGAGAGAAGAAGAGCAGAGCATAGC
AAAGCGCAGCGCTTTTCTTTTTTTGTGTGTACATTTTCGTTTGTTTTTTGACATTTTGGTTTCTGCTCCCAGATGTTAGAACGTTGAGCGCGCTT
ATTATTAATTAACTAGCCTATGATTAATTTAATTTATACTATTAGAACATAAACGATTGCAACCTGGCTGCAAGAAACTGCAACAAACCGCACTG
TTCAATTGATTTGAGATCC
(SEQ ID NO: 176)

Start ATG: 353 (Reverse strand: CAT)

MELRVGNKYRLGRKIGSGSFGDIYLGTTINTGEEVAIKLECIRTKHPQLHIESKFYKTMQGGIGIPRIIWCGSEGDYNVMVMELLGPSLEDLFNF
CSRRFSLKTVLLLADQMISRIDYIHSRDFIHRDIKPDNFLMGLGKKGNLVYIIDFGLAKKFRDARSLKHIPYRENKNLTGTARYASINTHLGIEQ
SRRDDLESLGYVLMYFNLGALPWQGLKAANKRQKYERISEKKLSTSIVVLCKGFPSEFVNYLNFCRQMHFDQRPDYCHLRKLFRNLFHRLGFTYD
YVFDWNLLKFGGPRNPQAIQQAQDGADGQAGHDAVAAAAAVAAAAAASSHQQQQHKVNAALGGGGGSAAQQQLQGGQTLAMLGGNGGGNGSQLIG
GNGLNMDDSMAATNSSRPPYDTPERRPSIRMRQGGGGGGGGVGVGGMPSGGGGGGVGNAK*
(SEQ ID NO: 177)

Name: discs overgrown
Classification: protein_kinase
Gene Symbol: dco
FlyBase ID: FBgn0002413

Celera Sequence No. : 142000013384566
TAAAAGTGAATACAATTTTTTGCAGTGCAGTTAGCGTCTCGCTTTACTTCCTCTTTATGGTTGGCTTTTTGTGTTTTCCAATCAGATTAGCATGG
TAAGGGGTTAAGAGTACGGGGTTACCACCGCTGGGAGGGGACCACATGAAAGGGTCAATAATGGGACTCGAGACGAAGATGCTGACATTTATCAA
ACGGAATATGCGATGCGTACAACCATTAGACACTGCCCACTGATGGACGTCGGACGATGGACAGGCGAGACGTGATCCCAGATACGGCTCATCAA
GTGCATTGTCGTGGGACAATAAAGGGTTAATCGGCTAACAGAGAGATTGCAATATTATCTTCTGAGCAAATTGGAGTTGGGAAGACAGCAAAAAT
TAGCGAAAGTAGATCCAAATATTAAGTGTATCAATTGTAAGGCGTATCACTTGATTCCGCACTCTACTCAACTCTCCAAGGACCTCTGTAATCTG
ATAGGCTTACTGAACCAACAGAGAGTAGAAACAAAGTTTTGCTTTATTGTGATTTTACGAAATAACCTACAACTTCACCATTCCCAAAAACACAA
TTTCTTTTTCCTTAAACATTCCAGTTTTAAACACCTTTTTTACAGTTTTTTCGTTGTAAGTTGGCCAAAATATGTCACAAGGCTGAAAAACGCAC
TTTTTTAGTCAGCTGGGGTCCTCAGCTAAAGACCCATATCAATATTTGCTTTAATTTGGAAAAATAATTTTTCGGCCAAATTTCGCATTTTTTGT
AAGGGGTAACATCATAAAAAATCGAAAAAATTTTCAAACCAAAAATTTCTCTAAATGAGTTACCCGTCGTTTAGGAATATTTTTACAAGTTCAAC
GAGGTATTCCACTCCACAATTGGACGTGTCTTTCCCAAGATATAGCACTTTTTCTGTGAAATCCCCATCGAAAATTATCAACAAGAATAAAATCA
CCCTCGTTTTCCATCTGAAAAAACTCCCTCAAAAACAAACGCATATACAGTTTATTTCGTTACATATATATTGTTATTTATTTAAGAACTTGCTC
GTCTAATTGACAGAAAAATATAAAGATATAGGATGTATTGAATGGGTTGTGCTGAGTGTCTTACTATGCGAATGAGCGATTCCACTTAAGCCTAG
GCGAAATCTCGGCGATTGCATAATGTGGAGCCCCCTCCCGAGGTGTACGGAAATCACAAGTGGTTGATAAGAAAGAACAGACGTGGAATTTTGCT
GTGCTGGTTTGAGGATCGCAGTCGAACGGATAATTTATTGGCCAGTCGCCGACTTGGCTGGTGATGATTTAATAGCGGACCCTCGGGAAGGCTCT
CTGGGCTGACAGATAACAGATAACTCGACTGGCTGATAATTTTGATGCGTGACTGGGCGCTGCGCCTTCTCTATCTCCACCTCCTTACAGGGTCT
TGTCGAACAGGAACTCGCCCAGTTCGCCGTTGGTGTCCATCATCTTCTTGAGAGTGGTCAGCTTGCCGGCGAGCTCGCGCTGTCCGTGGAGCTGC
TCCTCCAGATAGACACCGGTCAGGTAGTCCACCAGGTGGTAGTGGTTGTAGGGCTTGTTCTCGCAGGTCTGGATCAGCTTGCGGATGGACTTGGT
CACCTTGATCTCCAGGTCGAGGGCGTCGGACAGGGCGGCGGCACCATCGGTCCACTCCTGCTTGGCCACAGTCTGTGGGGGATTCGCCAGGATTA
GCTGGGCTTTTGGGTTTTCTAGGCGAGTCGTCGACTTACCGGCACATTGATCAGATCGCTGACTCCCTCGGTCAGTTGACCGCGCATGGACAGGT
ACTCCACCAGCTTGGATCCGTGCTCACGTTCCTCCTTGGCGGCCTTGAAGAAGTGCTCGGCGAATCCAGGGCGGTTGACGGTGTCGCGGGAGAAG
TAGGCGCCCATGGCCAAGTACTGGTAGGAGGCGTTGATCTCCTCCTGGATCTGATTGCGCATGCCCTTTATGCAGGCATCCTTCATGTCCACCCA
GTCCTTGGTAATCTCAGGAACAGCCAGGGAGCCTGCAATGGGATAAGGTTGGGTTAAGTCGGGGGACCACGATAACAATATATGGCTAGTATTCA
GCTTTAAAAAATTTATTTTTGTAATCAGAACTTAGGTAAATTTTAATATTTTAAAAACCTTTGCACTCTTGGTCTTGACCTTCATGGCTTAGGTT
TTGTTTTTCTTTTAGTTGATGCTCTTCTCGCTCCCTTTGAAGCTCTCTCACGAAACTCTTGCTTTCTTGCTTGGCTGAGGGGTAGGGCGTTGTTG
GTTATTGCATTTAAGAGGGCGTAATTGCATAAACCTTTGAAATTGCGCTTGAAATGCCGCTATTCTAGGGCACAAAAACCGTGTGCAAAACTGTA
ATGGCCTACTCTCCCACTCTCTCTCTCTGTTTTTGTAACTGCATTGGTAACGTGCGCAGCTCTCGCCGCCATAGTAACGGCATTTGTTTTCGTGT
AGTGCCGTGTGCAAAAAGCATGGTTCACCATGCTAGCTCACTCGGCCCGTAAAAGCCGTGTGCAAAGAGCGCCTTGAAATGTAACAACAAAAAGT
CAAGCTTATTTATACCGCAATATTCATGGAAATGAAAGCGAAATTCGCATTATTTAATTATGAAAATTTATGTATAAAAACTGGTTATCATTTCC
CCAAAGCGCAACGGAAGTATCAATAACTTTTAAATCAACTGGTTTGGTAACTTCACTTCATTGACGAAAGAGAGTGAAAGAGCGTCAAAGAGAAA
CGGCGCATGCTCTTTTCAACGCATTACAAATGTTTTGCTTCTCTTTGCGTATTGCGTCGAAATTTATTGTTTTTTTTCCGATGACCTGCCTTTGT
TTTGTTTGAAATTCTGATGAATAAAACGTAACATTAGTACTTACACTTGAAATCTCCATAGGCCTGGGCCACCACGGCCAACAGGAGCAGGCTAG
CAATTAGTTTCACCATCTTTGATCGTCGAACGTAGTCTTTACACAAAATCACAGAACAAAAATTTGTTTTTCACTTTAGTTTGATTTGCTTGAAA
TGCACAAATGAGAATGAGGCGACTCGAGTTGAGCTACAATGTTAAATAGGCGTTGAAATTGAAAATCTAGCTGCCTTTACACACACTGGCGCAGA
AGGCGTCGCCTGCTTCAATTTGATGGGCTTGATTGGGATTATTTTCGACTTCTCGAATGCTTTCCAGTACCTTCTGCTGACAGCTTTAATCTGAT
TTTTCAGTGGAGCTAAGGCCTTTCTACGTTGTGTTTTAGCGAACTCGAAAGCGAACTGTCGCTCCGAACGGCGCACAAAACACTTTTAAGCGCGC
GCGCTCTCGGTTTTTCTTCGTGTGTGTGTGAGTGATGGGAGAGTGTGCACTGTTATCTTTTCAACATGTCGCCCGTTCTTTGTTAACCGTTTAAA
TGGCTGATAATTGAATATTCCCGATAATTGCCGCACTCAATGTGATACACACGTCCTCAATATGGGTATACTTTGTATAAAGTCGGGTTTCCTAG
TCAGATAATCCCCACTTACTAAGAAGTAAATTTATCAAATGCAATATGGCCGCTCTTTTGAGATGCGCATCAGCTGTTCTTTGTTTTTGTTTTGG
CCGTGGGAGAGCACCACGTCATGTGTTGCCAGGCGGTTTAATTATTGCTGACAATTTAATTCACATTTTGTCAAGTTGATTTGCACGTTCGAAGG
GGGGATCAGTCACCCACTTTGATAACTGCTAATATGGCGACGGCTCTTTTTTACGTGTCGCTTGCAGAGCTCCAAGAATGACACTTGATAAGAAG
GATACATGGTGGGAAAACTTACAAATTACATAATTTGTTTGTTGATTGGGGAAACCCTACATTATCTCCGAACCCAGCAATAATATGTATTGTAA
ATAGCAACAGTCTCAAGCTCGATGCTGCTGTGAATTACCAATATATCAAAACTTAAAACATTATCTTAGGAGGTAGATGGTTTATCTGCAGTTTA
TTTTCAATTCTCATCGTTAGCTGATAAAACTCTCAGGAAACCACTTGAAATCCAAAGTGCAGCGTCCATATTTTGCACACGCTGACAACCCTGTC
GTGAGTCACCTTCCAGCAGGCGCAGCAACAACAGCACTGGCAGCGGCCATATTTGAATGACACCGAAATCCCGCACTGAGCGCAAAACAACACAT
GCCCATGCACGCTCTCCAAAACCACACACACACAGCCATATCGATCGCATAGAAAGAGACGTACGCGACGCTATAAACAGCAGTTGATTTTCAGA
GTTTCACCAAGAAGCACATAAAGCGATTGAATTATTAATAAAAGCACAGGCACTGGAAGTGAGTTTTAATATTACTAACTAACTACTTTGTGAGT
GTTTAGTTACGAAAACTAGAAAATAATATTCTGGAAACTGTGTTTTTAAACCGACCACCATATAAATTTAAAAACCAAAACATTCCATTGGTGGT
GGTTTTGTTGTTAAAAAAGAGCACAGAAAATTCAAGAAAACGCTACGACGCAAAACGAAAAAACTCGCCCAAAATGAAAACAAAAGTGTCT
(SEQ ID NO: 178)

Exon: 3556..2895
Exon: 2027..1750
Exon: 1687..1001
Start ATG: 2961 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT6417
CATTTGATAAATTTACTTCTTAGTAAGTGGGGATTATCTGACTAGGAAACCCGACTTTATACAAAGTATACCCATATTGAGGACGTGTGTATCAC
ATTGAGTGCGGCAATTATCGGGAATATTCAATTATCAGCCATTTAAACGGTTAACAAAGAACGGGCGACATGTTGAAAAGATAACAGTGCACACT
CTCCCATCACTCACACACACACGAAGAAAAACCGAGAGCGCGCGCGCTTAAAAGTGTTTTGTGCGCCGTTCGGAGCGACAGTTCGCTTTCGAGTT
CGCTAAAACACAACGTAGAAAGGCCTTAGCTCCACTGAAAAATCAGATTAAAGCTGTCAGCAGAAGGTACTGGAAAGCATTCGAGAAGTCGAAAA
TAATCCCAATCAAGCCCATCAAATTGAAGCAGGCGACGCCTTCTGCGCCAGTGTGTGTAAAGGCAGCTAGATTTTCAATTTCAACGCCTATTTAA
CATTGTAGCTCAACTCGAGTCGCCTCATTCTCATTTGTGCATTTCAAGCAAATCAAACTAAAGTGAAAAACAAATTTTTGTTCTGTGATTTTGTG
TAAAGACTACGTTCGACGATCAAAGATGGTGAAACTAATTGCTAGCCTGCTCCTGTTGGCCGTGGTGGCCCAGGCCTATGGAGATTTCAAGTGCT
CCCTGGCTGTTCCTGAGATTACCAAGGACTGGGTGGACATGAAGGATGCCTGCATAAAGGGCATGCGCAATCAGATCCAGGAGGAGATCAACGCC
TCCTACCAGTACTTGGCCATGGGCGCCTACTTCTCCCGCGACACCGTCAACCGCCCTGGATTCGCCGAGCACTTCTTCAAGGCCGCCAAGGAGGA
ACGTGAGCACGGATCCAAGCTGGTGGAGTACCTGTCCATGCGCGGTCAACTGACCGAGGGAGTCAGCGATCTGATCAATGTGCCGACTGTGGCCA
AGCAGGAGTGGACCGATGGTGCCGCCGCCCTGTCCGACGCCCTCGACCTGGAGATCAAGGTGACCAAGTCCATCCGCAAGCTGATCCAGACCTGC
GAGAACAAGCCCTACAACCACTACCACCTGGTGGACTACCTGACCGGTGTCTATCTGGAGGAGCAGCTCCACGGACAGCGCGAGCTCGCCGGCAA
GCTGACCACTCTCAAGAAGATGATGGACACCAACGGCGAACTGGGCGAGTTCCTGTTCGACAAGACCCTGTAAGGAGGTGGAGATAGAGAAGGCG
CAGCGCCCAGTCACGCATCAAAATTATCAGCCAGTCGAGTTATCTGTTATCTGTCAGCCCAGAGAGCCTTCCCGAGGGTCCGCTATTAAATCATC
ACCAGCCAAGTCGGCGACTGGCCAATAAATTATCCGTTCGACTGCGATCCTCAAACCAGCACAGCAAAATTCCACGTCTGTTCTTTCTTATCAAC
CACTTGTGATTTCCGTACACCTCGGGAGGGGGCTCCACATTATGCAATCGCCGAGATTTCGCCTAGGCTTAAGTGGAATCGCTCATTCGCATAGT
AAGACACTCAGCACAACCCATTCAATACATCCTATATCTTTATATTTTTCTGTCAATTAGACGAGCAAGTTCTTAAATAAATAACAATATATATG
TAACGAAATAAA
(SEQ ID NO: 179)

Start ATG: 596 (Reverse strand: CAT)

MVKLIASLLLLAVVAQAYGDFKCSLAVPEITKDWVDMKDACIKGMRNQIQEEINASYQYLAMGAYFSRDTVNRPGFAEHFFKAAKEEREHGSKLV
EYLSMRGQLTEGVSDLINVPTVAKQEWTDGAAALSDALDLEIKVTKSIRKLIQTCENKPYNHYHLVDYLTGVYLEEQLHGQRELAGKLTTLKKMM
DTNGELGEFLFDKTL*
(SEQ ID NO: 180)

Name: Ferritin 1 heavy chain homologue, FER1HCH
Classification: ligand_binding_or_carrier
Gene Symbol: Fer1HCH
FlyBase ID: FBgn0015222

Celera Sequence No. : 142000013384573
TACCCGCAATTTAACTGCTCTAAGGTAAAAGAAAAATTTGTAAAGAAAAAAGAAAAATTTGTAAATTTGTAAATTTAATGTATTGCAACATATAT
AATAAACACGGTATGTGCCACACTGCGAAATATCAATGATTTTGACTTTGACTGACCACCGTATACGGACACACCCACAAGATCAGACCCACAAA
GACTCACCCACAAAGGCCTTCAGCTCGTAGTCTACTCCGCAAGACTTGCCCACATCTCCAGGAGCCGGCTGCAAGGACACAGAGGCTGGGCAATA
GGGCGGAACCTCAAAATAAAACGGATGGGCGTTCGGCCCCAGCTTTTTAATTAACCTTTCCTGAAGCCGGGTCATCGGGCGGTCCAGCTGCATGG
GCGGATAGATCTGCTCATGCGCCAGATACAGGTCCTTACGGAACGTTAATCCCAAAACATCTAGGTCTTCACGTCCGTACCGAAAGGCGGCAAGC
ACCTGGCCAAAAACCTTACGGTCCTTTACGTACTCTGGATCAATGAAGACAACACCGTCAATGGGATCCACGTGCGTGACATGGTCGACGAAGTC
CCGTTTGCCAAGGTAAACTGTTATCTTGCCGTTGGAGGAGCTCTTCTTAAACACCCGAGTCGCCTGGCGTCTGGAGCTGGCATCTCCACCAGTCT
CGTCGCCTGCGCTTCCGCCCCCAGTGCTCCCGGCAGCTGTTACATTGGTGCTGGAGCCATTGCTCACATTTGCTCCTCCACTTCCTCCACCACCA
CCGTTCATTATGTTATTTGGCGGTTATGCTTGTTATTCTGCTTTTCTGCTGTTCCTGCTTAATTGGAACTCCGTTAAATAAATATATGTGTGCGT
TGCGGGACTTGTGCTGCAATTTAATTTTTTATGTGTATACTTGTTCCGCCATTTACCAGCACTGCTTGACAGTCATTGGAAAAATACCAGGGAAT
ATTACATACTAACAAATTATGTACTTCTCTGGTATTTCAATTCAGTGCGAACAAACCGATATATGTTTGGTCGTACCATAATCGCAGCCTATAAT
TAATATTTATTTTGCATTTTTGGCACCTATTTATATTTCCTAAGTGTGCCCTGGCCCATAGTAAGTGACTTTTAATAATTTTTCTTTCAATACCA
TTAACAATTGCTTGAATTAACATTAAGTTTCCTACTAAGATAAAATGCAACTGCAGGTTGACTTGGCTTTTTAATGAAATATAATATATATATTA
TAAATTCCTTTAGAAACAGATGATTCATAGCTGATGATTGAGGAAACTTACCATTTGGAATGTATAAACACATGTAAAATCAGACCGTTGGTAAA
TATCTAATCATAGATTGTATCCTAAGTCTTAAATAAATACTTTATATAAACTGTTTAATATTTATTTTATTTTTTAAAGGCTTTTATTATTTTTA
TATGTATACATGTGCATGAACGGACTTTAAACCATATTTAGTAGTGGAATAGAGCTATAAAAATGAGATTGAAGTCTCTAAAATACTTTATTTAA
TCAGCCTTAGCACCGATAGAGCACAACGGTCACACTGTTCTGTCCCTCTTTTCCACGTGCATTTTATTGAACGAAACCACGCGTTGTTCAGTCCA
AACTTGACTTTGCTAATTTTGCCCAGAAAACCTCTAAAAGCTGTCAAAATGGCCCAAAAGAAAGCCGTCACCGTCAAAGGAAAAAAAGCTACGAA
TGGAGAGGAAAAGCCTTTGGCCAAACGGGTAACCAAGTCCACAAAGGTACAGGAAGAGGAGACAGTAGTCCCCCAATCGCCTTCCAAAAAATCCA
GAAAACAGCCTGTTAAAGAAGTGCCGCAGTTCAGTGAAGAGGACGAGTCTGATGTGGAGGAGCAAAATGACGAGCAGCCAGGGGACGACAGCGAC
TTTGAGGTAAGCTATAAAAAAAACGTGGTCTTCTGAATGGATATGGCTAACATTACATGCATAGTATGCACGTATATATAGATCTGCATGGATAA
GAATCCATTTTACGTTTTCTTTGCCACGTGGTTGTAAAGATTTTATAATTATAAGACGAGTGCACATAACCCACGATCCTCTGGTTTTATACCGA
CTCGGTTCATATATCGATAAAAAAAAAAATTGTCTTTATTGGTGCTCTCCCATCAGCGGTTATAAGAAAATTGTCTACTTTTCAGACCGAAGAGGC
AGCGGGCTTAATTGACGACGAGGCTGAGGAAGATGAAGAGTACAATAGTGACGATGAGGAAGATGATGATGACGATGAGTTGGAGCCTGGTGAGG
TTTCCAAAAGTGAAGGCGCGGATGAGGTAGATGAATCCGATGATGATGAAGAAGCGCCTGTAGAGAAGCCAGTTTCCAAGAAATCAGAAAAAGCC
AACTCTGAAAAGTCCGAAGAAAATAGAGGAATTCCAAAAGTAAAGGTTGGCAAGATTCCGCTGGGAACGCCAAAAAACCAGATCGTTTTTGTCAC
AAACCTACCAAACGGTAAAGTAACTGGTTTATTATTTCATTTTTCAAGTATATTTAAACTTAGTATATTTGTTCCACATAGAGTATCTCCACAAG
GACTTGGTCGCATTGTTCGCCAAGTTCGGACGACTTTCCGCTTTGCAGCGTTTCACTAATTTGAATGGCAATAAATCAGTTCTCATTGCCTTTGA
TACGTCAACTGGAGCAGAAGCTGTTCTGCAGGCTAAGCCTAAAGCGTTAACCCTTGGAGACAATGTTTTGTCTGTGTCCCAACCGAGAAATAAGG
AAGAGAACAACGAACGCACGGTGGTGGTTGGCCTGATTGGACCTAATATTACCAAGGACGACTTAAAAACCTTTTTTGAGAAGGTAGCTCCCGTG

GAGGCGGTGACTATATCCAGTAACCGCCTCATGCCCAGAGCTTTTGTACGTTTGGCGTCGGTCGATGACATACCGAAGGCTCTTAAACTGCATAG
CACTGAGCTGTTTTCTCGCTTTATAACGGTTCGTCGGATCTCACAAGAATCGATTTCACGTACCAGTGAACTTACCTTGGTTGTCGAAAATGTGG
GCAAACACGAGTCTTACAGCTCCGACGCTCTAGAAAAGATATTCAAAAAATTTGGTGATGTTGAAGAAATCGACGTTGTGTGCAGCAAGGCAGTT
TTAGCTTTTGTCACGTTCAAGCAGTCGGATGCCGCCACGAAGGCTTTAGCACAACTCGACGGAAAGACTGTTAATAAGTTTGAGTGGAAGCTTCA
CCGATTCGAACGCAGCACCTCGGGGAGGGCCATTCTTGTGACGAACTTGACTTCAGGTGGGTTACCCGTTTCGTAAAATTGTTTAAAATTATTAA
TCATTATCATGTAAAATTTCGTTGTAGATGCTACTGAAGCCGACCTGCGGAAAGTGTTTAACGATAGCGGCGAAATCGAAAGCATCATAATGTTG
GGCCAAAAAGCGGTAGTAAAGTTCAAGGACGATGAGGGTTTCTGCAAATCTTTCTTGGCTAATGAAAGCATTGTAAACAACGCCCCTATATTTAT
TGAGCCAAACTCTCTGCTGAAGCATAGATTGTTAAAGAAACGCTTAGCTATTGGTCAGACCCGCGCCCCGCGGAAGTTCCAAAAGGACACTAAGC
CAAACTTTGGTAAAAAACCATTTAACAAGCGCCCGGCACAAGAGAATGGTGGTAAATCGTTTGTTAAAAGGGCAAGATTTTAGAACTTGAACACT
ACAAGAATTAGCTTTAAGTTGCGTAGTACCATAAATACGGCCACAGCCCCGATAATTCCATACAACTTGATGTTATGGATTTAGTTGATAAGAGA
TACTCCATTAAATTTTTACCGGAGAAATGCTAGCCGTATTCAAGCAGATGTCGATTTTTATAAGCATCGGACATGGAACTAAATAAAAGTAAATA
AAAACCCCGATAAGAATTTTGTATTCAACGTCTTGGTTTTGGGTAACTAGATACTTCAAAAAACGATTTACTGCTTATATGAACGTATACAGGTG
CGATCTCCAGTATATTCCGTTTTTTTTTTTGTGTTTGAATTTTATCTCGCTTCGGTACTCTCGTATATAGGTTCCTATCCCTTCCAAATGGCCCA
ATGTACAGCTGCGCTTGTTCAAAAAGCGAGAACTATATGAATTTCCTTTGTATAATTAATTTATTAGTAATACATTTTTGTAGTATTTTATAATT
TTTTGAATTTTTTTGTTCATACTCAGAAATCTAATATGGTTGGCTAACATATGTATAAACTTGTAAATGTTTGTATGTATGTTTATATTTTTTGT
AAATGCCATTTAGATTAGTACTTTAAATTTCAGTAATTGTTGGTTCAAAAAATTAGTTTATCCTTTTTATGTGTAAATATGTATAAAAAATCATC
ACTTGGATAAAAGCAACGTATAGGGAGTTTAGCCAACCTAAAAAAAAACCCTTTCGATTAGGAATTTCCCAATCACTCTGTTTATATATAGTTCGT
TCAAGCTACAAAAAACTGTGCTCGTGACGCGTTTGGCTTACTGACAAGTTTTTGTGTGTTATATGTAAGTCTCTGTCTCATGTTGCTTTTGACCT
TGTTTTATAAGAAATATAATATCGCTATCGTAATATAGCTTAGGCAGAAAATCACTAATAAGGCAAATTAAAGTGAAGGGCACTGTGTGGGACTT
CTGAAAATACATAATGCAAACAAGCTTACTATTTAAACTTGACAACTTATATATCTCAGAGTTCGTTTAAGCCGTGCATAACTCATATACGTTGT
ATAGGCAAATTATAAGCCCTAGAATATTACTTTTTTTAGATATACTTTCACGAGAGCTTTTTCTTTCATGACGAATTGAAGTAGGTGACACTATC
TTTCACAAAGCTTATAAAATTATGCCTACACAAAGGATAAAAGAATACAAAAATAAAA
(SEQ ID NO: 181)

Exon: 1001..1105
Exon: 1249..1325
Exon: 1410..1906
Exon: 2175..2484
Exon: 2552..3286
Exon: 3353..3903
Start ATG: 1664

Transcript No. : CT6639
ACAAACCGATATATGTTTGGTCGTACCATAATCGCAGCCTATAATTAATATTTATTTTGCATTTTTGGCACCTATTTATATTTCCTAAGTGTGCC
CTGGCCCATAAAACAGATGATTCATAGCTGATGATTGAGGAAACTTACCATTTGGAATGTATAAACACATGTAAAATCAGACCGTTGGCTTTTAT
TATTTTTATATGTATACATGTGCATGAACGGACTTTAAACCATATTTAGTAGTGGAATAGAGCTATAAAAATGAGATTGAAGTCTCTAAAATACT
TTATTTAATCAGCCTTAGCACCGATAGAGCACAACGGTCACACTGTTCTGTCCCTCTTTTCCACGTGCATTTTATTGAACGAAACCACGCGTTGT
TCAGTCCAAACTTGACTTTGCTAATTTTGCCCAGAAAACCTCTAAAAGCTGTCAAAATGGCCCAAAAGAAAGCCGTCACCGTCAAAGGAAAAAAA
GCTACGAATGGAGAGGAAAAGCCTTTGGCCAAACGGGTAACCAAGTCCACAAAGGTACAGGAAGAGGAGACAGTAGTCCCCCAATCGCCTTCCAA
AAAATCCAGAAAACAGCCTGTTAAAGAAGTGCCGCAGTTCAGTGAAGAGGACGAGTCTGATGTGGAGGAGCAAAATGACGAGCAGCCAGGGGACG
ACAGCGACTTTGAGACCGAAGAGGCAGCGGGCTTAATTGACGACGAGGCTGAGGAAGATGAAGAGTACAATAGTGACGATGAGGAAGATGATGAT
GACGATGAGTTGGAGCCTGGTGAGGTTTCCAAAAGTGAAGGCGCGGATGAGGTAGATGAATCCGATGATGATGAAGAAGCGCCTGTAGAGAAGCC
AGTTTCCAAGAAATCAGAAAAAGCCAACTCTGAAAAGTCCGAAGAAAATAGAGGAATTCCAAAAGTAAAGGTTGGCAAGATTCCGCTGGGAACGC
CAAAAAACCAGATCGTTTTTGTCACAAACCTACCAAACGAGTATCTCCACAAGGACTTGGTCGCATTGTTCGCCAAGTTCGGACGACTTTCCGCT
TTGCAGCGTTTCACTAATTTGAATGGCAATAAATCAGTTCTCATTGCCTTTGATACGTCAACTGGAGCAGAAGCTGTTCTGCAGGCTAAGCCTAA
AGCGTTAACCCTTGGAGACAATGTTTTGTCTGTGTCCCAACCGAGAAATAAGGAAGAGAACAACGAACGCACGGTGGTGGTTGGCCTGATTGGAC
CTAATATTACCAAGGACGACTTAAAAACCTTTTTTGAGAAGGTAGCTCCCGTGGAGGCGGTGACTATATCCAGTAACCGCCTCATGCCCAGAGCT
TTTGTACGTTTGGCGTCGGTCGATGACATACCGAAGGCTCTTAAACTGCATAGCACTGAGCTGTTTTCTCGCTTTATAACGGTTCGTCGGATCTC
ACAAGAATCGATTTCACGTACCAGTGAACTTACCTTGGTTGTCGAAAATGTGGGCAAACACGAGTCTTACAGCTCCGACGCTCTAGAAAAGATAT
TCAAAAAATTTGGTGATGTTGAAGAAATCGACGTTGTGTGCAGCAAGGCAGTTTTAGCTTTTGTCACGTTCAAGCAGTCGGATGCCGCCACGAAG
GCTTTAGCACAACTCGACGGAAAGACTGTTAATAAGTTTGAGTGGAAGCTTCACCGATTCGAACGCAGCACCTCGGGGAGGGCCATTCTTGTGAC
GAACTTGACTTCAGATGCTACTGAAGCCGACCTGCGGAAAGTGTTTAACGATAGCGGCGAAATCGAAAGCATCATAATGTTGGGCCAAAAAGCGG
TAGTAAAGTTCAAGGACGATGAGGGTTTCTGCAAATCTTTCTTGGCTAATGAAAGCATTGTAAACAACGCCCCTATATTTATTGAGCCAAACTCT
CTGCTGAAGCATAGATTGTTAAAGAAACGCTTAGCTATTGGTCAGACCCGCGCCCCGCGGAAGTTCCAAAAGGACACTAAGCCAAACTTTGGTAA
AAAACCATTTAACAAGCGCCCGGCACAAGAGAATGGTGGTAAATCGTTTGTTAAAAGGGCAAGATTTTAGAACTTGAACACTACAAGAATTAGCT
TTAAGTTGCGTAGTACCATAAATACGGCCACAGCCCCGATAATTCCATACAACTTGATGTTATGGATTTAGTTGATAAGAGATACTCCATTAAAT
TTTTACCGGAGAAATGCTAGCCGTATTCAAGCAGATGTCGATTTTTATAAGCATCGGACATGGAACTAAATAAAAGTAAATAAAAACCCC
(SEQ ID NO: 182)

Start ATG: 437

MAQKKAVTVKGKKATNGEEKPLAKRVTKSTKVQEEETVVPQSPSKKSRKQPVKEVPQFSEEDESDVEEQNDEQPGDDSDFETEEAAGLIDDEAEE
DEEYNSDDEEDDDDDELEPGEVSKSEGADEVDESDDDEEAPVEKPVSKKSEKANSEKSEENRGIPKVKVGKIPLGTPKNQIVFVTNLPNEYLHKD
LVALFAKFGRLSALQRFTNLNGNKSVLIAFDTSTGAEAVLQAKPKALTLGDNVLSVSQPRNKEENNERTVVVGLIGPNITKDDLKTFFEKVAPVE
AVTISSNRLMPRAFVRLASVDDIPKALKLHSTELFSRFITVRRISQESISRTSELTLVVENVGKHESYSSDALEKIFKKFGDVEEIDVVCSKAVL
AFVTFKQSDAATKALAQLDGKTVNKFEWKLHRFERSTSGRAILVTNLTSDATEADLRKVFNDSGEIESIIMLGQKAVVKFKDDEGFCKSFLANES
IVNNAPIFIEPNSLLKHRLLKKRLAIGQTRAPRKFQKDTKPNFGKKPFNKRPAQENGGKSFVKRARF*
(SEQ ID NO: 183)

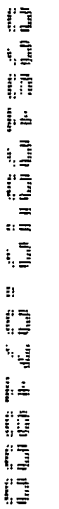
Name: RRM-type DNA binding protein
Classification: DNA_binding

Gene Symbol: mod
FlyBase ID: FBgn0002780

Celera Sequence No. : 142000013384692

AATGGTGCAAGAACCTCTTGAGAAATAACTAGCAAGTTTGAGGGTCGCATTAGCTAGCCCTACAGTGAAGAAATCCAATACATATACAATGATTC
ATTGTGAAAAACGGAAATCTGACAATCTCAAAAAATAAAATAATATTACTTCTATCCCTTTGGCGACGTTTCTTAATAAAAATCCCACCAAGCTC
ACCATTCGTTAGGTGGTACGAATTCAAAAATATTTATAATGAGTTTTCCATAAACAATTGTTTATTGAATAGTGTTTACTCTGTACCTCTCTGCA
CTTGCCACTTTGTTTGGGCATACATATATGCACATGTTTTGCAGAACGTAGATTTCAACAGGAATTGAAAATAAACATATTCAATCGATAGCACA
ACTGGGTAACTTTTGTTGCCTATGGCTCATTGTGTAAATATGTTCAGGCGGTTTGCCCTTAAATACCCAATTTGTGAATGCGGGAAAATTCAATT
GCTTTAATTTGTTGTTTTTAAGAACATAAAAATGGGTTCATATGTATCTGACAGATAAGAATGAACTTGAACTTCATGAATGAGTTTGTAGGAGA
ATAGAATTTTTGAATTTCATTTAAGATATTGTCTGAATGGTTGGATAAATTGAGTAATTTTTGTAGCAGAACTTTTCTGCTTTGTTCTTAGGAAA
TAGTGTTTAGTTGAGCAACTGAAGACGAATAAGAAAGAACGCGAACTCACAAGTTAAAAGAATAAAATATAAAGGCACGTGCATTAAATCAACGC
GTTTAATTGAATTCCTTTTGATTTTGGTTGCCAACTGGCTTTCCATTCAAGCAGACTTTCGCCTATCAAACAGTTTAACTTCATTCTGATATCTA
AATTCACCGAGAAAGTGTAGCAAAGACGATGACATTCAATTGAAAACGATCGATCGATTAGAATTCCAATTTGCATAGCAGTTACTGTCGGCTTG
TTCGCTTGTTTCAAGTGACACCTTTGTCGACTTTTCCCGGCAAAGACTCGAGTGGCTATCAGACAGAAGCAATCGAGAACCGCTTAATGAGAAAG
CCAAAGAAACTTGTTGAACTACAAGAAAAAGAAGCACAAGAAGGCAGAAGAACCCGGAGGGGGAGGCAAAAAACATTTTCCAGATAAGCGGCAGT
CGGAGTCGTGTGAATAAAAGCGTGTGTATTTGTTTTGTGGGTCAGCCTGTTCCAGCTAATTACCGTGAACTTGTCAGCGCACACAAAACGGCTGT
AAAATGACCAAAGTGAGGTAATAAACACGGCGAATTAACGAGAAACCCGAGTGAATAATGTCCAAACTGGTGAAGAGAATCCGCAGCATGATCAA
TCCAAGCAGCCAGCGGGATCGCGAAGATACCACCTCGGTATCCGCTTCAGAGGGCTTCATTGCTCGCAGGAAGTGCCACTCGCTGCCCCGAAGGA
GCAATAGACACTCGACCGCCCGGCGATCAAACAGTGGTCTGTGGAATCGACTGGTCACCAATGTCTTCGGACCGGAAGATTCATATGACTTTGAC
AACGAAGGCGACAGTGGTGGTGCCGTATTTTACACCGATTCGGTGAACGGTTCAAACTATGAGATATCTGCAGAAGTGAGTTAGTCGAACAAAAC
TGGATAACATTTTATAAGATTTTAAGACGATGTCGGCTGGAGGTTACAACTTTTTTTTTTTTACTATAGAACCATTATATTTTCATATTTCGGA
TACAGTTCTCTAAGTATGTTCATCTCCTTGGGTTTTAAATTCTTTGTGCCAATCATGCACTTCAAATACTGCATAGTATTTCACTATGAACTTTG
TTTGATTCAACTGCAGTTTTTGGCTTTTAATTAAATTGACTGCAGTCTATAAAGATGTCACACTTCTCCAAGAGGTGCCGCAGTATACGTTTTTT
ATTGTTTGTGTTTCAAAAACTTGAATCGAATTTAATTACGAATATGTGTATAACCTTTTTCTTATTCCCATTTTTTCTCACCCACAGGGCGAATA
CATCAAGCATCCCGTTCTGTACGAGCTCAGTCACAAATATGGTTTCACAGAGAATCTGCCGGAGAGCTGTATGTCCATACGGCTGGAGGAGATCA
AGGAGGCCATTCGGCGAGAGATCCGCAAGGAGCTGAAGATCAAAGAGGGCGCCGAGAAGCTCCGCGAGGTGGCTAAAGATCGACGATCCCTCAGC
GATGTGGCCGTTCTTGTCAAGAAGAGCAAAAGTAAACTTGCCGAGCTGAAGTCCGAGTTGCAGGAGCTCGAGAGTCAAATCCTCCTGACATCGGC
CAACACCGCCGTCAATAGTAATGGACAAGGTGAGCATCCATCAATTCCCATAGAGATTGGGTAACTTTTTCTACCGTCGTCTCGCTTTTCGTTTC
GAAAACCCACTAAAAGCCAGACATAAACTGTTGCAATTATACGAGAGCAAAAGTTTCATGCAACAAGTTTTGTGGGCAAGTGTAACGAGTCAAGT
GTATTCCCAATAAAAACGAGGGCGTGGCCAAGGGGCGGGGTCACTAACGAAGCTATAACCAAAACAAGCTTCAAGAAAAAGTTTGGACACTGCAA
TGAAGTTGAAAGATGTTCCTTTTTGTGTAGAAGATAAAGATAAGGTTGTTGGTTAATTCAATTTCAACCTGGTTGTAAAGTGTAATTCAATCAAC
CAAAATGTTTGGTATATCCTGGGCTAGTTCGGATTTCTAGGTCACGTGGTTTCCGGGCAAGCAATTTAAATAAAGGAATGAGTAAATTCTGTATA
AAACTGTTTATTATAAACAAAGATTTTGTAAAGATGTGTATTCAAAACTTTGTATTACTTGTTTCCAATGGACTAAAAGTATGAAGTAGTTTCCT
AAAATTAAGTGATATTTAGAGCAGGGACAGTTTAAAATTGCTTTATAATAAAGCTGTAATTTAGTAGCTAAAAGCTATAATTAATAATAGTTTCA
ATTATGAAACCATTGAAATTTTTTTTGACCAAAATAAAAAGCCGAACAAAAATGAAAGTACTTACTTCCGAAAGAGAGTGACATCAAAACCTCAC
GAATGCTGCAATTGTTCGGGGCTTTGGGAATGGTTAAGTCCGTCTTTTACGAGTCTTTGTCACGCATTTCTCTTTTACCTTTACCACATTTTTTTT
TGGCCCATCACCTAATGCTTCATGGTGGTGACAAGTGAACATTGTGCTGGGTGTTAATGATCTGATTATCGCTTTATATATGCCCTCGTATCTTT
AACAAAACACTTTGTGATAGTCTCGGCGACGGACGAAATGTTTTCTTCGTTTTCTTCGGTTTTTGTGAGCCAACCTATTGACACAACTGCCGTAA
GTGTGATACGTTTGGTTTGTTTACATTTCCGAATGGAGACAGCGTTCTGGCATTCTATATATCTGCTTCCGTGTTTGGCCAATCCCCCAACAGAA
GCATTTGCCCCACAAGAACCCCTCCAATGTGGCATTGTGTGGCGCCAGAGTCGACTTTTCATATGTCAGACGATTGACATGTTTGGCAGCTGTCG
AAGAATGCTGCACAAATGCCGATTCTCTTTGAATAAATAGCTGGCGCATATAGAACCAAACACACACATTTTTAGTTTGTGCCAAACAAATGGCC
TTTCAAAAATAAACAATGGGAGAAAAAGGGCATAAACAAGTTTTGGACATTTTTGCTGAGAAAATTTGGAACACCACTGCTGATTGATTGATTTT
TTGGTTACCGTTTATTTATTATTAAAATAATAATACAACAGCTGTTTCTAACTTGACAAGCGAAATTCTTTCTTTACGGTGGGTTTAAAAGTCCT
TATCCTAAACTGGTATTGATAGAATACTTATTGTGCTGTACTCTGTGTATCTAAATCTATGAAAGGTTTCTATCATTCAATACTTCTTACGAAAT
TCAGAATAAAATAGAATCTAATCTTTCCGATATCTTTCAGAATCGATCACTGCCTGCATTGATCCCAATGGCGGCTTCTTGGTCAGCGGTGCAGT
TGGTGGCTTGGGCGGCGGAAACACGGCTCTGGAGGGCGGCGCACCGGCCACTGCCAATGACAAAGTGCTCGCCTCGCTGGAGAAGCAGCTGCAGA
TCGAGATGAAGGTGAAGACCGGGGCGGAAAACATGATCCAGTCGCTGGGCATCGGATGCGACAAGAAGCTGCTGGCGGAAGCCCACCAGATGCTG
GCCGACTCGAAGGCCAAGATTGAGTTTTTGCGCCTGCGCATCATCAAGGTGAAACAGAACCGCGAGCAGGCCGATCGCCTCAAGGCCTCGCGCCA
GATGATCGACGAGCATGGCCAGACGATCGGCGGGAACAACAGCAGCCAGCCGCAGAGCCTGGAGACGACGCTGGAGGAGCGAATCGAGGAGCTCC
GCCATCGACTGCGAATCGAGGCAGCCGTCGTCGATGGAGCCAAGAATGTTATACGCACGCTGCAGACGGCGAATAGGGCACCGGACAAGAAGGCT
TTGCAGGAGGTGAGTTCTATCTTTTAAATCTGGGTTGATTATCTGTAGATATTTATATAGAAGTTTCGGGGAATCAAGGGTCATGTGGTAAAAGC
ATAAATCTACAAGAAATTTACAAACAATAATCTAGAAGCCTAGAATCTAAACTTTAGATAACTATATAATTTTGGATGGCAGTTGCTATGGTAGC
TTCTATTATGGAAGTTCTACTGTTCTTGGTAATTCAAAAAGAATCGGTATTTATGCTAATACTAGAGTTAATTAGAGCTGGCTGGCAGCCAGGTA
GACACATAAACCCTGCGAGTATTCCCCCGCTAAGCTGAAATCAGGTGTGCCTGCTGCCATATGGCCACACGACGTATGAATCATATTTGAATTAT
ACGTGCGTATACGTGATTTTTTCCCAACTTGTGGCAACGTCGTGTGAAACGAAACGGGAAGCGGTAAGGAGGCAATAAGCTAATTATGCGGCTGC
TTTAAATATTTTTCAGTTCGTCCGCTTTCGTTATAATTTCAAGTTTTATTTTTTTAGTTGTTTTTGTCGCTAACTGTCGTCTCATTAATTAAACG
GACGTGGAACGTCGCCATTACTAGAGTCGAAGAAAAATGATTTGGCAAGTGTGCTCAGGGCCTGCCCTAATAATTTTGGCATTAGCTTTTTAGTT
CATTTCAAATTTTTTAGTTAATGGCATTGCTGACAGAAAGATGGTCCCAAAATAAACGCAAGACGAGTATTTTTTTCAAATTTCACAATGCATTT
AACACTGAACGTACATGTGCAGGGACATAGATAAACTTTTTCTTATTTCCCAATGTCTGCGTTTCCTGTCGCGTGGCAAGCTCGCTTTTTTCCTC
GCCATGATTTATCTTTTCACCGATGCTCGTGCGGTTTTGTCTTTGGATTCAACATAGACGCATACGTACAGACACTTAGTTTCCGCTGAAGCTAC
TACAACAACATGTTGTCCGGCCTGCTGTGGCCTAAATATTCTATTTGCAGGCCCCATTTTCATAATTATTTGTTCTGCGATGCGGTTGCATCTGT
TAGATGCAGAAATAAAAAAGTCGAGAGCAGCAGTGCGTTTCATATCAATGGGAACAAGTTTTCCTTAACAAGACCTAGTGATGGAGTTCTGTATT
TTGGGATTTTCGGTTAGCAAGAACTTTCTATAGTACTGCTTTTTGTACTTTTCTTGCTGTGCATCCGAATATCGCAGAAGTTATTATACGATCTG
CTAAACAATAAACACAAAACTTCTGCCGCTGCCCTTTTGGCCATTTGGGAGCGTTTTGCTAAACATTTTTAGAACTATGCCGTACGCTGCCGTAC
ATAAGCATTGGATATATAAACCCGTCTATATGTCTGTGCCTCTGCTTAATCGGCCAAAACGAGAAACGTATAAAACCGTCATAAGAAACGGAGC
GCAAAGTTCTCTGGCCAGCATATGGGAAAATGTGTTGTTCAATGTGCGTGTGCATGTGCGTTTCTCTAGCGAATTTTCTCAAGCAGCTTTTCCTT
GGCGTTCAGTTTGAGTTGGATCGCCGTTGGCTACGTGCGACGCCGCCTGGTCTTTTCCGATATTTTATAATTAGTTTTTAATTGCCGCGTCTTAA
CTTACGTTGCGTTTGTGTTCCTTTGTCTCTAGTGTTAAATAAAAAAAATCCACTGAATGTGGAATGAAATAATAATAACAATAATAATAATGAAA
TAATCGAAGTAAGCTCGCGAAAGGCACGCACACATGCTATATAAGTGGAATTCACTGGCTGAGCTTGTTATTACCTATTTGACATTACGCATACG

Sequence Listing Page 94



CAGCGTGTGCTGCAAGTTCTATGCGGTTATCCACCCGAAATTGCGTAATTCTCAGCTCTGCACTCAGTTTCTCTGAATTCTTTTTGGGGTCATCT
TGCAATTTTGGCGTAACGAAAAATAAATCTTGTTATAAATAAAATCACATAAATTTAGAAACACAAATTTTACAAAAGCTAAGAAAAACCGAAAG
TGTTTTCGTTCCGCCCCATCCATTTGCTAACCCCCGCGACTATAGTGTGTGTGCGTTTTTGTCGAATGAAGCTAAAAATAGTGAAAACAAAAAAG
CCAAATTAATATAGTTCAAACTGCCTGTAACGAATTTTACGGTTTATTAAAACAAAAAATAAACTATTTAACTAAAAAGTGGTGTACAAAATACA
GGACGATAAGCAAAAGTAATTGGATTTGAAAAAAAAACCGAGAAATTCAGATCATTATAAACACTAAAAGAATTGCTTGAATTTGCCTAAATTGT
ATACAATTCAAAGGAAAAGTTTTAAAAATTATAAACAATGTATGGGGATGTTACCACAAATTGTTGATATAAAATTACCTTTAAACAGTTGGAAT
TCAACATTTAAGCCGTTAATATATAGAATTTATTCAATGTTTGGTCGACAATAAGAACTATCAAAGCGGCTTCTCGATATTTTTAGCAGGAATAT
AAATTTCGTGTGTGACGTATATATATATATAAAAATATATATGTAGTATATAGTGCGTGAGTGTATTTATGTGAATATATCGATGGCACCATAAC
CACAGCCAAAATGTGTTTATGCCACGACCGCAAAACAAGTGTTTAGGGAGTCATGAGCACGCCCACGCCCACTTCGGGGGCGGTTCAGGGCCAGG
AGGTTCCACTGCCCCATGAACTGACCGCCGAGTGGACCGTGCGAGCACATCTAACTTTTGCCCGAGCTGGCGAAACGGTGCAAAAGGAGTTCAGT
GCTCCGGAGACTGTGCATCCGATGCGCGTGGTCTACAAGTGGTGTACGCCCTGCGAGGAACCAGAAACAGAACAGGATGTCGACAAGGCAAGTTG
TGACGGGAAAATCTTCCAACCTTTATTTATATCCTTAAAATCCTCTACAGACAGCGGCTACTGCGGGAACCAGCTTCCGTTCCACAAACTCCTCG
GCCACCACCAATGCGGACTCGGCATTTGGCAGCCCACATGCTTCGAGGGCTCTTAACAAACCACCTGAGCCCACTGATTGTGCTGCTCCTCTGGG
AGCCACTGCCCAAGTGTGTGGAACCCGCTGCCGGAGCACCTGCAACATTATGGTGTCCGCGGTGGCAGATTTCTTGCCTCAAGAGGCGGGAACCG
GGTCAGTGAATGAGCCCTTTGTTTATCACAGCAAAGTGCGAGCACAGCAGCTAAAGGATGCCTTCTCCCAGACAAGCGACACGGAGGAGCAGCCA
GCCAGGAGACGTCCAGCTTACGAGCAACGAAGGGCCACCACCGAAGCACTGATGAATTTTGCCAGCAAGCGACAAGCGGAGGAGGCTAACACCTA
TGCGGTGCGGTTTCAAATTCATAATTGATTTTTAACTTTCTAACTAATTGCAATTTTCAGCCAACCTATTCGCCCACGCCCACAACACCTTCGTC
TACATTTAAGTCGGCATCGATGTCGAGAATTCCACCGCTAGCTGGCAATATAAGCCAAGGAACAGCTCCTAAAATACCCAATTTGGGCGAGAAGA
AACACCGCACTGTTCACATCGATGTCTACTGCACTGGTTCAGAGGGTGATGAGGAGGAGGAAGCCGATGATGAGAGGCATGCAGATGAGGAGCCC
TCTAGCTCCTCCGACTCCGAGCTGGCTGGTAGCAAGCGATACGAACTGGACTCGAATTCCACCCCTCAAACCGTGCTGGACAATGAGCAGATGCT
ATTGCGCCATCAAAGAATCTCTGGGGGAGCTATGCCCAGGCGTTTGGCTCAGAATCATGGGAAAAACAAAGTGGGGAACCAGCAGCAGCAAGGCA
ATCTAAATTTGGGGCATGCCATTACAAAGTGCAGCACAGCCGAGGAAGTGTGCGAGTCCAAGCAATTGCTTTTCCGCAAACACATTGGTGATCAG
CGGGCGGCCAAGTTGGCCAATCTACGTCAGAAATACATGCGCCAGCCCAGCGATGAGACCATCAGCAGCACATACCCGAACTCCTCGAGGTCAAC
GATGCCAAGGGATGCCACCTGCAGCAGCATTTCCAGTGCCGTGGGAGGAACAGATTGTGTGGATTCATCGTGGAAGGATACAGACGATCTAGATA
CACCAATAGCATCTTTTGGCTTAACCAAATCCGATAGCTTTGACTATGAAAACTCGCTTGATCGCCTGCGGATAAGCCAGATGGAGCGCCTATGG
TCCCGTCAGCACTCATTGGACCAGGGTCACGCACAAACCCATCTGGGGGGAGCACCATCCCCTCATGCTCTGCAGACAATCACGGAGGTGCAGTC
GCAACGAAGTTCCTTCCAGCGAAACGATACCATACCCTCGGAGTCGGATGGCTTCTCCGATACCAATGGATTCAATACCTATCCGGGAAGGCAGT
CGCAATTGCAGCAGATCTCGCACTTTCCTCGTAACCGGCCTGGTTTTCTGCAGTTCTTTGGACCCTCCGGTGGTCCCGGCGTGGTAGCACAACCC
ACTCCGCCAGCCACTGCACCTGTTCAACCCGCTGGGTCCGCTACTACGGATCCGTTTCGTATGCTCCACCCGAGTTTTCGATGGAAGAGCGAAGC
CCGCGATAATCTGAGCGTCCAGGTTGCTTCCGGATCACCCTCTTCCGAGCGCAGTTCGCCACAACTCTTGTCTGCTGCGACCACCGTGGTGCGTT
GTGGCAGTGAGGCGCCGCCAAGCACCACCTCTGCTAGTACTTTTGGAACTACAGTGACGCCTTCGCCAATTGCAGTGCGACGTTTTGAAATCTCA
CGCGACAGTCCAAGTCTTGCAAGTGAAGCATCCACTTCCGTTTCCGGGTACACCCACGAGCATTTGGAGAAGGCGCGTCGCTTCGGCAACGTTGT
GGCCATGAGAAAACCCGGCCATCATGTGGGACCCACCAAGAATCCGAATTGTCAATGCGAAAGCTGTCAGCGTTGGCTGGCCGAGAGGTTTCAGC
TGCGCGGAAGAGCCTTCTCACTAGGCGAGAAGCCCTTATTAAGACGTCCACAGCTATAAAATCATACCGGGCTTACTTTTCTTTGTCTTAGGCTT
GCATTTAACACACTGCTTTTCAGATTGATACGCTCCCTATTAACCCAACACCCAAAACCGAACCTAAATCCAACTTTATTTCCGATTAGTTGTAA
GCCATGTAAGCGAATGTTCCTCACGCAAAACACAATTTGTGCGCTGAATCAATTTAATGTTGTAATAAAATAAAGCAATAGTTTTAACTAGAAAT
GTATTTATTTATTTCGGCGAATGAAGAAAGAACTTATTTTAAATTATGTATGTTTTATAGGGTAAAAAATTATTTGGTATTGTGCCAGATGAAAT
GAAATTATTATTAATTCGTTATATTTTGAAACAGGCCATGGACGTTTGTCGGAATCGTCGCGAAAACTAGATCTCTTGCGCTACTCCTTGGATT
TACGACGCCAGGAGCTGCCCGCCGATTCGCCCGCCGCCCAGCAATTAAAAACGGAGCTGCAGATCGTCCAGCTATCGACCTCCCCAGCTCCGGTC
ACCTACACGTCACTGCAGTCCGGACAAGCGGGCATACTCGGCGGAAAGCCGTACCAGTCGGTATCCTCGCTTGGACGCTGTGCCAGTGTCACCGG
AAAACTGGAGGTTCGCTTGCTGGGCTGTCAAGATTTGCTGGAAGATGTGCCCGGTAGATCGAGGAGGGACAAGGACAACAACTCAAGTCCGGGTG
ATTTACGAAGCTTCGTCAAGGGCGTCACGTCGCGCAGCAGTTCAAAGAGCTATTCGGTAAAGGATGAGACGTCCATTGAGATCATGGCGGTCATC
AAGCTGGACAATATCACCGTTGGCCAGACATCGTGGAAGCAATGCTCGCAGCAGGCCTGGGATCAGCGCTTCTCCATCGATCTAGACCGGTCGCG
CGAACTGGAGATTGGAGTTTACTGGCGCGACTGGCGATCCCTGTGCGCCGTAAAGGTGCTGCGCCTTGAAGAGTTCATCGACGATGTACGACATG
GCATGGCATTGCAGCTGGAGCCACAAGGTCTGCTATTTGCGGAGGTCAAGTTCTTGAACCCCATGATTTCACAGAAGCCAAAGCTGAGGCGCCAG
CGTATGATCTTCAACAGGCAGCAAGCGAAGAACATCTCGCGGGCCAAGCAGATGAACATTAATGTGGCCACATGGGGCCGCCTGCTTAAGCGGAA
TGCTCCTAACCATGTGCACATGGGATCGGCAGGATCAGGATCTTCTCTAACCGGTAGCTCGCCTATGGTGGTTGGTGGGTCTCGCGACTCTGAGT
CTCCGATTTCGAGGACTCCCTCATCCGACGCACTGGTGGAACCGGAGCCCTACACGCCCGGAGAGCAGGCACAGAACTTGGAATTCGATCCCGAT
GCAGGAATTAATGAACACGTGGAGACGCCAGGTGAATACCCGGATCCGGCGGCCAGTGGTCTGAGCGGAATGCGACCCCTGTCCATGCACATGCA
GGGAATTAGTGTGCTGCCCCCGGAATCGCCACCCGTGGCCACCGGAGCAGCTGGTCGGCCCAATACGCTCAGCTTACAGATGCCGGGTGCCAGTA
AAGGACAGGTGATCCAAGGCGGACGGACTGCGGCGCCTACAACGGCGCCACCGCCACCACCTGTGCTCAAGGCGACATCCACCACTCCGATATTG
GATCAGGAGGTAAGTTTGCTAATTTATTTTACAATGCGATCCGTGTACAGTTCAGTATTTGACCGACCCTGTATAAAGATCTGCGTATGTACTAC
TTAGCTGTGTACCCGTAGCTGGTTTGATCGTTGTGCCTGCCACTGCTCCTCCGCCCACTCTCTCATGTACTTATTCACCACCCACCCACTTATGC
ACACACAAGCACTCAATCTGTACAGTCATCACATTATGAAATTTTGGTGTTGGTTTTGCATTAAGTATCTCTCTAATCTGTACATTTGGAACGGT
AGCCGCACTTCATACAGAATCATGAATGTTCGCATAATTGGCAGAAAGTTTTACGAACTTGAGTTTGAAATACGAGATAGTTAAAAAGTAAATCT
AATGAAATATGAAATATTAAGAAAAAATTTCGAATAACTTTAAATCAGATAAATTATTTGACTTATCTTCTTAAATTTTCGAAATCTATGAAAAG
TGAACTTATTTTATTTCAAAATTCAAAGTAGTTTATGCCTTCTCTGCCTTTGAGTTTTCACATAATTCATCGTCATTATCGTTCACTCTTTCTCT
TTATCCTCCACTCGCTTTCTTCAAGAAAAGTCTTTCCCTTCCTTGCTTTGATAATCCTATCGCCTTCTTTATTCATCTGCCCATATTCTTCTTTT
TGTGGCCCATCGTCATCATGTTCTCTATCTATATCTCTCTCTCTGTATCTGTGTGTTTGTGTGCCCGTCTCGGTTTCCGTTTCCGTTCCGTA
TCGTCATGATTTCGTTAATCGCCGACAGCTGCAGGATGCCCTGCACGAATTCGATTTCCTGTCGGACCTGGACTCACGTCCCACCACGCTGCGTC
GCCTGCTGAAGGAGCAGAAGATGGCGCTGGATGCCGGCGCGCTGGAGAATCTGCTGCTGCAGCAGCAACAGACTGAGCAGCAGGCACTGCAGCAG
CGCCAGCGCCAGGAGCAGCTGCGTCTGCAGCAGTTTCAGGAGGCGCAGCGCCAGGCGATCCTGGACCTGTGCGTGAAACAGAGAGAGCCCGCGGA
GCAGACATCACCCACCCTTGCCAACCAAACGCCGACGTTCCCACCGCTTGCCAGCAATCAGATCATGCCAAGCTTAAATGCCCGCCCTTGCCAAA
GCCAAAGCCCAAACCACAACGAATTTCAGTTGCAGCCGCAGCCACCACATCCCGCCCAGAAACCGACGAATCCCGAACCACCGTCCGCTGTGGAA
CAGCAGCTGCACCGTCCGGTCCTAATCCTGCCGCCCGTGGTGCTCCTGGGTGGTCGGGAGGAGGACCGTTCGGTGCCACCATCGCCACTAGTCGA
GTATCCCGAGGACGACGACGAGTATCTGTATCGTGGTAGCAACGAAAACCTGGGCACCAGGCTGCACTCCAGCCACAGTTCCAGTGCCGGCGATC
GTTTCTGTGTGGAGGTTAGGAGGTTTTTCATTTCCTGGTTTGGTTTCCGGTTTAATTTCTGTTTCTCCAATTTCTGATTTATTTTCTTTTTATGT
TTTAATTTCACTAACCTTATTTTCCTTTTGATTTCTTACATGTTTGTTTTGTTTTTATTACGCGTTGGGTTTTACCTGTTTCTTCTTTAAATGTG
TGTATGTTTTTGGTTTGGCTCTGGCCAAAAAAAAAAGAAAAACATTTGAAGCCCCAAAAATTGTGTATAAACATTTGACTCATAAACACACACAT
TCGCACTGTAATCAATGAGCGTTCACAAGCATCCCAAAAAACTAACCTAGTCGTAGTGGAACTAACTAAAAGTTTAGCTATGAATGTGACTAACC
ATTTAATTAACAGTGTTTAATAGTTTGATGTAGTTAAACATAGTTCCTATTGAAAGGAAGAGCTTTAAAATGGCAATCTTAATGGCACAGATGTA

AGCTGCACAGCTTAATTTAACGTAAATATAGCGTTTTTAAATGTTTAAATAACATATTTTCCAATAATAAGCAACTTGAGAGCATAAGAATTTGT
TTTAGACTTACAATTTCCCACTTATTTGAAAAGGAACCAATATGATCGACGCGAAATAAAAGCTAGAAGTGACAATTTTAAACTCTTTAAATAGA
CGCGCTTCTGGCGAATGACAGCGAAAAGATCAGAGGAAAGTAAAGGGGATATGTCTTGGGAGAATTGGGTCTTTAGGAGGCACCCGAAAGTGCGC
CACTTCACGTGCCAATGTTCGGGAAATGTTTTATTTTTTCTCACCCACGCCCACCTTTCGTTTTGCCCTCCCTCTCACGTTGCAACGTCAGTGTT
CCCCATTTCCATTTCCATTTTCATTTTCATCGAAGATGTTTGTCCCTGTGTGTTCGCTTACCTTTGTATCTATGTGTGTCCCAGCTGTGTACTCA
TCGTTATGTGCGCTGTTGTCACATTTTCCTTTCGGCTGGTCATTTTTAGACCCAAAACAACGACGCAAATGCTTGGCCTCTGGTCATGACTTTGG
CACTTGTTCGCCTTCAGTTGGTCGGCGCGGTGTTGGCCATCCCGCCTAAGTGTCGTATCCGTATCGGTATCGATCGCAATGTAGAAAAGTTATGA
TTGTGCCAACCTTCCATGCGCTCGGCCAAGTCTTGAGGCAGATGTTTGCGGTCCAACTCCAACAGCAGCAGCAGCGCACTCATAATCAGCTCCAT
TACCTCGATTTGTCGCCCGCGCGAACCATCAACCAACTGTTAGTGTGTCCATGCGCATCCAATCCTGTACCTCCTGCTGTATGTGTGTTTCTTGG
GTTCAATCAAATCCCCGATCAATCTACCATACTATGAAGAACCATCCTCTTGCAGGCCCGTATTAGTCTTGTACATATAACCCTCGAACCGATCA
ATGCCAGCCGGACGACCAGTTGCCTGATCGAGGAGGTAGCCGAGCCGGATTCACAGCCGGAGATTAAGCCGGTGGCAGAAGCGCAGTCTGCCAAA
GTATCCGAGGCTTGTGTCGAAAGTATTCTCCCCGAGACAGTTGAAAAGTTAGAAACAGCAGACCAGGTCCAGCAGGTAATCGCCAGGGATTTAAG
TGAATGGATTCACCAAGCTCTCAAGTTGTAGCCACTAATAAATGTACACCTAACGCTACTTTCCTTGATGACTAAAGTTTATCTTTCTGTGCACT
CTAGGTTATACCACAGTTGGGGAAGCTTTACGTGGGCAGTAGCCAGCAGCAGTATGCGCAGCAGTCATCGCCCATCATCCAGGAGCCAGCTACTC
CTACTATTTACGGAAACAGCGCCGCAGCCGGAGCGCCGCAGTTCCCGCAGCCCGCCCAAAGGCAAGAGAAGCAGCCTCCGCAGCAGCAGCCCATC
TACGCTAACCAGTATGAGCTGAATGTGGCCAAGGCGGCAGCTGCAGCATCTGTTTACTCACCCAGCTCCTCCACCACCAGCAACTCCAATCAACA
GCAGCAGCAGCAGCGCCGGAATGTGGCCCGTGGACTGCAGTATCGTGAATCTGGAGGACTCGAGACTGGACGTGCTGGCAAGCAGCCACCCAATG
CGGGCATGTTGTCAATGGACAACTTCCGTTTGCTAAGCGTTCTTGGTCGCGGCCACTTTGGCAAGGTGATTCTGTCCCAATTGCGAAGCAACAAC
CAGTACTACGCTATTAAGGCACTGAAGAAGGGAGACATCATTGCCCGCGACGAAGTGGAGTCCCTGCTTAGCGAAAAGCGCATCTTCGAGGTGGC
CAACGCCATGCGCCATCCGTTCTTAGTTAACTTGTATTCGTGCTTCCAGACTGAGGTAAGTAGAGATAAGCTGAGGAGTTAGAAATTGAATAATA
ATCTGTTTACATTTTCATCGTGCTAGCAACACGTATGCTTTGTGATGGAATACGCTGCTGGCGGAGATTTGATGATGCACATCCACACGGACGTG
TTCCTAGAGCCGAGAGCCGTTTTCTACGCCGCTTGTGTGGTTCTGGGCCTGCAGTACCTGCACGAGAACAAGATCATCTACCGGGACCTGAAGCT
GGACAATTTGCTTTTGGACACGGAAGGATATGTGAAAATTGCGGACTTTGGTTTGTGCAAGGAGGGCATGGGCTTTGGTGATCGCACGGGCACTT
TCTGTGGTACGCCCGAGTTTCTGGCACCGGAAGTGCTCACGGAAACTTCCTACACACGAGCTGTGGATTGGTGGGGCTTGGGTGTGTTGATCTTT
GAGATGTTGGTTGGTGAGGTATGTCGAATGGAACAAGCTTTAAAAATGCAGTTCATAATCATAATAATTAATGTTTACAGTCCCCATTCCCTGGT
GACGATGAGGAGGAAGTATTCGATTCAATTGTCAACGATGAGGTGCGCTATCCGCGCTTCCTATCGCTGGAGGCCATAGCCGTGATGCGTAGGGT
AAGCTGATTGATTGCAAAAGTAACTATTCGAAAGGAGAACTAATTTACAAATTTTTTTGGCAGCTTTTGCGCAAGAATCCAGAGAGACGTCTGGG
ATCTTCGGAACGGGATGCGGAGGATGTTAAGAAACAGGCATTCTTCCGGTCAATTGTGTGGGATGACCTGCTCCTGCGAAAGGTTAAACCACCAT
TTGTGCCGACAATTGTAAGTTAACTTGCACACTTCATTTATAAGGTTGCATATTTTAACATTGTTTTTAACTGCCTTGCAGAACCACTTGGAGGA
TGTGTCAAACTTTGACGAGGAGTTCACGTCGGAGAAGGCTCAGCTTACGCCACCGAAGGAGCCGCGACACTTGACCGAGGAGGAGCAGTTGCTCT
TCCAGGACTTTTCATACACGGCCGAATGGTGTTAGAAGCTCATTCTTAGTTCAAGGATTTACTAACGGGCCTAGCCCGATCCTTATAGCCTATGG
CCTGCTTTTGCTTTTACTTGTGTACGAAATTGGTTTCGAGTAATTTTACTTGGCTTAGTAGTCGATGTGAGTTCAATATTTATACATGAAGACAG
CATGATAATACAGATACAGGACATATATATTTATAAACTATATCTATATAGAAAATACATCTACTAACGAGAGAACTTTTGATTGTTGCTCACTG
GCCGAGAGACCAACACAAACCAAAATACCTAGTTGTCCATGTTGTGGAAAAGCAAGCATTTGTCAATCATCCATGCAACCGGTTTAGCATACAGT
GTACCCAGAAATCATCCCACATTGTCGTTGCATTGTACAGCATATAGAGTTGTTTCCTTTTCCAAACACGAGAACGCATTGAATAGTCTGACAAA
CCCTAGGAAAGCCTTATACGCCAAGTTGTAGTTTTGGAAACCGTTTTTTAAGACCGGATACAAATAGATTTTATAGATGAGAAGTGTATGTCTAC
ACCCCAGAGCAGTCATTGCAACCTATTTTCATAATCAACATACAAGAACAAAGATATATTTTATACATATATTGCATGCACATCCCAGGAATCGT
CTTGCTAAACGAGCTCATCTTCTATACGACATACAAACATACATATTTATCTAGTAAAGTGAGAGAAAGTGAAATATTTACAGTTTTAACATGTA
AGCCCTGTAAATTGCCTTTTGCCGCGTTTTATCAACTCCCCAGCCCATTGCCCGAGTTGTGTTATAATTTAAACATATTTTTTACGTCATATACA
CACGCAAACATTTGTTATTTATTATTATTATAACTATTATACAAGAAAACTGTATTGCTTTGAGCATTTTTATTCGACGCTAGATCGATGATTGT
AAACAATTTGTTTTGCATGCGCGGTGTGCTTTAAACCAGATATGAGGATCAGAAAACAAATAACCGCTCGACGGGATAGAATTTGGAAATTCCGT
TGATGGATGGCATGCAATCGGATTGTTGTACTTCTAAGATCTATGTTGTATTTAATGTAACTTTTAGTTCGATTTAAGCTTGTAATAATCGATTA
TTGAAACGTAGTCTAAGCTATCATTATGTGAAGATAATTATTGATAATTACAATTATGATAACGATTTTGCACACCTCATGCGAATCGAAACGAG
TATAAACAATGCAGATCTTCTATTGTCATTTTTATTATGATTATGCTCACAACTTGCGGCTATAATCATCGATTTAATTTTAAATCTGTAAAGTC
GGATTGGTGCACATCCAATCACATTGTTTAGTTTCAAGTTGCGACTGTAATTTATATTTATGATATGATTTTAAATAAATGTATCTATCGCTATT
ATTTAACTGCTGTTTTTGTCGACTGGTTTTCGCTGAGACCTTCGCTCATTTGGTAATACAAAATATTGGCGGTATTGTCCACAACGGCTAAAAAT
ATGTTGCTGATAGGGAATAAAGTGGTTAAAAACATAAATATTATTTTCATAACATTTAATACGCACCGTTTTTTAAGCT
(SEQ ID NO: 184)

Exon: 1001..1595
Exon: 1988..2309
Exon: 3936..4474
Exon: 9820..11124
Exon: 14255..14875
Exon: 14942..15313
Exon: 15376..15483
Exon: 15549..15689
Exon: 15757..16464
Start ATG: 1293

Transcript No. : CT6660
AGTGGCTATCAGACAGAAGCAATCGAGAACCGCTTAATGAGAAAGCCAAAGAAACTTGTTGAACTACAAGAAAAAGAAGCACAAGAAGGCAGAAG
AACCCGGAGGGGGAGGCAAAAAACATTTTCCAGATAAGCGGCAGTCGGAGTCGTGTGAATAAAAGCGTGTGTATTTGTTTTGTGGGTCAGCCTGT
TCCAGCTAATTACCGTGAACTTGTCAGCGCACACAAAACGGCTGTAAAATGACCAAAGTGAGGTAATAAACACGGCGAATTAACGAGAAACCCGA
GTGAATAATGTCCAAACTGGTGAAGAGAATCCGCAGCATGATCAATCCAAGCAGCCAGCGGGATCGCGAAGATACCACCTCGGTATCCGCTTCAG
AGGGCTTCATTGCTCGCAGGAAGTGCCACTCGCTGCCCCGAAGGAGCAATAGACACTCGACCGCCCGGCGATCAAACAGTGGTCTGTGGAATCGA
CTGGTCACCAATGTCTTCGGACCGGAAGATTCATATGACTTTGACAACGAAGGCGACAGTGGTGGTGCCGTATTTTACACCGATTCGGTGAACGG
TTCAAACTATGAGATATCTGCAGAAGGCGAATACATCAAGCATCCCGTTCTGTACGAGCTCAGTCACAAATATGGTTTCACAGAGAATCTGCCGG
AGAGCTGTATGTCCATACGGCTGGAGGAGATCAAGGAGGCCATTCGGCGAGAGATCCGCAAGGAGCTGAAGATCAAAGAGGGCGCCGAGAAGCTC
CGCGAGGTGGCTAAAGATCGACGATCCCTCAGCGATGTGGCCGTTCTTGTCAAGAAGAGCAAAAGTAAACTTGCCGAGCTGAAGTCCGAGTTGCA
GGAGCTCGAGAGTCAAATCCTCCTGACATCGGCCAACACCGCCGTCAATAGTAATGGACAAGAATCGATCACTGCCTGCATTGATCCCAATGGCG

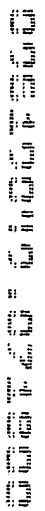
GCTTCTTGGTCAGCGGTGCAGTTGGTGGCTTGGGCGGCGGAAACACGGCTCTGGAGGGCGGCGCACCGGCCACTGCCAATGACAAAGTGCTCGCC
TCGCTGGAGAAGCAGCTGCAGATCGAGATGAAGGTGAAGACCGGGGCGGAAAACATGATCCAGTCGCTGGGCATCGGATGCGACAAGAAGCTGCT
GGCGGAAGCCCACCAGATGCTGGCCGACTCGAAGGCCAAGATTGAGTTTTTGCGCCTGCGCATCATCAAGGTGAAACAGAACCGCGAGCAGGCCG
ATCGCCTCAAGGCCTCGCGCCAGATGATCGACGAGCATGGCCAGACGATCGGCGGGAACAACAGCAGCCAGCCGCAGAGCCTGGAGACGACGCTG
GAGGAGCGAATCGAGGAGCTCCGCCATCGACTGCGAATCGAGGCAGCCGTCGTCGATGGAGCCAAGAATGTTATACGCACGCTGCAGACGGCGAA
TAGGGCACCGGACAAGAAGGCTTTGCAGGAGGCCCATGGACGTTTGTCGGAATCGTCGCGAAAACTAGATCTCTTGCGCTACTCCTTGGATTTAC
GACGCCAGGAGCTGCCCGCCGATTCGCCCGCCGCCCAGCAATTAAAAACGGAGCTGCAGATCGTCCAGCTATCGACCTCCCCAGCTCCGGTCACC
TACACGTCACTGCAGTCCGGACAAGCGGGCATACTCGGCGGAAAGCCGTACCAGTCGGTATCCTCGCTTGGACGCTGTGCCAGTGTCACCGGAAA
ACTGGAGGTTCGCTTGCTGGGCTGTCAAGATTTGCTGGAAGATGTGCCCGGTAGATCGAGGAGGGACAAGGACAACAACTCAAGTCCGGGTGATT
TACGAAGCTTCGTCAAGGGCGTCACGTCGCGCAGCAGTTCAAAGAGCTATTCGGTAAAGGATGAGACGTCCATTGAGATCATGGCGGTCATCAAG
CTGGACAATATCACCGTTGGCCAGACATCGTGGAAGCAATGCTCGCAGCAGGCCTGGGATCAGCGCTTCTCCATCGATCTAGACCGGTCGCGCGA
ACTGGAGATTGGAGTTTACTGGCGCGACTGGCGATCCCTGTGCGCCGTAAAGGTGCTGCGCCTTGAAGAGTTCATCGACGATGTACGACATGGCA
TGGCATTGCAGCTGGAGCCACAAGGTCTGCTATTTGCGGAGGTCAAGTTCTTGAACCCCATGATTTCACAGAAGCCAAAGCTGAGGCGCCAGCGT
ATGATCTTCAACAGGCAGCAAGCGAAGAACATCTCGCGGGCCAAGCAGATGAACATTAATGTGGCCACATGGGGCCGCCTGCTTAAGCGGAATGC
TCCTAACCATGTGCACATGGGATCGGCAGGATCAGGATCTTCTCTAACCGGTAGCTCGCCTATGGTGGTTGGTGGGTCTCGCGACTCTGAGTCTC
CGATTTCGAGGACTCCCTCATCCGACGCACTGGTGGAACCGGAGCCCTACACGCCCGGAGAGCAGGCACAGAACTTGGAATTCGATCCCGATGCA
GGAATTAATGAACACGTGGAGACGCCAGGTGAATACCCGGATCCGGCGGCCAGTGGTCTGAGCGGAATGCGACCCCTGTCCATGCACATGCAGGG
AATTAGTGTGCTGCCCCCGGAATCGCCACCCGTGGCCACCGGAGCAGCTGGTCGGCCCAATACGCTCAGCTTACAGATGCCGGGTGCCAGTAAAG
GACAGGTGATCCAAGGCGGACGGACTGCGGCGCCTACAACGGCGCCACCGCCACCACCTGTGCTCAAGGCGACATCCACCACTCCGATATTGGAT
CAGGAGGTTATACCACAGTTGGGGAAGCTTTACGTGGGCAGTAGCCAGCAGCAGTATGCGCAGCAGTCATCGCCCATCATCCAGGAGCCAGCTAC
TCCTACTATTTACGGAAACAGCGCCGCAGCCGGAGCGCCGCAGTTCCCGCAGCCCGCCCAAAGGCAAGAGAAGCAGCCTCCGCAGCAGCAGCCCA
TCTACGCTAACCAGTATGAGCTGAATGTGGCCAAGGCGGCAGCTGCAGCATCTGTTTACTCACCCAGCTCCTCCACCACCAGCAACTCCAATCAA
CAGCAGCAGCAGCAGCGCCGGAATGTGGCCCGTGGACTGCAGTATCGTGAATCTGGAGGACTCGAGACTGGACGTGCTGGCAAGCAGCCACCCAA
TGCGGGCATGTTGTCAATGGACAACTTCCGTTTGCTAAGCGTTCTTGGTCGCGGCCACTTTGGCAAGGTGATTCTGTCCCAATTGCGAAGCAACA
ACCAGTACTACGCTATTAAGGCACTGAAGAAGGGAGACATCATTGCCCGCGACGAAGTGGAGTCCCTGCTTAGCGAAAAGCGCATCTTCGAGGTG
GCCAACGCCATGCGCCATCCGTTCTTAGTTAACTTGTATTCGTGCTTCCAGACTGAGCAACACGTATGCTTTGTGATGGAATACGCTGCTGGCGG
AGATTTGATGATGCACATCCACACGGACGTGTTCCTAGAGCCGAGAGCCGTTTTCTACGCCGCTTGTGTGGTTCTGGGCCTGCAGTACCTGCACG
AGAACAAGATCATCTACCGGGACCTGAAGCTGGACAATTTGCTTTTGGACACGGAAGGATATGTGAAAATTGCGGACTTTGGTTTGTGCAAGGAG
GGCATGGGCTTTGGTGATCGCACGGGCACTTTCTGTGGTACGCCCGAGTTTCTGGCACCGGAAGTGCTCACGGAAACTTCCTACACACGAGCTGT
GGATTGGTGGGGCTTGGGTGTGTTGATCTTTGAGATGTTGGTTGGTGAGTCCCCATTCCCTGGTGACGATGAGGAGGAAGTATTCGATTCAATTG
TCAACGATGAGGTGCGCTATCCGCGCTTCCTATCGCTGGAGGCCATAGCCGTGATGCGTAGGCTTTTGCGCAAGAATCCAGAGAGACGTCTGGGA
TCTTCGGAACGGGATGCGGAGGATGTTAAGAAACAGGCATTCTTCCGGTCAATTGTGTGGGATGACCTGCTCCTGCGAAAGGTTAAACCACCATT
TGTGCCGACAATTAACCACTTGGAGGATGTGTCAAACTTTGACGAGGAGTTCACGTCGGAGAAGGCTCAGCTTACGCCACCGAAGGAGCCGCGAC
ACTTGACCGAGGAGGAGCAGTTGCTCTTCCAGGACTTTTCATACACGGCCGAATGGTGTTAGAAGCTCATTCTTAGTTCAAGGATTTACTAACGG
GCCTAGCCCGATCCTTATAGCCTATGGCCTGCTTTTGCTTTTACTTGTGTACGAAATTGGTTTCGAGTAATTTTACTTGGCTTAGTAGTCGATGT
GAGTTCAATATTTATACATGAAGACAGCATGATAATACAGATACAGGACATATATATTTATAAACTATATCTATATAGAAAATACATCTACTAAC
GAGAGAACTTTTGATTGTTGCTCACTGGCCGAGAGACCAACACAAACCAAAATACCTAGTTGTCCATGTTGTGGAAAAGCAAGCATTTGTCAATC
ATCCATGCAACCGGTTTAGCATACAGTGTACCCAGAAATCATCCCACATTGTCGTTGCATTGTACAGCATATAGAGTTGTTTCCTTTTCCAAACA
CGAGAACGCATTGAATAGTCTGACAAACCCTAGGAAAGCCTTATACGCCAAGTTGTAGTTTTGGAAACCGTTTTTTAAGACCGGATACAAATAGA
TTTTATAGATGAGAAGTGTATGTCTACACCCCAGAGCAGTCATTGCAACCTATTTT
(SEQ ID NO: 185)

Start ATG: 293

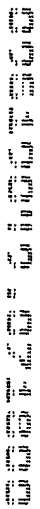
MSKLVKRIRSMINPSSQRDREDTTSVSASEGFIARRKCHSLPRRSNRHSTARRSNSGLWNRLVTNVFGPEDSYDFDNEGDSGGAVFYTDSVNGSN
YEISAEGEYIKHPVLYELSHKYGFTENLPESCMSIRLEEIKEAIRREIRKELKIKEGAEKLREVAKDRRSLSDVAVLVKKSKSKLAELKSELQEL
ESQILLTSANTAVNSNGQESITACIDPNGGFLVSGAVGGLGGGNTALEGGAPATANDKVLASLEKQLQIEMKVKTGAENMIQSLGIGCDKKLLAE
AHQMLADSKAKIEFLRLRIIKVKQNREQADRLKASRQMIDEHGQTIGGNNSSQPQSLETTLEERIEELRHRLRIEAAVVDGAKNVIRTLQTANRA
PDKKALQEAHGRLSESSRKLDLLRYSLDLRRQELPADSPAAQQLKTELQIVQLSTSPAPVTYTSLQSGQAGILGGKPYQSVSSLGRCASVTGKLE
VRLLGCQDLLEDVPGRSRRDKDNNSSPGDLRSFVKGVTSRSSSKSYSVKDETSIEIMAVIKLDNITVGQTSWKQCSQQAWDQRFSIDLDRSRELE
IGVYWRDWRSLCAVKVLRLEEFIDDVRHGMALQLEPQGLLFAEVKFLNPMISQKPKLRRQRMIFNRQQAKNISRAKQMNINVATWGRLLKRNAPN
HVHMGSAGSGSSLTGSSPMVVGGSRDSESPISRTPSSDALVEPEPYTPGEQAQNLEFDPDAGINEHVETPGEYPDPAASGLSGMRPLSMHMQGIS
VLPPESPPVATGAAGRPNTLSLQMPGASKGQVIQGGRTAAPTTAPPPPPVLKATSTTPILDQEVIPQLGKLYVGSSQQQYAQQSSPIIQEPATPT
IYGNSAAAGAPQFPQPAQRQEKQPPQQQPIYANQYELNVAKAAAAASVYSPSSSTTSNSNQQQQQQRRNVARGLQYRESGGLETGRAGKQPPNAG
MLSMDNFRLLSVLGRGHFGKVILSQLRSNNQYYAIKALKKGDIIARDEVESLLSEKRIFEVANAMRHPFLVNLYSCFQTEQHVCFVMEYAAGGDL
MMHIHTDVFLEPRAVFYAACVVLGLQYLHENKIIYRDLKLDNLLLDTEGYVKIADFGLCKEGMGFGDRTGTFCGTPEFLAPEVLTETSYTRAVDW
WGLGVLIFEMLVGESPFPGDDEEEVFDSIVNDEVRYPRFLSLEAIAVMRRLLRKNPERRLGSSERDAEDVKKQAFFRSIVWDDLLLRKVKPPFVP
TINHLEDVSNFDEEFTSEKAQLTPPKEPRHLTEEEQLLFQDFSYTAEWC*
(SEQ ID NO: 186)

Name: protein kinase C-related kinase
Classification: protein_kinase

Celera Sequence No. : 142000013385194
CCCCTGCCACCCTACGAGCACAAGCCGGCCAAGAACCAGGCGGAGGCAGACGCCACCCTAAAGGCGCTGCGGCGCCAGCAGGAGGTGGGCCAGCG
ACAAACTCTAGTCGCCATCAACACGGACTACATCACGGAGAGCATCGCGGTGCACAAGGGTGAGATTGTCACGCTGTGCGAGTGCCGCGAGTCCA
AGGATCAGCGCCAGTGGTTCTACGTGCGGACGAGGGACGGACGCGAAGGCTTCATTCCGGCCGAGGTGGCCGGCCATGGCTACCTGTAGACCTCC
ACCTTCTGGTATTGGTATGGGTCTCTAAGGGTCATATGAAAGGGATTAGAAAGCTTAATGTTAACTATGGACATCCTTTGTCATATTAACCAACC
ATCATATAATTGCTATATCTAGAATATCTTAATCTTTAAGATTTTCTCATGATTTTGTGGTAAATTACTTAGCTTTATATTTCGACTCTTTCCAT
TACTGAGTAAAGTATCATTCATGAAAAAATGGAGCCCAACCACCGTAAGTTGTCCAAAGAGCACCTTCTCCCTTTTAAGATTTCCAAAAGGACCC



ACCCCAAAAACAAGTCAAGTTCTACATTTAAATGAATTAACTTAATACCCATCTTAAGCACTCATAGGCCACTAATTCCATTCGCGATCCTTAGT
ACGCTTCTAGTTGTAAACTGTATTCATATCGGTGTCCGTAATTGAATTGAATTGTATCTGTATCTGTGTATGTTTATGTGCGTGAGTGTGGATCC
TTCGCAGGATCTTGTATTTATCTAGCCTAGCATTACGAGTACTCTATGTAATAGAAAACTTGCTTAAATGAAATCAAAGACGAAAGCGAAGACGG
AACCTATTTATATAATAACTGTACTTGATGCTTCTAATAAATAACAGACATTTAAATAAATATAAAAAACCATTGCGTTACTATTGACCTGGGTA
AGTGGGTAGAAAAGCAATTGCATATTTATACATATTTGTATTATTCATTTTATTATACACGTTTCACTCAGAATTGATATGTGTATATGAAGATA
ACATAACGATTTTCAGGGTAGTTATAAATGGGTTAACGTTCCAATATTTGAACTAATTTTTTATTTTTTTTTAATGATCTCTATAAATGTATTGT
TTATGCACTCTAAAAATAAGTTTCTTATTAAAAATATAAATACCATATACTTAAGCTATTGATTTCAATCTGTATATGCATGGGTTCGATTTAAA
ATTATTGCAACCTCCGATCCGAGTTTGTCTCACAGGCACTCTGCAATTTTACCAGGAAGAGGTGTTGTAGGTACTTAATTTAATATGATTTCACT
TAGGGAGTTAGTCGCCTATATGAGCATAAATGTTAGCACAATTTGGGTCGAATGAAGGAGACATTTACAAAAGTGAGGACCGTTGCTGGGTTGTA
AAGGGCCCCTAAATAATAATTTACAATTGGTTGAGCTGACATGGCTTTGTTGAGCAAGAACTACAAGAAAACTACAATTACATATCGAATGCAAG
ACAAATGCTACGCTACACAGAAATACATAACAGCATGAACTGAAGTTCTAGGAAACAACTTAAACTTACGTACCAGTTGGGCAATTCTTACCCTA
CATACATAGACAAATTAAAATATCATGGCTTAAGATCTAACCACCGGGTGAAGTGACTGTTCCGGCTGCCTACTTTAGAAATTTCGGACTGGAAC
TAGGCGACGCCGTCGACACGTTGTCCAGGTTGGTGTTCGTGTTGTCGAAGCACTCGTGTTGTGGCTCCGGTTCCGTGGGCGGCAGCGGTTTGTTC
AGCAGCACAGTCATGTTCTTCACGTTGCTGGGCTTCTCCTCGTCCTGGTTGATGTTGAGCATGGCGTCGTTCATGCGGTGGTAGTGCGGCTTCTG
CGAGGTGCTGGGTCGTGAGTAGTCCAGGTGATCGTATTCATCTAGCGTATAGAATTCAGACAATTAGATCGTTGTTATCTTAAATTGGTCATAAA
AACATTGGACATGTGTGAGGACGAACAGAGCACTACACGGAATGGTTCTTTAACACTGGCTTACCCTCGGGAAACAAAATCTTGCTATATATTTT
CACTGATTCATGCCGTAATGTGTGCAAATGTAGAGTACATAGTTAATTGTGAAGTTACTAAGCCTGCCTGTGTAAAAGTCTAATGACATACCGGG
ATCCTTGTAGCCCTCCTTGTGCTTGATCTCGTCGTAGACATGCTCCTCTTTGAGGGATTCGTTGTACACAATCGGATTGGTCCGGTCCGCGTTCA
AGTTCTTCGTTAGCAGGTCGTGGTTGTAGTTGATCGAATAGCTACCCACTGTGGAGGCAATGTACTATGAGACACTGACCCAAAATATTGTGCTC
TAAACATCTTACCCCTGCCACTGGCATTGCAGTCATCGCCGTAGTCCGTGCTCATCGTGCTCCTCTGGTCAAAGTTGTTCATCTTGGAACGCATA
TTGTTGGGCAGGAGACGCGTTTCCGCCTGCATGCCGTACACGGGATTGTCGAAGTTGTGGTTGGGCGGCCAGCTCGGGGGATTCGTATCATGGGT
GTAGTGTACATGGGCGATTTCGGTTTTTAGATTGGACACACGTCGGCGGTAGTAAATGAACACTGCGAAGATTATGCACGCAAACAGGGTCATCA
GGACTAAGGTCAGAGCTACACTCGCCCGGCTCGCTGCAATTCAAAATGGATGAAATGAATTAGTAATGTTGAGGAATATATTCTGATCAATGAAT
TATCTTACAATTTTCGCTTTGGTCTGCAATACGTTGAGAGGCGATTAGCTCGTCGCAGTTATCGCCGGTGTAGCCACTCCTGCACACACAACCGT
GGGCCGCATGGCACTGGAAATTGGCCGACGGACAGGCACAGGTATTCATGCAGTGCTCGCCGTAGAATCCCTCCGGACAGACCTCATCGCACCGG
GTGCCCGACCAGCCGGTTTCGCAGATGCACATACCGTCGGCCTTGCGGCAAACCTTGTGGTGCACGCAGCGGCACCGCTGGGCGCATCCTTGTCC
GTAGGTGTCTGTGGGACAGGACTCGTTGCAGTTGGAACCTGTCCACCCTGGCAGGCACTGGCACTGGCCTGTAACGTGGTTGCACTCGCCGCCGT
GCTCGCAATTGCACTTGAGCTTGCAGCCGGGTCCGTAGAGTCCAGCAGGACATGGGTGCTCGCAGGTGAGACCTATGTAACCCGTGCGGCAGAGA
ATTTCACCTGTGATGTGATCGCAGCTCTTGTTGCCTGAAAAATATGTGAGTATTAGGGGGTGTTTTGCTTTCGCCTTGTAATCTTATCCAATATA
GCTTACCATGGAGGATCTCCGGGCACCGTTCCTTGCATTCCATGCCGTAGAATCCAGGTGGGCAGGGTTCCGCACAGTCGGCGCCAGTCCAACCG
GCTGAGCAGATGCAGTTACCGGAATCGGGGTCGCAGGAGGAGTTATTCAGGCATCTGCAAACTTTATCACAATTTTCACCATAGTAACCGCTCCG
ACAGTTGGTCTCGCAATGAACGCCTTGGGTTGTTCGATCGTTGGGTATCAGACAAGGCCAACAAAAACCAGAAACACAAAGGTGCAGAAACAGAA
AAGCAAATTAAATTAAGGAAATGAAACGTGGCCATGCAAAATAGGTGCGATAGATGCAAAAATGAAAGTAAGTGAAATGAGTTCAGTGCGCACTA
ATAAGGATATAAGATGGAACTGATTAACATGTTATAGGTAGAAAATCATTCATCAGATTTACACTTTGTCTTACAAAATTGTAAATATTTAATAG
AAAACTGCCTTCTTAATATCAACAGTTTGGTTTAAAAAAATAAACAAATTTTAAGGGGTTCCTTAATTACTGTTAAAAGAAAATCATGCAAGCTC
TACAATTTGGATATTTTATCTAAATTATTCAAGAATACACGTAACCCCTTTCTTATTGAACTATCAATTGATGGAAATCACGCCTTTTTTCTATG
ATTTTAGATCGGGGCAACCTATAAATCTCGCTAATGTCAACAGTGATCTATGAACTTGATGAGCTGAATTCAATGAGGTATATAGAAATCCCGCT
AGTACCTCCCCAATCCTGCTTGCACACGCATCTTCCATTGGTGGCATCGCAGGCCAGGCTGTTGTTGAAGTCGCACTGGCACTTCTGGGCGCAGT
CGTGTCCGAATTTGCCGGTATCGCACTTCCTTTCGCACCGCTCGCCCGTCCAGCCGGCGGCACAGGTGCAGCTTCCGTTCTGCGGATTGCAGGCG
GCGTTATTGTGGCAGTCGCACACCTTGGCGCAGTCCTGTCCGAAGTGGTTCAGATCACACGGCCGGTCGCACTTGATGTTTTTCCATCCGGCCGT
GCACAAGCACTGGCCCGTCTCCGGCTCGCACTTGGCTCCGTTCTGGCAGTCGCAGCGCAGGGCGCAGTCCTGACCAAAGGTGCCCGGCTCGCAAC
TCTCCTCGCAGGTGGGTCCGCGCCAGCCCGGCGCACATAGGCACGTACCATTGACCGGCGAGCACTTGGCTCCGTTCTTGCAGTTGCAGGTCAGC
TCGCAATTCGGGCCGTAGCGCAGGAAGGTGCAGGGTCTGGTGCACTGAGCACTGCTCCATCCGATGCTGCACTGGCAATTCCCCGTCTCCGGGTG
ACACAGATCCGTGTGCTCCATGTCGCACTCGCAGGTGCGGTTACAGTCCAGCCCGTACTTGTTCGCCTCGCAGATCCGCTCGGCGCACTTGGCAC
CCGTCCAGCCGGGATTGCAGATGCACGTTCCGTTCGCCCGATCGCACATGGCATCGTTCGCGCAGGTCATGCTGCAGTTGAATCCGTAC
GTGTTCAGCTGACACTCGTCGAAGCAGCGTTCTCCGCGATATCCGGGCGGACACTCGCACTGGCCGGTGATGTGGTGGCAGGGCGCTCCCTTGTA
GCACTCGCAGCTCTCTTGGCATCCAGGGCCGTAGCTGCCCACCGGACACTTGTTTGCACACACGTCGCCCGTCCAGCCTGGATTGCACATGCAGG
CCCCGGTCTCTGGCTGACACTTTCCGTCGTTCTGGCAGGGACAGTCCTGCTGGCACTGGGCGCCATGCTTTCCATCCGGACAGCGCATATCACAT
CTAGTTGGAGCGGAGTATTAGTATGGGTTTTGCGTTGGAGCAGGAGCAAAATGAAACGTAGAATGCAACGGCCTAAAATCCCAGCCACGAAAAAT
AATTGATTGCATTCTGCCTTTCATTTTGCCTGATCCTCGGCCAGAAGTTTGTGCCGCCAAAGAGGCCCCTTCGTCCACTTACAGGGGACCCGTGA
AACCGGGAGCACACTGGCATTCGCCGGACACGTGGTGACACTTGCCGCCGTTCTCGCATCGGCACTTCTCCGAGCAGTTGGCCCCGAAAAAGCCC
TCCGGACAGATGTCCGCGCAGCGTGCTCCGGTGTAGCCCTTGGCGCACTCGCAGTCGCCTGAAAAGGGCTCACATACCGCGTTGTTCAGGCAGTC
GCACTGCATCGAGCAGTTCCGGCCATACCAGCCGGGTGGGCAATCTACCGAAGAGTGACACAAACATGGTTAGCTGCGGTTACGGATCACAAGGT
ACGGGTTCGACAGTTAGTTGCTTTTTTCTTGCTTTTGCCTTTCGCTTGCTAGCCACGGGAAACCCAGGAGCCGGAAGAAGTTCCGCTCCCGGAAG
CTCCCGTTTTGGTGGTGGGGATTAGTGACCGATAGCCTGCTTGCACCTGTATAACTGAGCCGGAGTGAACTGCATGGGTGCATGAGAGAGAGAGA
GTGGAGTGTAGGTTGTGGGTGGTCGGAGTTAGATTTCGGGTTAAGATGGCATAAACAAAAAAAAAAACAAACAAAAGCTACAAAGCAACATATAA
CATATAGCAGAAATATAGCTACAAAGACACTACGTGCAGATCTTTGGTAGTCCAAAGACGGAATGCCCTTGCAGAGGCTATAAACTATATACATT
TAAACCTTAATAATAATCTTGTTTTTTGATATTATTATTTTGACTAGAATAGCATATGGTTTTCAGACAAATTTGATCATTTCCTTCTTGCTGAT
TGTAAAAACATTCAATTTTGATGAAAATTAAAAAGTCAGCGAGCAGATTAGTAATCCATTCGCCTTTCTTTCATGAAGTAGGAGTGCCTGTTTCT
CGTCCCCGGCAGAAAAACGTGAGCTCGGAACTCGTCTATGTTGAATTCGTTGGGTTTGTAGACAAAAGGTTCCTTGATCACCGACACTGAACTGA
CTTTTTTCACTAGCTCTTCGACCGGAGGTGCGTCCTTGGTCACTTTTTTTGTGATGCCAAGCATCTGCCAAATATCGTACTCCGACTCCTCCGCT
ACTAGTGACTGTGCCGCGAGGCTTTGGACACTTGGCGATGGGGTCGGGCAGAACGGCAAGCACTCCTTCTTCCTCGCCATGTCGTTCTCTACCTT
TTGCACCATCGGATGCTTCAGCGTCTTGGCAAACTCCAAAACATCGCCAATGCTGGGGAAGCGCTGTGTATCGGTGACAAAGCCGTTTTCGCCCA
AGAAAATGTTTCGCCTGACTGCCACGTTCGCCTCGAACTCTTCTTGCTCGTCCAAGTCGCAGTCGCGACAGTCAAAATGGGTGACCTTCATGTTG
GCGGTGAGGGCGCATATAAGTCTTGTACCTAGCTTAGCACCTAAAGGAATGGCCACCATTATCAGCCGACGAAGTGGATCGTGATGACGCAGAAG
ATCGCCTAGTTGGTCCACAATTGTCCGAGGATTCGCCTCGATGCCGGACACATTAAGCTCCTCCACGTGCTCGGTGCCCTTGATACCGTTGCACA
AAATGGACAGGGAGTCGCCGCTCAACTTATTGTGGCCAATCCCAGATACTCCAGTCTGGAGAGGTTCGGTCGCTGCAGTGCCTCTCCGATAGCC
GACATTGCCCGCGTGTCCAGTCGGTTGTACTCCAGCTCAAGGATCTTTAGCATTTGCGGCCGCTCCAGCAGAATTCCCAACTCGGGGCCACAGTC
GTCAGTCATCTGGTTGTACCCAAAGTCCACTACCTCCAGCAAAGGCAATAGGCGCAGAGCCCGGCACACGGTGTATAGCTTAAAGCTATTAAGTC
TGCTGTTTCGAAGCCGGAAGATCTGCAGCTGCTGCAGTGCCACTAAACCTCTAGCCAGGCGAACCATGTCCTTGATCGAAAAGAGCACGTTCCGC
TTGTGGTACTTTCTACCCAAAGCCGGACCCAGAAACTCCAGGTTCAGCGATACCAGATTGACAAAGTGGCGCACAAAGCTAAGATCGATGTGAAC



GCAGTCGTCCTCCGGATATTTTAATTGTTGTAGATGCGTCAGATATCTTTGCTTGTTGCGTTTGTCCAAAACCTTGTCATCGCCATCGTCTGGTT
CAGGCTCCACGCGGATATCAAAGGTGCCCTTTATACGCTGCCTTCGCTTCTTTTTCTTTCGTGGCTCTGGTTCCTTGGGCTTCCGCATCTCGGAC
CGTCGTCGCCTGCGCTCCTCATGCTCCGCCTCCCTGGCAGCCTTCAGATCACGCAATCGTTGGCGGGCGACGTTGCGTTCATGTCGACGTTTGCG
ACGCTCGTTGCCGGAGTCATCTTCATCGTCGGAAGCATTCAGCGTAAATTTTGTATTGAATCCAATTGCCCTTTTCTGGTCAGAGGCGATTGAAC
CCGCCCCCTCCTCTTCTTCCTCCCCCTCCTCATCGACGTCTTCTGGTGTCATTGGCTCATCACTGGAGATTTCCATGCCACCAGACTCCTCGGAT
GTTATTTCCGGTTCCGAGTCGTCTTCCTCACGTTTTGTTTTCCGAAAGGCATACTCCGACAGCGGCTGCAGGTGCCGAATGTCCATGCAGCGAAC
ATGATCCTTTATTAGCTCGGCTAGTTCGGTCATCTCTTTCTCTGGCCAAAGGGCGGCCGGACAGGCCTCCACCAGCTCCATGTACTTCAGGCTCA
GTCCCTTGCCGCGCCAGTCGTAATCCTGCAACCCCTTCAGTGCAAGGCATGTCTCGGAACTCTTAGCTAGGACCACCCGCCTCCAGTAGCTCGCA
TCCTCTACGCAGTAGCACTCACGCAGTGGCAGATCCACATCGAGTGAATCGTAGTGGATGCGCATCTTTCGCGGATCTTGAAGCACCTCGTCGGG
CACGTTGGCATTTCCACGTTTAGCCATCTGTCGGACGCAGAGATCCGCCAAAGTGGGCACTTGGTCGGCATCGTTAAACGCCTCTGCGAAGAATT
CCCGATTACGCTCCGAGAGTAAATTCCGATTGGCGGTCAGGGGCGGCTTGTAAAGCTCGTACACGGCCAGCATGACCGGATCATTCGGAATACTC
AAGCTATTGGTGTTCGGCAGCGGCAAGTAATCTGAGTCCTCATCCTCCATCCTATACGTTCCAAGATGTGTGTGGTGTAGAGCTATTTATGGTAT
TTTTTATTTTTTCCTATTTTTTTTTTTTGTTTGTATGCTTTTTGTTTGAGGAGTATTTGTTTGACTTTAATGTGTTGTCATATTGGAAGATTATT
TTCCTCTGGCTTTAGTGGGATCATTGATAACTGAATACATTTCAGGTGTCTTTTTTGGGTCTGAGAATCGACTAATTCGGTTCTGTAGTATGTAC
AAAATATTTTAGCTTTGCGTTGTCTGATACTTTATATACTTAAAAGAACATAATCTACAGTCGAGCAGCAGAACAATTAAACGTACAGTTAATTT
CTAATCTTTGCAAGGGCATTTAGAACTACAGAGCTTCAAAGCTGCTTAAGTGATTATACAAGCTCTTATCTACGGGGCTCGGCTCATCGCAGGCA
ATCCGGGGATATCGTGAACTTGAAGTTTCAAAATTGAAAAACCGCCGTTTCTGGGATAAGCCGCACCCTTGGAACACCCAAGGCGATTCATTAGG
GGCAAATTACGATTAGCTTAAAGGATCAACGAACTTATATCGCAGGCGGGTCCTCCGTAACCATGATCACACTTGCACTTCTCCGGGGAGATGCA
TCTACCGTGCTGGCAGGGTTCCGAACAATGCGGCACGCATTCTCCTGCGCTCGCGATGTAGCCATCTAAAAGCGGTTAAAAATGGTAATATGTAA
AGTAAAGTCAAACATCCAGACTCATCCAACTCACCACAACAGTCCCTCACAATACGGTTCTTTGCAATCGTCTTGGTTTTGTTGACCACTCGGTG
TTTAATGCGATAGGTGGAGCACCTCGGCGGGAATGTGACGCACCAGGTGGAGCCCCGTTCCTGGAACGATTGCAGTTCTGTGTAGACAACGTCTA
CGTTATATCTAAAGGTAAAAGTATTCATTAATTTAGTTCATTTGTCGTGATAGGGGATAAGCTTACAGTTCTCTTCTTTTGCAGATATTGGGTCC
ATCCAGATCTTTAAGATCCGCCTGAGCCAGTACCAGCTGGGCCAGGCAGGCTATGAGGATTACCGGCAACATGGTGGCAGTGGATTCCAGGTCCT
GGAATGAGTTACTCGTTCTGATGCAGCTTCACTGGCGGATCACATTGAACTGATAAACACAGTCAGTATAAACTAAAGGATGACTCAAGCCGAGA
TTAAACCGGATTCAACTGCAAGAACAAAGAGAGAATGAGTTTCAATAAAAAAAAACTTTCTCCGTATGATTTTACATACTACATATTATATGTAT
AATATATATGGGGTATAGATTAATAAATACATATTTTTGAAAAGAGCTAGATTTAATTGTTAGAAAACATCCATAGTATTTCCCGTCGGATGAGT
TTATGACGTAAAGCTTTTTCCGGGTCGTAGCCACCGGTCCAGGGTAGTCCAGTCTAAAAGTAGAAAATTTCCAACACAGTCAGAAATTGAAAGCT
GCTTAATATCCCCAGAGGTGCCAGGAATTCGATTCTTCTATAAATCAAGAGCGCAGCAGTAGAGGATGCACAACCAACGTTCACCCTTCAATGGA
GGCCCGGGAGGATTCGGAGCCAGTGCCTTCAACTTCAATGCACCACAGTTCGGCGACGGCGCTGCGTTCTCCGAGGGTCTCAACGGGATGCCCTT
TCTGGGCAAGATGCCCACCGAACCGATGATGCGCTCCATTAGCCGCCAACGCTCGCTGGTTGATGGGGCTGGGCTACCCAAGATGCCGGCACCTC
TTCCCGCGATGGCCCAGCAAATCTTGAGCGGCGCCGGAGTGGGACGTAGTCAACGCTTCCCAGTGCCACCTATCTCCACTTACTATGGGCACTAC
GAGGGCGACTTTTCGATGTCTTCAATGTCAAAGCTAAAGGACACTGCCTCACCCCCACAGACCCAATGGCAGGAGCATAAAACACCGCGTCTAGC
CGCACTTTCAGAAACCGACTCCGAGAGCGACATATGCAGTCAGCAGAACAGAGCGAAATTGCCTGAATCCCGTTGGCGTCGTGCCATTAACTACG
TAACGGCCGCTCTGCCGGAGCAACAGCGCCAACGCATGGAGGTGATGGTCAAGCGCTGTGGCCAGTCGGCTATCGCCAAGCATCTTCTGTTGGTG
CTGCATCTGATCGCCCTGGTGGTGGTTGTGTGTTTCCGCCAGGTCGCGCGACTTGGATGGCTCTGCGGCGACATTCGCTCTCGCCTAGGACGCGT
CAAGTACCAGTCGCGCAGCTACCTGCGCCACATGCTGTGGCGGCTGGCCATTGCCAAGAGTAACGACACCTTTCTCTTTCTCATCGTGGTGCTGG
TGACGCCCTGGCTATTCCTTCTCAGCCTTGTCGGCTTCGCCATATCCTTCGTCTTCTCCATGAGGACCACGTTGGCAGAGGGAGTCCGTCAGCTG
CGCCGTCGCGTATTTTAGACCATAAGTGGAGGGAAATGGCTTTAGGAGCAGCACCCACAAGCTCCATCGCCCCCAAGTTATCACACAAGGACACT
AAAGCAGCGCATTCCACAAAATAACACATGACATACAGCAAGATGAAACCACTCGAATTTTAACTATATTTTGTGTTGCAGCAACGAAATAGAAC
TCAAGTAACGTTTGTGTTTCCATGGATTCAGGCTTGGGTTTATATTCCGTAGAGCAATATTGCATCATTCCCCATTTCGAATGTTGTTTTGATTT
TGGAAAATTGCGATCTGCTCAAAGGTGTTAAATATCTGGCCATCAGCTTATGTGTGATCTGATCAATAAATCGCAATCGTATTTATTTGTTTACA
GCTTAATCCGCTCGCTGGCCACTTGTTCGCCACTCATCAAACCCATTTATTGTGTGTATTATTTTTGCCATTTATTCTGCTCGATAAATATGAAT
GCGAACAAATCAAAACGAAAACATTTCCGCCGCTCATGGGGCAGAACCACAGATTGTGGGCCTTTGTTGTTCATGCTCTCCGTAATTTCACTTTC
AATTGCATCCCACCAGCAAAAAGCCCCATTTGTAGTATATTATATGATTCACTGGCTACCGACAGTCACATCTGCGTTCCACGGCATATGAAAAG
CGTTCAGTGACTCGGGAAAACCCAGGAGAACCTCCTCCAGTTTCCATTCAGTGCCCCAGGGCCCACTTCACAAATATTCAGAGGTCACATCTGGG
ATTTCTCAAATTTCAACTCAACATGGGGCTAAGAGATATTGAGAACTTGCCATTAATTATGTCAAGTCTACGTGTGAACTGGGCCAAGTAATATC
CGAATGTGGTTTACAATTACCAGTGACCCATCAAGAATGGATTGCATAAACGTGGATCGCTATCTGTAAAATTATCCAGGCCGAACCATTTGCAA
TTGATGCCAGCACGGTTTTTCAGGAAATAAAGATCCACTTTTAATACCAAACATTAGGTATAATATATATGACAATCGCGAACAAAAGAGAGCTG
TTTCTTTCAGTACTTGGTTATTTGGAACTGACATGAAGCACGGGCCAGCCATGTCTGGTCAGTTGGAAAGTACGTACAATTAACTGGGGGATTGT
CGTGATCCACAATCTATATTTATATTGCAAAGATAATTGTTGGTTTCATTTCTTGCCAGCGAGAAATCTGATTCACTTAATCGCACGGCAGGTGC
TCCCTTAACTCATCAGAAAGTGGTGTTTGTCAAGGCCGTCATTAGCAAGAAATCGCGTGATGAACTGCCAACGGCGCCAAATAAATTTTAAACGA
GAAATTGTTCGAAACCCAGTGTTAATAGAACGTTCACGTTTTAGAGCAGATCGTGAATGTGTTCGCCCTCTTAGATACATATTACAATCCTTAAG
ATAGCCGAAACGATAATATACAACTGGGGCAATATAACCTAAAGTAGAAAGAGATAACCATTTGGCATACCCCTCGACTTTGCTCAAGATTTTAC
AAGTGATAAGGGTGGATGATAAGACCGCCGCAGTCATTCTCATCCATTACAACAGCGATGAGGTTCACTGATATTTGTTCTGTTGTAGGTGACTA
ATTCAGTCTCTCTATATATAAGCAGATCCACGGAACGGAAGGTGCGTAATCCGGTCATGGACAAAGACTAATAGAATAATACCAAATCATCCCGT
AACATCATACAAATTTACGATGGACAACGAAATCGTGTGAACCAAACAATCCGGTCTAATTTAATTTGCAATTTGAATGCTAAATCTTTCATTTT
AACGATTAGCAGAGTCCACGTTTTTCAAACAAAGTATAAACCTTTGGAATCAAAAATATTAACCATAAACTAGGGTGTTACTCTAACCCATTGCC
ATTAAGTTTCATTTTGCCACTCAATCTTCCCTTCCGCATATGTAGATCATATTAAAATGCGAACTTGCACGAGACAACGAGCTTACATTTGCAAT
TTACTTATTTGTTTACATGCCTGATTGGTGTTTTAATGAGCTAAATGAATATGTCGTGGATGAGTCACCTTAGGTTAAACAATGCTAGACTATAG
TCTATAAACTATACGGATCTGTTAGTTGTATGTATAATAGGCGAGTGTGCGAGATTTTTCAATGGAAAACGTGTTCGGCACAGTTTGTTTTATCG
AGTATCGAATCCATGCACCATTCATCGATACCGCATACCCAGCATCTGTTCCAATGCTGAGTCACTCGGATTTCATTCACAAAAGTCTGGCTAAG
GCTCGAACTTCGGGTCAATCTACCGCTCAATTCGCAGGTTTGTATTTCAGACCTTTCCCAATATGTGTGTACTTTTGGCACACCTCATATTTATC
ATACCTCGCCCTTATCTGCGCCCAGTATTGGACAAGCAGAAACAACACGATGAGGCACACTGATAGTGGTTCTTAATCGGAAGGGGTCAACGAAA
AGTTGAGGGAGAACCATAAAATGTTAGCAAAGGTAATAGAAGATTGATTAGAAGTAAGTTGCGAGTCCGTTTCCGCTGGCAATCTGTCTATAATG
TATACATATGTAGGTACTTATATATGACTAATTTCCTGATTTTCGATGAAAGCTTTCGAAAGAAAAAAACAAAACAAAAACAAACCAAAGAAAAT
CTGCGAAATACTTTCGGACTAAGGAGAAAGCTTTGTTGTTAAAAAAACTCAATGGCATTCGTCTATTTCATTCAATTAGAATGATATGTATTTTA
TAAAGTATAAGCATTGCCTATTTTCGTTCCAATTAAACCTCCATCAGAGCTAAGAGTAGGTCTTATATTCTTCAAGTTGTGTGTATATATTTTGT
GATGTATTTTCAATTGATTCAGCACAGTGCATATGTAAACATCTGGATTTGACTTGGATTACTATAATCTTAAGCATAGGGGGAAAATGAGCCAG
CTATTCCCCCAACTTCAAGTACTGCGCACTTGATAAAGGCTAAACAAAGATTGTCGCTTCCCGCTTTATATAAACAGAATTATTCTACAAAGGAG
GAGCCCTCACTTGAGCTGTACTTTGGATAGCGAAATCAAAGTCGAGTTTACTGAATCCACAATACACATCTCCAATAACCGCAACGCATATGTTT
GGCGTTCAGTGGGCAATTTAACGCCTTGGCGAGGCGACAAAGCACATTTGGCAAAAACGATTATTAAGAATAATAAACGATTTCAATGGCAAGAA

FIGURE SHEET 99

ATAGATTTGGTATAAAAACAAGTTGTTCTGGCCCAGGAAATGAAATTATTGAAAGAATATCAGTTTGCACGAGGTCTAGGGTCTTACATTTGTGA
ACTACGTAAATGCTAGGCCAATCAAAACTTTCAGTGAACAGTTTAATTAAAGCAAAGAGGCAAAGGGTTCTCAAACGTTATTATTTTGGGATGGA
TGTTAGCTGCCATTATGAAGTATCAGTGAGAAACAGTGATTTCAGCTGTTTCGTATTCATTTCACAAGTGAGCCAAACACTCAACACCTCAGTTT
GTATTGGCCAATTAGCGGGCGAAGCTCGGATTTCTAGCCCGAATTTGGATAGAGCTAGAAGCTTTCTCGATTGATTCAGCGAAGAGAACCGATTT
CAGCTGAAAACCAAGAAAACATGTGTATATTATTCTAGTGGAAAGGCACCCACACATTGCAATGCAGACAGACGAACAAGAATTAAGCATAATCA
TCAGCAAAAGCGAAATGCACTTGCAACAATACGGAGAAAGCAAAGAAAAATGTTGGATAATGCAAACCCAAAGCGAAAAGATAGAGAACAGAGAA
TGTCGTAATCATAAGGGGAAAACTAACATCCCGACTCATGGGTTGCTCTCTAACCACCGCCACATTGGACAAGAAATCCCAGGAGGTTTCATCCC
AGCCACTCCCTGCCACTCCTCCACCCAGCATTATCAATAAAGCTGAGTAATCATGGCGACGACAAAGCCCGGCTCCATAAAGGAACCTAAACAGA
CATTGTGACATGTACGGCATGGTATGATATGATATGATACCGAGGGTGGGGAGAGTGCACCTCTGAGTGCCATTTCAGTTTTTAATTTTGCAATG
GCTTGTGGGACTTTTCGCTGTGCATTGCATTTCGAAGCTCGTGTCCTAAGCAGGCGTCATTGTTCATTAAATCACGTATGATAATAAAAATCAAG
TTCCATTGCCAGTGTCAGAAATATAAGGTTAAGCTTAAAATCGCTTGGTTAAGGAAACTGTGTGAAAAATAAAAATGCTTTGTATGGGAAATATG
ATCGCAGTTTATTCCATACTTATTTAATGAATTCTATAAAAAATAAGAACGGTTTCTACATATATCTTAATTTGTGTGCACCCCCATATTCAGAA
GTAATATGAAATATCGCTGAACTGATACCTTAATCAGTACTCATAAAGAATTAAACGCAAAAAAATTTTTTGCGACTTGATCTAAATTATAAACG
GCTATTATTGTTATTTATTTTCGTGACGATGCATCGACTGTATTTTAATGTGTGCGTTAGTTAGGCAATTTCGATGTGTGTGAGTTTATGCTGGC
TGGGTTTTCATTTGATCCGTTGGCGTTGTTGTTGTTGCGGCTGTGACAGCTGGAAGCTTCAGCAGCAATCTGGAAACTGGAAAGAATCCACAAGA
TGCGGGTTTCCAGGGAGCGAGGTGCTGGTCGCAGGGGGTCGATGAAAGAGAAGTTTGCCGATTTGCTGCCAATTCCCCGAATGACAGATATAAAG
ATACATGCATGAGATACAAAGAAGAAGAAGTCGACGAAAGCGCAAAACTAAAGCCAAAGAAAGGCCATTAAATTGTGCGAAAGAGAAACCAGAAC
AGGTTTAACTGTTCTTGGTGTGCGCCCGATAAAAGCGCTAATTGACACGCACACAAGTGCACTACTGCGGTCATAAACAAACCGCTCGTTGGGAA
AGAAGAAAGGTGGAAGGGAAAGAGAGCTGACAAAGCTAACCAGGCGAAATTGCACATTTAACAGAAGAAAACTTATTTTTAACAACATAACAATG
ACTAAAATTAACGTTAAACTGCCACGATTGGGGTTAAAACTCACCTTGGCAAGAAGCACGGTGTAAACTGGTTTTCGGTTCTCACTCAAAACAAA
CCAAGAATGCACTCGCAATCGAATTCCACTCAATTTACACGTTTACGAAACTTTGGCCATTAAAACCTCGAGAGGATTTGTATTTTTAAATGCTT
ACAGCACCTTACCACATATATATATAGCTATATATATATAAATTTGCTATTGTTTTTACTTTCTCACCATCCACAAAAACTTGTTTTCGTTGTCGCT
ACTCTCTATTTTGGCACTCTACTCGCAACTGAGCTGATTTAGCAATTAAAATGCAACCTCTTTAAATAAAAACAATTACTTTTCGTGCACTCCAC
TAACGACAACAATAAGGACAAACGGGCGCGACGCACAACAACGCAATTCTTTAATGCACTTAAGTATTTTCGTCGGTCAATTGGAGCTCGTTTGG
TTTTCGCAAGCACCGCAATTACTATTTACTTTATTTTATATTTGCGTACGCACACCACCGCACGAAGCAGAAATTTATTTAACTTATTTAAAATT
CAGCAAGAAACGGACAACCGACTTACTTAGCTGCACTCGCCAGTGTGACCGCTTTGCGAGTGTTGGATGAGCTAGTAGTGTGGCCCTAGCGCACT
CCCCAGGAAATACTCACTGTGAACAGTCACTCTTTCCACTTATAACACTTTTCACTTGAAAATAAATTTGAATTCTATCTTAAAACTACATTGTT
TATTTGCGGAGTAGATACGCCTGTACCACCTGGGATAAGCAGAATGAAAAACAGCTGGAGTAATTAAAACACTAGTCCCCGCTCATTTCAGATCT
CCACCGTCATGGACACGATCAAACTGTGGCACAGTGGGCAAGTTCGGTGCCTGGAGATCTCGGTGGGAGCTGCGCAGTGGTGGCAGGTGGTACAG
ATCCATATGTTGTTCGTCGGCTGGGTGATGGGTTTCCCGGAGGAGATGCACGCCGGGAAGCGAGCATTGCACTCGGGGCAGGAGGGGGAGCTGAA
AGGATCGGCATTCCATGAGTATCATCATTATAATCCAGCTTCTGACGTCGACCCTTCACTTACCTATCTGGCACGGGCACTCCGCAGGAATAGCA
ATCCACCCTATCGCCAGTGGTGTCCTCCGGATCGTACTTGGCGAAGATCCCAGCCGCCAACTCCTCGTACCGTTGAAGGGTAGCCTCGGGAAGAT
GAGCCTGTTGCTCCAACTTCATGAAAGCCTTGGAGCAGGTTCCGAAGGCCCGATCCGCACAGCTGGCCAGTGCCAACAGGCTGTAGATGTGCTCT
GGAGGCAGGACGTCCTCGTAGTCGCGCAGCCTCACCGCAGTGACCACCGCACTGTGGACGATCCCGAAGCGAAGCTGCCTCTGGGCTAGGAGCAT
GAAGTGGTAGGCCTCGGCGCAGTGCCAAAGCCTCTCGATGGCGGCCGCATCCTCCAGGGCAATGGAGTCCAGTAGGGTGTTCCTGCCGCTGGCGT
AGTCGATCTCCGTCGTGGCCACAGCCTTGAGGTGCTCCTCGGCCAGCAGAGCAGCCAGCACGTACAGCTTCTTGATTCTCAGCAGCGGAGCAC
(SEQ ID NO: 187)

Exon: 16478..15910
Exon: 9610..9377
Exon: 9318..9155
Exon: 9090..8965
Exon: 3481..3332
Exon: 3264..2764
Exon: 2693..2388
Exon: 2328..2182
Exon: 2092..2060
Exon: 1941..1001
Start ATG: 9477 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT6730
CTGGCGAGTGCAGCTAAGTAAGTCGGTTGTCCGTTTCTTGCTGAATTTTAAATAAGTTAAATAAATTTCTGCTTCGTGCGGTGGTGTGCGTACGC
AAATATAAAATAAAGTAAATAGTAATTGCGGTGCTTGCGAAAACCAAACGAGCTCCAATTGACCGACGAAAATACTTAAGTGCATTAAAGAATTG
CGTTGTTGTGCGTCGCGCCCGTTTGTCCTTATTGTTGTCGTTAGTGGAGTGCACGAAAAGTAATTGTTTTTATTTAAAGAGGTTGCATTTTAATT
GCTAAATCAGCTCAGTTGCGAGTAGAGTGCCAAAATAGAGAGTAGCGACAACGAAAACAAGTTTTTGTGGATGGTGAGAAAGTAAAAACAATAGC
AAATTTATATATATAGCTATATATATATGTGGTAAGGTGCTGTAAGCATTTAAAAATACAAATCCTCTCGAGGTTTTAATGGCCAAAGTTTCGTA
AACGTGTAAATTGAGTGGAATTCGATTGCGAGTGCATTCTTGGTTTGTTTTGAGTGAGAACCGAAAACCAGTTTACACCGTGCTTCTTGCCAAGT
TGAATCCGGTTTAATCTCGGCTTGAGTCATCCTTTAGTTTATACTGACTGTGTTTATCAGTTCAATGTGATCCGCCAGTGAAGCTGCATCAGAAC
GAGTAACTCATTCCAGGACCTGGAATCCACTGCCACCATGTTGCCGGTAATCCTCATAGCCTGCCTGGCCCAGCTGGTACTGGCTCAGGCGGATC
TTAAAGATCTGGATGGACCCAATATCTGCAAAAGAAGAGAACTATATAACGTAGACGTTGTCTACACAGAACTGCAATCGTTCCAGGAACGGGGC
TCCACCTGGTGCGTCACATTCCCGCCGAGGTGCTCCACCTATCGCATTAAACACCGAGTGGTCAACAAAACCAAGACGATTGCAAAGAACCGTAT
TGTGAGGGACTGTTGTGATGGCTACATCGCGAGCGCAGGAGAATGCGTGCCGCATTGTTCGGAACCCTGCCAGCACGGTAGATGCATCTCCCCGG
AGAAGTGCAAGTGTGATCATGGTTACGGAGGACCCGCCTGCGATATAATTTGCAGATGCCTGAATAACTCCTCCTGCGACCCCGATTCCGGTAAC
TGCATCTGCTCAGCCGGTTGGACTGGCGCCGACTGTGCGGAACCCTGCCCACCTGGATTCTACGGCATGGAATGCAAGGAACGGTGCCCGGAGAT
CCTCCATGGCAACAAGAGCTGCGATCACATCACAGGTGAAATTCTCTGCCGCACGGGTTACATAGGTCTCACCTGCGAGCACCCATGTCCTGCTG
GACTCTACGGACCCGGCTGCAAGCTCAAGTGCAATTGCGAGCACGGCGGCGAGTGCAACCACGTTACAGGCCAGTGCCAGTGCCTGCCAGGGTGG
ACAGGTTCCAACTGCAACGAGTCCTGTCCCACAGACACCTACGGACAAGGATGCGCCCAGCGGTGCCGCTGCGTGCACCACAAGGTTTGCCGCAA
GGCCGACGGTATGTGCATCTGCGAAACCGGCTGGTCGGGCACCCGGTGCGATGAGGTCTGTCCGGAGGGATTCTACGGCGAGCACTGCATGAATA
CCTGTGCCTGTCCGTCGGCCAATTTCCAGTGCCATGCGGCCCACGGTTGTGTGTGCAGGAGTGGCTACACCGGCGATAACTGCGACGAGCTAATC
GCCTCTCAACGTATTGCAGACCAAAGCGAAAATTCGAGCCGGGCGAGTGTAGCTCTGACCTTAGTCCTGATGACCCTGTTTGCGTGCATAATCTT
CGCAGTGTTCATTTACTACCGCCGACGTGTGTCCAATCTAAAAACCGAAATCGCCCATGTACACTACACCCATGATACGAATCCCCCGAGCTGGC

CGCCCAACCACAACTTCGACAATCCCGTGTACGGCATGCAGGCGGAAACGCGTCTCCTGCCCAACAATATGCGTTCCAAGATGAACAACTTTGAC
CAGAGGAGCACGATGAGCACGGACTACGGCGATGACTGCAATGCCAGTGGCAGGGTGGGTAGCTATTCGATCAACTACAACCACGACCTGCTAAC
GAAGAACTTGAACGCGGACCGGACCAATCCGATTGTGTACAACGAATCCCTCAAAGAGGAGCATGTCTACGACGAGATCAAGCACAAGGAGGGCT
ACAAGGATCCCGTGAAAATATATAGCAAGATTTTGTTTCCCGAGGATGAATACGATCACCTGGACTACTCACGACCCAGCACCTCGCAGAAGCCG
CACTACCACCGCATGAACGACGCCATGCTCAACATCAACCAGGACGAGGAGAAGCCCAGCAACGTGAAGAACATGACTGTGCTGCTGAACAAACC
GCTGCCGCCCACGGAACCGGAGCCACAACACGAGTGCTTCGACAACACGAACACCAACCTGGACAACGTGTCGACGGCGTCGCCTAGTTCCAGTC
CGAAATTTCTAAAGTAGGCAGCCGGAACAGTCACTTCACCCGGTGGTTAGATCTTAAGCCATGATATTTTAATTTGTCTATGTATGTAGGGTAAG
AATTGCCCAACTGGTACGTAAGTTTAAGTTGTTTCCTAGAACTTCAGTTCATGCTGTTATGTATTTCTGTGTAGCGTAGCATTTGTCTTGCATTC
GATATGTAATTGTAGTTTTCTTGTAGTTCTTGCTCAACAAAGCCATGTCAGCTCAACCAATTGTAAATTATTATTTTAGGGGCCCTTTACAACCCA
GCAACGGTCCTCACTTTTGTAAATGTCTCCTTCATTCGACCCAAATTGTGCTAACATTTATGCTCATATAGGCGACTAACTCCCTAAGTGAAATC
ATATTAAATTAAGTACCTACAACACCTCTTCCTGGTAAAATTGCAGAGTGCCTGTGAGACAAACTCGGATCGGAGGTTGCAATAATTTTAAATCG
AACCCATGCATATACAGATTGAAATCAATAGCTTAAGTATATGGTATTTATATTTTTAATAAGAAACTTATTTTTAGAGTGCATAAACAATACAT
TTATAGAGATCATTAAAAAAAAAATAAAAAATTAGTTCAAATATTGGAACGTTAACCCATTTATAACTACCCTGAAAATCGTTATGTTATCTTCAT
ATACACATATCAATTCTGAGTGAAACGTGTATAATA
(SEQ ID NO: 188)

Start ATG: 703 (Reverse strand: CAT)

MLPVILIACLAQLVLAQADLKDLDGPNICKRRELYNVDVVYTELQSFQERGSTWCVTFPPRCSTYRIKHRVVNKTKTIAKNRIVRDCCDGYIASA
GECVPHCSEPCQHGRCISPEKCKCDHGYGGPACDIICRCLNNSSCDPDSGNCICSAGWTGADCAEPCPPGFYGMECKERCPEILHGNKSCDHITG
EILCRTGYIGLTCEHPCPAGLYGPGCKLKCNCEHGGECNHVTGQCQCLPGWTGSNCNESCPTDTYGQGCAQRCRCVHHKVCRKADGMCICETGWS
GTRCDEVCPEGFYGEHCMNTCACPSANFQCHAAHGCVCRSGYTGDNCDELIASQRIADQSENSSRASVALTLVLMTLFACIIFAVFIYYRRRVSN
LKTEIAHVHYTHDTNPPSWPPNHNFDNPVYGMQAETRLLPNNMRSKMNNFDQRSTMSTDYGDDCNASGRVGSYSINYNHDLLTKNLNADRTNPIV
YNESLKEEHVYDEIKHKEGYKDPVKIYSKILFPEDEYDHLDYSRPSTSQKPHYHRMNDAMLNINQDEEKPSNVKNMTVLLNKPLPPTEPEPQHEC
FDNTNTNLDNVSTASPSSSPKFLK*
(SEQ ID NO: 189)

Name: EGF repeat molecule
Classification: cell_adhesion
Gene Symbol: BcDNA:GH03529
FlyBase ID: FBgn0027594

Celera Sequence No. : 142000013384481
AAAATGCAAATCCAAAATCAATCGTACTCCGCCCCTCGTCCTCCGGCAATCGATTCGTCGATATTCGGGGATTCCCTTCCTGATTTGCATAAGTT
TCCAGATAGCGCGCGTGCGCAGTCGATCGGCGCACCCGAATCCGTAATGCGGAGCAAACCCTCCTCCCCGATGTAGTGCAGGTCCATTTGCATAA
CACTGGCTGGAGGAGCTGGTGATCCGGATGTCGAACTTCCTACCCGATCGCCCGCTCCGCCTCGGGACGATGTGCCAAAATTATGCAAATGTTTT
ACACCAATAATTTATGCAAATTACGATCCGCAAAGGATTTGGTGATCCTGCGCAGCGGATGTTACACGTAGATGTCGCCAGCTTCAAATCGAAAA
TGTTTTTTAGGGGTTTGCTCAAGTTCAGAATTTCTGCAAACGTTTTTTTATATGGTAATTTTTTTTTGCAATGGGTCTTAGGAAATATTTGGCAT
TTTTAATTGTGTTTTTTTGCACGATTGTAATGCAGATTTTTTGCTCGATTGTAATTTTAATTTGCAAATTTGGGTTTTTATTTTTTGCATTTGAA
TGGATTTCGATTCGATTATTTCAAAAAGGACAGGCAGCTGCTCCAGCTTGATATCCTTTTTGCAACGCGCCAATTTCTTAAAAATCATTTCGATT
CCCAGTTTTGCCGAAATTTTTGTGCACACAATTTGCATAGAGATGTGAAGGAAAAGGGAACAAAGATGCGATTCTATACTTTAAACGTTCTAAGA
TTTGATTATATTTATGGTAATAGGCGAATAAGATTGCCGATGCCAATATTTAGTGTGAGAAAGTATTTTTGAAAATCTTTTTTGAAATCGCTTAT
GAAAAAAATACTGTAGACGTCGAAATATTTAAAATATTCATCTTAGAATATGTATTTTTTGATAGAATAGAAAATATATAGAGATAATAACAAAA
AATTTAAAATAATTAACTATACAGTTTCTTGTGCCCAGATAACTTATTTACCCACTTTCTGCACGTAACTTTGCCGTAATTTGCCGTAATATCTT
TGCAAATTGCCTGCGATTTTGGATAAAATTCCTCTGCTGATCTGTGCTCTTCTTTCATTTGCTGTCCCTTTCTAACGCACGTTGGCCATGCGGGA
TTCCTTCACAAATACACGCTCCTCTTTCGCATTTTTTTTTACCGAAAAACCTCTCTTTTCTAGATAAATTTACATTACCGCTGGCGTTTTATTGG
TCGAGAAAAGCGAGCAAAAAAACGGAAACCAGCCGAAAACAAGCTGGGTTTTCCCAGAGCATTTTCCTGCGAAGGGTCGGTTAAAAAACTAGGGG
ATGAAGGTCGAACCACCACCACCAACGGACTTCTCATTTTATTCGTTTTTTAAGAGAGCGAGAGCGGCGAGATCGGTTTTTTAAGAGAACCGGTG
GCGAGAGGGTTGCACTTGGGCATGGATTTGCGCAATTTTTGCTATATTAGCCGGAGGCCGCGGAAGAGTTGAAGCAGTTTGAGCCTCGCAGCCGA
ACTTTGAGGATCGCTGAGACGAGACGCCGTGCAAGAAAGTCGATCCAAAATCCGAAATTCGAAATCCGTGCTGTGATCTGTGCTGAATATAGTGA
AGAAATCTTAAAGAATTTCAAAAAGAAATCCCAGTGCTGTGCTGAATATATCCGCGAAAGTGTGCCACAAAAATGTCCAACCAAATGGAGTTTA
TTATGCAACTCTACATGATGAACTTGATGAAGCAGCAGCAGCAAATGCAGCTCCAGCTTCCGCAGCAGCAACAGCAGCAGCAGCTGGCTGGATAC
ACTTACACACAGAACGAGGATATCTCTAGCAGCACATCCGTGCAGCAGCAACAGCAGCAGCAGCAGGAGCAACTGCAGCAGCCACAGCCAGATCT
CCGCAAGACAAGAACGCACAAGCGCATTAGCTCGCAAAACACCAACTGTAGTAGTAGCCGTAGTTGTAGTCCCAATAGTAATTTGATTGCTTTTC
AACCACAACAATACCCAGGCGCTACAGCGGCAACTCCTTCCACTCCCAACAGCCACCCCAGCAACCTGGTCAACCAGATGCTGCTCCAAAGCCTG
CCGCCGCTGACGCAGCTCATGTTGCAGCAGCAGCAGCAGCAACATTTGCTGACCACCTCCAACCTTCTACTAACACCCACCCACACCCCCAGTTC
GCTGGGCAAGCAGGATCCACTGCAGCATCCGTTGTTGCTGGGCCAGTTTGCCGGCTCCGAACAGATGGCCACAAATAACTTCCTTCAATCATCCA
CAGTGACCTCCACGCCCATCGAGAGAGAGAAGGCAGCCACACCAGCACCCTCCGCCGGAGCAACTGCCGGCAACCTTTCGGCGGCCCAGGTCAAG
TTTGAGCAGGAGTCCGCCGACGACGATGAGGACGATGATAAGCCGCTGTCCAGCCTCACCAGCTGCAGCTCCTCGGGCCACACCAACGCCAGCTC
CGAGAAGCTGCTGTTGTCGGGCGTCCATCCGCTGGAGTCAACCACCGACAGCCTAGACTCACCCAGCATGGTAAGTGATCCGGGGATCTAGAAGG
ATCTTAACAGTTTCTTTTATCTCGTTTTATCACCATCAATTTTAAAGATACTGTCACTTGCAGTGGCAACTACGTAGTCAAAAAGCTATATATTG
CGCATTTTTGTATTAGTACATTTGATTTAAATTCTAAATTCATCCCAACAGCTTGGTTCGCCATACTTCACAAACCTTTTCCAGTTGCAAAATAG
ACCATTTTCCAATTTCCAATTCAGAAAGCACTATATTTGTTCCCTATTTTGCTTTGTTTTTTTTTTTTTTTGGCTATGTCCCACGCTCTGTTGCT
GTAATTTGAGAAAAAACGATTCGTGATTTTTGAGATTTAAGTGTGAGAGTAGCCAGAAAGCTCGCGATTCCGGGGAAAAGAAACAGCTGTGTCGG
CAACGCGTGGGTTCTCTTGGTGGCTCGATCGCTGCCCAGCTGGGCACCAGGCAGTCTGAGCTGGGGATCTCACAGATGCATCCGTGTGTTGGTAT
TGACTCTAAAGTTCTTCCACCCTCTTTTTCCCACTGCAGTATACGCCCGTCAAGCAGCCGGCGGACTCATCGTACGGACTCATCACACCCGTCGA
CAGTGATCTGACCCCCAACACACCCCTCCAACCGACCCAAACAATATCCCTGCTGACGCCGCCGTCGAGTGAGCAGAGCAAGAGCCTGGTGAGCC
TCTCGGCGGCCAGCGGCCTGGATGCTCTGCTCCAGAACGAGGAGGTACTGAAGAACCTGCGGAAAGTGTCCTCCTACCTGGAGTGCGAGAACAGC
CTGTGCAGGCAGGAGAACCTGCGGGAGCACTTCCATTGCCACGAGGAGCCCTGCCAGGGCAAGATCCTGAGCAAGAAGGACGACATCATCCGGCA
CCTGAAGTGGCACAAGAAGCGCAAGGAAAGCCTCAAGCTGGGCTTTGCCCGCTTCTCCTCCTCGGACGACTGTGCACCAGCCTACGGAGAGGGTT

GCGCCTACAACTGGAAACAGACCCACTACCACTGCGTCTACGAGCACTGTCCCAAGGTGTATGTGAGCACCAGTGACGTCCAGATGCATGCCAAT
TTCCACCGCAAGGACTCCGAGATCGTGAACGAGGGCTTCCGGCGCTTCCGGGCGCACGAGACCTGCCGCATCGAGGATTGCCCCTTTTTCGGCAA
GAAGATCTCCCACTACCACTGCTGTCGCGAGGGATGCACCCACACCTTCAAGAACAAGGCCGATATGGGTAAGTCTACTTGGAAAGCTTATTAGC
TGAACTTAGTTAATATATCATATATGTATTTCTCCTTGCTTAGACAAGCACAAAACTTACCATCTGAAGGACCACCAGCTGAAGATGGACGGCTT
CAAGAAGATCCTGAAGACCGAGGTATGTCCCTTCGACGCCTGCAAGTTCTCCACCGTCTGCAACCACATCCACTGCGTCCGCGAGGGCTGCGACT
ACATCCTGCACTCCAGCAGCCAGATGATCAGCCACAAGAGAAAGCACGATCGTCAGGACGGAGAGCAGGCGTACCAGCAGTTTAAGATCAAGCAG
GACGTGGAGGAGTCCTCCCTGGATGCCATGCCCCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCCCACCAGCCTTAGTCAATCCCAGAGCAGCAG
CTCTGTATGCGGCGGCAGCAACACCTCCACTCCACTCTCCTCTTTGTCCGCCGAGCACTTCCTGGCTCGGAAACGCGGCAGGCCACCCAAGAAAA
TCGTAAGTTTGTCTGTATATTTTGGGTAATTTTCCGCGACATTAAATAGGCATATTTTCTCAATCCACCACAGCAACTGCCAGCCGACGCTCAGC
AGTCGGAAGCCAAGCGCCTGAAAGTCGAAGACGAGTCCTCTAATCCCGCCATGCTCCTGCCCCAGTCCCAGCCAGCAGCCGCTGTGCATCCGCTG
ACAAGTGGACTCTTTCCCGGTCTCCTGCCCGCTGCCGCCGCTCCTGGAGTGGATCCCACAGCCCCTAACTTCCAGCTCACCCACCTGATGGCCCT
CTTCCAGTTGCAGAATCCCCTCTTCTACCAGAACCTCTATCCGGGAATGACCCAGAATTCCTCCATGCTCGGCAACCTGGCAGCACTTAGCGCCG
CATCGGCAGCAGCGGCGGCGGCAGCGGCGGCAAATGGAGCCGGAGTCCAGCAGCCGAAGGCAGAGTTTAGCTTTAAGCCAGAGTTTAAGGAGTAG
GAAGGATGCGTGTCCTTAGGGTATTTTGCCAGCTACTTAGTTTGACCGACGGACGTTGGACATTGTACATACGCGCTTTAAGCAGGTTTAGGTGG
GTTTTTTTTGTGGGTTCAGGCAGATCCAGGACAAGGCATCCTTCCCTCCACAAAAACCAACTCAGCCACACTTTGAGAACCTAGAAGTCCCCTATA
CAAAGTGTAGCTGAATTGGCTTTTGCCAAACATTTTCCCCTTTAGCTTAGATTCTCTCAGTGCCACATTAATTTTTAAAATTTTCAGCCATTTTA
AATAAAAAGGAAGAACTTTCTGAATTTAAGTTTGACTAAACTGTGATGTTTTCATTAGAGTAGCCTCTTTTAATTGATAGAGCGAGTGCAGGCTA
TGCAGGATATGCAGGACTTAGGAGACTTGGATTGTCAATAACATAGCGTCTAAGCATTACATTGTATGTGATATACTAATAAATAATGGCTAATT
GTTTTTGCTTTATAATTTAAGGGAATAATATTATAATTCTAATTATAAACTTTAGTAAAATCAGCATTCTTCTATAATAAATAAGTCAACATTAC
CTGAATAAATTTTATTATGCCTCAGAGCTTATTATTTAAACACAAAATGCTTGAGTTATTGGGGGTTACTGGAAAATACAATATATAAAGTAACT
AACATATATGTATACCCAACCACACATAAAACACTTAAACATTTGATTAAATAATTTATGACTTTATTTTGTTTTCATGTAATTGTTGGTTTTAC
TCATATGCTAACAGAAATCAGCTACACAAACTCAGGACGCCTGATAAAAACCGTCCCGCTAAGCAATATTTAAGTACTTTACACAAAATCAATTA
TTTTTTCCTTTGCTTGTATTTTTGTATTTTTTATAGTTCATAATCGCATATATGTATATGTAAACAATCAATACAATCCAAATACCATAATCATA
AGCATAACAAAAGAGATTTCAGAAAGTTGTATCCTAGTCAAGAACAATGTACAAGCAAGTATCATCATTTTATACATTAGGTATTTGCTTTTAGT
TTACATTGCAAAGTGAAACCCTGCGTGAAATGTACAAATAAAGGTAAACTAAAAATAACATTAAGAACTAATGGTCTAGAACTCAAGAAACACGA
AAATCAACAAGTAAACTTCTAAGTAAATTCGTTAAATGTTATGTTAAAAGTAGGAGAAAACTTAAACAAACTACAGACTCAGTAATGCCTTTTGA
TTTTGCCTAAGGTTATAAGCTTCGATTTTGATGCGGTAGCCAAATTTATAAAACCTTGAAAAAGCAGTATCCAATTTATTCCTATAAGCATCTAT
ACTCGTCTAATTTTTTGGGTCATCAGTTTATAACGATTGCATAACTTCCGGTGCAATATCTATGGCAACATTTTGTGCGCACATCGACACATACA
CACAATTTGAAAACGAAGTTTAAGTTTGTATCTTATAGGTTGGGTTAATCGTATCTAAGCCGCAACAGAAGAGGTTATGAGTAGCGTTGGGTTTG
AAAGCTGCCCGTTCTGCCGGCGGGCCTTAATCGCGGTAAAATCCGCGCAGCAGTTTCCCAATAAATCAGAACCGTTAGCTGCGACCGGT
(SEQ ID NO: 190)

Exon: 1001..2540
Exon: 3080..3773
Exon: 3844..4277
Exon: 4349..5359
Start ATG: 1689

Transcript No. : CT6850
CCCACTTTCTGCACGTAACTTTGCCGTAATTTGCCGTAATATCTTTGCAAATTGCCTGCGATTTTGGATAAAATTCCTCTGCTGATCTGTGCTCT
TCTTTCATTTGCTGTCCCTTTCTAACGCACGTTGGCCATGCGGGATTCCTTCACAAATACACGCTCCTCTTTCGCATTTTTTTTTACCGAAAAAC
CTCTCTTTTCTAGATAAATTTACATTACCGCTGGCGTTTTATTGGTCGAGAAAAGCGAGCAAAAAAACGGAAACCAGCCGAAAACAAGCTGGGTT
TTCCCAGAGCATTTTCCTGCGAAGGGTCGGTTAAAAAACTAGGGGATGAAGGTCGAACCACCACCACCAACGGACTTCTCATTTTATTCGTTTTT
TAAGAGAGCGAGAGCGGCGAGATCGGTTTTTTAAGAGAACCGGTGGCGAGAGGGTTGCACTTGGGCATGGATTTGCGCAATTTTTGCTATATTAG
CCGGAGGCCGCGGAAGAGTTGAAGCAGTTTGAGCCTCGCAGCCGAACTTTGAGGATCGCTGAGACGAGACGCCGTGCAAGAAAGTCGATCCAAAA
TCCGAAATTCGAAATCCGTGCTGTGATCTGTGCTGAATATAGTGAAGAAATCTTAAAGAATTTTCAAAAAGAAATCCCAGTGCTGTGCTGAATAT
ATCCGCGAAAGTGTGCCACAAAAATGTCCAACCAAATGGAGTTTATTATGCAACTCTACATGATGAACTTGATGAAGCAGCAGCAGCAAATGCAG
CTCCAGCTTCCGCAGCAGCAACAGCAGCAGCAGCTGGCTGGATACACTTACACACAGAACGAGGATATCTCTAGCAGCACATCCGTGCAGCAGCA
ACAGCAGCAGCAGCAGGAGCAACTGCAGCAGCCACAGCCAGATCTCCGCAAGACAAGAACGCACAAGCGCATTAGCTCGCAAAACACCAACTGTA
GTAGTAGCCGTAGTTGTAGTCCCAATAGTAATTTGATTGCTTTTCAACCACAACAATACCCAGGCGCTACAGCGGCAACTCCTTCCACTCCCAAC
AGCCACCCCAGCAACCTGGTCAACCAGATGCTGCTCCAAAGCCTGCCGCCGCTGACGCAGCTCATGTTGCAGCAGCAGCAGCAGCAACATTTGCT
GACCACCTCCAACCTTCTACTAACACCCACCCACACCCCCAGTTCGCTGGGCAAGCAGGATCCACTGCAGCATCCGTTGTTGCTGGGCCAGTTTG
CCGGCTCCGAACAGATGGCCACAAATAACTTCCTTCAATCATCCACAGTGACCTCCACGCCCATCGAGAGAGAGAAGGCAGCCACACCAGCACCC
TCCGCCGGAGCAACTGCCGGCAACCTTTCGGCGGCCCAGGTCAAGTTTGAGCAGGAGTCCGCCGACGACGATGAGGACGATGATAAGCCGCTGTC
CAGCCTCACCAGCTGCAGCTCCTCGGGCCACACCAACGCCAGCTCCGAGAAGCTGCTGTTGTCGGGCGTCCATCCGCTGGAGTCAACCACCGACA
GCCTAGACTCACCCAGCATGTATACGCCCGTCAAGCAGCCGGCGGACTCATCGTACGGACTCATCACACCCGTCGACAGTGATCTGACCCCCAAC
ACACCCCTCCAACCGACCCAAACAATATCCCTGCTGACGCCGCCGTCGAGTGAGCAGAGCAAGAGCCTGGTGAGCCTCTCGGCGGCCAGCGGCCT
GGATGCTCTGCTCCAGAACGAGGAGGTACTGAAGAACCTGCGGAAAGTGTCCTCCTACCTGGAGTGCGAGAACAGCCTGTGCAGGCAGGAGAACC
TGCGGGAGCACTTCCATTGCCACGAGGAGCCCTGCCAGGGCAAGATCCTGAGCAAGAAGGACGACATCATCCGGCACCTGAAGTGGCACAAGAAG
CGCAAGGAAAGCCTCAAGCTGGGCTTTGCCCGCTTCTCCTCCTCGGACGACTGTGCACCAGCCTACGGAGAGGGTTGCGCCTACAACTGGAAACA
GACCCACTACCACTGCGTCTACGAGCACTGTCCCAAGGTGTATGTGAGCACCAGTGACGTCCAGATGCATGCCAATTTCCACCGCAAGGACTCCG
AGATCGTGAACGAGGGCTTCCGGCGCTTCCGGGCGCACGAGACCTGCCGCATCGAGGATTGCCCCTTTTTCGGCAAGAAGATCTCCCACTACCAC
TGCTGTCGCGAGGGATGCACCCACACCTTCAAGAACAAGGCCGATATGGACAAGCACAAAACTTACCATCTGAAGGACCACCAGCTGAAGATGGA
CGGCTTCAAGAAGATCCTGAAGACCGAGGTATGTCCCTTCGACGCCTGCAAGTTCTCCACCGTCTGCAACCACATCCACTGCGTCCGCGAGGGCT
GCGACTACATCCTGCACTCCAGCAGCCAGATGATCAGCCACAAGAGAAAGCACGATCGTCAGGACGGAGAGCAGGCGTACCAGCAGTTTAAGATC
AAGCAGGACGTGGAGGAGTCCTCCCTGGATGCCATGCCCCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCCCACCAGCCTTAGTCAATCCCAGAG
CAGCAGCTCTGTATGCGGCGGCAGCAACACCTCCACTCCACTCTCCTCTTTGTCCGCCGAGCACTTCCTGGCTCGGAAACGCGGCAGGCCACCCA
AGAAAATCCAACTGCCAGCCGACGCTCAGCAGTCGGAAGCCAAGCGCCTGAAAGTCGAAGACGAGTCCTCTAATCCCGCCATGCTCCTGCCCCAG
TCCCAGCCAGCAGCCGCTGTGCATCCGCTGACAAGTGGACTCTTTCCCGGTCTCCTGCCCGCTGCCGCCGCTCCTGGAGTGGATCCCACAGCCCC
TAACTTCCAGCTCACCCACCTGATGGCCCTCTTCCAGTTGCAGAATCCCCTCTTCTACCAGAACCTCTATCCGGGAATGACCCAGAATTCCTCCA
TGCTCGGCAACCTGGCAGCACTTAGCGCCGCATCGGCAGCAGCGGCGGCGGCAGCGGCGGCAAATGGAGCCGGAGTCCAGCAGCCGAAGGCAGAG

Date Recue/Date Received 2020-12-23

TTTAGCTTTAAGCCAGAGTTTAAGGAGTAGGAAGGATGCGTGTCCTTAGGGTATTTTGCCAGCTACTTAGTTTGACCGACGGACGTTGGACATTG
TACATACGCGCTTTAAGCAGGTTTAGGTGGGTTTTTTTGTGGGTTCAGGCAGATCCAGGACAAGGCATCCTTCCCTCCACAAAAACCAACTCAGC
CACACTTTGAGAACCTAGAAGTCCCCTATACAAAGTGTAGCTGAATTGGCTTTTGCCAAACATTTTCCCCTTTAGCTTAGATTCTCTCAGTGCCA
CATTAATTTTTAAAATTTTCAGCCATTTTAAATAAAAAGGAAGAACTTTCTGAATTTAAGTTTGACTAAACTGTGATGTTTTCATTAGAGTAGCC
TCTTTTAATTGATAGAGCGAGTGCAGGCTATGCAGGATATGCAGGACTTAGGAGACTTGGATTGTCAATAACATAGCGTCTAAGCATTACATTGT
ATGTGATATACTAATAAATAATGGCTAATTGTTTTTGCTTTATAATTTAAGGGAATAATATTATAATTCTAATTATAAACTTTAGTAAAATCAGC
ATTCTTCTATAATAAATAAGTCAACATTACCTGAATAAATTTTATTATGCCTCAGAGCTTATTATTTAA
(SEQ ID NO: 191)

Start ATG: 689

MSNQMEFIMQLYMMNLMKQQQQMQLQLPQQQQQQQLAGYTYTQNEDISSSTSVQQQQQQQQEQLQQPQPDLRKTRTHKRISSQNTNCSSSRSCSP
NSNLIAFQPQQYPGATAATPSTPNSHPSNLVNQMLLQSLPPLTQLMLQQQQQQHLLTTSNLLLTPTHTPSSLGKQDPLQHPLLLGQFAGSEQMAT
NNFLQSSTVTSTPIEREKAATPAPSAGATAGNLSAAQVKFEQESADDDEDDDKPLSSLTSCSSSGHTNASSEKLLLSGVHPLESTTDSLDSPSMY
TPVKQPADSSYGLITPVDSDLTPNTPLQPTQTISLLTPPSSEQSKSLVSLSAASGLDALLQNEEVLKNLRKVSSYLECENSLCRQENLREHFHCH
EEPCQGKILSKKDDIIRHLKWHKKRKESLKLGFARFSSSDDCAPAYGEGCAYNWKQTHYHCVYEHCPKVYVSTSDVQMHANFHRKDSEIVNEGFR
RFRAHETCRIEDCPFFGKKISHYHCCREGCTHTFKNKADMDKHKTYHLKDHQLKMDGFKKILKTEVCPFDACKFSTVCNHIHCVREGCDYILHSS
SQMISHKRKHDRQDGEQAYQQFKIKQDVEESSLDAMPQQQQQQQQQQPTSLSQSQSSSSVCGGSNTSTPLSSLSAEHFLARKRGRPPKKIQLPAD
AQQSEAKRLKVEDESSNPAMLLPQSQPAAAVHPLTSGLFPGLLPAAAAPGVDPTAPNFQLTHLMALFQLQNPLFYQNLYPGMTQNSSMLGNLAAL
SAASAAAAAAAAAANGAGVQQPKAEFSFKPEFKE*
(SEQ ID NO: 192)

Celera Sequence No. : 142000013384570
AAAGATGGCACGGTGTGCATGGAAAAGTTGCCGTTGAATGGGAAATTGCTGCGACACGTTTTTGCCTTGGTCTGCTGGGATGGGATCTGTGACCG
GTCTGAGTCGGCGGTGGTCCGGTGTCTATGTCTCAGCCCCAGGTTTGTTTTCCGCATAAAAAGACACATTCATGCTGGCATTCTGCAGCCAACTT
TAGCCTTTGGGTGCTAACCGGCTAACTCGGCTGGCTTATGCAAAACTCCACATCCTCAGCTATTCCGCGACGATGTACCTTGTGCAACACCCCAG
ACACTATGGAGTCTGACCAGTTTATCCACCCGCCATGTGGTCATCTAGGTGCACCGTTCTCGAGGCGCGGTAAAAGTAAAAGTTAATGTGTGTGG
CCGGCGCGTGAAGAATGGCAATTACAGATCGATGATCGCCGTGAACCAGCTGGCTCATTTAGCCTCCTTAATTATGCCACGATTTCGCTCATCCA
ACTCATCTGCTTTCTGGCCATGGAGGTGCCCCATTGTGCGACTTACTTTGCTATTTTGTGTTTCTCTGGCCAAAATACGGAAAGTGGCAAGGCAG
AAAACATAAATGATTTTACGGGGGTCTAAATGAGTTAATTAGGTTTGCAGTCGAGAGGTCTTAACCAACACGAGTTGGCCATGGCAAAGCCAATG
AAGATATCAGAGAAGGGGTAATATGTAGGTGGATGGATACATTTGTACTACATGAACCATGCAACCCTAAAGGCTTTGGGTTTTGTTGAGTTATT
TTGGAAATCTGTTTTTCTCCATCATTAGCTAAGATTAAGCGTTTAAAAGATAATATATCTATTAGGAATCATGATTTAATAAGAAAAGATAATAC
ATATTTAAAAAAAAAAATTATTCCACAGACCATTGCTGAAAAATTTGAATAAAGCTTAATGTAATGCGTAGTGAATAACTCGCACCTTTATAACA
TACAAATACGGTCTCTTGGTCATGAGACTCTGGCTGTACGTATCCCTGATTCAAAGCTCGTTATGGATATGCTTGGAAATGTAAACAGTGAGATC
CTCAGGCAGCCCAAACATATCCAACTCCTTGGCTAATGCGAAGTACCGCCGCCTAAGAATGTGAGCCACTTCTTTGGGTTGTCGGTTCCTTGTAA
AGACTCCCTTTTTGTTGCCGCCCACGCGGGTAATAGCTGCAGAGGATAATTTTAATTGGGTTTGACTCTTGTTCAAAAGCGTTTGAAATACAGAC
TCTGCGCGGTCCGAAAATCGGCGAAGTTCCAAACAAACTCTCCAATAAACCATCCTCTTCCGCGTAACTCGTCGAAAGCCTTGAAATGGCGAGAG
AAGAGCTCAACCTGGTATTCCTCCGACCAAATAAAGGCGGGAAGCTTTGGGGAAAGTCCGAATTAGAATCAATTATAGGCCTGAACAGGGTTCCT
TACTGAGTGCATGCCCTCCATAGTGTCGCCGCCGTACTCAAATTGGATGACAGGCTTTCCGAACCTATCCCGCCAACTCTGGGCCTCTATCGTCA
ACAGGTTAAGTATCATGTCAGTACGGCCCGAGTTCTGATACCAAGAGTTATAGCGATTGAAACCCACGATGTCCAGAAACTGCGCCAAATGGCAA
CTGGAAGAGTTGGCATTTATAGCCGCGGTTAGAGGTCGTCCGTGAGCTATTTCTCTTACATAGTTTACCAGGAATCTAAAGGTAAGACATCCGCG
TTAAATTTTTGATCTAAGATGTACTTTCTACTGACTCAAAGTATTTAAGGGCTCCCTGCTTGTTCGATCTCGGCTCGTTGGCTACCGACCATGCA
ACAACACTTGGATGGTTTCTGTCCCGGTGGATCAGTTGCTCCAGCGAGGACATGTGATTCTCCAGTAGCTGCGGCTCGAAGATATCTATATTGAC
AGCAGGGCATTCGTCAATAATCATAATACCATGCTGATCGGCAAACTGCATTGACTCTTCGGAATAAGGATAGTGAGAGGTGCGATATGCATTGG
CTCCAGTCCACTTCAGCAGGTTAAAATCTCTAGCAAGAAGCGCATTATCCAATCCCTTCCCGCGGATCTAGAATAAAGATTTTGATAAGCTTAAT
GACCAGATTTACCCAACAATCAAGCTCACATCGGAGTCCTCGTGCCGTCCAAATCCCCGCAGATAGAGGGGTTTTCCATTCAGCAGCAGGCTGTC
GTTGTCCCAACTTAAGCTACGTATGCCCACTGGGAGGCGGTAGGTATCCTGCAGAGATTCCAACTCCTTCTCATTGCTGGCCACAAACAGCTCGA
ATTGAAGATTATACAGGTAGCCGGGATCGGAATGCATTAGGTAGGGCCACCAGGGAGTTGCATTTGGCACCAGCAGAGTACCATGGTAGACCGCC
TTGTTGATCTGCTGGGCGGCCACATGACCATCTTTGTCCCTTAGTTGCACCCGAAGTTGGATGGGCTGGATTTGGAGGCCCTCCTTGCTAGCATC
CAACCACACGCGGTAGTCTATGCGGCCCAATCCTTCTTTAGTTAGTTGGGTGGTGACCTCCAAATCGCTTATGTGCAGCAGCGGGGTCGTGTACA
AGTGTACACTCCGGTGGATTCCCGCGTAGTTAAAAAAATCGAAAGTGTAACTCTGGATGGGCACGGTGCCGTCATCCGTAGCCACCTTGTAAACA
GAACCCTGAGGAATGGTGCGGTTGCTCAAACGATTGTCACACATCACCGTGATCCTGTTATCGCCGCCAAAGCTGAGCAGTCCCGAGATCTCTGA
CTCAAAGGGTAGGTGGCCAATGGAGTGACTTGTGGCGTTCCTTCCGTTGATCCATACCACGGCCGAATAGTGAACGCTGCTAAATCGCAACCAAG
TGCGTTGCATAGTCTTCCAGGAGCGCGGCACAAAAAAAGTACGCTCATACCATACGGTTCCAACGTGATCTCGTAAGTTATCTGTAGTGATGTCG
TTATAGGAGGCAGGCACTGGCATCGAAATAATCTCCCTTCCGGTTTTTCTCAAGGCATCCATAAACCACTTTTCCCTAATTCCCTGTAAGGGGTC
ATATGGATCACTCCTAACCAGTTGCCACATTCCATCCAAGCTCCGCACTTCACGGGTCTCCGAATCCCTGGGGTACAACAATCCCTTGGTTGGTG
TGGGCTTTCTGACATTATCATATTCAAACAAAGGGGAATCAGTTAGTTCTTTGCGATTGGCGTTCACCAAGAAGTCGTTTTCGGTGTAAGCCAAT
AGAACCTGGAGACTGCCAAGCAGTAAGCAGGTGACGGGCATCCAATGACTTTTCATCTGAAATCAGAATATTTCTATCGAGTTACAATTTAATGG
TTATCAAACATTTGTGAACCATCTTCTTCTTCACCCGGCCTTTGATAAGAGCAGTGTGACCAGCGCAAATATAGTGAACAAAATCCATCTATTAT
TTAATATGAAATTTTTTTACATAAACTTAAAATTGTAAACTTAAAAGAATTTAGGTTTAGGTTTGGCCTTCTACTCATGATAAAAAAAATTGTTT
ACCGTGAAACATCATTGTTTGGAATCTGCGTTTGAAGGATCTACTCAAGAGGTTAAAATAATTTGCAAATATCTGTGTATATCTCCCGCTTAATG
TTCTTTCAAACTTGGTCACAATCATTTTATTCAATTACATTTATTTGAAAATTGAAATAGTCCGTGACATGGGAATCCGTGAGGGCAATCGATGG
TTTGGTAGAAAAAATCGGTGCTGTCATATAATATCGATAAGATAATTCACCATCTGGTAGCACGACTAAGTTCATACGTGTAATTATCGGTAGTT
AAAAATAAAAATATTAATACGCCTTGATAGAGGCAACCCTCAGTTTCAGAGTTGAAAATCTCGATGGCAATGCAAACAACTTCGTTCGGCTAACA
AAACCCGACTAAATTCCAACGTCAACGAGAGCATAGACGATATTTTCGGTTTCTTCCCAAGTGATACCGATTCCGAGAGCTACGGCCTTATATGT
AGAGTGGGGGCAGGCAGAGATCCCGGCCAAAATTAACATATTCCTGGAGACTATCAGCCAGCTGGCGGCCCTGGCGACCTCGACCGGCATCATGC
AGCTGCTCTTATCGTCCGTTTGCATGGCGCTGACCAGCGCGGTGATTGGATTTGCCTACTACCAAAAGCAGCAGTTCTATCCTGCGGTGGTCTAC
ATCACCAAATCGAACGCCTCCATGGGGGTGAGTAAATCCTATCATACAATCCAGTCCCATGCCTAAGCCTTGTTTTCGTTTGCTTCCAGGTCATA
TACATACAATTCTTTGTAATTGTCTTCATGTTCGGCAAGCTGCTAAGCAAGGTGACAATCAGCAAGAGTACCTTGCAC

(SEQ ID NO: 193)

Exon: 3353..2120
Exon: 2062..1746
Exon: 1690..1429
Exon: 1374..1236
Exon: 1176..1001
Start ATG: 3286 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT6960
AAGAAGATGGTTCACAAATGTTTGATAACCATTAAATTGTAACTCGATAGAAATATTCTGATTTCAGATGAAAAGTCATTGGATGCCCGTCACCT
GCTTACTGCTTGGCAGTCTCCAGGTTCTATTGGCTTACACCGAAAACGACTTCTTGGTGAACGCCAATCGCAAAGAACTAACTGATTCCCCTTTG
TTTGAATATGATAATGTCAGAAAGCCCACACCAACCAAGGGATTGTTGTACCCCAGGGATTCGGAGACCCGTGAAGTGCGGAGCTTGGATGGAAT
GTGGCAACTGGTTAGGAGTGATCCATATGACCCCTTACAGGGAATTAGGGAAAAGTGGTTTATGGATGCCTTGAGAAAAACCGGAAGGGAGATTA
TTTCGATGCCAGTGCCTGCCTCCTATAACGACATCACTACAGATAACTTACGAGATCACGTTGGAACCGTATGGTATGAGCGTACTTTTTTTGTG
CCGCGCTCCTGGAAGACTATGCAACGCACTTGGTTGCGATTTAGCAGCGTTCACTATTCGGCCGTGGTATGGATCAACGGAAGGAACGCCACAAG
TCACTCCATTGGCCACCTACCCTTTGAGTCAGAGATCTCGGGACTGCTCAGCTTTGGCGGCGATAACAGGATCACGGTGATGTGTGACAATCGTT
TGAGCAACCGCACCATTCCTCAGGGTTCTGTTTACAAGGTGGCTACGGATGACGGCACCGTGCCCATCCAGAGTTACACTTTCGATTTTTTTAAC
TACGCGGGAATCCACCGGAGTGTACACTTGTACACGACCCCGCTGCTGCACATAAGCGATTTGGAGGTCACCACCCAACTAACTAAAGAAGGATT
GGGCCGCATAGACTACCGCGTGTGGTTGGATGCTAGCAAGGAGGGCCTCCAAATCCAGCCCATCCAACTTCGGGTGCAACTAAGGGACAAAGATG
GTCATGTGGCCGCCCAGCAGATCAACAAGGCGGTCTACCATGGTACTCTGCTGGTGCCAAATGCAACTCCCTGGTGGCCCTACCTAATGCATTCC
GATCCCGGCTACCTGTATAATCTTCAATTCGAGCTGTTTGTGGCCAGCAATGAGAAGGAGTTGGAATCTCTGCAGGATACCTACCGCCTCCCAGT
GGGCATACGTAGCTTAAGTTGGGACAACGACAGCCTGCTGCTGAATGGAAAACCCCTCTATCTGCGGGGATTTGGACGGCACGAGGACTCCGATA
TCCGCGGGAAGGGATTGGATAATGCGCTTCTTGCTAGAGATTTTAACCTGCTGAAGTGGACTGGAGCCAATGCATATCGCACCTCTCACTATCCT
TATTCCGAAGAGTCAATGCAGTTTGCCGATCAGCATGGTATTATGATTATTGACGAATGCCCTGCTGTCAATATAGATATCTTCGAGCCGCAGCT
ACTGGAGAATCACATGTCCTCGCTGGAGCAACTGATCCACCGGGACAGAAACCATCCAAGTGTTGTTGCATGGTCGGTAGCCAACGAGCCGAGAT
CGAACAAGCAGGGAGCCCTTAAATACTTTGAATTCCTGGTAAACTATGTAAGAGAAATAGCTCACGGACGACCTCTAACCGCGGCTATAAATGCC
AACTCTTCCAGTTGCCATTTGGCGCAGTTTCTGGACATCGTGGGTTTCAATCGCTATAACTCTTGGTATCAGAACTCGGGCCGTACTGACATGAT
ACTTAACCTGTTGACGATAGAGGCCCAGAGTTGGCGGGATAGGTTCGGAAAGCCTGTCATCCAATTTGAGTACGGCGGCGACACTATGGAGGGCA
TGCACTCACTTCCCGCCTTTATTTGGTCGGAGGAATACCAGGTTGAGCTCTTCTCTCGCCATTTCAAGGCTTTCGACGAGTTACGCGGAAGAGGA
TGGTTTATTGGAGAGTTTGTTTGGAACTTCGCCGATTTTCGGACCGCGCAGACTATTACCCGCGTGGGCGGCAACAAAAAGGGAGTCTTTACAAG
GAACCGACAACCCAAAGAAGTGGCTCACATTCTTAGGCGGCGGTACTTCGCATTAGCCAAGGAGTTGGATATGTTTGGGCTGCCTGAGGATCTCA
CTGTTTACATTTCCAAGCATATCCATAACGAGCTTTGA
(SEQ ID NO: 194)

Start ATG: 68 (Reverse strand: CAT)

MKSHWMPVTCLLLGSLQVLLAYTENDFLVNANRKELTDSPLFEYDNVRKPTPTKGLLYPRDSETREVRSLDGMWQLVRSDPYDPLQGIREKWFMD
ALRKTGREIISMPVPASYNDITTDNLRDHVGTVWYERTFFVPRSWKTMQRTWLRFSSVHYSAVVWINGRNATSHSIGHLPFESEISGLLSFGGDN
RITVMCDNRLSNRTIPQGSVYKVATDDGTVPIQSYTFDFFNYAGIHRSVHLYTTPLLHISDLEVTTQLTKEGLGRIDYRVWLDASKEGLQIQPIQ
LRVQLRDKDGHVAAQQINKAVYHGTLLVPNATPWWPYLMHSDPGYLYNLQFELFVASNEKELESLQDTYRLPVGIRSLSWDNDSLLLNGKPLYLR
GFGRHEDSDIRGKGLDNALLARDFNLLKWTGANAYRTSHYPYSEESMQFADQHGIMIIDECPAVNIDIFEPQLLENHMSSLEQLIHRDRNHPSVV
AWSVANEPRSNKQGALKYFEFLVNYVREIAHGRPLTAAINANSSSCHLAQFLDIVGFNRYNSWYQNSGRTDMILNLLTIEAQSWRDRFGKPVIQF
EYGGDTMEGMHSLPAFIWSEEYQVELFSRHFKAFDELRGRGWFIGEFVWNFADFRTAQTITRVGGNKKGVFTRNRQPKEVAHILRRRYFALAKEL
DMFGLPEDLTVYISKHIHNEL*
(SEQ ID NO: 195)

Name: BETA-GLUCURONIDASE PRECURSOR
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384244
TCCTGCCGGTCCAGTGTAGAATTTATGTTAAGGGCATCCGCCCCCTGAAAGAGGCTTATACCTGGCGTGTTCATATTCGGCTAAGGGGACGCCAC
AAGCATCAAATTCAAATAAATTCCGAGGCGCAGGCGCTATTTTCGTAGGCAACTCTAATTTTCTTCCTCTTGCTTCTGTTGACACTTTGACATTA
ACATAGTAACGCGTGCTGTTAAGTGCAGTAAGCGCTTCTGTAGCGAAAACATTGCGTTCACACTACATACAGTCTAGAAGGGAATTAGGTTTTTA
TTCTATACTTGTACATAAACTGTAATTGTTAAATTTAAAAATAAATATTTTCCCAAAAAGTTGCCGATATGTCGAAAAGATTGTGGCCCCGACAA
TAGACCTGCCAGGCATACACAAGCTTGAAGATGATATTGTATGTATGTATTATCATGCCAACTATGGTTCCGTCGTATCATTGATAGGGGGAGCT
GTTGTGCATTGCAGAATGCAGTAGATTTGCTATTGGAATATACATACATATGTATGTCGTGTTAGTCCAGATGACAGGTATGTATTTTCAGACAC
GGCCAGTAATTTTTTATAGGATCACTTTATAGAAAGAATTTCTTCTACCTTTCAAATACATTTCAACGAATCGAAAAAATATAACTTGCTTTTTA
ATTTAATGGGAGTCCGCTCATTTCATAATATCGAACAGCTAAAAAATGTTACATTTCAAAGATATTCTAAAAATATGAATACCAACTAGACTCCA
GCAGGATAAAAATAAATCGCTTTAAATTGTTAACCGGCAATTTGTACCAGAATTTGCACATACATACATATGCATATATGTATGTATATATATCC
TAACACCGTTTTAGAAGAAAAACTCAAATGGATTGTTTTTAATTTTTATAATAAAACTTATTATTCAGTTAGTGTTGAGTGTCCTTGTTGCAATG
CAAAAACAACAGCATACTTTCTTTTTCAATTTTTTTCATTTTTATTAATTTTATACAGACTGTCCATTCATAAACGCACTTATATTGGGACATTT
ATCTAATTTCTCGGGATCTATTTGGAAAACCTTGGACAAACGTTTCCAACTTTGCGCATCAAAGTAGTAGAAGGTGCCGCGCTCTTTTGTACCAT
TTTTTTCATATTGATCAATGCCAGGAATTCGAGTTATCCATATTTTCTCCTCCACGTGGTATCGCCACTCGCGACTATGCCTGCGATGGGAGCAG
AATTTTAGTATATATGTATGTTCTATATATGTTCATACGAAGCTTAGATAATAGCTACGCAAGAGGAAGTACTCACAATTCAGCAGCTGCCATCA
ATTGCATCATATCGCCGATGTTCGTGTAAAAAAGGAAAAAGAGCAGGTCTTCTTGCAGCTTTTTCAGTACCGGCGCTGTTAGTTTGTCTCTTATC
GCAAAGTTAATCAGATATTCGGGTGGCACGTTGAACTCAACGTCTTGTGCTCTGAAAAAAGTAAATGCAAATCCAATGTTACTAATTTGGTACAC
CTCTTACTCAATAGTACTCAATAAGCAATTAAATTATGTAAGTTTATTATGTAAACTGACCTGCAGGGCTGTGCTACGAAGGGGCCAGCGAAGGT
TGTATGCAAGCTCTCCTGCGAGTTCAGGTTCAGGCCTAAACCCGTGAGATCCGTACCCAAGGAGAGCGTCACCAGATTGGGATCCGTTTCTGCAG
CCCGAATGAACGTCAGCAGGCCAACCATGCCGAACTGGTTGTTCACCATGGTCGCTGGTATGTTTGTGACCTTCCCTATTTATGCAAAACGAACG

AAAGGTAAATTTGTTACATTTTTAAATAAATAAAATATTTCATGGTACTATTATTTCTGGATAAAATGGGTCAAGGATAGTATAGCTGTTGGGCT
TTTGTGATGTACACCGAAATCACCGAATTATAATATGAAACAAATAATAATAGAAACCAAGAAATCCATTGATTAAATGGTATCAATCATCCATA
GAGTGTTCAATTCAAAGCTCCAAATGATCAAAAGGTCAAAAATAGCTCTCTCACATGTTGTGAGAAGTGTTCCAGCACTCACCATCTGGCGAAGT
TTGCACGCCGCTCTTTACAAGTTTATCGTTGCTGGAATTATCGTTCAGATGCTCGCCGCCCGCTCCGCTCCCAGACGAGCCGCTTCCACTCCCCA
GGCCGCCGCCTACGCCCATCATGGCATTGCTGTTGGGTACGCTGTTGACGCCGCCAATGCCGCTGTTACTGCCCACCAGTCCTACATGGGACCCG
CCGACAACGCCGCTGGCTGCATTGCCGCCGACTCCTCCGCCTCCTGAGCTACCAGCTCCTCCGCCGCCGCCTACTGCCAAGCCCCCTATACCACT
GCCAACGGCACCGAGACCATTGCCGCCTACAACGCCGACGTTGGAACCGCTGCTGCCGCTCGCTGATCCGCTGACCACTATCGAATTCATCGGCT
TTTCCGTGCCGTCCAAGTGGTTCTCTGTGGACGCACCTCCGGAGCCTCCTGTTCCGGCGACGCTCCCCACCGCGTTCGTTGTGCCGTCCGAGTTT
TGGGTGCCCGGTAACGCAGGGAAGTCCTCGTTAGACATCGTGAACTCCGATTGCTCTGACGTCGGTTGCTTCACCATGCCAACTGAAATCAGAAG
AGGAGCGAGATGGTCGCCCAGGGCGAATGAGTGAAGCGAAGAAATTAGTACTAAAGCAGTTTAAGCTCATACAATACACACGATTTTAGTTAATT
TCTTTTTCCTCAACCAATTAAAATCAATGAGTAGGTCCAAACAGCATTTGTTCAAGGTTTTAAGACATGTTACTGTGAATTTAAAGTTATCCTTC
ACCTATATATGAACTTATAAAAGGTTAAGTCGCTTGCTTTATGTGAACAGTTTCTTTTTATTCATTGATCATGTTTCAAAGTAAATGAGATTGCA
TATAATAATATGTTTGGAGTATAATCCGGAAACACAATTTCATTTCAAACTCTAAATTGCAAAAGCTCTTCATGGAATCAGAAGCCCGTATTCGG
TTGGACCAACGTAGCCAAAGTAAATGTCCTTGACTGAATCTAGTTTTTGCAGCGTTTGCCATACCCAAACCAACACCCGAGGTTAGTCCCAAATA
CAGCGTAGCATATCTAAGTGGGCTTAATGAGCTGATCACGAGACACCACGCTTACAACCGATTCTTAATCGTAGTTTTAAAAACAAAAATAAATA
AAAAGAAGTGGATTTTGATTTGAACTCACAAGAGGTAAAGAAATTACCATAGGGTTTGCTGCCCGGCGGCTGGAGCGGATTCGATTGGGGCAGTG
TCTGGTCGTTCTGGCCGCGCGCATTCGTCAGCGAGGGGAACTCCGTGGGATCGAGCAGGGCAGGCGTGGAGGTGTCGCTACCACCGCCGCCGCCG
AACACGTGGAAGTTATTCAAAGGACCGCCACCGCCTCCGCCCGTTCCGTAGCCGCCGCGACCCGTCTGCATGAAGTTGCCCATGTTCGACTGCGG
AAAGAGATAATGATTAGCCAAGTCTTAACAATTTATTTTTAGAATTAGGACTGACATCTCCAACTCAATCTTAATAGAGGGTATATTTTTTATGT
AATGTGAAAGCATTTGTAACTTCTGAAATTAATGTATATTCCGTTGTATCAAAAATATTTCCTTTATATAAATCTGATCGATCAGCGATACGATT
CTCTGATGCAATCCGAAGTATTGAAGTACTAAACCCACAGTCAATGGATATAGATATTGTTATATGTTTTACTTTGAGTATCTTGGACAAGACCG
AGTTGGAGGAGTTAGACTTTGTTGTAATGCCGCGCTGCTTACCATGGGGCCACTGCCCAATCCTTGCATGGCTCGCCGCTCCACAAACTGACGCT
GGCCGAAGAGGTTGGCGTTGCGGTTGCCGCTCGAGATGGCGGGTCCGCCGACCGACAGCTGGGCATTCCGGTTCGGCGACAGTTGGGGCTGCTGC
TGCTGTTGTTGCTGCTGCTGCGGCGCCTGTCCGTAGTTCGCCGTTCCTGGATAGGAGTTGGCGAAGTCTAAGGCAACAAATGTGAATTGGTGCTC
CGTCAAAAGCTTTGGGCGACAAGTGCTTACCGGTTTGAAACATGCCCGACGTGGGCGTCACATGGCCAGCCAGGGAGCTACCACCGAATCCGCCT
GTTGTCCGGCCAGCTAACGCCGCGTTCGCTATACTTCTCGGGGGTTGTTGAAAATTTAAATTCGCCATAATCTGCAATGGAAGGGGTTGTCGGTT
ATTAGGCTGTGGCCTTGCTTTGCTTATCTACCCATAAAGAAAAACCCATATCGTATCCGCGTCGACATCGAAGTATCACTTAAGCAGTAATCACT
TAAATGTAATAGTATAGGGATTTCCTTTTGGCAAAAACAAACTAATATATATTTATTTTGGAGATTATTACGCGTTATATAACATTACGGTTAAT
ACGAGCAATTGGGAATATGCTGGATGATTCGCAACATAAATTCTCGAAGCCATCTGCGCAGCAATCAGAGAACTGCTGTCAAATGTCTGAATCAG
GGAAACTCTTCGCCCATAAACAAGGGTTTACAATAAAAACTGTGTGATTCAGTGGAGGGGGACTATATTGATAACAAATTGGCTCCCCGCAGATA
ATTGTCGCACACTAAATGCGAGTATATGCGTATTGAGCAAACAAACCAACAACCTTGTGGGTTAGCAGCCTGGAGCCATATATATGAAAAGGTTA
TCTTAACGGCAAAATGGGATCCCAAAAAAGGGCCACCATCTATAGTATATCTATAAACAAAATAGCCCGCGCCAAGTGAATCCGTTAAATGGCCG
ACGCATCAGCTGTCGATTGGCGAAGCGAATTCGGACAGCAAACAGAGCAGAAGGAGAAAAGGAGAGCAAATTGAGAGGCAGAGCAAGGAGGTGGA
GAACGAGAAGCATGGGCAGAAAGGCTGTGGCAATTATTGCCGTTCCTCTTTGTCGTGGGCACACTCATGCACAGACCGTGTGGATAAGATGGAGA
CCAAGACAATGGCGATGGTGTGGGTGAGAAAACCAGAATGACTGCCACCAGGGTGCAAGGGAGTGGGTGGAGAGCGGGGCAATGCAAAAGGATAT
AAGCCTCAACTTGTCCCTCGATCAATTATGCAGGCAGTGGTCAGTGCAGTGCAAAAGGTGTACAGTAAAAACAGTTAACATTGTAAAATACAAAG
CTTTATACCTTATCTCCACTACTGGCCAAACCACTACCGAGTTAGTCGAATTTCGTTTACTTCACTACGAAAGCTCCAGTTAGGTTTTGATGCTG
CTTGCTAGTACCATAATATGTAAATAACCCTTCCTATGGTAAAGACCGGCTTTATCTTATCGAAACTTCAACGTGCGCTGAACTCGCCTGGAATG
CAAGATATACTAGCACAGGATGCCAGTGCATTTAATTTGAAAGGAGCAAATCTTCCTGGAATACGGGAGCTGTCGATTAAATTGATGTTTTACCT
GCACGCATGTAACTTTATCAGCTGACCTAACAGACGCTTCCCAACACTGGCGACCGCGCTTACAACAAAATTCAATGGCTAGCGTTAACTCTGGG
GACAAGTGTTTAACCAACCATTTAACCTCGGGCGATTCAGCAAGTACAAAATAAGAACGACGGATCCGAAAGGAGGAATGCGCGCAACTTACCTA
AATTAACGTTAGACGATACTGTCGCTTCTTGTTCTTCCACTGTTAACGCTCGCTTTCCACTCTGTCCAGCAACAACAACATACACTGATCGAATC
GTTCTCACCGCATTTAACATTCCAAAGCGGCCGGCGGGACGAGGACGTAGGAGTCGTTGTCCTGGCGCCGTAACCGTAACTGTGACGGATCACGG
ATCGGCGAATCAGCAGGAATATGAAAGTCCGCTAACTCCCACTGGGCAGCTGTTGGTTAGCTGTGGGTGTCTCGGTCACTAGCACTCACTCGCTG
GAAGCTGAAAGGATGCAACGGAGAAACGGGAGCTGGAACCGTAGCGGGTGTAGGAGCGGGAACGAGGTTAGTTAGTACTTTTCCGCGCCGAGTCG
TCCCTAAATAAATGGCATATATACCGCTGTGCGTGTGTGCATATGTATATGTGCCTCGTCTGTATGCAGCGTGGTCTTCGTGCCGAAGAGACAGC
GAGCGAGAGAGAGAGAGAGGAGAGGAGAGTCGAAGGATGTTGATGCCTGGCGGAGGCTAAAAGTTGTCCGTTTTTTCTGCGCCGCTCTTGCGA
CCACTGTAGTTTCTATATTCACGCTTATGCAAATGTCGCGCACGTTACACTCGGCCGATTGGATTGGCCAGGGCTCTCGCTTTTTGTTAATGTTT
CCGTTTTGTATTTTATTTGTAAGTAAATAATCGCTCGCTATTGCGCTGTTGTCTCTGCTTCTTACTACACTGCTGCACAAGCACTGTGTCTGTGA
CCCTGTGCGTGTGTTTGTGTGTGTGTCTGTCTTTGTTTTCTCAGTTCATTGAAATTTCACCCGAAGCAGCGAATTGGGCAAATTCCCTGCTAGAT
TTGCGCGTCTTTTACGCCGCCGACCCGCAAATGCACTCGAACTTAATGGAGCCGGGTCCTTACGATCCACTATCGAGGGGCAGTAAACAATTCTT
TAGCGCCCGAAATGGCTTTAAATTGTACACAAAAAATGTTCCGCAAAAAACTTTGTGGCTGTCACGAATACAAACACACAAGAATTAGGGATGTA
AAAATCTGCTATCGAGACAGCGTTGGTATCGATAGTAGTTAGTTTGCAACGAGAGGGTTTGGTGCATTGATTACTGTATATTTCAAAGAATATTC
GAATTGTTTTCTTTAAAGACAACAATTTTATTCGCCTTTGCGATTGGTAAAATAGTTGTTTACTTTTAATCGATAGACAAAAACAGTTATTGGGC
TGCCATCTGGGGCGTCTATGCGAAGACCTCTTTGCGTATTTCAGTTATCGATTACTGTGACAGTGCCTAGACCTCCTAAACTCAACTTTATTGCC
CGGCCGCGAATTGTCTTGATTGCAGATTTTCCGATTTTAAACAAAATTTACTTGGCATTATGGGCAGCCAAAACTCGGACGACGACAGTGGTGAG
TGGCTAATGGCTAAGTCCAGGCCTGAGTAACTAATATTTACACTGTTCACATATGTATGTAGGTTCATCCGGTTCGAGTCGAAGTGGAAGCCGCA
GTGTCACGCCGCAAGGAGGTAGTGCGCCCGGGTAACTATTTGATATTCAAACACGGCGGCGGGAGAGTGCTGATTACCTTCCCCTCGTTTTCCAG
ATCCCAACGCAGTCGCAGGTCGGGTAGTGGCAGCGATCGTTCCCGATCGGGCTCCAGGTCTTCCCGATCCCGGTCCGGCTCTGGGTCTCCGCGTA
GTGCCAGGTCCGGGTCTGCAGAAAGCCGCCACTCGCAGCTGTCTGGCTCCGCTCGTAGTAAGAGATCAAGATCTGCTCACAGTCGCAGGTCGGGA
TCTGCGCGTAGCCGTAAATCTGGAACTCCGGAATCTCCACAAAGTCACAGATCAGGTTCGTTGCAAAGTCGCAAGTCAGGATCGCCTCAGAGTCG
TAGATCTGGTTCTCCCCAAAGTCGCAAATCGGGATCTACTCACAGCCGCAGATCCGGTTCGGCCCACAGTCGCAGATCGGGATCCGCTCGGAGTC
GCAAATCTGGTTCGGCACA
(SEQ ID NO: 196)

Exon: 6714..5698
Exon: 4248..4116
Exon: 4057..3843
Exon: 3509..3278
Exon: 2647..2078
Exon: 1785..1581

Exon: 1476..1312
Exon: 1220..1001
Start ATG: 4248 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT7034
TGACAGCCACAAAGTTTTTTGCGGAACATTTTTTGTGTACAATTTAAAGCCATTTCGGGCGCTAAAGAATTGTTTACTGCCCCTCGATAGTGGAT
CGTAAGGACCCGGCTCCATTAAGTTCGAGTGCATTTGCGGGTCGGCGGCGTAAAAGACGCGCAAATCTAGCAGGGAATTTGCCCAATTCGCTGCT
TCGGGTGAAATTTCAATGAACTGAGAAAACAAAGACAGACACACACACAAACACACGCACAGGGTCACAGACACAGTGCTTGTGCAGCAGTGTAG
TAAGAAGCAGAGACAACAGCGCAATAGCGAGCGATTATTTACTTACAAATAAAATACAAAACGGAAACATTAACAAAAAGCGAGAGCCCTGGCCA
ATCCAATCGGCCGAGTGTAACGTGCGCGACATTTGCATAAGCGTGAATATAGAAACTACAGTGGTCGCAAGAGCGGCGCAGAAAAAACGGACAAC
TTTTAGCCTCCGCCAGGCATCAACATCCTTCGACTCTCCTCTCCTCTCTCTCTCTCTCTCGCTCGCTGTCTCTTCGGCACGAAGACCACGCTGCA
TACAGACGAGGCACATATACATATGCACACACGCACAGCGGTATATATGCCATTTATTTAGGGACGACTCGGCGCGGAAAAGTACTAACTAACCT
CGTTCCCGCTCCTACACCCGCTACGGTTCCAGCTCCCGTTTCTCCGTTGCATCCTTTCAGCTTCCAGCGAGTGAGTGCTAGTGACCGAGACACCC
ACAGCTAACCAACAGCTGCCCAGTGGGAGTTAGCGGACTTTCATATTCCTGCTGATTCGCCGATCCGTGATCCGTCACAGTTACGGTTACGGCGC
CAGGACAACGACTCCTACGTCCTCGTCCCGCCGGCCGCTTTGGAATGTTAAATGCGGTGAGAACGATTCGATCAGTGTATGTTGTTGTTGCTGGA
CAGAGTGGAAAGCGAGCGTTAACAGTGGAAGAACAAGAAGCGACAGTATCGTCTAACGTTAATTTAGATGGCGAATTTAAATTTTCAACAACCCC
CGAGAAGTATAGCGAACGCGGCGTTAGCTGGCCGGACAACAGGCGGATTCGGTGGTAGCTCCCTGGCTGGCCATGTGACGCCCACGTCGGGCATG
TTTCAAACCGACTTCGCCAACTCCTATCCAGGAACGGCGAACTACGGACAGGCGCCGCAGCAGCAGCAACAACAGCAGCAGCAGCCCCAACTGTC
GCCGAACCGGAATGCCCAGCTGTCGGTCGGCGGACCCGCCATCTCGAGCGGCAACCGCAACGCCAACCTCTTCGGCCAGCGTCAGTTTGTGGAGC
GGCGAGCCATGCAAGGATTGGGCAGTGGCCCCATGTCGAACATGGGCAACTTCATGCAGACGGGTCGCGGCGGCTACGGAACGGGCGGAGGCGGT
GGCGGTCCTTTGAATAACTTCCACGTGTTCGGCGGCGGCGGTGGTAGCGACACCTCCACGCCTGCCCTGCTCGATCCCACGGAGTTCCCCTCGCT
GACGAATGCGCGCGGCCAGAACGACCAGACACTGCCCCAATCGAATCCGCTCCAGCCGCCGGGCAGCAAACCCTATGTTGGCATGGTGAAGCAAC
CGACGTCAGAGCAATCGGAGTTCACGATGTCTAACGAGGACTTCCCTGCGTTACCGGGCACCCAAAACTCGGACGGCACAACGAACGCGGTGGGG
AGCGTCGCCGGAACAGGAGGCTCCGGAGGTGCGTCCACAGAGAACCACTTGGACGGCACGGAAAAGCCGATGAATTCGATAGTGGTCAGCGGATC
AGCGAGCGGCAGCAGCGGTTCCAACGTCGGCGTTGTAGGCGGCAATGGTCTCGGTGCCGTTGGCAGTGGTATAGGGGGCTTGGCAGTAGGCGGCG
GCGGAGGAGCTGGTAGCTCAGGAGGCGGAGGAGTCGGCGGCAATGCAGCCAGCGGCGTTGTCGGCGGGTCCCATGTAGGACTGGTGGGCAGTAAC
AGCGGCATTGGCGGCGTCAACAGCGTACCCAACAGCAATGCCATGATGGGCGTAGGCGGCGGCCTGGGGAGTGGAAGCGGCTCGTCTGGGAGCGG
AGCGGGCGGCGAGCATCTGAACGATAATTCCAGCAACGATAAACTTGTAAAGAGCGGCGTGCAAACTTCGCCAGATGGGAAGGTCACAAACATAC
CAGCGACCATGGTGAACAACCAGTTCGGCATGGTTGGCCTGCTGACGTTCATTCGGGCTGCAGAAACGGATCCCAATCTGGTGACGCTCTCCTTG
GGTACGGATCTCACGGGTTTAGGCCTGAACCTGAACTCGCAGGAGAGCTTGCATACAACCTTCGCTGGCCCCTTCGTAGCACAGCCCTGCAGAGC
ACAAGACGTTGAGTTCAACGTGCCACCCGAATATCTGATTAACTTTGCGATAAGAGACAAACTAACAGCGCCGGTACTGAAAAAGCTGCAAGAAG
ACCTGCTCTTTTTCCTTTTTTACACGAACATCGGCGATATGATGCAATTGATGGCAGCTGCTGAATTGCATAGTCGCGAGTGGCGATACCACGTG
GAGGAGAAAATATGGATAACTCGAATTCCTGGCATTGATCAATATGAAAAAAATGGTACAAAAGAGCGCGGCACCTTCTACTACTTTGATGCGCA
AAGTTGGAAACGTTTGTCCAAGGTTTTCCAAATAGATCCCGAGAAATTAGATAAATGTCCCAATATAAGTGCGTTTATGAATGGACAGTCTGTAT
AA
(SEQ ID NO: 197)

Start ATG: 1018 (Reverse strand: CAT)

MANLNFQQPPRSIANAALAGRTTGGFGGSSLAGHVTPTSGMFQTDFANSYPGTANYGQAPQQQQQQQQQPQLSPNRNAQLSVGGPAISSGNRNAN
LFGQRQFVERRAMQGLGSGPMSNMGNFMQTGRGGYGTGGGGGGPLNNFHVFGGGGGSDTSTPALLDPTEFPSLTNARGQNDQTLPQSNPLQPPGS
KPYVGMVKQPTSEQSEFTMSNEDFPALPGTQNSDGTTNAVGSVAGTGGSGGASTENHLDGTEKPMNSIVVSGSASGSSGSNVGVVGGNGLGAVGS
GIGGLAVGGGGGAGSSGGGGVGGNAASGVVGGSHVGLVGSNSGIGGVNSVPNSNAMMGVGGGLGSGSGSSGSGAGGEHLNDNSSNDKLVKSGVQT
SPDGKVTNIPATMVNNQFGMVGLLTFIRAAETDPNLVTLSLGTDLTGLGLNLNSQESLHTTFAGPFVAQPCRAQDVEFNVPPEYLINFAIRDKLT
APVLKKLQEDLLFFLFYTNIGDMMQLMAAAELHSREWRYHVEEKIWITRIPGIDQYEKNGTKERGTFYYFDAQSWKRLSKVFQIDPEKLDKCPNI
SAFMNGQSV*
(SEQ ID NO: 198)

Name: Regena
Classification: transcription_factor
Gene Symbol: Rga
FlyBase ID: FBgn0017550

Celera Sequence No. : 142000013384812
ATCTTAAAGGTTGCTATATTTAAAGGCAAAATCATATTTCACATACAAGGCCAGTTGAAAAATTCAAATCACTTGAATGATTAATGGGTAAATGG
GCAACCTTTTTCAAGTAGAGCCTAAGCCAAGTACTACCATTTAATAACAACTTGTAATTAATACGAAATGTTCTCTTTCTAGTTATTTTTGAAGT
GTTTTCCGCGTGGGTTTACAGAATCGACATTTACGGCTCATAACCCACTGCACTGAAATGACGGAGTATTTGTGCTTCCCGATAGCCATTAGAAA
GTGGAGCTGGTAGGCGGGGAGGGTAGTGTGGGGTGTTGCAAGTGGGTGGCTTTTGGGCGACTGGGTGGTGTGGGAGGTGTCAAGGGCGCGATAGC
TCTTTGACAGCCGGGAAAGCGGATATGGAGTGAACGACAGGTTTTCCCTCAGCTCTTCCGCCTGGTAGTTCGTGTTTATGTAAAATTAATTTGAA
GCTTTTAATCAAATATTAGCGGCAAAAAATGCTGCGGAGCTTGGTAGGAAAAACTGAGCCACAAAGCAGTGAAATTAAATACTTAACCTACTTTC
AGCAGTCACTTTATGGACAAAATAAGAACTTATTCTCACGCATTAGCATTGTTTTAAGAAAAAAAGAATTTGCCTAACTAAAACACCAATTTGCG
TTTGTAGCAACTTATTGTTCCCTCAAAAACGTTAATATAAAACTAAAACCGCACTGTAATAATGATGATACATACTAAAAATGTGAAGGGAAGAG
TTAGTGATTGAGAAACGATTTATTTACTTTTACCACTTGTATTATTTGCTTTTAAAAATATCTACCGCGTAAGTATCTTACATTGTAAAATAAAT
GTAGGAAATGACTGATGTTATCGATTATTTATAAAATTCAAATGTTTAAGCTTTCGCGCGTAACATGGTATTTTTTAGGCAGTTATTCGCGTCCT
CGGATCACAATCTGGTAACATCGAAAGTTCTAATTTTGTTTGTGTGCGTGCGACGTCGGTTTTTTCGTCGTCGCGACTTTTTTAAAATAAACTGG
AGGCATTCGCAAATAATTTAAGCCTAATCGATCAGGAATTCGTACATAATGTCGGTTGTGATATCGAGCTCTTTGTCAAGAAGCGCTTGAATCGT
GGGTAAGAATAAAGTCGCACCTACAAAATGAACGAATTAGAACTTTTTGCCACGAGAATAGCAAGTGCATATGTGTGGGTGTATGTTAGTGTGGG
CATTTGTGTGTGTGTCTGTTGTGGTCTCTGAATGTGTGAGTGAAGGAGAAGGAAGTAGAGCTCCCCTTATTTCTCCAAAAACAACAAATACAGAG
AGTAAGAAGGAAAGAGTAGGAGAGAGAATAACTTGTAACAAAGTACCGTTACAACAATGGTAATACGGAAATGTGCAACAGAGAAACAAAAACAA
CACCAACAACAACGAGAAGTAGTACGAGTTTTGTGGGCCTTTCGTGCAGATACCACCAGTTTTCCCCCACCCCTCCCCGTCTTTTTCTGCACAAT

TTCGAGTTTTCCCAGCTGCGCCACAGCAACAACAACCACAACAACGAGAGCAATTGTGACTTTTCCGCATTGCAGTTGCGCCAACTAACACCGAT
TTTTTGATTTGGGGCTTCGTGCCTAAGCGCTCTTCTTGCATTCAGCCCGCGTTTAATAAACAATTAATCGTCAAGCAATAAACAACAGCAAGCCG
CGCATAGAAATTTGAGCTTTTTCAAAATATTACACCATCCGATTACATAATATAGTTTACAAGTCGTGCTTTGCCGTTCCGTTTTGTTTCGCTTG
TTCGCCTTCTTCTTGAGGTCGTTTCTTGTGCTTCCTCTTCCAAGTGAGAATTCCCAACAACCTGTTAGAAGATTCGGTCCCATTGGGCGGCGCTC
TAGCTGGGTTTATGCGGGACTGTAATCAAGATCTATCAATGGAACTAAAAATTTAATTATAGTGTGTTAACAATCAGGTAGTAAACAAGTTAGCA
TTAGAAGCACATTCTAAAAAAAAAAAAATGGATTTACCTCTTCATTTTTAACACGGCTTTTATGAATATATGATTCATTTTTATCATACGAATTTA
GTATCTAAGCTCCCAAATGTATTTCCGCCTGTTTTGCCTGTGCTTATCAGGAGTGTTTTCAATTCGCCTAATTATCGTTAATGGAGTTCCCGCAT
AAACGACTCACTATACACGCACGCAGTCAGCGAATTGAATTGATCGATGGTTTGTTCACCTTCTCCACCGCTTTCTTCCGCAGCGTTCTGCTCTT
TCCACCTGTGGGCAACTACCGCCGTTATCTCATCCACCAAACATGTGAGAAATACCGCCAGCAGTACGATCTGTTCACCTTCTCAGTGGGCCAAG
GGCCGCAGCGGCGCACCGTCCTCTGCTTTCGAAACCAGCTTCTGGATCCCAGCGGCTTTGAGAAGTGAGCATCTGATATCTGACAGTAGATTATT
GTTCATTTCAATTTGTCGTTAATGCACAATTAACAGCCGCAAGCAGCAGCAGAGGGAGAAGGATAGAGAGCGAGAGGCAGCGAGGAGCTGGC
GGAGCAACAACAATTCGCACTATCACACGAACGGCAGAAGCAGCAGCGCCAGCAGAAGAAGCGCCACGGAGCTCTGTAAGATGGGCGTTAAGAAG
CATATCAGCGAGACTCCATGTGAGTAAATGGCCCAAAGCAAGCTGGCCGTACATATAAACAAAGGCTATCCCCTGTTTTTTAATCACATTTTGGA
GCGATGCGTTTTTGGCTCCCCGTTTAGCAAGCAGTCATAAATTTAAGTGTTCGCAAATACGCAAAAAGAAGCCAAACAAAGAAATCGAAAATGTA
ACAGGGATAGCGACGAATATGAGAATACCCAGTAATACTGAAAATTAATTCACATATTTATCTATGTACATTTTTGCCATTAAATTGCACAGTTG
TGTTAGATACCCAGCAAATTGAAGCATTAATGAGCTTTCCAATCAGAAGTAATAACTAAATTCCGGCCAAGTGTATAGCAAACAGGTAGATTAAC
TAAAAATAACCAGATGCGCCAGCTGATCGACGTCGGCAGCGCCGTTGCCGTTCATTCAAGGTCGCCCTCTTTCTCGAGCGGATTTTTTGGTGATG
TTGCATCACGGCTCACCTCACTTCACTTCACTTGGCTTCACGCAGGTAGACGCTCAACTGGTCGACCGCTGCGCACGCTCACCAGCTCTGGACCG
CCCCCGCAGCCCCCCCTTGCTGCCTGGGATCCACCTGTCAAGTTCGTGTTGACATTCACGAAAATCGGGCATAGAGCGGATCGTAAAAAATTGGG
TCGACATGAGTGAATTTTGCTTTTAATTTATTTTATGCCGAATCCGTTGCTTCACCTTAGTCTCTATTTTATTCGTTTTGTTTTGAGCATTTGCC
AACTATTGTTGCTAATCGTCTGCTTAGCTCTCCCATTTGGCGATCTATCTTCGTATCATGTGAAGTATCTCACATTCGGCATCTTGTGTCTCTTT
CTCAATGTATCTCATGGATGGCGCCTTCTCTATCTGTATCTTGCAGTAAGCAAATCGAATTCGGTGGATTTATACAGGCCGCCAGCGTTGAGGAA
CAATAGCAATAACAACAACAGCAGCAGCGAGGAAGCAGCTGCAGTAAACGAAGCTATAACAACACCATTAGCTGCAGGAACAGCAACCACTGCAT
CTACAAGTCCTACCTCCAAAGAATCCCCAAACAGGTAGGTAAATCGATTTGCAACCCATCAAAGTTAGGAATAGATCATAAACTGCGTATATACC
TCTAACGAAACTGTTGATATTCTGTCGTGAGCTAATCTCGTTACCTCGTTTCCTTCACCGTTTATTATTATTATCTCTGTTTTGCTCCGCTCTTT
CGTAGAGAGGCGGACGCCTCAGCAGCAGCAGCGGCGGCGGCGACACGACGTGAACGCCGTCCCGATCGAGCGGTTTATGTGCCAAGGGCACGACG
CAGTCAAACTACACCACCGACTACTACAACAACAACAACGGCGGCGGCAGCGACAGCGGTTGCAACAACATCACCACCAGCAGCAGCAGCGGTGG
TCGCAGCAACAATTACAACAGCGCCGGATTCCCCGCCAGTTGCAGATACACAGCCGAGCAAAGCGGACGACGTCAACGGTCAGCCGCCGTCCAAG
TCGAAGAAAAGCAAATCGCATCGGGAGCGCAGAGAACGCGCAAAGAAAACGACAACAGCTACAACGGCCGATAACGCCACTGTACTGGTTATATC
AGCATCTGAGAACGATACTCAATCCAACGAAGAACACCGACCGGCAAAGCCAGCGGACTGTGATAAGGAGGTGTGTGTACTAAAACAAGACAAGA
ACGTATATAAGCGAATCTAAAGCCTATGAATTAGTTCTTATTAACAATAATTGTTCAGCGTAGCGCCATTCTCCATCAGCAGTTAGAATTTTTTA
ATACACATTTTAATAGCTGACCTTGCCTTTCTAACATACAGATCATGAGCGGCGCCCAGCGTACAAAGCCAGGCAATGGCAACAAATCAGCCAGC
AATGGCAAAAGCCAGGCATCGCCTCCGCTGCGCATCGAGGATGTGGTGGCGGCCAGGAGCACCAATGGCGAGGAGCCGGCCAAATGTGATAACGA
TGTGCGCGAGCTGCAGCGAGCCTCAAAGGTAAGTTATGCCGCATGGAATCAGCGAAATGTTTTAACTAACTTCCAAACGATTGCAGGAAATCAAT
CGCAGCAATCGGCGCATCATGAAACAAACCTTCAACTCAGATGTGCTGGAGATTCCCGAGAAAATAGAGACATCGGCAACAAAGGCCATCCCCAC
ATCCCCGCAAGCATCAGCCACAGCGAAACCACCTGTAGACAGCACCACCGAAGACGATGACGAGGAGGACGAGGACGACTGGGAGAAGATGTTCG
ACGAGAGCGGCGACTGTCTGGATCCCAAGTTACTCCAAGAACTGACTGAATCCGTGGGCAAGTGCAAAATAGAGCTGCCCAAAATGGACTATACG
GTAAGTAGATATAACTGGTTAACCAGCATCATCATCAAATTAAACACTCTGTTCCACAATTCGTACAGGTCTTTCACATTAAACAACAACTGCTC
AACGAAGAGGAATTTCCGCACGTTCTGGAGGTGTCCAATTTCCCAGTGGAGTTCAAAACTCCCGACCTGCTCATGCTTTTCGCCCAGTACAGGGG
CAGTGGTTTCGACATCAAGTGGGTAGACGATACCCATGCCCTGGCTGTGTTCAGCAGTTCCCGCATTGGTGAGTGCCTACAAATGCAACCGGAGA
TTGGTTCGGTAATGAAATAGAACGTTTCCTCCGCAGCTGCTGAGGTGCTGACGATGGGGCATCCGTTTGTCAAGTTGAAGCCACTTGCGGAAGCC
ACTCTGGAGTCACGACTGAAGGCAAAGAAGGCCGGCGCGGTGTCAATGCAGCCCTATCGCCAGCGTCCGGAAACCTGCACGGCCTTGGCCCGACG
ACTGGTATCGGGTGCACTGGGAGTCAAGCTGCCCACGGCGCCGCAGGAACGGGAGAACGAGAGGCGGGTACTACGTGAAGCCAAAGGTGAGTGCG
GGCCATGTAACTAAACTGGGTCAAGGATATACTTGATTTGGAATCATTGGCGCTGCCTTCCCTTGGTCTTTTATTAATCTGCCTTATCTTTTTAT
TCAGAACGCAAACTGCTAGCTGCCAAACAGCGGGACGAAGTCTGGGAGAGCTAGACCGCGGCCCGGAAGAAGGCCAGGTGCATTTTTCTCACCCT
TTTCTCATCTGCAATAAATGCGGCAGCAAACACAACACCATGTGGATCGACAACAAGAAACACCACCATTAACGCCCACAAAAACAATTCTCAAT
CAAAGCTAACACAGTAAATGAGTAATTCGCATGCTAAGCAATGTACTTTTAATGTTCGCTTTTTGTGAAATTAACACAGACTTTTGCTCAATTTG
TTGTAGTTTTTAGAGGATGCAATGCATATTATATCATCTAGGCCGTAAGAGAGAAATATCTATATTTATTGGTCGTAGCAATTAAACGTGCAGAG
AGACGCGTGTACGTGTTGTTTTAACTCCAGCCGTAAACCTAATTTTTAAGCGCGAGCAATTTATATATTGATATACAGTTTGTCAAGAAACTGTT
TACACACTGTGAAATAAGTTGAATTTTTGACTTTAAAGCTAAAAATAAAGGGTTTTTTGCTTAATTAAACGCAATTTTTTTATAAAATATAATTA
AACAATATTTATTTTACTTATAAATCAAAAAACAAATTAAAAATATTAAATATACAAGAAAATAAACAACAAATTCCAAGTTTACACACTTTTGA
GACTGTCAAGAAACTCTTTACACAAAACACTAAATCGAAGTTTAATCCTAAATTTTTTAATTATTTTATTAAAATTTTAAAAGTTTTGGTATGTA
GTATGTTCCCCATTGGCTTTAGCTACAAGTTGAAGCCTTTTTTTCATGGATTGGACAAGTTTTTGCAGGTCATATTCAAACGGGATCTTTTCACA
CTCTTCGACTATTACAGTCATAAGCTGTTGTTGTGTTTTAGGTCCCTTTTTGCCACCTTCTTCTTTAAGTAGGTCCACAAATTTTCAATGGGGTT
CAGATCAGGACTCTGAGGGGGCGTATCGATCACTTTACCACAGTTATTAAGGCGCCAGGTGCGTACATTGCACTCTTTATGTTTCTGATCATGTC
CTGGTAAAACTTAAGATTTGGCTTGTTGTTGCTAACTAGCCCGAATTTTTCTGCACTGGCCTTCAAATTTGTTTTTTAACATTTCTAGATATTGC
ACGGCAGTTATTGTGCTCTCAATTAAGGCTAGTTTTCCCACTCCACGGGCTGGTGATACAGCCCCAAACCATCAGGTGACATTTTTCCAAATTTT
ATCGGTTGGAATGATATTTTGTTTTTCTAGCGCACTCAACGGTTTGCGCCATACTCTGCTTGGCCCGTCGTTATAAAAGAGCATCATTTTTGTTT
CGTCACAAAATATGACAGTCATCCCAGTACTCTTCCGCATGATCCATCATGCTCACAGCGAATTAATGACCGCTTTTCCATATTGGCATCTGATA
GCAAAGGGTTTTTCCTTGCAAATCTTGAAGAGTACCTATGGCGTAGGATGACTTGGCGCACAGTTTCGGTGTGACACAGTTAGGTGGCATTCTTG
CCTGATATCCAGAGCAAGTGATCTGACCGAGATTGCGGGGGTTCGCAATCACTATTCGCATAATAAAGCGGTCTACACGCTTTTTAATTTTAATT
TTCCGCCCACCACCG
(SEQ ID NO: 199)

Exon: 1001..1142
Exon: 2269..2439
Exon: 2507..2679
Exon: 3562..3739
Exon: 3901..4345
Exon: 4507..4683
Exon: 4742..5035

Exon: 5104..5293
Exon: 5357..5596
Exon: 5705..6330
Start ATG: 2646

Transcript No. : CT7070

CGACGTCGGTTTTTTCGTCGTCGCGACTTTTTTAAAATAAACTGGAGGCATTCGCAAATAATTTAAGCCTAATCGATCAGGAATTCGTACATAAT
GTCGGTTGTGATATCGAGCTCTTTGTCAAGAAGCGCTTGAATCGTGGCGTTCTGCTCTTTCCACCTGTGGGCAACTACCGCCGTTATCTCATCCA
CCAAACATGTGAGAAATACCGCCAGCAGTACGATCTGTTCACCTTCTCAGTGGGCCAAGGGCCGCAGCGGCGCACCGTCCTCTGCTTTCGAAACC
AGCTTCTGGATCCCAGCGGCTTTGAGAACCGCAAGCAGCAGCAGCAGAGGGAGAAGGATAGAGAGCGAGAGGCAGCGAGGAGCTGGCGGAGCAAC
AACAATTCGCACTATCACACGAACGGCAGAAGCAGCAGCGCCAGCAGAAGAAGCGCCACGGAGCTCTGTAAGATGGGCGTTAAGAAGCATATCAG
CGAGACTCCATTAAGCAAATCGAATTCGGTGGATTTATACAGGCCGCCAGCGTTGAGGAACAATAGCAATAACAACAACAGCAGCAGCGAGGAAG
CAGCTGCAGTAAACGAAGCTATAACAACACCATTAGCTGCAGGAACAGCAACCACTGCATCTACAAGTCCTACCTCCAAAGAATCCCCAAACAGA
GAGGCGGACGCCTCAGCAGCAGCAGCGGCGGCGGCGACACGACGTGAACGCCGTCCCGATCGAGCGGTTTATGTGCCAAGGGCACGACGCAGTCA
AACTACACCACCGACTACTACAACAACAACAACGGCGGCGGCAGCGACAGCGGTTGCAACAACATCACCACCAGCAGCAGCAGCGGTGGTCGCAG
CAACAATTACAACAGCGCCGGATTCCCCGCCAGTTGCAGATACACAGCCGAGCAAAGCGGACGACGTCAACGGTCAGCCGCCGTCCAAGTCGAAG
AAAAGCAAATCGCATCGGGAGCGCAGAGAACGCGCAAAGAAAACGACAACAGCTACAACGGCCGATAACGCCACTGTACTGGTTATATCAGCATC
TGAGAACGATACTCAATCCAACGAAGAACACCGACCGGCAAAGCCAGCGGACTGTGATAAGGAGATCATGAGCGGCGCCCAGCGTACAAAGCCAG
GCAATGGCAACAAATCAGCCAGCAATGGCAAAAGCCAGGCATCGCCTCCGCTGCGCATCGAGGATGTGGTGGCGGCCAGGAGCACCAATGGCGAG
GAGCCGGCCAAATGTGATAACGATGTGCGCGAGCTGCAGCGAGCCTCAAAGGAAATCAATCGCAGCAATCGGCGCATCATGAAACAAACCTTCAA
CTCAGATGTGCTGGAGATTCCCGAGAAAATAGAGACATCGGCAACAAAGGCCATCCCCACATCCCCGCAAGCATCAGCCACAGCGAAACCACCTG
TAGACAGCACCACCGAAGACGATGACGAGGAGGACGAGGACGACTGGGAGAAGATGTTCGACGAGAGCGGCGACTGTCTGGATCCCAAGTTACTC
CAAGAACTGACTGAATCCGTGGGCAAGTGCAAAATAGAGCTGCCCAAAATGGACTATACGGTCTTTCACATTAAACAACAACTGCTCAACGAAGA
GGAATTTCCGCACGTTCTGGAGGTGTCCAATTTCCCAGTGGAGTTCAAAACTCCCGACCTGCTCATGCTTTTCGCCCAGTACAGGGGCAGTGGTT
TCGACATCAAGTGGGTAGACGATACCCATGCCCTGGCTGTGTTCAGCAGTTCCCGCATTGCTGCTGAGGTGCTGACGATGGGGCATCCGTTTGTC
AAGTTGAAGCCACTTGCGGAAGCCACTCTGGAGTCACGACTGAAGGCAAAGAAGGCCGGCGCGGTGTCAATGCAGCCCTATCGCCAGCGTCCGGA
AACCTGCACGGCCTTGGCCCGACGACTGGTATCGGGTGCACTGGGAGTCAAGCTGCCCACGGCGCCGCAGGAACGGGAGAACGAGAGGCGGGTAC
TACGTGAAGCCAAAGAACGCAAACTGCTAGCTGCCAAACAGCGGGACGAAGTCTGGGAGAGCTAGACCGCGGCCCGGAAGAAGGCCAGGTGCATT
TTTCTCACCCTTTTCTCATCTGCAATAAATGCGGCAGCAAACACAACACCATGTGGATCGACAACAAGAAACACCACCATTAACGCCCACAAAAA
CAATTCTCAATCAAAGCTAACACAGTAAATGAGTAATTCGCATGCTAAGCAATGTACTTTTAATGTTCGCTTTTTGTGAAATTAACACAGACTTT
TGCTCAATTTGTTGTAGTTTTTAGAGGATGCAATGCATATTATATCATCTAGGCCGTAAGAGAGAAATATCTATATTTATTGGTCGTAGCAATTA
AACGTGCAGAGAGACGCGTGTACGTGTTGTTTTAACTCCAGCCGTAAACCTAATTTTTAAGCGCGAGCAATTTATATATTGATATACAGTTTGTC
AAGAAACTGTTTACACACTGTGAAATAAGTTGAATTTTTGACTTTAAAGCTAAAAATAAAGGGTTTTTTGCTTAATTAAACGCAATTTTTTTATA
AAATATAATTAAACAATATTTATTTTACTTATAAATCAAAAAACAAATTAAAAATATTAAATATACAAGAA
(SEQ ID NO: 200)

Start ATG: 453

MGVKKHISETPLSKSNSVDLYRPPALRNNSNNNNSSSEEAAAVNEAITTPLAAGTATTASTSPTSKESPNREADASAAAAAAATRRERRPDRAVY
VPRARRSQTTPPTTTTTTTAAAATAVATTSPPAAAAVVAATITTAPDSPPVADTQPSKADDVNGQPPSKSKKSKSHRERRERAKKTTTATTADNA
TVLVISASENDTQSNEEHRPAKPADCDKEIMSGAQRTKPGNGNKSASNGKSQASPPLRIEDVVAARSTNGEEPAKCDNDVRELQRASKEINRSNR
RIMKQTFNSDVLEIPEKIETSATKAIPTSPQASATAKPPVDSTTEDDDEEDEDDWEKMFDESGDCLDPKLLQELTESVGKCKIELPKMDYTVFHI
KQQLLNEEEFPHVLEVSNFPVEFKTPDLLMLFAQYRGSGFDIKWVDDTHALAVFSSSRIAAEVLTMGHPFVKLKPLAEATLESRLKAKKAGAVSM
QPYRQRPETCTALARRLVSGALGVKLPTAPQERENERRVLREAKERKLLAAKQRDEVWES*
(SEQ ID NO: 201)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384244

GTAACCTATGATGTCGCGCCATATCGATTCATTGTTTTTTTTAGTGAACCACCCCTAATGAACGGAGCTTAAATCTAAAAAATAAACAATCATCT
GTGAACTTAGTTGCGCTTGCTTGCGAAATGCAGGCGGAGATTAAGGCCGACATCATCGTGGAGGCGATGGAGGTGCTAGTGAATCACATTCTATA
CGTGCGCGGTATATACCCCTCGCACATTTTTAAAATGAAGCGGATGTACAACTCGCCCATCTATGTGTCCATATTTCCACCGCTTAATAACTACC
TGGCCGGCGTCCTAAAATCCGCACAAGAACTTCTTCGCCGCCGGGAGCTGCAGTGCCTGGAGCTAATAGTGTATCAGAAGGAGAATGAGAAGTTG
GAGAGCTATAAAATGCAACTAGAAACCCAGAGGAGTGGCCTACCGGCAGAGGATCATTTGATGGAGTTCGAGCAGAACATGCGCTCTGTCATCTA
CAAAATCTCTCAGCGCTTAAACCAGGCGCCTAAACTGCCCGCCGGAAGTTGTCAGTTTAAGGTGCATCTGCACACTACCCAGGAGGCATTCATCC
GCTTCAGCCATGACTCCCAGTACCAGGAGTTTCCCTGGCTTCAGACCCAAAAAACTGAATCCCAAGCGACAGGGCGAACCGTTTACCTCCTTCCT
TTGGCTAGGGTAGATGATTTGGGACTGAAAATGGATGTCCTCATCGTTAATTAATGTTATATTCCTAAAACTGTTATCCATTTTATCGAAAACTA
CACGACGTTGGGTTTATTTTAAACTACAATTGATTCTAATCATGAATCGTTGGCTGATCCATGGTCTTTCTTTAATGAATAAAAGGACGCCCAAT
GGTTTTATGGCTTAACATTAGATTCCTTAAATAAAACCAATTTTAGTGTCATTCCGTTTTGAATTATAAAGACTGTTGAGGTTTTAGAGGAAGCG
TCATATAGAATTGACCGGTACTCAAGCGACCATAATCGTAGGCTTGTCCTCTAAAGTAGACCCTGGCGTTTTAGATCCTCGAACGTCTTTCGGTT
GACAACGTTTCCCAGCGAGTCCTCGAACTCTTCCTCCTGATCGGCTACCCAGCGCTCGCTCTGCTTTTGCGACTTGAGTTTTTCCCACAACGTGA
TTGCGTCCTCGATCTGGGTGACATTGGCGAAATGGGCGGTGTTCGGAATGCCGAGGCATCGCATGCCGTGCGCATGCCGCCACTCGGCGAAGTGT
CGTTGAAAAGCCTTAGGACCCTTGTAGGTGAAGTTTCCACATATCTCGCAATTATAGCTAATATTCAGGCCATGCAGTTTATACAACCAGTAGGG
GATAGGTTTACCGTCCCATCCGAGCGGCAAGTTCTTGGGATTGTACGGAACGTCGTCCGCGTCGGGATCATCTTCGTTGTCCGACTCGCTGGCCT
CCACATCGCTATCGTCCCGCTCGCCACCAGTCCGAGCCTGTTTTCTCTGCACATTCTCCTTGGTAGCCGCTCTCTGCTCAGACAACAGATCCGCG
TATTTGTAGAGCAGAGCCTCTAGCTGGGCAATCTCCTTGTGGCGTTCGTGCTCCCGTGACTGGGCACTAGCAGTCTTTGCGCTGGGCTTCTTGGC
CATCAGTGCGGGATCCAAGGTGCTTTTACCTTTTGTAGAGAATAAACGCTGTGCTCGCTCCTCCAGGGTGCCGCCGCACTTAAGACCCAGAGCCA
CCAAAGCCGACTTTAGACGATCCAGTCCTAGCGAGGCCAGCTCCTCCCAGCTGGAGAAGGCGGATAGATCAAGGTGGGCGCCGGTGTTGGCCAAC
GCCGACTCAGTTTCCTTAATCGAAAAACCCGGAAATGTGCCCATCAGCCACTGGCGCTGGAAGTCAAGTTCCACCTTTAGCAGTTCGCCCTCCAG
GTCGAGCAAGGGCTGGATTCGGAGGATGAAGTGGTGCAGGTAGTCGTTGAGGGTCTCTATGTATATGCGGTACTCGCGGTTCTTGCGCTCTCTCG

GAATATCGAAGACGTGGTCAAAGGACATAAGGTAAGTGATATAGTCCAGTTTCTCCACCGACCGCAAGTTGAGGTACAGCTCGTAGCACTCGTTG
AGGTCCAGATAGCGACCGCCGCCCTCCTCGTCAGTGAACTCCACTAGGGCACTCATGTCGTCCGGATTGTTGTACACCCGAATCATCTCGTCGAA
CTCGACGGACAGCGGCACGCTGACCTCCGCCGGATGGGACTTGTAGAACTGCTTGATTTGCTTGAGGCGGGCGTAGAACTCATTGAACTCGTTGG
GCCCCGAAAGAGCGGCAATCTCCGCCTTTCGTTCATTGTCCTTGTCCTCGTAGAGATCGCGTAGCTGGGACGTAGAGTTGTGATGCAGTTCCATG
AGGTATTTAAGCCGGTGCTCCGAATGGATGCGCTCCTTTTCGCCCGGCTTTTTGGTCGCATGCTCGTCCACCATCAGTTTGACCAGGCGCTCGCG
CTCCTCGTGTAGGCGCCGCTGTTGCTCCAGGAGCGTCTCCATGGCTCTTGAATGCGAGGATTTAATGCGGGGAAATATCAAATGGAGGCCTTTCA
CTTAGCGAAATCCCGAAGAAAACACAACTTTTCGTCAGCGTGTGTACATTAAAAAATACACTTACAATAAAGCAGGGATGGCTTATATTGTCACA
TCATATTATTGTCAGGTTATTATACTCCGATCACACTGGCAATTAATGTGGATTTCGGGAATGCAGATGTATCAAATTAACGCTCGATTATTCGA
GTAATATAGTAATGATATTTAAAGAGCCAAATTGATTTTTCATTATCATATATAGATTATATCGCATGATTTTTCTACCTAGTCGATTAAAGTGA
AGCCTCTGTTACAAATGCGATAACAATTACATCGTCTATCGGTGGTCTGACAGCGACAACAAATACACATTTTTACCCTCGCAATCGCAGGGTCA
CACTTTCGTGAAATCATATGATCGATTTGCAGTGAAAATTTTCAGACGTTGGGCAGAAGGCAAAAGTAACTTATCGTTTTCCACTTTCCTCGTGT
TGGGCCGCCGTTTCCAACTCAGTTCGGCTGTGAATGTATTAGCTTAATTAAATTTCAATTATTTCCAGGCACGGTTGTTGTACGTGGGCTTCTTT
AAAACACTTGAATTTCCTTTCGGTTTGTGCAGTGAAAAAAATCAGTCAAAATGGCACTGAGCGATGCTGATGTACAAAAGCAGGTAATTGAAAAC
TTGGATTGGGAACGGGCAGGCGATCAAGGTCGTAGGGAAACAAGCAAAACGAGAGGCTTCGTTTGCCTTTTTGCCTTTGCAATTTGCCTTTGCAA
TAAAGATGGCGAAGTCATGGGATCTCCCAGGTCATGTGAACTTTTCACCGCCAGTAGTCCAATTAGACTGACATCCTTCCAAATCGGCCCGGTCA
TTTGGGAGTTGCCGGAGTTTTGACATATTTGTTGGCTAATGAAGACACATCAATTTATTTGTCCAGATAGTTTGCGTAAAAAGTGAGTAAAAATT
CGTGCTGGTCATGTGACACGGCCCCCGCATTGGAGCAATGTGTTGGAGCGAGACGACTAGCCCTGCACCCCACACTCGTACTCTCTGTCACACGA
CCAGCGGACCCCTTACGTTATCAAAAC
(SEQ ID NO: 202)

Exon: 2637..1001
Start ATG: 2512 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT7078
CTTTATTGTAAGTGTATTTTTTAATGTACACACGCTGACGAAAAGTTGTGTTTTCTTCGGGATTTCGCTAAGTGAAAGGCCTCCATTTGATATTT
CCCCGCATTAAATCCTCGCATTCAAGAGCCATGGAGACGCTCCTGGAGCAACAGCGGCGCCTACACGAGGAGCGCGAGCGCCTGGTCAAACTGAT
GGTGGACGAGCATGCGACCAAAAAGCCGGGCGAAAAGGAGCGCATCCATTCGGAGCACCGGCTTAAATACCTCATGGAACTGCATCACAACTCTA
CGTCCCAGCTACGCGATCTCTACGAGGACAAGGACAATGAACGAAAGGCGGAGATTGCCGCTCTTTCGGGGCCCAACGAGTTCAATGAGTTCTAC
GCCCGCCTCAAGCAAATCAAGCAGTTCTACAAGTCCCATCCGGCGGAGGTCAGCGTGCCGCTGTCCGTCGAGTTCGACGAGATGATTCGGGTGTA
CAACAATCCGGACGACATGAGTGCCCTAGTGGAGTTCACTGACGAGGAGGGCGGCGGTCGCTATCTGGACCTCAACGAGTGCTACGAGCTGTACC
TCAACTTGCGGTCGGTGGAGAAACTGGACTATATCACTTACCTTATGTCCTTTGACCACGTCTTCGATATTCCGAGAGAGCGCAAGAACCGCGAG
TACCGCATATACATAGAGACCCTCAACGACTACCTGCACCACTTCATCCTCCGAATCCAGCCCTTGCTCGACCTGGAGGGCGAACTGCTAAAGGT
GGAACTTGACTTCCAGCGCCAGTGGCTGATGGGCACATTTCCGGGTTTTTCGATTAAGGAAACTGAGTCGGCGTTGGCCAACACCGGCGCCCACC
TTGATCTATCCGCCTTCTCCAGCTGGGAGGAGCTGGCCTCGCTAGGACTGGATCGTCTAAAGTCGGCTTTGGTGGCTCTGGGTCTTAAGTGCGGC
GGCACCCTGGAGGAGCGAGCACAGCGTTTATTCTCTACAAAAGGTAAAAGCACCTTGGATCCCGCACTGATGGCCAAGAAGCCCAGCGCAAAGAC
TGCTAGTGCCCAGTCACGGGAGCACGAACGCCACAAGGAGATTGCCCAGCTAGAGGCTCTGCTCTACAAATACGCGGATCTGTTGTCTGAGCAGA
GAGCGGCTACCAAGGAGAATGTGCAGAGAAAACAGGCTCGGACTGGTGGCGAGCGGGACGATAGCGATGTGGAGGCCAGCGAGTCGGACAACGAA
GATGATCCCGACGCGGACGACGTTCCGTACAATCCCAAGAACTTGCCGCTCGGATGGGACGGTAAACCTATCCCCTACTGGTTGTATAAACTGCA
TGGCCTGAATATTAGCTATAATTGCGAGATATGTGGAAACTTCACCTACAAGGGTCCTAAGGCTTTTCAACGACACTTCGCCGAGTGGCGGCATG
CGCACGGCATGCGATGCCTCGGCATTCCGAACACCGCCCATTTCGCCAATGTCACCCAGATCGAGGACGCAATCACGTTGTGGGAAAAACTCAAG
TCGCAAAAGCAGAGCGAGCGCTGGGTAGCCGATCAGGAGGAAGAGTTCGAGGACTCGCTGGGAAACGTTGTCAACCGAAAGACGTTCGAGGATCT
AAAACGCCAGGGTCTACTTTAG
(SEQ ID NO: 203)

Start ATG: 126 (Reverse strand: CAT)

METLLEQQRRLHEERERLVKLMVDEHATKKPGEKERIHSEHRLKYLMELHHNSTSQLRDLYEDKDNERKAEIAALSGPNEFNEFYARLKQIKQFY
KSHPAEVSVPLSVEFDEMIRVYNNPDDMSALVEETDEEGGGRYLDLNECYELYLNLRSVEKLDYITYLMSFDHVFDIPRERKNREYRIYIETLND
YLHHFILRIQPLLDLEGELLKVELDFQRQWLMGTFPGFSIKETESALANTGAHLDLSAFSSWEELASLGLDRLKSALVALGLKCGGTLEERAQRL
FSTKGKSTLDPALMAKKPSAKTASAQSREHERHKEIAQLEALLYKYADLLSEQRAATKENVQRKQARTGGERDDSDVEASESDNEDDPDADDVPY
NPKNLPLGWDGKPIPYWLYKLHGLNISYNCEICGNFTYKGPKAFQRHFAEWRHAHGMRCLGIPNTAHFANVTQIEDAITLWEKLKSQKQSERWVA
DQEEEFEDSLGNVVNRKTFEDLKRQGLL*
(SEQ ID NO: 204)

Name: SAP61/PRP9/noisette
Classification: RNA_binding
Gene Symbol: noi
FlyBase ID: FBgn0014366

Celera Sequence No. : 142000013384244
TGGACTAAACTCGCAGATTCCTGTAACTTGGAAGCACCACGAGTTTGCTTTAGAAGATGCCTTTCCGTTGAACTAAAACTAGACGAGTAAAGCGT
ATCTCAAACATTGTATCTTCCGAACCAAAATAGTGCTGCATACTTTTCGGGATATGTCTTATTCAATGTAAGTAATACAAAAAGAAAAAAGGTAA
CTTCTTAAAACTTGTAATATTTGTCACAAATGAATGACGACTAGATTTGGCCATGTCTGTAACAATAAACGTACAAAATATTCGAAGTTGCAGAA
ATGGGGATCCAGCATTCGGATTTGGTTTTTTGTCAAACTTTTAAATATAGAATCGGACCACATCTTTTTAAGACCTTAAAAAACTGATTTGAAGT
TAGACCCCTCATAATGCCAACTAAATTTGTTAAACAAAAATATGCCCCTATATGCCAATCAAATTTAAATACAATGCTTTCTCAGCGTTTCAGTT
AAATACTTTGGGTTGTTTAATGGTTTTATACGTATACATGTGCTAAGTCCATGTATCTTATATTTCGTAAATCCATAGATTTTGTTCGACGAAAC
TTTGCTAAATGATATTGATCTTTCAAATATAACTTGTTAATTTCCTTTCATCGCCGTGGCAAATCCTTCGAGAGTGAGTACTACTTGTTAAACGC
ATATATGAGGAAAATTTATTGATGAATAATGCGAACATGCAAACGGAACACATCCCCGAATTCACACAAAGCATCTCTGTGGTATCTCTTTTGGT
TTTTTATTTGTTGCATCAACTCCGCGGAACTCCAGCTACCTCACTGCAGGTCGTAGTAGTCGACGTTATTGGCGGTCAGATGTTCTCTATTAATT
TGGAGCGTGCTGCTGTTTCCACTTCAAACTTTTATTAACATATATAGTATGGGTTTGCCGGTATATTGCAAACGGGAACTAAGTGTAGATTCGTG

AATGATATCAGACTGGACTGCAAACGTTTAGTTTCTAGCATGTTTTTTTTACTCTCTCCTTTATTTGTTGGAATTTTTGAGTTTTATATAGGTGG
AGTTTTCAAAATGACATTAATTCATAGGGGTGAGTTTTATATATAGTTCGACTGGCTGTTGCAGGTGCTGGTTTCGAATTTTTGGATGGGGATGC
TAAAGGGCGGCTCCGTTTGTGTTCATCCTCATTTAGCCATCAACCAAGTTCTTACTCGCCATTCTTTTGTTCGTCCTCAGATTCGGATTCTGAAA
GAGAATAGAATACAAAATGTTAGTATGGGGGCTTCAATTGGTACAAACTGAAAAGATGTGCAGCTCCGGTTATGCTGTCCAAATGATTATTGGCC
AAATTTAACTATGGAAAGTTATCTGGACACCCAACCATTCAAATGCTTTGGCACAACTCCCCGCTTGGCTCAATCGAATGAAGCAACCATTCGGA
GCTTTTATGAGGGGATTGTGCATGCGGACTAGGACAAATGCAGCTGTCCAAACGATTATTGGCCAAATTAACCACGGCATTGGGTTATATGGGCA
CCCAATCATTCTTTCGCTTTTGCATACTGTACATGAACCCTTTAAAACTGGTTCCTAATAATGGGAACACTTTAAAAGCTTGGTAAGAAGCATGC
TCGGTGAAGTCAGCTATTTGTGTCCAAGTTTTCATTGGCCTTTGATGCTCGGATTTTGTGAGGCAACAAGGCAAGCAAAAACTCAAATGCTCTTG
CAATTTTGTACAATGAAAATGTCATCCAGGACAAGACCATTCTCAAAAAGTGCACTGTGTAAAGTTTCGAAGGAAGCAAAATTTGAATATTTATA
TTGTCCAGGTTTTCATTGGCCTACGTTGTTCAGTGAATGGAAATCAACGAGGCAAGCAAAAAACCCAAATTTCTCTTGCAATTACGTACCAGAAT
CAAGCTATTTAAGACAAGACCATTCTCAAAAATTGCACGCTGATAACATTTATCAAAACATACTAACCTTCTTCGGCTGACTGAAGCCATTCGAC
AAACTTTCGCATTTGTTCAAGGAAATGCATTTTGCCCTTGTTTGAGTGGCCCTCCTTGTACCAGCGCAAGATGATCTCCTCGGACAGGACCTCGG
TCTTGTAGAACAACAAAATGATTTTCTGGAAGGCCTTCATGAAGTTCATGTTCTCGTAGCAGAATTCCTGCACCTTCAAGATTAGGGCCAATTCC
GAACGGTCGGTCGAGGCGAAAGCCTGCAACAGTGGGCAGTAGTTCTTCAGATGACGAACAGCCTGATCGGTAACCAGCTCCTCCTTCTTGTTCCA
TTCGCCCAATGACATGATGGTGGACCAAATCTGGTAAAGATCATACATGAGATTTAGTAAGGAAATCATCCAGTTGGATTATTTACGCATCGACT
TACAATAACAATTATTTCATGATCGGGAATGTTGGTGCGCTGCGAGAAGTCCTTAATGTCTGAGGTTATCTCATTATATGGCTTCTCATCGTTGA
TATCATCGATGAGCGCCTGCTGCAACTCACGCTTCGCCTCCTGGCTAGCCTGAGCCTTATGTAGCTTGACGATCTCGTTAAGTTCTTTGTCAAGA
AAAACTTGTTTAAAATATTCCTCAGTACGTTTGTTCGGTGGGAAAAAGTCCATAAGTCTGGAAAAACGTGAAAAAGTGGAACCATTATTAATAAT
TTAAGTTAACGCATTCAATAATCAACCTTAAATGACGTATTGAGGTGTACGAAATTAAATCAGCACCCAAATGAAGCGAAAGGTCATTTGCGAAT
TGGGTAAAACTCCGTCGAACTTTCTTACTCTAGGAATATCAATTAAAGATGCACAACTGGATCATTGAGTCATCTTCCTGAGAACATTCCGGGGC
TAAAAACAAATCACAACTAAAAACTTACTTGCTTTCCAGTCCACCCTTCTTAAGCGCCTGAATCAGATATGCAATGCCCTTCTCTTGCTTGAACG
TCTGGAACAGCTCTAGTAGAAACTCCAATGCAATGCCATCCTTGATTAGGTGCTCGTTGTTTAGTACCAGTAAAACATTTGGCGGTACAGAACCG
TTGACTGTTGATCAAAAATAGGGTTAAATATAGGGTTAGTCAAATGTTTTCGCAAAACAAGTTTAGACGGCCGGCTAGCAATCCTGTCCTTGGGC
TCGTGGCCCTTAGATGTGGTTAGTTCATCCAAGAGTCAGTATACCAAGTGAAGGATTACTTTAGCCCCTCAGCTGCAAGTTGAACAAGTGTTTAT
CGAAACAACTAATTGAAAGACCGAATGGGCAGACGCAAGCAATGCACAGGAGGAACAGGAACATAAATGTTAAGACTTACCTAACCAGAGCGCTG
TCATACGCGCAAGCTTGATGCGTTCACTAGGAGTAAAGCCCTTTACGAATAATAGAACCTTTCCCATCTCCTCTTCGAACATTTTCTCAAGGTAC
TTGTACCGTCTGATGAGCTTGACAAATACCTGGAAAAGGTAAAGTGTGATTGCCCCTGTTAGCGGATGGTGAAATTTTACTGTGTTCTCACGCAG
GAGGCTTTTGTATTTGTTGTTGCAACATTAGAAATCTTTAGATTGCTGGCGGTAGTAATTTTACAAAATAAAGACAAGTAAAATGTGGCTTTTTA
TTTTGCATATTTTGACACCGATTGAGTTGTTGAGATGCATAACCGGTTCTAATAATATGCACTTTGATTCAATAGCGTGACCTTCGCAGTGGTTG
CATGCATATAGTATATATATATAGTGTTGAATAAAGAGTAGTTGTTGACACATAAGAAATCTTCAGAACGTTAGTGTTTAGGACAAACCAAAGAC
AAGTAAATGTGTTGATTGTTATTGCATATTCTTGACACCGATTACATTTTTGAAACTTTATAGTCAGCTCTAATGATATGCAGCCACTTCACGAA
TTTCATACTTTTAAGTGGATCCGAAGAAAATCATTTAGTAGTAAATAAACGTTTTAGCTTGGAAAACAACAAGAGCTCAACTTGTGTTGCAATCA
AACCAATTTTCGTTTACTCATAATCATAATTTAAGTATGACCTGCTAAAAGATTACAAACCTGCTCATGGTTGCGCATGCTCTCCATGCTCTCGG
GCGCATCGAAGATGCAGTAGCTTGTGCGCGGCTTTTCGCCATCCTGAGATATAGAACCACCAGGCACTGCAATTGAAACGAGGATGGAAAAGGGT
CAGTGAAGAGACTAAACACATTACTTGCAGCGGAAAACTTACCTAGTAGACCTCCTGCAATCAATATGTCAAAGAGAACTTCACCGTAGCGACGA
TAGTCGAGCTTGTTGCCCGCGCTGTCTAGATATTTAGAGATTTGTTCCAGGTCGCCTTCAGTTTTTTCGAGACCAGCAATGACCGCATCACGGAA
TCCCGTTGGGTCATATTTTTCTCTTTCATCTCTTTTTCTGGTCTTGATGCGTTGACCCGATAGCACTGGTCTTTCAGTTTTTTGACTCATACAAT
AAATTGCTGCAAAGGTAAATGTGGATCAGAGATGGAAGCGGTTTTGGTTTGCCCCTGTAAGTTTTTATTTCTGACCAGACTAAATTATCATGGCC
ACTAGATTCATTTTTAGATTTATCTTAATTTTAGTGTAAGATGACTAAGGTGGTCTCCAAGCGGTGGAAAACCGTTCCCTGTATATGTATTCTCG
TTGCGCTCATAATCAAACTACAACATTTTCACCTATGACCGGCGTTTAAGTGGAAACTCTAGTGAAAACTGAGCCTAAGAAAGCCTTAACCTAAA
AATGCCAGCGTACATGTGCTTTAAACACACACATTCAAGAGCGGAGAACGGGCACACTTCACATCTCTTTTTAATTATCTCTCTTTTTCACACAC
ACATACCCACTGTGCATTTTACAGTTTGATAATGTCGACAAAAGAAATAAAAAGAATTGAGAGGTGAGGCGACCAAGAAATCGACATAGAAACGC
AGAATAAAGTGAAATTTTGACGTGGTTACTTGTGTTAGGTAGCGCGCTGGGGAAATGAGGTCATTGTGCATGTAGTGCACATAAAAACGCGCCGA
TGACTGTGTGCTAGTTGGCCGGGAAAATTGTCATAGCAGCGAAAACGCAAAAATTAAATTATCTAGGCTATCAAGTACACATTGGTACATATAAG
GAACGGCAACTTACGCTTTCACCCAAGGATATTAAGTCTGGCCCTGTGTTTGCCGCTTCCGCGTGTCCTTGCAATCAATTGAAATCAGTCGTGTG
CGAGTGTAGTGTGTATGTGTGTGTGTGTGCCTGTTGCTTTTTCACAACTAACGAACGTGCGAGAATATGTAATTTAATTTAACCTCACGAAGC
GCTGGCTGGTTAATGCTTCTCACTCGAGTCGACGAAAAACAAAGAGACAGATGGCAGATCCCTTCTTTTCTTACCTCTCTTTTCTTATGAGCGAG
CTTTTGCACGGTAAAATTGACACGCACGCACACACACAACAACAAAGAAAAGGGGAGAGCAAATAGAAAATATAATTTTTTGTAACGGAATTTAC
TTTTATGCCTTCAAAATAAACGTTAACAATTTTGCTCAGACTACGTCCGGAATTCTATTTTTAACAGCTATCACAATCGGTTACTAGGTATATGT
GTTGTTTGCCTCGAATCCAGCGCCCCTCTGCTCGCACCACTTTGTTAAACGAAATTCGGAGAGCGAATGAGACGACACACGAGCGCACGAACGAA
GCGGACGAGCCGAGAACGAAGACATGTGGTTCGGCGCCATTTTGAAGCGATACACTGACATGGCGAAAGCGGAATGATGGGCACAGGGAAAACGA
AAATTAGGGGGAAACGGTGAGAAAAAATGTGGGATGGGGGTTCAAAGTGTGTATATTGCTGTCGCGCTTATTAAATAATGAGCAAGGTACAGTCG
AACAAAGGCCGACGGCCACCAAATGATTTTTTGCATGAATATATGACTGCCCGATGACTAATCTGGCCTTAGGTACGCACGCAGTTCGTACATAA
CCCCTTTTCCAACGAAAGCGCAGACAAAGGATTGGTCAAGGCCAGAGAAATGACCAGGACCGCGATTTTACTCGCCCTATTTGTCTTTCTGTGTA
CTTAGGTCTACTCTAGCGCTATTTTTCACTCCTATACTTACGATTAAAACAAAAAAATCTGTTTTGCTGCGAATAAAAGTAACTTTTTGCGTAGC
TGTTGGGCTGCTTCTTCTGGATGACTTGCGGTATGACCGTGGCCTGCTTCGTACGCAATGGTACAGAGCTCACTAAGGTGTCCAAAAGGTGGCAA
CATTTTGGTGAAGCTGTTGGCTGGCCCCACTAACCGGACCTGAAAATGGTGCAGCGCTGCCGGACATTTAACGGAATCAAAGATTCCACAAAAGT
CATGTTTGCATTAACAAAATTCATATTTAACCTTAACAAATTCAACAAATTAAGTTAAGTCCATTTTAGTAGCGTTGCGAGGAGTTTATTTTCGA
AAATACGCCTTTGTATATATTATATATTTTCCTCCACTTTAAACAAAATCGAAAGGTGTCCATTTGTCAGCTATTTAAACAATATGGCATCGCC
GCCTTACTTGCTCAGTAAGAAAATTTAACTGTTTTTTTTTTGCGCACCTGAAAGCGGCGATAGACATTGTTTACTTTTAGTTTATATTTACATTA
TCCAAAAGCCAAATGAACTTTGAGCAGGTCAATATACCAGAGAAACTAGTGCCGGACAACTATTTGCAACTGGGACTGGCTGCGCAACGCAGTAA
GCAGCGCAGTTTTAAGGAGCTGCTCGAAAAGGTAATCAAACCGAAATTAAACCCAAATTAATTGATAACTCCATGGATAATTCTTCTTTTCAAGC
GAAAGCTTCCGAAAAATGGTTGGTCCGATGAACGTATCGAGGAGCTGGTGCACATGCTGGCTTCCTTGGACAGCAATAACTATCCACATAAGGTC
GGTTTAGGAGAGCGGGAGGCGCGTATAGCCTGCAGTAAGTAAGGGATCAGGAGGCGATATCCCCCGTAATGAATTTGTCATTCAGAACTCGTGGC
TCGCCGTCACTACAACTTCGGTCATGGTATCGGCAGATCTGGAGACTTACTAGAGGCACAACCCAAGGCAGCTGGCTCTACGCTGCTCGCTCGTC
TCACAAACGCCCTGATTCTGGACCTTATTCGGGGAATCGGACTGCCCAGCTGTGCTGGCTGCTTTTTGGTGCCAATGTGTACAGGCATGACATTG
ACTTTGTG
(SEQ ID NO: 205)

Exon: 6228..6122
Exon: 4471..4223

Exon: 4151..4051
Exon: 3449..3311
Exon: 3044..2879
Exon: 2622..2379
Exon: 2310..1968
Exon: 1229..1001
Start ATG: 4460 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT7116
TACGAAGCAGGCCACGGTCATACCGCAAGTCATCCAGAAGAAGCAGCCCAACAGCTACGCAAAAAGTTACTTTTATTCGCAGCAAAACAGATTTT
TTTGTTTTAATCCAATTTATTGTATGAGTCAAAAAACTGAAAGACCAGTGCTATCGGGTCAACGCATCAAGACCAGAAAAAGAGATGAAAGAGAA
AAATATGACCCAACGGGATTCCGTGATGCGGTCATTGCTGGTCTCGAAAAAACTGAAGGCGACCTGGAACAAATCTCTAAATATCTAGACAGCGC
GGGCAACAAGCTCGACTATCGTCGCTACGGTGAAGTTCTCTTTGACATATTGATTGCAGGAGGTCTACTAGTGCCTGGTGGTTCTATATCTCAGG
ATGGCGAAAAGCCGCGCACAAGCTACTGCATCTTCGATGCGCCCGAGAGCATGGAGAGCATGCGCAACCATGAGCAGGTATTTGTCAAGCTCATC
AGACGGTACAAGTACCTTGAGAAAATGTTCGAAGAGGAGATGGGAAAGGTTCTATTATTCGTAAAGGGCTTTACTCCTAGTGAACGCATCAAGCT
TGCGCGTATGACAGCGCTCTGGTTAGTCAACGGTTCTGTACCGCCAAATGTTTTACTGGTACTAAACAACGAGCACCTAATCAAGGATGGCATTG
CATTGGAGTTTCTACTAGAGCTGTTCCAGACGTTCAAGCAAGAGAAGGGCATTGCATATCTGATTCAGGCGCTTAAGAAGGGTGGACTGGAAAGC
AAACTTATGGACTTTTTCCCACCGAACAAACGTACTGAGGAATATTTTAAACAAGTTTTTCTTGACAAAGAACTTAACGAGATCGTCAAGCTACA
TAAGGCTCAGGCTAGCCAGGAGGCGAAGCGTGAGTTGCAGCAGGCGCTCATCGATGATATCAACGATGAGAAGCCATATAATGAGATAACCTCAG
ACATTAAGGACTTCTCGCAGCGCACCAACATTCCCGATCATGAAATAATTGTTATTATTTGGTCCACCATCATGTCATTGGGCGAATGGAACAAG
AAGGAGGAGCTGGTTACCGATCAGGCTGTTCGTCATCTGAAGAACTACTGCCCACTGTTGCAGGCTTTCGCCTCGACCGACCGTTCGGAATTGGC
CCTAATCTTGAAGGTGCAGGAATTCTGCTACGAGAACATGAACTTCATGAAGGCCTTCCAGAAAATCATTTTGTTGTTCTACAAGACCGAGGTCC
TGTCCGAGGAGATCATCTTGCGCTGGTACAAGGAGGGCCACTCAAACAAGGGCAAAATGCATTTCCTTGAACAAATGCGAAAGTTTGTCGAATGG
CTTCAGTCAGCCGAAGAAGAATCCGAATCTGAGGACGAACAAAAGAATGGCGAGTAAGAACTTGGTTGATGGCTAAATGAGGATGAACACAAACG
GAGCCGCCCTTTAGCATCCCCATCCAAAAATTCGAAACCAGCACCTGCAACAGCCAGTCGAACTATATATAAAACTCACCCCTATGAATTAATGT
CATTTTGAAAACTCCACCTATATAAAACTCAAAAATTCCAACAAATAAAGGAGAGAGT
(SEQ ID NO: 206)

Start ATG: 119 (Reverse strand: CAT)

MSQKTERPVLSGQRIKTRKRDEREKYDPTGFRDAVIAGLEKTEGDLEQISKYLDSAGNKLDYRRYGEVLFDILIAGGLLVPGGSISQDGEKPRTS
YCIFDAPESMESMRNHEQVFVKLIRRYKYLEKMFEEEMGKVLLFVKGFTPSERIKLARMTALWLVNGSVPPNVLLVLNNEHLIKDGIALEFLLEL
FQTFKQEKGIAYLIQALKKGGLESKLMDFFPPNKRTEEYFKQVFLDKELNEIVKLHKAQASQEAKRELQQALIDDINDEKPYNEITSDIKDFSQR
TNIPDHEIIVIIWSTIMSLGEWNKKEELVTDQAVRHLKNYCPLLQAFASTDRSELALILKVQEFCYENMNFMKAFQKIILLFYKTEVLSEEIILR
WYKEGHSNKGKMHFLEQMRKFVEWLQSAEEESESEDEQKNGE*
(SEQ ID NO: 207)

Celera Sequence No. : 142000013384564
GATGGCTGCAACTGCTCCGGTAATTATGCGCGTCATGGCGTCCTCGATCAGCACCGCCAAGCGGGCTGGCGGCATCATACGCGACGTGCTCAAGA
AGGGTGACCTGGGCATAGTGGACAAGGGCAAGAACGATCCGCAGACGGAGGCAGATCGCTCTGCCCAGCGTTGCATTATCGCCTCCTTGGCCAAA
AAGTTCCCCACCGTCAAGATCATTGGCGAGGAGGGTGGATCCGATCTGAATGTCTGCGACGACTGGCTGGTGAACGAGTTGGATGAGGAATTCCT
GCAGCACAGTTGCCCCGCTGAGTGGAAGGATGTCAAGCCCGAGGACTTTGTCATATGGGTAGATCCCCTAGACGGCACAGCGGAGTATACACAGG
GTGCGATCTGGAGATACCTGTAGAGCTCCTTATATAAAACTAAATGTTCTCCTTTCATCCGCAGGACACGTTGAACACGTGACCGTCCTGATCGG
CATAGCCGTGAAGGATGCTGCTGTGGGCGGCATCATTCATCAGCCATTCTACCAACAGCCCGATGGCGAAATGGGTCGCACCATTTGGGGCCTGA
AGGGTCTGGGCACGGGAGGATTCACGGCAGTCCCCGCGCCAGCCGGCCAGTTCATCATAACCACCACTCGCTCGCATTCCAATGCCCTGCATCAG
CAAGCCCTCAACGCATTCGCATCCACAGAAGTTCTGAAAGTCGGAGGCGCTGGGTTCAAAGTGCTCCAGCTGCTGGAGGGAAAGGCCCACGCGTA
CGTCTTCGCCACGCCGGGCTGCAAGAAGTGGGACACCTGCGCACCCGAGGCCGTTCTAGAGGCCCAGGGCGGCTGCCTCACCAACATCAACGGCG
AGCACTACGCCTACAATGCGGATGTGGAGCACGTGAATCGACAGGGAGTGCTGGCCAGCCTGGGACAGGACCATGCCGCGCTGGTGGAAAAGATT
CCCGCCGAGGTGCGGGCAGCAGTGGGAGCCAAGTGAGATAGCTTTGAATTCCAGCACTTTATTAGTTTATTTGCACTAAAAGTAAACACACATAA
ATTAAGCAATAACAGGTTAGAAATTTGAAAATTGTTAAAACTGGGCTCAGAATGCATTCTTTATTTATCGAAACTGCCGCTGTTGTTGCTCTGTG
TGCTGCTGTTGGCCACCGAGTTGTTCAGGTAGCGATTCCGCTTGGCCTTGGTCATTTTGCAGGAGTTTACGGAGGCCGCGAAGCGCAGCGACTTG
ACGGACTCTTGGAAACAGTCTTGGAACGGCGAGACGTTGATGAACATAAGCGTTTTCGAGTTGCCGCCCAGCGAGGGCATCAGCAGGTGCGTCAG
CTTGGAGTTCCTGTACGGGATGTGGTCCTGCTTCTGCAGCAGCGCCAGGATTACGTTGGTGAGCTCCGATAGCGAGCGATTGATGTTCTTTGTCT
CGGTCATCCGGGTGCTCGTCTTGGGAGACTCAGAGCCGGCCAAATCCACCAGGTTTATGGAACCCACGGAGATCTCTTGCTTTTCGGCATGGCGT
CCGATGAGCTCAAGCTTGGTAACCGCGTGGGAACGAGAGGAGCGCTCGTTGCCAGCTGTCGAGGCGGTGGCACGGTTCATCTTGGCCGTGTGCAT
GAGGTGGCGCAGGTGATTTGGATCCAGAACCGTCTCCTCCGTTATGTTGGACACGTAGATGTCGTTCTTGTTGTTCTTGGCCATTCGAATCTCCA
TGTCCTTCTGCTCGTTGCTCAGCAGATCGTAGAGCACCTCGTTGTAGATCTCCAGAAAGGTGGCCTTGATCTCGTACTCCCAGCCCAAGTTGCGA
TATCCCCGGATGGAGTCGAAGAGCAGATCCACCGTGCGCGGTATGACGCCCACACTCTCCGGCACTCCGTCCATTGTGTAGGTCTTGCCACTGCC
CGTCTGTCCGTAGGCAAAGATGCAGATATTGTAGCCATCCAGGGCCGACTGGATGAGCGGCGAGACCATCTCGAAGATGTCCGACTGCGAGGAGA
GCGGGTGGAAGACCTGGTCGAATGAGAAGATCTGCTGGCCCATCTTGCTTTTGGCCTGTGCGTCAATGCTCTGCAGCTCCACGGTGGACTCGTCG
TGATAGGTCCAGGTGCAACACATACGGTTCTCCTCGGACTCCAGCGGCGGTCGTATTCGACAGAAGACCCGGATGTTGCCGCGCAGGTCCATGAC
CGTGTTGTGCAGCTCTTTGCGCTCCATGTTCGACTGGAAGAGCTGCTCTTTGCAGGTCTCCAGCTCGGCGGCCTGCTGCTCATTGCAGCGCAGGA
GTTCCTCGGTGCGCTGGCGCAGATGCACCACTTCTGTGCTTAGAGCAGCATGCTCCGTTTTTACTTTCTGCAACACACACATTGTTGTTACATTT
AACCTGGGTTTCTGTTTACTTGAGTACTCACCTCATGTATTGCTTGCAGCTCGGATAGCTCCTCTTTGGTCCTGCCCAGCGTCGATGTGATTGTT
TCAATTTTGGCGGTATGCTGCTTCACCTGCCTCTGAAGACACTCGTTGTCGCTCTGGGTGTTCTTCAGCGAGGACTCCGTCTCGATAAGCTTGTT
CTGCGTCTCCTCCAGTTGCTGAGGCATGGACTCCAGCTCGCCCATGTCCTCTGTTTGCTTTTCGTACTTTGTCTTAAGCACCTTGTGCTTCTCTA
GCAGATCGTGGAAGCGGGCCTTGAAGTCGTAGGGAGCGATGCGCTTGGGAGCAGCAGCCGCGGCTCCTGACGAAGCTGCTGCTCCTGTTCCTGCT
GGTTTCTTGGCGGCTGCTCCTCCTGCAGCCCGTGGAGCAGGACGCGTTACTGGTGGTCTTTTGACAGCTGTTGCTGTTATTGACGAAGGCGCCGC
AGGACGCACTAGTCGCTGGCTGGAAACAGTGAGTGCACCGCCCAGGCGGGATACTTTGCTGGGAATGCTGGGCAATGAAGGAGCAGCCGCAGTGC

GCTTGTTACCACGCAGTTCGTTGATGTCGCAAGCGCTACGGCTACGTCTCAGCTTGGCCCGGTGGCCCAACTTCATGGGCTCTGGGGAGGCGGCA
CGTGCTATCGGAAATTAGCAAGGACTTAAGGTGAATTCTTTGGAAGGATGCTTCTTTACTCACCTCCTCCTCCGCGACGCTCCAGCACCTGGGGC
AGATTGTTGAGGTCCCTTGAGAGGGGCGGCAATAAGTTGCCGCAGTATGTCTGGTTGGCATTGACATTGAAGGCGCCTGCTCCAGCGGCTCCACC
TCCCAATCCTGCGCGAATTCGATCTGTGGGCAGCACGGTTTTAATCGGCATTTGGGGTTTCTTCAGGCCCGACGGTTTCGGTAGCCGGGATTCCA
TCGCCAACTGTGTTGTGCCTAACTTAGAAGATACGTCTGCCTCCTTGCAACCGATTTTATCAATTAGTTTTGCGTTGTTGACAAGCGACGCCGTC
GATTCCCGCCGTTATTTTTGATTGCAGGGATGCTCTGGGGCAGTGTGACCATTTGTCGGGAGAGTACGGCGTTGCCAGCCAAGACGACTTCCAGT
TTGTCAATCAGATGTTTTCAGTGCTGCAGCTTTGGCCCTCGGGCACAAATTTTCGCCTTGACTCGTGCATCCCGCAGGTTTTCGGCGCGTGAAAC
TCACCCAAGCGGGTGTGAAATACGGTGGCTGTTGCATTCGAACCGTTCATTTTGTGGAAAAGTCGCGGCGGACTGTTCAACAGCCTGAAGAGTGA
AGTCTTGTGCGCAGCACTAGTGTCGTTGCCGGACGGTTGCGGCAATCCGGGGCGAACTTCTTGAAAGCGTTTTGCTTTCTTTTTGCGAGCTTGTG
CGGTGTGAAGGAAGGCCGCGCTATTCTGAAATTTATTTGTTGCCTCGAAAAAGCTGTGGAAATTGCGTTCCAGTTGGAAAGCAGTTGCGTGATCG
GGTCGTTGCCAGACCGGCCGCAGGTCTCACGCGACCATCTCTAGTTTGTTTTCATTCGGATTGGAAAAGGCTCGTTCCCATCGAACTGATTTTGT
GAATTTTAAAATTGGCTTCCCCCACGTCCGCCAATCCCCCCGAGATGTCGGGGCAGGCGGAGCTCAAGGAGCTGGGCATGTTCGAGCTGCGCCCG
CTGATCACTAACATCAGCTGCAAGCTGTCCGCGGTGACAGCGGGGCTGGACGAAAAGCGACAGTTCCTATGCCTCGTTTCTGAGGAAAACGAGAT
CCTGCTGCGCTACATAAGCGCCGCCTCCGGCCAGGAGGTGGTCAAGATGATATCCTGGTTCCGCAACCGCGTCATCCACGACGTCTGCTTCGATC
CGGCGGGCGTTTGGCTGCTGGTGCTATGTGAGTTTCAGCGTATGATGGCATGAGCACCACCCACTTTTTTGTGTTGGGTGGGTGGTTGCTGTGGT
GGTGCTGCTAAAATTACTTTGCCCCCATGTGTGCGTGTATGGTTATTGATTTTCTGCTGCCTCCCCTTTG
(SEQ ID NO: 208)

Exon: 3440..3104
Exon: 3044..2407
Exon: 2347..1001
Start ATG: 3326 (Reverse strand: CAT)

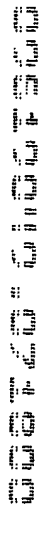
Transcript No. : CT7226
CAAAAATAACGGCGGGAATCGACGGCGTCGCTTGTCAACAACGCAAAACTAATTGATAAAATCGGTTGCAAGGAGGCAGACGTATCTTCTAAGTT
AGGCACAACACAGTTGGCGATGGAATCCCGGCTACCGAAACCGTCGGGCCTGAAGAAACCCCAAATGCCGATTAAAACCGTGCTGCCCACAGATC
GAATTCGCGCAGGATTGGGAGGTGGAGCCGCTGGAGCAGGCGCCTTCAATGTCAATGCCAACCAGACATACTGCGGCAACTTATTGCCGCCCCTC
TCAAGGGACCTCAACAATCTGCCCCAGGTGCTGGAGCGTCGCGGAGGAGGAGCACGTGCCGCCTCCCCAGAGCCCATGAAGTTGGGCCACCGGGC
CAAGCTGAGACGTAGCCGTAGCGCTTGCGACATCAACGAACTGCGTGGTAACAAGCGCACTGCGGCTGCTCCTTCATTGCCCAGCATTCCCAGCA
AAGTATCCCGCCTGGGCGGTGCACTCACTGTTTCCAGCCAGCGACTAGTGCGTCCTGCGGCGCCTTCGTCAATAACAGCAACAGCTGTCAAAAGA
CCACCAGTAACGCGTCCTGCTCCACGGGCTGCAGGAGGAGCAGCCGCCAAGAAACCAGCAGGAACAGGAGCAGCAGCTTCGTCAGGAGCCGCGGC
TGCTGCTCCCAAGCGCATCGCTCCCTACGACTTCAAGGCCCGCTTCCACGATCTGCTAGAGAAGCACAAGGTGCTTAAGACAAAGTACGAAAAGC
AAACAGAGGACATGGGCGAGCTGGAGTCCATGCCTCAGCAACTGGAGGAGACGCAGAACAAGCTTATCGAGACGGAGTCCTCGCTGAAGAACACC
CAGAGCGACAACGAGTGTCTTCAGAGGCAGGTGAAGCAGCATACCGCCAAAATTGAAACAATCACATCGACGCTGGGCAGGACCAAAGAGGAGCT
ATCCGAGCTGCAAGCAATACATGAGAAAGTAAAAACGGAGCATGCTGCTCTAAGCACAGAAGTGGTGCATCTGCGCCAGCGCACCGAGGAACTCC
TGCGCTGCAATGAGCAGCAGGCCGCCGAGCTGGAGACCTGCAAAGAGCAGCTCTTCCAGTCGAACATGGAGCGCAAAGAGCTGCACAACACGGTC
ATGGACCTGCGCGGCAACATCCGGGTCTTCTGTCGAATACGACCGCCGCTGGAGTCCGAGGAGAACCGTATGTGTTGCACCTGGACCTATCACGA
CGAGTCCACCGTGGAGCTGCAGAGCATTGACGCACAGGCCAAAAGCAAGATGGGCCAGCAGATCTTCTCATTCGACCAGGTCTTCCACCCGCTCT
CCTCGCAGTCGGACATCTTCGAGATGGTCTCGCCGCTCATCCAGTCGGCCCTGGATGGCTACAATATCTGCATCTTTGCCTACGGACAGACGGGC
AGTGGCAAGACCTACACAATGGACGGAGTGCCGGAGAGTGTGGGCGTCATACCGCGCACGGTGGATCTGCTCTTCGACTCCATCCGGGGATATCG
CAACTTGGGCTGGGAGTACGAGATCAAGGCCACCTTTCTGGAGATCTACAACGAGGTGCTCTACGATCTGCTGAGCAACGAGCAGAAGGACATGG
AGATTCGAATGGCCAAGAACAACAAGAACGACATCTACGTGTCCAACATAACGGAGGAGACGGTTCTGGATCCAAATCACCTGCGCCACCTCATG
CACACGGCCAAGATGAACCGTGCCACCGCCTCGACAGCTGGCAACGAGCGCTCCTCTCGTTCCCACGCGGTTACCAAGCTTGAGCTCATCGGACG
CCATGCCGAAAAGCAAGAGATCTCCGTGGGTTCCATAAACCTGGTGGATTTGGCCGGCTCTGAGTCTCCCAAGACGAGCACCCGGATGACCGAGA
CAAAGAACATCAATCGCTCGCTATCGGAGCTCACCAACGTAATCCTGGCGCTGCTGCAGAAGCAGGACCACATCCCGTACAGGAACTCCAAGCTG
ACGCACCTGCTGATGCCCTCGCTGGGCGGCAACTCGAAAACGCTTATGTTCATCAACGTCTCGCCGTTCCAAGACTGTTTCCAAGAGTCCGTCAA
GTCGCTGCGCTTCGCGGCCTCCGTAAACTCCTGCAAAATGACCAAGGCCAAGCGGAATCGCTACCTGAACAACTCGGTGGCCAACAGCAGCACAC
AGAGCAACAACAGCGGCAGTTTCGATAAATAAAGAATGCATTCTGAGCCCAGTTTTAACAATTTTCAAATTTCTAACCTGTTATTGCTTAATTTA
TGTGTGTTTACTTTTAGTGCAAATAAACTAATAAAGTGCTGG
(SEQ ID NO: 209)

Start ATG: 115 (Reverse strand: CAT)

MESRLPKPSGLKKPQMPIKTVLPTDRIRAGLGGGAAGAGAFNVNANQTYCGNLLPPLSRDLNNLPQVLERRGGGARAASPEPMKLGHRAKLRRSR
SACDINELRGNKRTAAAPSLPSIPSKVSRLGGALTVSSQRLVRPAAPSSITATAVKRPPVTRPAPRAAGGAAAKKPAGTGAAASSGAAAAAPKRI
APYDFKARFHDLLEKHKVLKTKYEKQTEDMGELESMPQQLEETQNKLIETESSLKNTQSDNECLQRQVKQHTAKIETITSTLGRTKEELSELQAI
HEKVKTEHAALSTEVVHLRQRTEELLRCNEQQAAELETCKEQLFQSNMERKELHNTVMDLRGNIRVFCRIRPPLESEENRMCCTWTYHDESTVEL
QSIDAQAKSKMGQQIFSFDQVFHPLSSQSDIFEMVSPLIQSALDGYNICIFAYGQTGSGKTYTMDGVPESVGVIPRTVDLLFDSIRGYRNLGWEY
EIKATFLEIYNEVLYDLLSNEQKDMEIRMAKNNKNDIYVSNITEETVLDPNHLRHLMHTAKMNRATASTAGNERSSRSHAVTKLELIGRHAEKQE
ISVGSINLVDLAGSESPKTSTRMTETKNINRSLSELTNVILALLQKQDHIPYRNSKLTHLLMPSLGGNSKTLMFINVSPFQDCFQESVKSLRFAA
SVNSCKMTKAKRNRYLNNSVANSSTQSNNSGSFDK*
(SEQ ID NO: 210)

Name: KINESIN-LIKE PROTEIN
Classification: motor_protein
Gene Symbol: ncd
FlyBase ID: FBgn0002924

Celera Sequence No. : 142000013384244



TGGACTAAACTCGCAGATTCCTGTAACTTGGAAGCACCACGAGTTTGCTTTAGAAGATGCCTTTCCGTTGAACTAAAACTAGACGAGTAAAGCGT
ATCTCAAACATTGTATCTTCCGAACCAAAATAGTGCTGCATACTTTTCGGGATATGTCTTATTCAATGTAAGTAATACAAAAAGAAAAAAGGTAA
CTTCTTAAAACTTGTAATATTTGTCACAAATGAATGACGACTAGATTTGGCCATGTCTGTAACAATAAACGTACAAAATATTCGAAGTTGCAGAA
ATGGGGATCCAGCATTCGGATTTGGTTTTTTGTCAAACTTTTAAATATAGAATCGGACCACATCTTTTTAAGACCTTAAAAAACTGATTTGAAGT
TAGACCCCTCATAATGCCAACTAAATTTGTTAAACAAAAATATGCCCCTATATGCCAATCAAATTTAAATACAATGCTTTCTCAGCGTTTCAGTT
AAATACTTTGGGTTGTTTAATGGTTTTATACGTATACATGTGCTAAGTCCATGTATCTTATATTTCGTAAATCCATAGATTTTGTTCGACGAAAC
TTTGCTAAATGATATTGATCTTTCAAATATAACTTGTTAATTTCCTTTCATCGCCGTGGCAAATCCTTCGAGAGTGAGTACTACTTGTTAAACGC
ATATATGAGGAAAATTTATTGATGAATAATGCGAACATGCAAACGGAACACATCCCCGAATTCACACAAAGCATCTCTGTGGTATCTCTTTTGGT
TTTTTATTTGTTGCATCAACTCCGCGGAACTCCAGCTACCTCACTGCAGGTCGTAGTAGTCGACGTTATTGGCGGTCAGATGTTCTCTATTAATT
TGGAGCGTGCTGCTGTTTCCACTTCAAACTTTTATTAACATATATAGTATGGGTTTGCCGGTATATTGCAAACGGGAACTAAGTGTAGATTCGTG
AATGATATCAGACTGGACTGCAAACGTTTAGTTTCTAGCATGTTTTTTTTACTCTCTCCTTTATTTGTTGGAATTTTTGAGTTTTATATAGGTGG
AGTTTTCAAAATGACATTAATTCATAGGGGTGAGTTTTATATATAGTTCGACTGGCTGTTGCAGGTGCTGGTTTCGAATTTTTGGATGGGGATGC
TAAAGGGCGGCTCCGTTTGTGTTCATCCTCATTTAGCCATCAACCAAGTTCTTACTCGCCATTCTTTTGTTCGTCCTCAGATTCGGATTCTGAAA
GAGAATAGAATACAAAATGTTAGTATGGGGGCTTCAATTGGTACAAACTGAAAAGATGTGCAGCTCCGGTTATGCTGTCCAAATGATTATTGGCC
AAATTTAACTATGGAAAGTTATCTGGACACCCAACCATTCAAATGCTTTGGCACAACTCCCCGCTTGGCTCAATCGAATGAAGCAACCATTCGGA
GCTTTTATGAGGGGATTGTGCATGCGGACTAGGACAAATGCAGCTGTCCAAACGATTATTGGCCAAATTAACCACGGCATTGGGTTATATGGGCA
CCCAATCATTCTTTCGCTTTTGCATACTGTACATGAACCCTTTAAAACTGGTTCCTAATAATGGGAACACTTTAAAAGCTTGGTAAGAAGCATGC
TCGGTGAAGTCAGCTATTTGTGTCCAAGTTTTCATTGGCCTTTGATGCTCGGATTTTGTGAGGCAACAAGGCAAGCAAAAACTCAAATGCTCTTG
CAATTTTGTACAATGAAAATGTCATCCAGGACAAGACCATTCTCAAAAAGTGCACTGTGTAAAGTTTCGAAGGAAGCAAAATTTGAATATTTATA
TTGTCCAGGTTTTCATTGGCCTACGTTGTTCAGTGAATGGAAATCAACGAGGCAAGCAAAAAACCCAAATTTCTCTTGCAATTACGTACCAGAAT
CAAGCTATTTAAGACAAGACCATTCTCAAAAATTGCACGCTGATAACATTTATCAAAACATACTAACCTTCTTCGGCTGACTGAAGCCATTCGAC
AAACTTTCGCATTTGTTCAAGGAAATGCATTTTGCCCTTGTTTGAGTGGCCCTCCTTGTACCAGCGCAAGATGATCTCCTCGGACAGGACCTCGG
TCTTGTAGAACAACAAAATGATTTTCTGGAAGGCCTTCATGAAGTTCATGTTCTCGTAGCAGAATTCCTGCACCTTCAAGATTAGGGCCAATTCC
GAACGGTCGGTCGAGGCGAAAGCCTGCAACAGTGGGCAGTAGTTCTTCAGATGACGAACAGCCTGATCGGTAACCAGCTCCTCCTTCTTGTTCCA
TTCGCCCAATGACATGATGGTGGACCAAATCTGGTAAAGATCATACATGAGATTTAGTAAGGAAATCATCCAGTTGGATTATTTACGCATCGACT
TACAATAACAATTATTTCATGATCGGGAATGTTGGTGCGCTGCGAGAAGTCCTTAATGTCTGAGGTTATCTCATTATATGGCTTCTCATCGTTGA
TATCATCGATGAGCGCCTGCTGCAACTCACGCTTCGCCTCCTGGCTAGCCTGAGCCTTATGTAGCTTGACGATCTCGTTAAGTTCTTTGTCAAGA
AAAACTTGTTTAAAATATTCCTCAGTACGTTTGTTCGGTGGGAAAAAGTCCATAAGTCTGGAAAAACGTGAAAAAGTGGAACCATTATTAATAAT
TTAAGTTAACGCATTCAATAATCAACCTTAAATGACGTATTGAGGTGTACGAAATTAAATCAGCACCCAAATGAAGCGAAAGGTCATTTGCGAAT
TGGGTAAAACTCCGTCGAACTTTCTTACTCTAGGAATATCAATTAAAGATGCACAACTGGATCATTGAGTCATCTTCCTGAGAACATTCCGGGGC
TAAAAACAAATCACAACTAAAAACTTACTTGCTTTCCAGTCCACCCTTCTTAAGCGCCTGAATCAGATATGCAATGCCCTTCTCTTGCTTGAACG
TCTGGAACAGCTCTAGTAGAAACTCCAATGCAATGCCATCCTTGATTAGGTGCTCGTTGTTTAGTACCAGTAAAACATTTGGCGGTACAGAACCG
TTGACTGTTGATCAAAAATAGGGTTAAATATAGGGTTAGTCAAATGTTTTCGCAAAACAAGTTTAGACGGCCGGCTAGCAATCCTGTCCTTGGGC
TCGTGGCCCTTAGATGTGGTTAGTTCATCCAAGAGTCAGTATACCAAGTGAAGGATTACTTTAGCCCCTCAGCTGCAAGTTGAACAAGTGTTTAT
CGAAACAACTAATTGAAAGACCGAATGGGCAGACGCAAGCAATGCACAGGAGGAACAGGAACATAAATGTTAAGACTTACCTAACCAGAGCGCTG
TCATACGCGCAAGCTTGATGCGTTCACTAGGAGTAAAGCCCTTTACGAATAATAGAACCTTTCCCATCTCCTCTTCGAACATTTTCTCAAGGTAC
TTGTACCGTCTGATGAGCTTGACAAATACCTGGAAAAGGTAAAGTGTGATTGCCCCTGTTAGCGGATGGTGAAATTTTACTGTGTTCTCACGCAG
GAGGCTTTTGTATTTGTTGTTGCAACATTAGAAATCTTTAGATTGCTGGCGGTAGTAATTTTACAAAATAAAGACAAGTAAAATGTGGCTTTTTA
TTTTGCATATTTTGACACCGATTGAGTTGTTGAGATGCATAACCGGTTCTAATAATATGCACTTTGATTCAATAGCGTGACCTTCGCAGTGGTTG
CATGCATATAGTATATATATATAGTGTTGAATAAAGAGTAGTTGTTGACACATAAGAAATCTTCAGAACGTTAGTGTTTAGGACAAACCAAAGAC
AAGTAAATGTGTTGATTGTTATTGCATATTCTTGACACCGATTACATTTTTGAAACTTTATAGTCAGCTCTAATGATATGCAGCCACTTCACGAA
TTTCATACTTTTAAGTGGATCCGAAGAAAATCATTTAGTAGTAAATAAACGTTTTAGCTTGGAAAACAACAAGAGCTCAACTTGTGTTGCAATCA
AACCAATTTTCGTTTACTCATAATCATAATTTAAGTATGACCTGCTAAAAGATTACAAACCTGCTCATGGTTGCGCATGCTCTCCATGCTCTCGG
GCGCATCGAAGATGCAGTAGCTTGTGCGCGGCTTTTCGCCATCCTGAGATATAGAACCACCAGGCACTGCAATTGAAACGAGGATGGAAAAGGGT
CAGTGAAGAGACTAAACACATTACTTGCAGCGGAAAACTTACCTAGTAGACCTCCTGCAATCAATATGTCAAAGAGAACTTCACCGTAGCGACGA
TAGTCGAGCTTGTTGCCCGCGCTGTCTAGATATTTAGAGATTTGTTCCAGGTCGCCTTCAGTTTTTTCGAGACCAGCAATGACCGCATCACGGAA
TCCCGTTGGGTCATATTTTTCTCTTTCATCTCTTTTTCTGGTCTTGATGCGTTGACCCGATAGCACTGGTCTTTCAGTTTTTTGACTCATACAAT
AAATTGCTGCAAAGGTAAATGTGGATCAGAGATGGAAGCGGTTTTGGTTTGCCCCTGTAAGTTTTTATTTCTGACCAGACTAAATTATCATGGCC
ACTAGATTCATTTTTAGATTTATCTTAATTTTAGTGTAAGATGACTAAGGTGGTCTCCAAGCGGTGGAAAACCGTTCCCTGTATATGTATTCTCG
TTGCGCTCATAATCAAACTACAACATTTTCACCTATGACCGGCGTTTAAGTGGAAACTCTAGTGAAAACTGAGCCTAAGAAAGCCTTAACCTAAA
AATGCCAGCGTACATGTGCTTTAAACACACACATTCAAGAGCGGAGAACGGGCACACTTCACATCTCTTTTTAATTATCTCTCTTTTTCACACAC
ACATACCCACTGTGCATTTTACAGTTTGATAATGTCGACAAAAGAAATAAAAAGAATTGAGAGGTGAGGCGACCAAGAAATCGACATAGAAACGC
AGAATAAAGTGAAATTTTGACGTGGTTACTTGTGTTAGGTAGCGCGCTGGGGAAATGAGGTCATTGTGCATGTAGTGCACATAAAAACGCGCCGA
TGACTGTGTGCTAGTTGGCCGGGAAAATTGTCATAGCAGCGAAAACGCAAAAATTAAATTATCTAGGCTATCAAGTACACATTGGTACATATAAG
GAACGGCAACTTACGCTTTCACCCAAGGATATTAAGTCTGGCCCTGTGTTTGCCGCTTCCGCGTGTCCTTGCAATCAATTGAAATCAGTCGTGTG
CGAGTGTAGTGTGTATGTGTGTGTGTGTGCCTGTTGCTTTTTCACAACTAACGAACGTGCGAGAATATGTAATTTAATTTAACCTCACGAAGC
GCTGGCTGGTTAATGCTTCTCACTCGAGTCGACGAAAAACAAAGAGACAGATGGCAGATCCCTTCTTTTCTTACCTCTCTTTTCTTATGAGCGAG
CTTTTGCACGGTAAAATTGACACGCACGCACACACACAACAACAAAGAAAAGGGGAGAGCAAATAGAAAATATAATTTTTTGTAACGGAATTTAC
TTTTATGCCTTCAAAATAAACGTTAACAATTTTGCTCAGACTACGTCCGGAATTCTATTTTTAACAGCTATCACAATCGGTTACTAGGTATATGT
GTTGTTTGCCTCGAATCCAGCGCCCCTCTGCTCGCACCACTTTGTTAAACGAAATTCGGAGAGCGAATGAGACGACACACGAGCGCACGAACGAA
GCGGACGAGCCGAGAACGAAGACATGTGGTTCGGCGCCATTTTGAAGCGATACACTGACATGGCGAAAGCGGAATGATGGGCACAGGGAAAACGA
AAATTAGGGGGAAACGGTGAGAAAAAATGTGGGATGGGGGTTCAAAGTGTGTATATTGCTGTCGCGCTTATTAAATAATGAGCAAGGTACAGTCG
AACAAAGGCCGACGGCCACCAAATGATTTTTTGCATGAATATATGACTGCCCGATGACTAATCTGGCCTTAGGTACGCACGCAGTTCGTACATAA
CCCCTTTTCCAACGAAAGCGCAGACAAAGGATTGGTCAAGGCCAGAGAAATGACCAGGACCGCGATTTTACTCGCCCTATTTGTCTTTCTGTGTA
CTTAGGTCTACTCTAGCGCTATTTTTCACTCCTATACTTACGATTAAAACAAAAAAATCTGTTTTGCTGCGAATAAAAGTAACTTTTTGCGTAGC
TGTTGGGCTGCTTCTTCTGGATGACTTGCGGTATGACCGTGGCCTGCTTCGTACGCAATGGTACAGAGCTCACTAAGGTGTCCAAAAGGTGGCAA
CATTTTGGTGAAGCTGTTGGCTGGCCCCACTAACCGGACCTGAAAATGGTGCAGCGCTGCCGGACATTTAACGGAATCAAAGATTCCACAAAAGT
CATGTTTGCATTAACAAAATTCATATTTAACCTTAACAAATTCAACAAATTAAGTTAAGTCCATTTTAGTAGCGTTGCGAGGAGTTTATTTTCGA
AAATACGCCTTTGTATATATTATATATTTTTCCTCCACTTTAAACAAAATCGAAAGGTGTCCATTTGTCAGCTATTTAAACAATATGGCATCGCC
GCCTTACTTGCTCAGTAAGAAAATTTAACTGTTTTTTTTTTGCGCACCTGAAAGCGGCGATAGACATTGTTTACTTTTAGTTTATATTTACATTA
TCCAAAAGCCAAATGAACTTTGAGCAGGTCAATATACCAGAGAAACTAGTGCCGGACAACTATTTGCAACTGGGACTGGCTGCGCAACGCAGTAA

GCAGCGCAGTTTTAAGGAGCTGCTCGAAAAGGTAATCAAACCGAAATTAAACCCAAATTAATTGATAACTCCATGGATAATTCTTCTTTTCAAGC
GAAAGCTTCCGAA
(SEQ ID NO: 211)

Exon: 5853..5395
Exon: 5274..5145
Exon: 4471..4223
Exon: 4151..4051
Exon: 3449..3311
Exon: 3044..2879
Exon: 2622..2379
Exon: 2310..1968
Exon: 1229..1001
Start ATG: 4460 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT7240
CAATATACACACTTTGAACCCCCATCCCACATTTTTTCTCACCGTTTCCCCCTAATTTTCGTTTTCCCTGTGCCCATCATTCCGCTTTCGCCATG
TCAGTGTATCGCTTCAAAATGGCGCCGAACCACATGTCTTCGTTCTCGGCTCGTCCGCTTCGTTCGTGCGCTCGTGTGTCGTCTCATTCGCTCTC
CGAATTTCGTTTAACAAAGTGGTGCGAGCAGAGGGGCGCTGGATTCGAGGCAAACAACACATATACCTAGTAACCGATTGTGATAGCTGTTAAAA
ATAGAATTCCGGACGTAGTCTGAGCAAAATTGTTAACGTTTATTTTGAAGGCATAAAAGTAAATTCCGTTACAAAAAATTATATTTTCTATTTGC
TCTCCCCTTTTCTTTGTTGTTGTGTGTGTGCGTGCGTGTCAATTTTACCGTGCAAAAGCTCGCTCATAAGAAAAGAGAGTTGTGAAAAAGCAACA
GGCACACACACACACACATACACACTACACTCGCACACGACTGATTTCAATTGATTGCAAGGACACGCGGAAGCGGCAAACACAGGGCCAGACTT
AATATCCTTGGGTGAAAGCCAATTTATTGTATGAGTCAAAAAACTGAAAGACCAGTGCTATCGGGTCAACGCATCAAGACCAGAAAAAGAGATGA
AAGAGAAAAATATGACCCAACGGGATTCCGTGATGCGGTCATTGCTGGTCTCGAAAAAACTGAAGGCGACCTGGAACAAATCTCTAAATATCTAG
ACAGCGCGGGCAACAAGCTCGACTATCGTCGCTACGGTGAAGTTCTCTTTGACATATTGATTGCAGGAGGTCTACTAGTGCCTGGTGGTTCTATA
TCTCAGGATGGCGAAAAGCCGCGCACAAGCTACTGCATCTTCGATGCGCCCGAGAGCATGGAGAGCATGCGCAACCATGAGCAGGTATTTGTCAA
GCTCATCAGACGGTACAAGTACCTTGAGAAAATGTTCGAAGAGGAGATGGGAAAGGTTCTATTATTCGTAAAGGGCTTTACTCCTAGTGAACGCA
TCAAGCTTGCGCGTATGACAGCGCTCTGGTTAGTCAACGGTTCTGTACCGCCAAATGTTTTACTGGTACTAAACAACGAGCACCTAATCAAGGAT
GGCATTGCATTGGAGTTTCTACTAGAGCTGTTCCAGACGTTCAAGCAAGAGAAGGGCATTGCATATCTGATTCAGGCGCTTAAGAAGGGTGGACT
GGAAAGCAAACTTATGGACTTTTTCCCACCGAACAAACGTACTGAGGAATATTTTAAACAAGTTTTTCTTGACAAAGAACTTAACGAGATCGTCA
AGCTACATAAGGCTCAGGCTAGCCAGGAGGCGAAGCGTGAGTTGCAGCAGGCGCTCATCGATGATATCAACGATGAGAAGCCATATAATGAGATA
ACCTCAGACATTAAGGACTTCTCGCAGCGCACCAACATTCCCGATCATGAAATAATTGTTATTATTTGGTCCACCATCATGTCATTGGGCGAATG
GAACAAGAAGGAGGAGCTGGTTACCGATCAGGCTGTTCGTCATCTGAAGAACTACTGCCCACTGTTGCAGGCTTTCGCCTCGACCGACCGTTCGG
AATTGGCCCTAATCTTGAAGGTGCAGGAATTCTGCTACGAGAACATGAACTTCATGAAGGCCTTCCAGAAAATCATTTTGTTGTTCTACAAGACC
GAGGTCCTGTCCGAGGAGATCATCTTGCGCTGGTACAAGGAGGGCCACTCAAACAAGGGCAAAATGCATTTCCTTGAACAAATGCGAAAGTTTGT
CGAATGGCTTCAGTCAGCCGAAGAAGAATCCGAATCTGAGGACGAACAAAAGAATGGCGAGTAAGAACTTGGTTGATGGCTAAATGAGGATGAAC
ACAAACGGAGCCGCCCTTTAGCATCCCCATCCAAAAATTCGAAACCAGCACCTGCAACAGCCAGTCGAACTATATATAAAACTCACCCCTATGAA
TTAATGTCATTTTGAAAACTCCACCTATATAAAACTCAAAAATTCCAACAAATAAAGGAGAGAGT
(SEQ ID NO: 212)

Start ATG: 601 (Reverse strand: CAT)

MSQKTERPVLSGQRIKTRKRDEREKYDPTGFRDAVIAGLEKTEGDLEQISKYLDSAGNKLDYRRYGEVLFDILIAGGLLVPGGSISQDGEKPRTS
YCIFDAPESMESMRNHEQVFVKLIRRYKYLEKMFEEEMGKVLLFVKGFTPSERIKLARMTALWLVNGSVPPNVLLVLNNEHLIKDGIALEFLLEL
FQTFKQEKGIAYLIQALKKGGLESKLMDFFPPNKRTEEYFKQVFLDKELNEIVKLHKAQASQEAKRELQQALIDDINDEKPYNEITSDIKDFSQR
TNIPDHEIIVIIWSTIMSLGEWNKKEELVTDQAVRHLKNYCPLLQAFASTDRSELALILKVQEFCYENMNFMKAFQKIILLFYKTEVLSEEIILR
WYKEGHSNKGKMHFLEQMRKFVEWLQSAEEESESEDEQKNGE*
(SEQ ID NO: 213)

Celera Sequence No. : 142000013384892
CATTTACATAACCGAGCCAATATTGAAGTGGTTTATAATAGATTAATAAGATTGTCCCAAAATTTCTCTATTAAATGTCAAGAGGCTGTGCACCA
GCATATAAATGATTTGACCTATCCACCTTAATTGTAATTTTTAGATAATAGCCTTTTTTAAGTGCTTAGATTTTTTTTCAATTACATAAAATTTT
TTTCCCAATCGGTATAATATTTTCATTATCATATTATTCATATTGATATTAATATCTAAGTAGATAAGGTTTAATTATTGGCCTGTACTCTTATT
ATTGTTAAGGTTAAAATAAAAAAAAAATTGGATGTCATTAAGCGTGAAATAAATGAAATGAAATAAAATTTTGCGGAGTTTATTCTTCATGTAATT
TTAGCTAAAGTGTGAACTGTAGATTTGCCGTGTTTGTTTTACAGGCTTCTTAATTGACGTAAATATATGGGATATAATGTCATGAGTCAAGAGAT
TATCAAATATTAAATTTTCTGATTAAAATTAAACGAAAGTCCAAAAATACAAAAAAAAAAACAACTTACCGTAGGCAAAATAGTAATACTATTTG
TAACGTTCTGTGTCGAAATCATATTACCTAAAATAGTTTACTTTCCACTAATATGTACTTGGACCGCACCCTACCAAGAAAATAATAATTTCTAC
TATTGGCGACAGCTGTTATTTGTGCGAATACAAACATGCTCAAATTAATAAAAGTTACGCTTACAGTTTGATTTTAATTTTTACGTTTCATTTTA
TTTTTTAATAATCTCGAATCTTGATTTTGCTGAATGCTGGATTTACTGGCCATTACCTTTCCTGCCCATTAAATCGTTGTTAAACATTGAACATT
AATGAGAGTTTCGTCGCAGACTATTTCGTAGGCTTAGACAAGTAAATAAAATGTAATTGGGAATGTGAAATAGGTGGTACCTTGATTACAAATAA
AAAAGGTACGATTTCGAAAGCATTTTAAAAATAAACATTTCAGAGTATTGCTGTAAAAGTTGTTTTTCGTACTTTTTATTGTTTCTATGTGGTAG
TATTTTTTTAGCCGGTTGGCATACATTTTTCTGGGGTTGTTGCTGGCAGCTTTTTGTTACATTTTACTGAATTTTTAGTTTTACTTTGTTCGATA
TAAATATTCATACTCAAAAATAAGATACGGTTGTAAAATTAAAAATTGTAAAGGATTACATATGTTATTTTGCCGTAATTGTTTTGATGTTTTTC
TTACTTAAAGATTTTGTTTGCAATTTGTTTCATTCGCTTCGTATTTTTTTTTACAATTATTAAATTTGACGCTTTTGTTTACAACTTTTATTCTT
AAAACATAGAGGGTCTCGCATCTTAATTTCGCTTAATATTGTTCTCTTAATCCTTCGCTTTATATATATATACTTTGCTTTAAAGTTAAGATT
TTAAGTAAGTTTTTAAATAATAATGGATTTTTTGTTTTCGTTTGTTGCCGGTATTGTTGGTTGGTAGGTTGTTTGTTAGTAGAGAGAGAGAGAAC
CGGTACGCTATAAAACTACGCTCCCATTGCCGGATTGTTATTGGAGAATTGCGCCCGCCACCCAAGCAGCCACCCACGTATCACCCGCTCACAAG
AGCGGAAAATGGATACAGTCCGGGTTCCTGGCGGTAGAACCGTAATTTCTGTGATTTGCTTTTTTTGTGTTAGTAAGTATTTAATAAGTAGATTA
CTGAGTTTGCTGCTCCGCGGGCGATTCCCTTAGGCGGCCACTTCGCTAGCCTCGGCCCCATTCTGAACCTCATCCTTTGTGCTGGCCTCATCAAG

CTTAGCCTTTTTCTCCGGCGTGGCGACGGCCTCATCTGCCTTGGCTGCAGCCTCATCCACCTTCCGCTTTACAGCCTCAATGGCGGGAGCATCTG
TAAGGCGATAATAAAAATTGAACAATAAGAACATGAACGTGGAAAATTTGTTTGGCATTGATATCATTGATATCATCATACCTGTTGAGTCACCG
TTGGTGACCTCCTCGGAGCCATTCTCGACAGCAGGTAGAACAGCTTCGCTGCTCTCTTTTTTGGTGTCCTCCCCATCGGCAGCGGAATCCTCTTT
TTTATCCTCGTCCTTCTTCTCATCCTTATCGGCGGCAAAAGAAACAGTGGGCTCAGACGCCTTTTCACCATCGACTGCGTCGGTGGGCTCGGTCG
CGCTGCTGTCGGCGGCTCCGTTCTCCTTGGCTACGCTCTCCTCTTCGGCGCCACCGTTTTCTGTGATGCTCGCCTTCTCAGCTGCTACCTCCTCG
GCGGCAACTGCATCTTTCTTCACAGCATCAACTTCCTCAGCTGCGACCTTCTCGACAACAGGGGTCTCACTGTGGGTGATAATCAGAGACGAAAG
TCAGTATGCACTTATAATTTTTTCCGAAGGTGGCCGAACTGAACTTCGTATGCATAGCATTCTACTACATACAAAACTCTAAACAGTAAATCAAT
TAAAAATTATCAAAAACTAAAACTATTAATTATTAATTAATTAAATATTAATTGAATTTAAAAAAAAAAAAAGAAAAATTTCAATATAGCGCCGGT
AGGTAACGTTTATGTTTTCATCCTCCACTTTCTATTCATAAGAGCCCCAGGACGTTCGGAATTAAAACTAAAAAAAAAGTGCATTGTTACATCTG
CCGGCGTTTTTCAAAAATGGGATCAACAACTCGTGCAAGCTGCGACGCAAAAGGAAGCGCGAAAAGGTGAGTGCGATTAGGCGGCACGCTCTTTT
TCATATAAATGGCATATATTCATTTGTTATTTCAGTGCTCTCTACCAACAGATGAGAACAGGGTAGAACCAAAAACACGCTTGCAGACGTGCAAA
ATGAAAAGCGAGACCCGTTTAAACTAAAACGAACAAAGATAGAAATAAAAACCAGTTTTAATGGGATTAATGACAATATAGTCGTTTCTCTCGCA
CTCATCTACCAACAGATACTCGCCATCTGAGGTAGATAGAATTCTATAGGGCGAACAAAAAGAGAGTTGCAAAGTAGCAACGCTAAACGACAAAA
ATAACGGTCCAAACGATACAAACAGTAGCATAACGTCATACAACCTGCGTCTTTCAAAGAAAACCGGAACAGCCTTAGGCATGAGTTTTGTTTTG
TTATGTATTATAAGCTGCAACATATAATAACTACTTAAAAAAAATATATACATAAGTGTTCATCGATAGGGAAAGAGGGAGTATTTTTGGTAATG
CCAATATAGATATGCGTGAAAATTTATACTGTTAATTTCAAGCTTCGAGCTTTAAGCTATCAAATGGGTATAAAAGGCAAGCCTCGAAATTTGAT
GTCTGGTGAGAAACGCAGCAAAGCAACATACGAGGTAGCACAGACAGATGAAATGAAACAGCACAAGAAAAGAGCGGCAACTTGAATGCTGCACA
CGCATACACACACACATGTCTATAGACTTTTGCGCATTTGGCCTGTCGTCCGCATACACTCAACGCATTACTCCGCCGCTACACACACACACACA
AATAATTCATCGTTGCTGTTTGCCGGCCGGAGAAAGAGCGAGAAGGCACCATGACGCCGCGCCAAATTAAACGGCGTCGGTTTTTGCGCGCACAC
CGTTTTGCCTTTGGCGGGAACGAGACAACTACATTAGTGCCAACAAGCGGTTTGCGTATATAGACACAGAATTCAAAAGAAAATTTCCAAATCTT
TTCGGCAAATAACATAGATTTTCATTAGCAAAATTCGCTACAAGTCCATTGCTTAAACAAAATCCACAAACGTCCGAAAACAAGGCAAGCAAAGT
ACTCACTTCTTTTGCTCAGCCACATCAGCCATTTTGAATTACTGTTAGATATTACTTTTCAAACGCGAAGCGAGAAAACACGTTGTAACTGAGGG
TTTTTGGATCACCAAGCACGCCTTAAATATCAGCACAAAGATTTTAAAAGAACGAAATTTTATCAATATAGTTTCCTCTTTAGTAGCTTTGCTAA
GAAAGTAGCTTGGTTGCTGGAGATTTTGCCGTACAATTAAGAACGTCCACACAGTCACAAAGAAAAACGCCGAATGAGAGAGCGGTGAGCGTCGG
ACCGGCTTTTAAAGCGCCGCCCTGTAGTGTTGGTAGACGTCGGTAGTCCGCTTGCGATAGTTCCGCCTCCGGAAAACATATCTTTGTTTGTTATC
GTTATCACCCGTTCTCTATTTAATTCGGAGTTAGCTTATGCTGATAGATTTTTACAATTTTATTTTAATATATTAAAGAGATGAAATATAGCAGT
GACAAATATTTCAAAATAACGGTCCCCTAAAAAGGGCTGCCACCTTTTAACTATTATTTAGCGGCTACACAAATATAGCAGGTAAAATATTCAAA
TGCATTCCTATCCTTGTTTTTCTCATTGACCTGAGTGATTTTTCGTGTAATACACCTTCCCAATTCTAAGTTTTTTTTTTGATCCGGTACTCCTA
AAAATTAAATAAACAAACACACAAACATGTATGTTCATATATATATATATACACATATCGTCATTTTTAAAAAATTCAAGCTTTTTATTAAATTA
CATCAATCAATTTCCTTGTAAATTACACAGTCTACAAGATCTTAAAAATAATATCTTAAAGATATGTCATATGTATGTAATCAAACACATAAAAC
CGACGGAAATAATCCTCACCCCTCTGAAAACATTTTCAGGTAGTCAGATATGCACGCATAAGTACGTACATACATACATATGTATAGTGGCCTTG
TCTGCGTCCCTTGATCGGTATAATAGAAAAAAGAATTAGAGTGCGCTACCAGGCAGCTGGTAAATTTTCTGCTTCACTAAAATTTTACAATATTT
TAGGCTATTGGCAAGGAAAACAATACACTAGGACTGAGATTCCATTGCCGAAGAACATAGACGCTATTATACATACATATAATTACAAGTTTTCA
ATTTTCATAAGTCAACATTTAATTTTAGGTCTCATGCTAAACTCCACTTATTGATCTATATTGATTGACGATCAATCCTCGGTCTCGAGCTTTTT
TAATATGGACTTTGGGCTGTAAAATTTTAATGGGC
(SEQ ID NO: 214)

Exon: 4070..3807
Exon: 2349..1982
Exon: 1897..1001
Start ATG: 3832 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT7302
CTCTCATTCGGCGTTTTTCTTTGTGACTGTGTGGACGTTCTTAATTGTACGGCAAAATCTCCAGCAACCAAGCTACTTTCTTAGCAAAGCTACTA
AAGAGGAAACTATATTGATAAAATTTCGTTCTTTTAAAATCTTTGTGCTGATATTTAAGGCGTGCTTGGTGATCCAAAAACCCTCAGTTACAACG
TGTTTTCTCGCTTCGCGTTTGAAAAGTAATATCTAACAGTAATTCAAAATGGCTGATGTGGCTGAGCAAAAGAATGAGACCCCTGTTGTCGAGAA
GGTCGCAGCTGAGGAAGTTGATGCTGTGAAGAAAGATGCAGTTGCCGCCGAGGAGGTAGCAGCTGAGAAGGCGAGCATCACAGAAAACGGTGGCG
CCGAAGAGGAGAGCGTAGCCAAGGAGAACGGAGCCGCCGACAGCAGCGCGACCGAGCCCACCGACGCAGTCGATGGTGAAAAGGCGTCTGAGCCC
ACTGTTTCTTTTGCCGCCGATAAGGATGAGAAGAAGGACGAGGATAAAAAAGAGGATTCCGCTGCCGATGGGGAGGACACCAAAAAAGAGAGCAG
CGAAGCTGTTCTACCTGCTGTCGAGAATGGCTCCGAGGAGGTCACCAACGGTGACTCAACAGATGCTCCCGCCATTGAGGCTGTAAAGCGGAAGG
TGGATGAGGCTGCAGCCAAGGCAGATGAGGCCGTCGCCACGCCGGAGAAAAAGGCTAAGCTTGATGAGGCCAGCACAAAGGATGAGGTTCAGAAT
GGGGCCGAGGCTAGCGAAGTGGCCGCCTAAGGGAATCGCCCGCGGAGCAGCAAACTCAGTAATCTACTTATTAAATACTTACTAACACAAAAAAA
GCAAATCACAGAAATTACGGTTCTACCGCCAGGAACCCGGACTGTATCCATTTTCCGCTCTTGTGAGCGGGTGATACGTGGGTGGCTGCTTGGGT
GGCGGGCGCAATTCTCCAATAACAATCCGGCAATGGGAGCGTAGTTTTATAGCGTACCGGTTCTCTCTCTCTCTACTAACAAACAACCTACCAAC
CAACAATACCGGCAACAAACGAAAACAAAAAATCCATTATTATTTAAAAACTTACTTAAAATCTTAACTTTAAAGCAAAGTATATATATATATAA
AGCGAAGGATTAAGAGAACAATATTAAGCGAAATTAAGATGCGAGACCCTCTATGTTTTAAGAATAAAAGTTGTAAACAAAAGCGTCAAATTTAA
TAATTGTAAAAAAAAATACGAAGCGAATGAAACAAATTGCAAACAAAATCTTTAAGTAAGAAAAACATCAAAACAATTACGGCAAAATAACATAT
GTAATCCTTTACAATTTTTAATTTTACAACCGTATCTTATTTTTGAGTATGAATATTTATATCGAACAAAGTAAAACTAAAAATTCAGTAAAATG
TAACAAAAAGCTGCCAGCAACAACCCCAGAAAAATGTATGCCAACCGGCTAAAAAAATACTACCACATAGAAACAATAAAAAGTACGAAAAACAA
CTTTTACAG
(SEQ ID NO: 215)

Start ATG: 239 (Reverse strand: CAT)

MADVAEQKNETPVVEKVAAEEVDAVKKDAVAAEEVAAEKASITENGGAEEESVAKENGAADSSATEPTDAVDGEKASEPTVSFAADKDEKKDEDK
KEDSAADGEDTKKESSEAVLPAVENGSEEVTNGDSTDAPAIEAVKRKVDEAAAKADEAVATPEKKAKLDEASTKDEVQNGAEASEVAA*
(SEQ ID NO: 216)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: l(2)k0581
FlyBase ID: FBgn0022155

Celera Sequence No. : 142000013384170
TGTCCTCATCGCCGATGTCTTCCTCGTCTTCCGAGTCCGGAAGCGCTTCCCTCGCAGCTTCTGCAGGATGTACGGATTAATCAGGCCGTCTTGGC
AGGCTTATAGCTAATAAAACCTTCGCAATATTTGTTAAAGTCGCTCATTCTTGTCTATTTTTAATTTGCCGCACGTGCATTAAATGACGACAGTG
CTGACTATTCAGCTAGATTTAAGCTAACTTGGGCTGAAGACACATTGAATACTTAATAGACGAGTTGAAAGGGATAAGAGTGCACTTCAAATGCG
TCAGCACTCTTTCTTTTATGACGAAATCCACTTATTCGACAACTGAATTTATTTTTAACTACTTCAATAATATGATTTTGAAGCCAAGTCACACA
CCACACCTTGCGATGCTTCTTCTTGGCTATGCAAACAAAGCCGTTCACAGTGAAGCGCCTTCAAATTACGGCGCGCATTGTGATCGTTTTAAATA
AATTAAAAATTATGGTTCCTTTGAAAAGTTCATGGTAATGGTAAGATAAAAGCGGCTACCTATAATTAACTCAATTGTCAATCATCAACAGTTCC
ACCATCATACTTGTACACCCGTACCACACACCCACCCATACAGCACAATAAGCAAGATTTCTTTGTTTTCGTTTAATATCGATCTGTAGTTTTAT
TCTTTATACAAAAATGAATTTCACAAGAAGCCGTTCCGAATACGACCTACATACATGTGCTGTCGCCATAAGTCAGTTGCCTAAATATTCTTTCG
GTTTGGAGTTGGATTTGCGTGTTCGTTGAGGTTTCTTGATTGCCTGACTTGACTATGTAACTCGTTTTGTGTTATGTATGGTTATATAAATATAT
ATTTACATATTTATATAGGTTCTGCCATTTTATATTTAACAAAGGACTCTTATTCCTGCGCAGCATCTCTAACAAGAAGAACTCTTCAACAAGCA
ACTATGCATTCAATAATTAGATATATGCGGGCTACATTTATAGATCCTATTCACATGAAGTCGTCATAGTCTTCGGTGAAGTCATTTCCGTACTT
TTGGTAACCGTCAATGTCCTGCAAAAGAGCGGATTAAATAAGTTCATTCGTTGATCTCGAACGGCGGCGATTGAAACACTCACGTCGTTTTCGGT
GCGGAGAGTGACCTTGCCCTTGCCCTTTCCAGCGGGCTTTTTAGCATTGGCCTTTTCCAGCTTCAGCTTTTCCGAGTGCAAGATTTCCACGTTCA
TCTTGACCTTTTTGATGTCAGCAGCGCTCACTAGATAAGGTGCGAAATCAAATCAGATAAGCCGTCTTTAATTGTCAGCCAGCTAATCACTCACG
ATTCACGCATAGGCTGCGCACCAGATCCTCAACAAATTGGGGGAAGTGCTCCGACTCGCGGAATTGGCCCACCTTCCAGCTGAGCGTTGCGCCAA
ATTCCTTGAACTCCTCCTTGGTCTCGGGGTTGAAGGCGTCAAGACCTCCGCACGTACTCGTCACACCGAACGCTTCCTGGGCATGCTTGAGATCA
GAGGCCTCCTGGATTTTTTGCAATCGCAGCTTCTCAGCCAACTTTTCTGCAGGCGATAGGTTGGCCAAACGTTTTGCCTCCGCTTCCTCCTCTAG
GAGCTGTTAATAACAGATGATAACAATATAGCCAATGATTGAGAAATGCTTTTGAGCCTTATCTCACCGCCTGCTGTTCCAGTTTGGCTTTTAGC
GCCTTATTTGGCTTCGGTTTGGCTGGTGCTTCTGTTTTCGTAGGCTTCTCCTCGTCCTTTTTTTCCTCCTCATCCTCCCAGCTGTCCTGTGGGCA
GCAAATAAACAAATGATTCGATCAGTCTGCTGCAAAAGTGCACACGTGTACAGCGAAACGAAAGTGAAACCGAGTGCAGAAAAACAAGTTTTGGC
CCATGGCATTTGTTGTTGGGCACTTGGATAGTTGGTTTGAATGCGGCACTGCTTTCGATCTCACTTGGATTTCGTTAGTCGCACCTTGATGTCCT
CATCCTCGTCCTCGCCCTCCCACTTGTTTACGCTGGCGGCGGCAGTCGGCCGGATGACCACCTCGCTGTCTGCTGCGGATTCTGCCAGGTAACAG
AATGAGTTCCAGGAACATGGTGAATAACAATGATTTCAAACGGTTAGTTGGCACAGTGGCTAAAAATACTCATCAAGGCTGGTTGCACGGCACTC
CAACAACAACAGCAATAGCAGCAGCAACAACAACAACAACGACGGAGACCACGTTTATTGTCCGCCGTGCAGATGACGCACCGCCCACTCTTCCG
CCCAGGCCAATCGCAACTTACCCCAATCGTCGGCCATGTTAATGGTTGCCTATTTGCTTGCGGGATTTGTGCTTCTGGATGGGATGGTGCTGGGA
TCGACTTGTTTCCAGCCTCGGCAGCGATTTCAGGAATTTTCCAAAACCAAATTTCTGTGGATCTGTAGTGTGCCCAAGGCGCGACTAGCGGAAAA
TGCGTGGGTAACGTCGCCGATAGTCTGTTGCCATCGAATATTCGTAGTGCGGCCAAGGTGATATCAAGTTATCGACAATTTGAAATTTGTTACCC
TACAATATTTCATTTTTCATTTTTTTCCTTTCTTGATTGTAAGATTGCTTATTTTATTTTCAAACACAAATTTGTCAACTTTGTTAAGAAATCTT
TAAGTTTTTAAAGATTTGAGTTACCCTACAAGTTTTTTTCAAAAAAAATTCGTGATAAATCTCCCTCTTCGTGGTGTTCTAAGAAACTTACTCTT
AGAGTTATAAGGAAAATTGATTCGACTCGATAAATTATATATAGTAGAGAGTATATACATACATAAGCATGTTCTTGATAAGAAGAACTAGCTGT
GTCGTTATATACCTCGAACTCCCCAATTGCTGACTAAGGCTATCTTATAGTCGAGGAATTCTTTCGATTGAGAGGCTAAGTCATCCTTATTGGAG
TTAGAATTGGTCTAGTTAAGATCTGGATTTGTTTGCAAAATGTGAATTATGTCAAACGTCTGCAATTCTCAATGGTTACATCTGTTTTTAACATA
ATCATGTTAAATGTGGCTTTTTGTCCCAAGAACGGTTTTAAAGATAATTGTGTACTTTCTTTACTTGACTGTTTTGGCGATTTTGTTAACAAAGA
ACAACATCCATTTCTGCATGCATAAAAAGTATCATTTTAATAACGTTAAATTAAATTGGTATTCTTACAGATTTGTATTTCATTTTACGTTCATC
TTCAGCGATATCATTGATTTTCTTCTTTATCCACTCATAATATGAGGAAGTTTTCGTGTAAACCGCTGGCCCATATCCGTAACTGGAGGGTCCCC
CTCCGTAGGACGTTATTCCGGCTAGGTAATAAAATTGATCAGCACCCCTGCCCACCGAAGCCATCAGCGGGCTACCGGAATCTCCCAGTCCGGTG
TCGGTGCCATCCCATCCCATGGCACATATCTGGATGT
(SEQ ID NO: 217)

Exon: 2457..2302
Exon: 2076..1985
Exon: 1796..1683
Exon: 1618..1330
Exon: 1265..1129
Exon: 1063..1001
Start ATG: 2317 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT7734
GCGCCTTGGGCACACTACAGATCCACAGAAATTTGGTTTTGGAAAATTCCTGAAATCGCTGCCGAGGCTGGAAACAAGTCGATCCCAGCACCATC
CCATCCAGAAGCACAAATCCCGCAAGCAAATAGGCAACCATTAACATGGCCGACGATTGGGAATCCGCAGCAGACAGCGAGGTGGTCATCCGGCC
GACTGCCGCCGCCAGCGTAAACAAGTGGGAGGGCGAGGACGAGGATGAGGACATCAAGGACAGCTGGGAGGATGAGGAGGAAAAAAAGGACGAGG
AGAAGCCTACGAAAACAGAAGCACCAGCCAAACCGAAGCCAAATAAGGCGCTAAAAGCCAAACTGGAACAGCAGGCGCTCCTAGAGGAGGAAGCG
GAGGCAAAACGTTTGGCCAACCTATCGCCTGCAGAAAAGTTGGCTGAGAAGCTGCGATTGCAAAAAATCCAGGAGGCCTCTGATCTCAAGCATGC
CCAGGAAGCGTTCGGTGTGACGAGTACGTGCGGAGGTCTTGACGCCTTCAACCCCGAGACCAAGGAGGAGTTCAAGGAATTTGGCGCAACGCTCA
GCTGGAAGGTGGGCCAATTCCGCGAGTCGGAGCACTTCCCCCAATTTGTTGAGGATCTGGTGCGCAGCCTATGCGTGAATCTGAGCGCTGCTGAC
ATCAAAAAGGTCAAGATGAACGTGGAAATCTTGCACTCGGAAAAGCTGAAGCTGGAAAAGGCCAATGCTAAAAAGCCCGCTGGAAAGGGCAAGGG
CAAGGTCACTCTCCGCACCGAAAACGACGACATTGACGGTTACCAAAAGTACGGAAATGACTTCACCGAAGACTATGACGACTTCATGTGA
(SEQ ID NO: 218)

Start ATG: 141 (Reverse strand: CAT)

MADDWESAADSEVVIRPTAAASVNKWEGEDEDEDIKDSWEDEEEKKDEEKPTKTEAPAKPKPNKALKAKLEQQALLEEEAEAKRLANLSPAEKLA
EKLRLQKIQEASDLKHAQEAFGVTSTCGGLDAFNPETKEEFKEFGATLSWKVGQFRESEHFPQFVEDLVRSLCVNLSAADIKKVKMNVEILHSEK
LKLEKANAKKPAGKGKGKVTLRTENDDIDGYQKYGNDFTEDYDDFM*
(SEQ ID NO: 219)

Name: eIF3 p35-like
Classification: translation_factor

Celera Sequence No. : 142000013384170

AAAAATAAAAGAATATTTAAAAAATCGTTGAAATCACCGATGACAAGCTCTAAATGCGCAAACTTCAAATTAAAGTCACAGATGAAAGAGTTCAT
TAAATACAAAAATAGTAAAGCCTATTCGTATTTTAACTGTTGTGTTGTAATTATGCATAAAGCGTATTAATTATGTATGTGTAACAAAAATATAA
GAGAAAAACAAATACAAACGAAAAGAAAAGAAAAACAAATAAAGAGTATGTATTACTAAACAAAACAAAAGCATATTTGCAGAATTGAAGGTGTA
GACACTGAGAGAAAAGGAAGCACACATTTCATTTAAATTAAGCGCCGAAGAAGCTGCAATAACGCATTAAAAAGCCAATCAAATTCAAAGTTTCC
TGCTTTTGCCATTAACATTATTATTAATATTATTTCCCTTATTATCATTTACCGATGCCAAAACATTGATTTAATTAACGAGCGGTTAAAAGAAT
GGCAAAGAAAGTTTATTTATAAGACCGAAGCGATAATGATTATTTAAATATGAAAGAATTCAACTAACTTCATATTAAGATGTCCTTGTTATGTC
GCAAAGAATTAATAAAAATAAAAGTGAAAAAACAATTGAAAACCAGAAAAAGCAAACATGACGAATTAATACAAGTTTAATAAATGCGATAAAAC
AAATGAAATGATATTTTCAAATGGGAACAGTATGGATTTGGTTAGTACTCTTGATGACTAAATTGGACTTGCAGAAATCGAGGCACGAAGACATA
TTTTTTCACTGCACTCATACGAGTACCGACCAATTTAATTTATTACGCATTTTATTGCACTGTGGCCAATGATCAGTTAAAATAAAGCAACGTTC
CACTTTGCTAGTGAACCTTATCAAAAATAAATAATTGATTATGTAACTCTTGCTCTTTAATCTCAACACCCAATTACCTCGTTGCGTCTATTTTT
CAATATTTCTTCAATTTAAAGCACATGATTTTGTTGAATTTATAATTTTTATTCACTTAAAAATGTAGCTCCAAATACACTTATAATTTTACGGT
GTTTAATATATGTATTTATCTTTAAATGTATGTGTGTATGTGTATCGTTAATAATTATGTTTATAGAAACTCATATATCGGAGCCACTCTACCGA
CAATGCACGAATGATTAGTGTGAGGCGCGGAATAGTTCGCCAATTAAAATGGTTTCGGATTAGGCGAGCCCAAATCCAAATGGGAACCTTCTCCT
ACTGCACGTATCCGCGACCAAGAGTAAGGATGGTATCAAAGAAGTGAATATTGAATCGGGTATGTCATCTGATTTCGCCATCGGCTGGATGTCTT
AGCCAATGGTTGCTGTAGTAAGTTACCGCGTCCAGGATGCGAATGTGATTGGTTTTGCTTGCTCGGTTTTACGGAAAAAATTCATTTAAAAAGTT
CCATTTTGTGGTTTTGTTTTGCGGTGTAAAACTAGAAATCTAACTGTAAAGATCATCGTCGCCGTTGTCGCCGGGCGAGTTAACTGGCAAGTTGT
TACCAGATCCTGAGGTGTTGCCGGTTTGACCGGGGAATCTGCAATAACATATACACTATCATCAGTAACCTGGATTCCAACAAGAAATGCCTTTC
AATTCTCACCTGAAGTTCTGTCCGAATCCACGGGACTGCTGCAAAGTCTGGGCAAACATCTCGTACTTCCTGATGTCATTATCGGACACCGAACG
GCGAGCGAACTTCATGGCCTCCTCGAAGTGGGCGCTAGTAATCTCCGGCACTGGATCGTCCTCGTCCATCTGATTATATGGGTAAATAGTCAAAC
ATAAACATTCTTATTTTTTGCGCTAAGCTAAATGACTTACGTCCATCGCGGAGTTCTGATTTTCGGCGCGCTCCTTCTCGCGACGAATTTCAGCC
TCGATGGCCTGTCGGATGGCCAGCTTGCAAGCCCGCTGGCAGATCTCGGTCAGATCGGCGCCAGAGAAGCCCTGCGTCACCTTGGCGATGTAGGT
AAGGTCTACTTCCTTGGCCAGCGGCGACTTGCGCAAGTTAGCCTTCAGGATAGCCTCACGCGATTTGTCGTCGGGCAGCGGAATATAGATCAACT
GATCCAGACGGCCCGGACGGAGGATGGCCGGATCGATAATGTCCGGGCGATTGGTGGCTCCGATGATGAACACATTCTTCTTGGCTCCCATGCCA
TCCATTTCGGTAAGGATCTGATTGATCACACGATCAGCGGCGCCGCCAGCATCGCCGACATTACCGCCACGGGCTTTGGCGATCGAGTCCAGCTC
GTCGAAGAAGAGCACACAAGGAGCCGCCGAGCGGGCCTTATCGAAGATGTCGCGCACGTTGGCCTCAGACTCGCCGAACCACATGGTCAGCAGTT
CGGGACCCTTGACTGAGATGAAGTTCGCCTGGCACTCGTTGGCAATGGCCTTGGCCAGCAGCGTCTTACCGCAACCAGGGGGTCCGTAGAAAAGG
ACACCGCGACTGGGCTGCATGCCAAACTTCAAGAACTTGTCCGGATGCTCCACTGGGTATTGCACCAGCTCCTGCAATTCCTTCTTGACGCTCTC
CAGACCTCCGATGTCTGTCCAGGTGGTGTTGGGCACCTCAACAACAGTTTCACGCAGCGCCGATGGACTGGTCATAGCGTAGCGGAAGT
TCTCCATTGTCACGGCCAGCGACGCCAGCACCTCGGCATCGATCTTATCGTCTTCCAAATCGATGAGGTCCATCTTCTCACGGATTTGCTGAAGG
GCAGCCTCAGAGCAGAGTGAAGCCAGATCAGCGCCCACATGTCCGTGGGATTCGGCAGCAATCTGCTCCAGGTCAACATCATCATGCAGCTTCAT
GTTCTTGGTGTGAATGCGCAGCACCTCCAGCCGTCCAGTGGCATCTGGAATGCCGATGTCAATCTCACGATCAAAACGTCCAAAGCGACGCAGGG
CCGGGTCAATGGAGTTGGGCCTGTTGGTAGCAGCCATAACGATCAGATGGGAGCTCTTCTTCATGCCATCCATCAGGGTCAAAAGCTGCGACACA
ATGCGACGCTCCACCTCACCGTGGGTCTTGTCACGCTTGGGGGCAATAGCGTCGATCTCATCGATGAAGATGATAGCCGGCGAGTTTTTCTCGGC
TTCCTCGAAGGCCTTGCGCAGATTCGATTCCGACTCTCCGGCCAGTTTGGACATGATCTCCGGTCCGTTAATCAGGAAGAAAAAGGCTCCGGTCT
CGTTGGCCACAGCCCTGGCAATCAGGGTCTTACCGGTACCCGGGGGACCGTACATAAGAATACCACGCGGTGGCTTCACACCAATGGCCTTGAAG
AGCGATGGATGCCGCAAAGGCAACTCAACCATCTCCTTGATCTGGGCCAGCTGCTTGCGGCAACCACCGATATCATCGTAGCCAACGGCGTTTAG
GGACTCCTCCTCCTCCTCGCGCTTAATTGGATCACCGTCGCAGAAGATTACCGTCTCGGGAGCTACGATGCAGTAGGGCTCCGGGTCGGTCAGCA
CCACCTTGAACTCAATAGGACGCATGGCGGCGCGCACAATAAAGTTGTCGCCCATGTGGATTGGCCGATAGGCCTCTAGGAAGTACGGCTTCAGA
TAGATCTCGAACAGGTTGCCGGTAACGCCTTCGGTGCTTTCGTCGATGGGCAGGATGCGCACCCGTTTGCCGTACTTGACGTCCGGGCAGGACTG
CACGGAAACCACATCTGAAAGATGGACGCACAGGTTGTTGCGCACCACGCGGTTCATGCGGATCTTCTCGTCGGGACAGGTGTCGTCCGAGAGCA
CGATGCACACCGTCTCCTTTCGGCGCTTGCCCTTCAGAATCACGGTGTCGCCACGGAAGAGCTGCAGCTCATCCATCTTCGCCTGATATAGTTTA
AGGGGGAAAAAGAACAGCCAAGTCATGTGAATTAGCCATGCGATGACGTGGCCTTTGGGAGAGTGAATCTTACCTGCGATAGCGACACCACAGAG
TTGTCGTCATTCTGCGCCTCTTCCACAATCAGTCGGTTGGGACGGTCCTTGCGCTTCAGGATCGCCGTAGCCAGATCTTCACTGTAGGGTAGAAG
AAAAAAGCATCGCGTAAGACTCGTCGCTAAAGAAATATCTTATGTCTTATATATAATTTGGCCTAACCGCTTATCGAACGAGTCTTTCGGCTTCA
TTTTCTCATCCTGCTCGCTGTGATATCCCCGCATAAAGTCCCTCGTATCCCCATCATGATCCATCTTATCGTTCTTGCCGCCAGACATTGTTTTT
TTTGTTTTTTTTTTTTGTTTTTTTGGATTGCCTTTTTTGTTAGTTTTGATAAATTTATGGAAACTACTTTCACTAGTAATACGGAATGGAACTAAG
CATCTGGATAATTAGGCCTGCCGAATCATTTTTCGTTGCTAACGTGATGATGTCGATCAATCTTTATTGATAGATTTTTGAACATAAAAGGTTAT
CACCCTATATCGTTCATAAAAATCTATATTAATCGGAATAATAGTACAATTGTTTATTGTCTTTAGTTATAAAAGTATGTTTGTATTTCTTGTAT
TCGATGCCAACTTTTTTGGCGCCATTTGTTATAATAATTTCTAAACTTTGAGGTAAATTATGCATTTATTGTTACTTAAACGATATGTTTTTTTT
TACTTCTGGCGAGTTGAGGGAGCACAAAGACTTTTCTAGAATTAATGCAATATCAAAAAAGGTATTACTAATAGGTAGCATTGAAATAAGTGGTT
TCGGCATATAGTTTAGGATTTTCGCGATTTATTATAGAAATAGCTGCCATATATGTATGCAGTATTGTTTTTCGTATCCAAAGTTATAACTACAA
CAACCGGAAAATTGTATCCTCCAGCAAAGGATGACTTGTATTTTTGGGACAACAAAGGGAAATCGTAAGTTTTCAAGCGGCAACAACAACTGCAA
GGGCAGTAACACCAACAACAACAACAACGTACTGCAAATGGCGATTCTCGCTGGCGTTTTTTTTTCTTCGGTTTTTAGGTTTGCCCTAGTTTCGC
AACATTTTGCAACCGAGCAGTGGAAAAGTCGCGGTAAATGTCTTTGTCTCGCGGAAATCGGCGAAAGCCTTTCACAATTAAATAATAGTATGTCT
GCGATGTGGCCCTTGCGTATTTTTTTCGGCTCAATGACTGAGCGAAATTTGTGAATTTCGACTTGGACCGACACAGTCGGCGCCTATTTCGGCGT
CCAGTTCACTTACCCCTTGGAATCTGCCATGATAAACTAGTTGACGTTGAACTTTTTAACTTAATTGTACAATTCGGCGCGACTTGGACTATTCG
TTGAGCTGGAAATCGGCACTTTTAGTCAAATTCAAAGATGAGGCAGCAGAAACAGATTGGTGATGTGCGTTACCGGACATTCATCGATTGGGCTT
AGAAAATATCGATTACACGCTGCGATGGTTTGTAAAAGAAATTGAAGTGGCAACGCTAAAGGAAAGAGTGGCAATGTGTGCAGGTGCCTAACTTG
GCTATGCTCGCTGGCAGATGATCGCTGCTATGAAGCCATGCGTGATAACGTAGCTGCTTACGTTTTTATTGAAAAAGTGCAGCATACTTTTCGGC
TATGTCTATATCTAAAATATATGTAGGAAGTATGTAGAACTCAATCCGTCTATTTCACTTAGTTGTAGAAGTTTTGGTAGTAAGAAAAAATCTTC
ATTCATTCATTTCCCTAGAACACTCGGCCATCAACCTGTCCCTACAATAACTGCTCAATCGCAGCTTATGCTCGTAAAAACTTTTTAGTATTCAT
GGTTTTGGCATTAACGATGCCAATTATGGCAGCGTTTTATTTAGCTTTACTTTCAGTTTTATTTTTTAGTACTTAAGAGAGTGACAGCGACGTCG
GCAGAGAGGAGAGCAGCGTCATTGGGCGTGGTCGCTGCCCCCAAAAGAATGGGAGCAAACTCCATAGAAACGCAGAACGAATTCAACCAATCGCC
TGCAAGTCTCTTGTCTTCGAAGAGCGCCTGCGCAGAGAGCAAAAGAAAGTGGCGAGCGGAAACCAGTTTTTGTGACGATGAGGGTGACGATGAAG
AGGAGTGGGGAGTCGGGGTGGCTGATAAAGATGGCCGTCGCCTTCCGCGGCGCAGGAAGCAGCGAAGAGCGGGGGGCAGGGCAGCGGAACCGCCT
CAGACCCAAAGTCACAATTATGGGGCACTCATTCATTGCGGTGTATGATGCAAACAGCGCTCTCCTCGCTTTTCTCTCTTTTCCACCAAACTCTG
CTGTACAGTCCGACGTCTTTAGCTCTGATTTATTCACACGATTTTTTGTTTTATTTTACTATCTTG

(SEQ ID NO: 220)

Exon: 5336..5278
Exon: 2506..1846
Exon: 1779..1625
Exon: 1558..1001
Start ATG: 2490 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT7776
CCGATTTCCAGCTCAACGAATAGTCCAAGTCGCGCCGAATTGTACAATTAAGTTAAAAAGTTCTTGAAGTTTGGCATGCAGCCCAGTCGCGGTGT
CCTTTTCTACGGACCCCCTGGTTGCGGTAAGACGCTGCTGGCCAAGGCCATTGCCAACGAGTGCCAGGCGAACTTCATCTCAGTCAAGGGTCCCG
AACTGCTGACCATGTGGTTCGGCGAGTCTGAGGCCAACGTGCGCGACATCTTCGATAAGGCCCGCTCGGCGGCTCCTTGTGTGCTCTTCTTCGAC
GAGCTGGACTCGATCGCCAAAGCCCGTGGCGGTAATGTCGGCGATGCTGGCGGCGCCGCTGATCGTGTGATCAATCAGATCCTTACCGAAATGGA
TGGCATGGGAGCCAAGAAGAATGTGTTCATCATCGGAGCCACCAATCGCCCGGACATTATCGATCCGGCCATCCTCCGTCCGGGCCGTCTGGATC
AGTTGATCTATATTCCGCTGCCCGACGACAAATCGCGTGAGGCTATCCTGAAGGCTAACTTGCGCAAGTCGCCGCTGGCCAAGGAAGTAGACCTT
ACCTACATCGCCAAGGTGACGCAGGGCTTCTCTGGCGCCGATCTGACCGAGATCTGCCAGCGGGCTTGCAAGCTGGCCATCCGACAGGCCATCGA
GGCTGAAATTCGTCGCGAGAAGGAGCGCGCCGAAAATCAGAACTCCGCGATGGACATGGACGAGGACGATCCAGTGCCGGAGATTACTAGCGCCC
ACTTCGAGGAGGCCATGAAGTTCGCTCGCCGTTCGGTGTCCGATAATGACATCAGGAAGTACGAGATGTTTGCCCAGACTTTGCAGCAGTCCCGT
GGATTCGGACAGAACTTCAGATTCCCCGGTCAAACCGGCAACACCTCAGGATCTGGTAACAACTTGCCAGTTAACTCGCCCGGCGACAACGGCGA
CGATGATCTTTACAGTTAGATTTCTAGTTTTACACCGCAAAACAAAACCACAAAATGGAACTTTTTAAATGAATTTTTTCCGTAAAACCGAGCAA
GCAAAACCAATCACATTCGCATCCTGGACGCGGTAACTTACTACAGCAACCATTGGCTAAGACATCCAGCCGATGGCGAAATCAGATGACATACC
CGATTCAATATTCACTTCTTTGATACCATCCTTACTCTTGGTCGCGGATACGTGCAGTAGGAGAAGGTTCCCATTTGGATTTGGGCTCGCCTAAT
CCGAAACCATTTTAATTGGCGAACTATTCCGCGCCTCACACTAATCATTCGTGCATTGTCGGTAGAGTGGCTCCGATATATGAGTTTCTATAAAC
ATAATTATTAACGATACACATACACACATACATTTAAAGATAAATACATATATTAAACACCGTAAAATTATAAGTGTATTTGGAGCTACATTTTT
AAGTGAAT
(SEQ ID NO: 221)

Start ATG: 76 (Reverse strand: CAT)

MQPSRGVLFYGPPGCGKTLLAKAIANECQANFISVKGPELLTMWFGESEANVRDIFDKARSAAPCVLFFDELDSIAKARGGNVGDAGGAADRVIN
QILTEMDGMGAKKNVFIIGATNRPDIIDPAILRPGRLDQLIYIPLPDDKSREAILKANLRKSPLAKEVDLTYIAKVTQGFSGADLTEICQRACKL
AIRQAIEAEIRREKERAENQNSAMDMDEDDPVPEITSAHFEEAMKFARRSVSDNDIRKYEMFAQTLQQSRGFGQNFRFPGQTGNTSGSGNNLPVN
SPGDNGDDDLYS*
(SEQ ID NO: 222)

Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384690
AACCGGCTCCACCTCTCCGAGTTCAGCATTAAGTGTCTCATTAGCGATCTGTGGAGCTCGTGGTAACCACTGGTTGTGAGCCCAACAGCAGGCGT
ATAGTTTCTCTCTCTCTTGACACAATTTTACCACATCCTCAATTTCCTCGCCAGTGCGATGGATGTACTCCTGTGCAACAATTTGATCGAAATCC
GAATAGGTACCCAATTCCCAAGGGCTAAAAATTTTCGGAGATATTTTGGACAGATTTAACCTATCCAGCTGCACTCCCTTACTGTGGAGTAGGTG
CTTTAAACGTGGCAATAAGACGCATAGATTTACAGGCCAATTGCCATGGTCCACGACGTGCCTAAAGCAAAGGTGTAAGTTGTCTTCGCTTTTGT
ACAAGTCCTCGCCATCGTGAATACTTGTGTAATAGGAGAATTCTTGAAGATCTAATTGGTAGAGTATGCGCCAAATGGTTCTCATCAACCCTTCA
CTTGTGCAGATCAAATACTTAAGATTGTGATCCTATTTGAAATGAGATTTGGGTCATTCAAGCTTTGCATTCCTTACTTATATTTAATTGCTTAC
CTTGCTTCCTTCTGCAAAAAATATTTCCTTCGCTCTTTCGAGAAGAAATTGATTTTCTTTTTTCTCTACTGAACTGTTTTCATTTTCGGAATTTC
CTTCGGTCGTAACCCTTGCTCCATCTTCCAGAATTTTTGTCGATCCAGCTTCAATTTCAGTGTTTGGTCTGTTCGTAGAGTTTCTTGAATTATTA
GATGATTCAGCATGGATCATTTTAATCTTAGCCGGACTTTCCAGGTTATTATTTAAATTAACTGAACTGCTTTCTTTCGTTGGCTCTGAACTCTG
ATCCAACGCTTTCGGAATTGTATGCATTTCAGTTGCTTGTGTGTCAGTTGCTGTTGTTTGAGCTGTGCAGACACTTTCTATGTCAACCGAATTCG
AAGACAATTGTGGCTCATTTTCTTCAGCAGCAATGGTATTGGCAACAATATGCCCGGTAGATACGGAATACCTTTTATATTGTTCTTCTAGAAAT
GCTTGTGTTACTGGGCAGTTGATTCCTTTAAATAATTTATCGAGAAAGTTATGGGCCGTATAATTCCACCCGATCTTCAGTTTGCTAAATATAAT
CGTGTTGTATAAATGTGCTTGCTAATCCTTTAAACATTATTTTTTTTACCTCGATAATTCATAAAGCCTCTCAGCATTTAGTTGAATATAATCTT
TTATGGGTTCCGTAACTTCTAGTTCATGCTGCAATTCCAGTGGCTGTGTGCCTTGGTTGGTAGTGACGTCTTCTGGGACAACTAATGCGTCTTCG
GGAAAAGGCTCTGGTTGAAATTGAGACGTGTTTTGTGTAGTCATCGGCTTACTGCTGATCGCTTCCTTTGCGACTTTAGTCCTTTTTCTGCTGCA
ATTATAAGGTTTATTACACATCCGGAAAAAAAAGTAAAAATGTATGTGGTATACCTTTTCATTAAGATTTCTAAAGCATTTCTGCGAACAGGTAAC
GACATTTCGCTTTTGGACTGAAGGCAACTTTCCTTGAGCGGTGTTCTAGTGGTGCACGTCGCCAGGCAATCAGTTTCCTGTAGACAATCATTCAC
ATTTTTCCCTGGATAACTAAGCAATTGTTGTAGTATATGGCCGGTACATGGCTTGAATCGACATGCGAACTTTTCCCTCATCTCTGGTCCAGAAT
AGAAGCCTTTGTAGTAGTCGCGAATAACCTCATCCTTGGATTTTCCTCTATACTCAACGCACTTCTGCATATTATTAGCAATATCATCTAGATTG
CTCACATGACTTTTGAACAGCTCTAAGGATACAGGGTATGGTGGACACTCTTCTCCGGGCTTGTCGTCATTAGAACTAGGCGTCCTTGTGGATGG
TATACTTTCATGTTCAGCTATTGGTCTGCTGGAGTCATGACTTATTACTATTATATCTGAAAACAAATATATGTTTAACTTACTTCTCTTCGGTG
ATATTTTGCGTTTCTCGTACTACATTTCTGGATGACTGCAGACAACTTTCATCGCTTAGGTTTTCTGTGGTACAAGCCACCTGGCAATTTGGATT
CTTTGGGGGTAGCTCCTTGTTTTTCGGTGGAAAACTTAACAATTGTCTTATTTTTTTGCTGGGACACGGTTTAAATCGGCACTCGAACTTCTCCC
TCATGTCTGGTCCAGAATAGAAGCCCTCGTAGTAGTCCTGAATTACCTCCTCCTTGCTTTTTTCTTTGTACTCATCGCATTTTTGCATCTCATTA
ACAATATCATCGAGATTGCTCACATGACGTTTGAACATCTCTAAAGAAATGGGATTTGGTGGACAATTTTCTGTTGTTGTTTTAGGAGTGAAAGG
TACCTGGGACTTGGATTCGTTTACTGCTTTTGCATTATCTGTTCGATTCATTGTAAAAAGAGCCTTTTCATCAAGTGGCTTAGCTTTTTGTTTTA
GCTTAGCCAGCATCTTAGGATTGGGGCAATTGAATTTGTACTTGAATCTTTGACGAACATCATTGCGTGCATAAAATTTATTGTAAAACTGGCGG
AAAAATTTTTTGCATTGTGGGTGCGAAGGATCAGAAATTAATTTTGACAGTTGATGTTCGTCTTTAATGTGATTATTTACTAGAATTGCTCGGAT
AATCTCGTCATAGTTAATATATTGCCGAAAAGTTTCAAGTGATACGGGAAAAATAAAGCGCCCATGTCTAAAAAATTTTTTTTGAAAATTGTTAC
TTAAAAATTTAAAAAAATGGTAATTTATATTTTTCTTACTTTTTAAGGTCCACTTCAACATCCGTCACAAAGGAAGTCCTAAAATTGTGGTTTTA
AAATTATGAAAACAATTCAGGTTACGCTAACTTACTCATATACATCGGTAGAATCTGTGATCTCTTCAGGTTTGGCTGGGGTCTCGTCCGAAGCT
CTGGTTTTTGAAGCAGGACTCTCTGGTGTCTTGGACATGGGCACTTCGAAACCTGACGGAGGAATCTCTAACTGGGGCGCTCTATCTGATTGTTC
TTCGGCAACCTCCTTGCTCTGATGGGGTTTAACTTGGGGACTTAAGACTTCAGATGACTTCTCAGGGGCTTTCGAACTGTGCAGATGGCGTTCTG

GCGAAGCTAATGCCGGCATACATCTGCTTAGTTTGTTGGCATCGTTCCTGAGATTAGCTTGGTTTTCGAAAGTTTCTAAAGTATTATGTGAACTC
GATAGCCCTTCAGTCGTGCTAATAGCTCCCGCAGCACAATTCTCTGGCGAAAGAGTAGCTAACTGGGACAGACCTTCACTCGGTTCGTGGGCAAC
CTCCATGCTGGGACTGGTTTGGATTTGTGAAGAGCCACTGGTATTCTGCGACCCTAATGACCCTTTGCTCTCAGTAATATATGAAGTGTTGGGCC
TGCGCGAATCAAGTCCTGGCGAGGGATTAGCTAACTGAGGGAGGCTTTTCCTAAGCTTTTCGGCAATATCTTTGCCGAGAATGGACAGCATGCAG
GCCTTGAAAGTCGACGTGCAAGGTTTTAATTTGTATGCGTATTTATATCGGATCCTCGGAGTAATGTAAAACGCCAGGTAATAGTCAAGGGCACA
TTCCTGGACATCCTTGCTCGCATAATTAGCATCCAGTTGCCTCATTTGCTCCACAATGTCCGATAAGTTTGCCATATTTTTCTTAAATACCTCGA
AGCTGACGATGGAACTGTGAAATATTTATAGTAAACAACGAGTATTTGGAAAGTGTCCCAAACTTACTTTTTCGTAAGGGATTTCATTGCAGTAA
GCTCCGCCACAGTCTTGACCGCTTTTTTGTCCAGTGGTTTCCCAGATTCAAGCAACTTTTCCAAAGGGATTTCTGTAGTTGCATTGAAGATATTC
GTAGGGGATCGCTTTTCTGGATACATGTAAAAGCGGTTGTAGAACCTTTGTAGTGTAAGAAGACGACGCTCATCGTCGGACAAGAGGACCAGGCA
GTGTTCTATGCTCCTGACAATTTTTTTGAACAGTAACATCTTATTGATGCACTGTAGGAATACATCAAAGGATACCGGAAAGATGAAGGCGCCAC
ATCTGAAATGAGTCAAAATTGGTTAATCTGCTCTGCTCGAAAATAATATTACCCACCTCTCCACATTAACAATTACGTCTGGAGATTCCGATCCT
GATGGTTTACATTCAACTGCAACGCCTTCAACTGCATCATGGGACTTCGCGGTTTCAGCGAGCGTCGTCAACTGGCTGCCTTCAACTAAGACTTC
GGGTTGCTCTACTTGAGATGGTCCTGCAGCTGCTACGTTTGCAACATCGTTTTGTGAAATTCCTCCTGGCTCCGGTACTTTAAGCAAGTTGTCGC
GTGTCCGCCTGGGACACGGCGCCACCTTGACAGGGAACCTTGCCCGTATGCTGGGATTCCGGTAGAACTCTTTGTAGTACCATCTGCTCCACTCG
ACCAACGTTCTATTGTCTCCATTGGCAGTTTTCAACTCACTTGCAATTTCAGACAAATTAACGATTAACTTTTGAAATGCCGCAAAGGACACTGG
ATACATGTTGCTCCTGAAATCAAACAATATTTAATGTTAAGATGTAAAAGATTCACAGTAACCTTACGACTTGTTCTATGCAAGTAACGTTATTT
GTTGTTTATCATAAACATCACATTTCAATACCGCGAAATAAACTAGGCTGAATATCACAGTGTGACTGTGCTGCAAAATGACAATATTTATCGAT
AGCGAACGACTAAATATTTTCACTACGAGAACTCGAACTTACTTAAAATTTTACAAGCCAGTTAATACTTTTGTGCTTTATTGTTTATTGTTTAT
TTATTTATTGTGCTGATTTAAACAGGGTTATAATTTCATAGCTAGCTAATTTTACATGTTATGATTTTCCAAATGACTCCAAATTTGTAAGGTGT
GCTAGGTATAGTAGGTGGTATATTCCAGCGGTCGCCGCACGGTCACACTCGAGCTGCGATTCGGAGGGCTAGAAAATCATCGATGTTTACGTACA
TCGATAGTTGGCAGGGCTTTGCTTTGTTTTGCAAATTCCAAGCGGAGTTGAGGCTGTGACAGATTGCGGGTGCGAGTTGTGAAGCAACATTGCGT
CATCATCAGCTCCTGGACAGAAAAGAGCTCAGGGAACGAGGCAGGTCCGCGCCCGGGGACAAGGAAAGCCTTTAGCCACGAGGACGCAGAGGGAT
CAAAGGCGGAGGAGGAGGCGGTGGCCGTGTCACGGGAGCTGGATCAAATGGCCAGCACCACTGGAAGTGCCCCCAGCCTGGGACCCCCCCAGAGC
GGGAGTGGTGGCTCTGGCACATTGGAGGGCACGCTAAGCAAGTGGACGAATGTGATGAAGGGCTGGCAGTACCGCTTCTTCGTTCTGGACGAGAA
TGCTGGACTGCTGTCCTATTACACGGTGAGTGGCTGCAGTGCACCTCCTGACTGAAACCCATATCGCACCCAGAACGAACTCCTCATGGCCCGCA
GCCTTATCTTATCTGCTATAGATACATTTGGATACACATACACACTTGTTGGTACCCCTTTATTGCGTGATTTGTTGACAGGAGATTACTTTTTT
GAGTCTGACTGAGGGGTCTGACTCTTGCGCCGCTGCGAGGCTTGATAGGCACTATTATAGAAGTCGTAAAAGCCGTAGAACATGCCAAGAATGAC
GGTGGTGAAGTAGAGAAGCACTAAGGGCGGCATGCCGCACAATACCAGCTGGAAAGCAACCTGCGTGAGGATAAGAACGAACTGCGTCATCTGAA
TCACTGTGATGCACTTCTTCACTGGAGTTAGGGCCTGCACCAAGGTCTTATCCGCCACTGCCGCCACAAAGTAGTACGAGTACATGATAACGTGA
ACGATAGAATTCAAGAACACGCAGAAGTAAGCAGCAGAACCTGTACAATTGAACGCATTTATGAAAATAGTCGGTCACCCAGCAGCCGGCTAGCT
TACCATTTTCGTTGAAGTTGATCAGTGCGTAGACCAGCGTTACCGTGGAGAAGTGATGAAAGATGTGCAGCTTGGACACCTGGTTTTGTTTCTTG
CGAAGCACAAAGATCACGGTTTCAATCAGCTCAGAGATCTTCAGCCAGAAGAGAAAGTAGGCCAAGTTGTAGTACCGCCTCACGAGCTCTGGGCT
GCTCCCGATGTCGCGGCACTTCCAAAAGATGTATATGGTGTTGTCCGTAATGTACAGGACCTGCGAGAGAAAAGCAATTAGCCGATGCTGCTGCT
GCTGTACAATTTATAAATATCCACCTCTTTGATAGCATATATGCAGGAAACCACCTGGATGAAATTATGTAGCAAGATAAGTCGCTTGAGCTCGT
AAGGTTTGCGCCATTCCATGAAACTATAAGCGAGGTATTAAAGGTCTTCTTTCTTATATAAGTAAGCCAGCGAACCCGCTGAATTGCTAATGTCA
AGTCCACTGACCCACATGCAAACAAGCGACGCTGACATTAGCATGTGAACTTACTGCGGACCCGCTTTGGTGACGAAGTACAGATAGAGGACCAG
CACTGTGATCATGTACCAGGGATCCTTATAAATCGTAGGAACGTTCACCACCGGCTGCAAATTTATACCTACAATTTTATTGAAACCATCAGACA
GTTTTTTGACAAATCCAAGAGGAGCTCACTTGCTGACGCCTCCATTTCGCTTCTTTGTGTTGAGCTTCCGCTGGCCTGTATCCTTTAGGTGGCGT
GGGACTGGTGGACTGCAGCTCTACCGCCTTGACCGCTGGCGAACATTTAAGCGTGAACAGCACGCCGAACACTGTTTTTATATTCCCCAAGCATT
GATTAGAATACATTAATTTATAGCAGGCGTAATAGCCCTTTGACAGTATGAGCTGCGATTTAATGAACTTTCCTAATTCCGACTGCATTTCTGTT
ACAGTCGAAGGATAAGATGATAAAGGGCGTGAGGCGCGGTTGTGTTCGTTTAAAGGATGCGCTAATCGGAATCGACGACCAGGAGGACAACACAT
TCACAATCACTGTGGACCATAAGACCTTCCACTTTCAGGTAAGTGTCTCCTTAGTAAATGGAAATAAAGATTGTCTAAGGAAAGCTTGATCAATG
TTTTGCAGTTTCACTAATAGTTCATAATTCACCGTAATAGTTTAAGTACGACGTTGTTTGTTTTATGAACTGAAGAACCAACTCATTTTAAATTC
CACACTTGCATTGATTTTTTATGACGTCTAGTGGTATACGTAAGCAAAAACTATGTAGATCAAGAGGGCAGCACGTTTCTTTTTGCAATTCGCGT
TTTCGTCCCAAAAGATATAAAGCAAGCATGATGGCCTATCCGCTTTGCTTGCCAAGAGTTTTCGTCCTCTTACCGGAAAAGGGTATCCGGGCATC
GACCCAGAAACCACTGTCTGGTCCTCACGTTCCACCTTTTGTTTGACTTTGTTGCCTTGATGTAACGATAAAACTTTTTCCAATACCCATACACA
AGCAAAGGAGCCCACTAAACTTGCCAACTTTCCAAACGCTTGCAGGCGCGACACAACGAGGAGCGGGAGCAGTGGGTGCGCCGCCTGGAGGACAC
CATTCGACGCCACGCGAACCGGTCGCGTCTGTGGGACAGCCAAAGCGCTTTCTACATCGCCGGTGGCTACACGAAGGAAGGGGGCGGGAGCGGAA
CAGGCGGCAGAAGACCCAACCACCTGGAGTTGGTGGCGCGCCGTGTTTCCGAGGCAGATGCCTACCTCCAGCTGATGATTGA
(SEQ ID NO: 223)

Exon: 6777..6680
Exon: 6623..6515
Exon: 6388..6295
Exon: 6235..5989
Exon: 5930..5600
Exon: 4573..4142
Exon: 4087..3773
Exon: 3719..2886
Exon: 2833..2795
Exon: 2727..1984
Exon: 1925..1479
Exon: 1420..1001
Start ATG: 6695 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT7814
TCAAGGCGGTAGAGCTGCAGTCCACCAGTCCCACGCCACCTAAAGGATACAGGCCAGCGGAAGCTCAACACAAAGAAGCGAAATGGAGGCGTCAG
CAAGTATAAATTTGCAGCCGGTGGTGAACGTTCCTACGATTTATAAGGATCCCTGGTACATGATCACAGTGCTGGTCCTCTATCTGTACTTCGTC
ACCAAAGCGGGTCCGCATTTCATGGAATGGCGCAAACCTTACGAGCTCAAGCGACTTATCTTGCTACATAATTTCATCCAGGTGGTTTCCTGCAT
ATATGCTATCAAAGAGGTCCTGTACATTACGGACAACACCATATACATCTTTTGGAAGTGCCGCGACATCGGGAGCAGCCCAGAGCTCGTGAGGC
GGTACTACAACTTGGCCTACTTTCTCTTCTGGCTGAAGATCTCTGAGCTGATTGAAACCGTGATCTTTGTGCTTCGCAAGAAACAAAACCAGGTG

TCCAAGCTGCACATCTTTCATCACTTCTCCACGGTAACGCTGGTCTACGCACTGATCAACTTCAACGAAAATGGTTCTGCTGCTTACTTCTGCGT
GTTCTTGAATTCTATCGTTCACGTTATCATGTACTCGTACTACTTTGTGGCGGCAGTGGCGGATAAGACCTTGGTGCAGGCCCTAACTCCAGTGA
AGAAGTGCATCACAGTGATTCAGATGACGCAGTTCGTTCTTATCCTCACGCAGGTTGCTTTCCAGCTGGTATTGTGCGGCATGCCGCCCTTAGTG
CTTCTCTACTTCACCACCGTCATTCTTGGCATGTTCTACGGCTTTTACGACTTCTATAATAGTGCCTATCAAGCCTCGCAGCGGCGCAAGAGTCA
GACCCCTCAGTCAGACTCAAAAAAGAGCAACATGTATCCAGTGTCCTTTGCGGCATTTCAAAAGTTAATCGTTAATTTGTCTGAAATTGCAAGTG
AGTTGAAAACTGCCAATGGAGACAATAGAACGTTGGTCGAGTGGAGCAGATGGTACTACAAAGAGTTCTACCGGAATCCCAGCATACGGGCAAGG
TTCCCTGTCAAGGTGGCGCCGTGTCCCAGGCGGACACGCGACAACTTGCTTAAAGTACCGGAGCCAGGAGGAATTTCACAAAACGATGTTGCAAA
CGTAGCAGCTGCAGGACCATCTCAAGTAGAGCAACCCGAAGTCTTAGTTGAAGGCAGCCAGTTGACGACGCTCGCTGAAACCGCGAAGTCCCATG
ATGCAGTTGAAGGCGTTGCAGTTGAATGTAAACCATCAGGATCGGAATCTCCAGACGTAATTGTTAATGTGGAGAGATGTGGCGCCTTCATCTTT
CCGGTATCCTTTGATGTATTCCTACAGTGCATCAATAAGATGTTACTGTTCAAAAAAATTGTCAGGAGCATAGAACACTGCCTGGTCCTCTTGTC
CGACGATGAGCGTCGTCTTCTTACACTACAAAGGTTCTACAACCGCTTTTACATGTATCCAGAAAAGCGATCCCCTACGAATATCTTCAATGCAA
CTACAGAAATCCCTTTGGAAAAGTTGCTTGAATCTGGGAAACCACTGGACAAAAAAGCGGTCAAGACTGTGGCGGAGCTTACTGCAATGAAATCC
CTTACGAAAAATTCCATCGTCAGCTTCGAGGTATTTAAGAAAAATATGGCAAACTTATCGGACATTGTGGAGCAAATGAGGCAACTGGATGCTAA
TTATGCGAGCAAGGATGTCCAGGAATGTGCCCTTGACTATTACCTGGCGTTTTACATTACTCCGAGGATCCGATATAAATACGCATACAAATTAA
AACCTTGCACGTCGACTTTCAAGGCCTGCATGCTGTCCATTCTCGGCAAAGATATTGCCGAAAAGCTTAGGAAAAGCCTCCCTCAGTTAGCTAAT
CCCTCGCCAGGACTTGATTCGCGCAGGCCCAACACTTCATATATTACTGAGAGCAAAGGGTCATTAGGGTCGCAGAATACCAGTGGCTCTTCACA
AATCCAAACCAGTCCCAGCATGGAGGTTGCCCACGAACCGAGTGAAGGTCTGTCCCAGTTAGCTACTCTTTCGCCAGAGAATTGTGCTGCGGGAG
CTATTAGCACGACTGAAGGGCTATCGAGTTCACATAATACTTTAGAAACTTTCGAAAACCAAGCTAATCTCAGGAACGATGCCAACAAACTAAGC
AGATGTATGCCGGCATTAGCTTCGCCAGAACGCCATCTGCACAGTTCGAAAGCCCCTGAGAAGTCATCTGAAGTCTTAAGTCCCCAAGTTAAACC
CCATCAGAGCAAGGAGGTTGCCGAAGAACAATCAGATAGAGCGCCCCAGTTAGAGATTCCTCCGTCAGGTTTCGAAGTGCCCATGTCCAAGACAC
CAGAGAGTCCTGCTTCAAAAACCAGAGCTTCGGACGAGACCCCAGCCAAACCTGAAGAGATCACAGATTCTACCGATGTATATGAGACTTCCTTT
GTGACGGATGTTGAAGTGGACCTTAAAAAACATGGGCGCTTTATTTTTCCCGTATCACTTGAAACTTTTCGGCAATATATTAACTATGACGAGAT
TATCCGAGCAATTCTAGTAAATAATCACATTAAAGACGAACATCAACTGTCAAAATTAATTTCTGATCCTTCGCACCCACAATGCAAAAAATTTT
TCCGCCAGTTTTACAATAAATTTTATGCACGCAATGATGTTCGTCAAAGATTCAAGTACAAATTCAATTGCCCCAATCCTAAGATGCTGGCTAAG
CTAAAACAAAAAGCTAAGCCACTTGATGAAAAGGCTCTTTTTACAATGAATCGAACAGATAATGCAAAAGCAGTAAACGAATCCAAGTCCCAGGT
ACCTTTCACTCCTAAAACAACAACAGAAAATTGTCCACCAAATCCCATTTCTTTAGAGATGTTCAAACGTCATGTGAGCAATCTCGATGATATTG
TTAATGAGATGCAAAAATGCGATGAGTACAAAGAAAAAAGCAAGGAGGAGGTAATTCAGGACTACTACGAGGGCTTCTATTCTGGACCAGACATG
AGGGAGAAGTTCGAGTGCCGATTTAAACCGTGTCCCAGCAAAAAAATAAGACAATTGTTAAGTTTTCCACCGAAAAACAAGGAGCTACCCCCAAA
GAATCCAAATTGCCAGGTGGCTTGTACCACAGAAAACCTAAGCGATGAAAGTTGTCTGCAGTCATCCAGAAATGTAGTACGAGAAACGCAAAATA
TCACCGAAGAGAAACCAATAGCTGAACATGAAAGTATACCATCCACAAGGACGCCTAGTTCTAATGACGACAAGCCCGGAGAAGAGTGTCCACCA
TACCCTGTATCCTTAGAGCTGTTCAAAAGTCATGTGAGCAATCTAGATGATATTGCTAATAATATGCAGAAGTGCGTTGAGTATAGAGGAAAATC
CAAGGATGAGGTTATTCGCGACTACTACAAAGGCTTCTATTCTGGACCAGAGATGAGGGAAAAGTTCGCATGTCGATTCAAGCCATGTACCGGCC
ATATACTACAACAATTGCTTAGTTATCCAGGGAAAAATGTGAATGATTGTCTACAGGAAACTGATTGCCTGGCGACGTGCACCACTAGAACACCG
CTCAAGGAAAGTTGCCTTCAGTCCAAAAGCGAAATGTCGTTACCTGTTCGCAGAAATGCTTTAGAAATCTTAATGAAAAGCAGAAAAAGGACTAA
AGTCGCAAAGGAAGCGATCAGCAGTAAGCCGATGACTACACAAAACACGTCTCAATTTCAACCAGAGCCTTTTCCCGAAGACGCATTAGTTGTCC
CAGAAGACGTCACTACCAACCAAGGCACACAGCCACTGGAATTGCAGCATGAACTAGAAGTTACGGAACCCATAAAAGATTATATTCAACTAAAT
GCTGAGAGGCTTTATGAATTATCGAGGTAAAAAAAATAATGTTTAAAGGATTAGCAAGCACATTTATACAACACGATTATATTTAGCAAACTGAA
GATCGGGTGGAATTATACGGCCCATAACTTTCTCGATAAATTATTTAAAGGAATCAACTGCCCAGTAACACAAGCATTTCTAGAAGAACAATATA
AAAGGTATTCCGTATCTACCGGGCA
(SEQ ID NO: 224)

Start ATG: 83 (Reverse strand: CAT)

MEASASINLQPVVNVPTIYKDPWYMITVLVLYLYFVTKAGPHFMEWRKPYELKRLILLHNFIQVVSCIYAIKEVLYITDNTIYIFWKCRDIGSSP
ELVRRYYNLAYFLFWLKISELIETVIFVLRKKQNQVSKLHIFHHFSTVTLVYALINFNENGSAAYFCVFLNSIVHVIMYSYYFVAAVADKTLVQA
LTPVKKCITVIQMTQFVLILTQVAFQLVLCGMPPLVLLYFTTVILGMFYGFYDFYNSAYQASQRRKSQTPQSDSKKSNMYPVSFAAFQKLIVNLS
EIASELKTANGDNRTLVEWSRWYYKEFYRNPSIRARFPVKVAPCPRRTRDNLLKVPEPGGISQNDVANVAAAGPSQVEQPEVLVEGSQLTTLAET
AKSHDAVEGVAVECKPSGSESPDVIVNVERCGAFIFPVSFDVFLQCINKMLLFKKIVRSIEHCLVLLSDDERRLLTLQRFYNRFYMYPEKRSPTN
IFNATTEIPLEKLLESGKPLDKKAVKTVAELTAMKSLTKNSIVSFEVFKKNMANLSDIVEQMRQLDANYASKDVQECALDYYLAFYITPRIRYKY
AYKLKPCTSTFKACMLSILGKDIAEKLRKSLPQLANPSPGLDSRRPNTSYITESKGSLGSQNTSGSSQIQTSPSMEVAHEPSEGLSQLATLSPEN
CAAGAISTTEGLSSSHNTLETFENQANLRNDANKLSRCMPALASPERHLHSSKAPEKSSEVLSPQVKPHQSKEVAEEQSDRAPQLEIPPSGFEVP
MSKTPESPASKTRASDETPAKPEEITDSTDVYETSFVTDVEVDLKKHGRFIFPVSLETFRQYINYDEIIRAILVNNHIKDEHQLSKLISDPSHPQ
CKKFFRQFYNKFYARNDVRQRFKYKFNCPNPKMLAKLKQKAKPLDEKALFTMNRTDNAKAVNESKSQVPFTPKTTTENCPPNPISLEMFKRHVSN
LDDIVNEMQKCDEYKEKSKEEVIQDYYEGFYSGPDMREKFECRFKPCPSKKIRQLLSFPPKNKELPPKNPNCQVACTTENLSDESCLQSSRNVVR
ETQNITEEKPIAEHESIPSTRTPSSNDDKPGEECPPYPVSLELFKSHVSNLDDIANNMQKCVEYRGKSKDEVIRDYYKGFYSGPEMREKFACRFK
PCTGHILQQLLSYPGKNVNDCLQETDCLATCTTRTPLKESCLQSKSEMSLPVRRNALEILMKSRKRTKVAKEAISSKPMTTQNTSQFQPEPFPED
ALVVPEDVTTNQGTQPLELQHELEVTEPIKDYIQLNAERLYELSR*
(SEQ ID NO: 225)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384693
GCTTCAGAAGCGGCTCCTCCTTGCCTGCAAGCAGCTTGTCGGCTGAGTATATGTTGATCTGCCCCGCCTCGCAGCCGCCCACAATCAGGCCACTG
GGGTGTGGTCCCACTGGGGACCAGATGAGTTTTTGGAACCTGCGGGAGGAAAAGCCGGTTATGTGAACGACTTGATGCACAAATTGAAAGCCATA
ACTCACTTGTACTGGCTGGAAACGCTGGCCCTCAGCTCCAGATCGTATGTGGCATCGCTGAAGTTCGGTGAGTACAACTCCAGAGTGGAATTGGC
ATTGGAATCGAATTGTTGGGCGGCGGTGCCGGCGGCCAAGAGAATCTGCTGCTGCTGCGCCGGCGACCAGGCGATGTTCACCGTCTTTTGCAGTT
CCTTGATCTTCATCTTGCAATGTCCCTTCGTGCTGCTCGTGTAAATAAAGCGAAAAAACACAAATATTATGGGAGGTACAAGTTCAGAACGAAAT
TGTGTCACGTCCAATTGGAGTAAGCCCCGTCATCACTTTTCCCATTGGCTTCCCCATTGCAGATGTGGCCCAGTAGTGCCCGCCGGCCTTTAAGT
ATCTTTAATTATGCTAATTGCGCAACTTACACACAATTGTGAATGCAATTTGTACTCGCTTGCGCTGCAACGAGACTTTTTGATCTTGAATTTAA
CTGGAATCGTTAATATTTTTAAGAACCGTAGGAACGGCCAGTGTGACCGTGCTCTGAGCCAACGTAATATACCACAGGGCACGCACTGAAATACC

AAATGCGTGCGACCAGAATATACTGCGAGTTTAACGGTATGCAATTTAAATATTCCGTTTCAATGTGCAATTTTAAAAATAGTTTTTATCAGTAT
ACATTATTAAAAATGATAGTCGAAATTATTTAAAGATTTATTTTCCATCGCATTTTATATTCGTAAACTAGCTTCAGCACTTTTAATATTAATAT
TTATTATGAACTCATTTTAAATTCCAGATCACTTTGCATTTATTTTTTGACTGGAACTGGACTCGAATGTAGATCTCTTTATTATAGGTATCTTT
CATAAATATAAGCTATGTTTATTTAATACGCATGGTATGCATCCACTCATTTGGCAGACGATATGGCCGCCACACGCTGCTCCACCTTGGCCACC
TTGCTGTTGATAGTCTCCAGATTCTGGGCGAAAGTCTCCTGTACGGAATGCAGCAGCTCCTTGTTGTTCACCAAGCTAGTGGTGATGGTTCCCTG
CTTCTGCTCAATCTCTGCGATGATCTTGGCGAAATTGTTTGCTGCAGAGCAAGTTGATTAGTTACAGAAACAAGCACAATGCTAAAATGCTAAAT
AGAATTGCTTACCATATTTATGGAGGGCCTCGAGGGCTTGCATGCGTTCGATGACGTGCGGCAGTATTTCCACCACTGGCTCCGTGCGCTTCGCG
ATGTCGTATAGTTCCGTAATCTTCTGATCTCGTTTGGCGTCCTGGGCACTGCCGCTGGACTTTTCGGCGATAGCATCCATCTTGCCGGCCAGCGA
GGTCAGGCGCTGCTCGATGGTGTCCAGTTTATCAGGCTGTATCAGGGCCGCCTTGGTGCTTAGATGACGCACTGCCTCTAGTACATTGGTGGTGT
TGGTGGCGGCGGTAAGGCGGCTCAACTTGTCCGGCTGAGCGCCCAGCACCTTCTCCAGCTGCGAGATTCGCTGCTCTAGACTGGCTACGCGGGCC
GTGGCCGCCAGATCGGTGCCAGGCGTGGGTATGGCTGTGAGAACGCCGGACTGCTTGAACTCCTCCACCTGGCTAATGAGTGCTTTCACCTGCTT
ACTTCCAGGCGTCTGCTCCTTGCCCAGCACTTGCTCCAGCTTCAGCGACTCCAGCACCTTTCGGGCCGTGCTGATAACCGTGGCCACCGCATCGT
ACGACTGCTTCTCCTCGTCGGCTACCTTGCGGTCCACCTGCAAGGCGGCCACCTCGTTCAGAAGCTCGTTCATCTCGATCTGCAGGCGCTGGCAC
TTCTGCACCGGCGTCTCCTTCTCGCCCTGGCCAACCAGCTCGTAGTCGCTGGAGCCGCGCGTATCGTAACCCCGGCACATGCGTCGTCCAATGCG
ATCCGTGAAGTCCACACTCCCCTCGACCGTTGCTCCGCTGAAGCGCTTGTGAGCGACGCTCGGCGAGATGTGCAGTCGCTCGATGGCTTCGTTCT
CCGGCTCCTCTTCGTAGTAGTCGGATGTATCGAGCTCCGGGTCATCTGGAGTTTCGTACACGTCCGGCTGGTCATAAGCCTAAAAACATAAAGTA
CATATATGTATAAATGGGCAAAAACGAAAGCTTAAACGTCACTGCCATGGTGCGGAGTTCCGACTTACTATTCCCGGTAGGTTCTGGAACTTGGG
ATCGGCCATTATTGTGGGCACGTCGACGGCGGTGTTTGGAATCCTTTGGCAACGAAATAATTATAAACCTTCAAAAATCCTTTTTTACAACAATC
AATTCGATCTGATGTCATAAAAAAAGTTACCGTGCGCGGTTACCAAACAAATGCCAAAGTGCAGTTGTCATTGGAGTATTTATAAACAGAGGTAT
CTAAAAAGTCATTTAAAAAAGACAGTTATTACTTGTAACGGCTAATAAGCTAAGAGTAAATAGTATTGCAAAATATATCATCGATATAAATAAAT
TGTACTTGCACATTGTACTTTGTTAACTGGATTCATAGATGCAAACATTTATAAAAATAAATTAAAGCTTTTTGTGCTAATTTAAACCTATTTTG
ATTTTAGGAAAAACGATATACATTTAAAATCATTCATAAGCAATAGGTAAATAATTCCATGATCGACTTCCAATTGGTAAATCAATGAAGGTACA
CTTTTCTTCTGGTATTTTATAGACCAGTGAGGATAGAAAAAAGGCACGGTCCTACTGTACCTAGCACAGGTACTAAGTTAGTCAACACTGTAGTT
TTCGTGTAGTTTGCGGGCGAAGCGAGTGGGCGGTGGGAGCTGCTAGTTGGTTGTACTAATCTTAATATTTTGCATCCGAAAACAATAGAGTAATG
TCTGGCTTAGAGTACGGGTTGCATAGATACGATGATCTGCCGCTGGAGGTGAGCATATAATGTGAACGGACTGCCGCGGTCCCGTGACCAATCCA
TCATTTCGAGCGTATCTATATCTGCATATTCATATACCTGTTAGGGCAGTCAGCTGATTTTGTTTTTTTCTGTTCCGCCCCCAGATTGTTTTGAA
GATTTTCAGCTATCTCGGCTACTCGGACTTACAAGCGGCAGGATCCACCTGCCAGCGATGGCATGCGGCGCTGGATCAGGCGGAATTTAACCAGC
GCACGCGAGTCTGCTTCTCCAAGGTGGTGCTATCGGATCAATTGAGTCCTGGAGTGGATCTGATGCGCTGCGAGCGGCGTTTCCAGCACTTCCTG
TTCGAGGACGTGACACTGGGACAAGTAAAGGAATTGATGCGCTTCATGGGCAGGACCGCTCAGTCC
(SEQ ID NO: 226)

Exon: 2486..2349
Exon: 2264..1343
Exon: 1276..1001
Start ATG: 2384 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT7980
GACATCAGATCGAATTGATTGTTGTAAAAAAGGATTTTTGAAGGTTTATAATTATTTCGTTGCCAAAGGATTCCAAACACCGCCGTCGACGTGCC
CACAATAATGGCCGATCCCAAGTTCCAGAACCTACCGGGAATAGCTTATGACCAGCCGGACGTGTACGAAACTCCAGATGACCCGGAGCTCGATA
CATCCGACTACTACGAAGAGGAGCCGGAGAACGAAGCCATCGAGCGACTGCACATCTCGCCGAGCGTCGCTCACAAGCGCTTCAGCGGAGCAACG
GTCGAGGGGAGTGTGGACTTCACGGATCGCATTGGACGACGCATGTGCCGGGGTTACGATACGCGCGGCTCCAGCGACTACGAGCTGGTTGGCCA
GGGCGAGAAGGAGACGCCGGTGCAGAAGTGCCAGCGCCTGCAGATCGAGATGAACGAGCTTCTGAACGAGGTGGCCGCCTTGCAGGTGGACCGCA
AGGTAGCCGACGAGGAGAAGCAGTCGTACGATGCGGTGGCCACGGTTATCAGCACGGCCCGAAAGGTGCTGGAGTCGCTGAAGCTGGAGCAAGTG
CTGGGCAAGGAGCAGACGCCTGGAAGTAAGCAGGTGAAAGCACTCATTAGCCAGGTGGAGGAGTTCAAGCAGTCCGGCGTTCTCACAGCCATACC
CACGCCTGGCACCGATCTGGCGGCCACGGCCCGCGTAGCCAGTCTAGAGCAGCGAATCTCGCAGCTGGAGAAGGTGCTGGGCGCTCAGCCGGACA
AGTTGAGCCGCCTTACCGCCGCCACCAACACCACCAATGTACTAGAGGCAGTGCGTCATCTAAGCACCAAGGCGGCCCTGATACAGCCTGATAAA
CTGGACACCATCGAGCAGCGCCTGACCTCGCTGGCCGGCAAGATGGATGCTATCGCCGAAAAGTCCAGCGGCAGTGCCCAGGACGCCAAACGAGA
TCAGAAGATTACGGAACTATACGACATCGCGAAGCGCACGGAGCCAGTGGTGGAAATACTGCCGCACGTCATCGAACGCATGCAAGCCCTCGAGG
CCCTCCATAAATATGCAAACAATTTCGCCAAGATCATCGCAGAGATTGAGCAGAAGCAGGGAACCATCACCACTAGCTTGGTGAACAACAAGGAG
CTGCTGCATTCCGTACAGGAGACTTTCGCCCAGAATCTGGAGACTATCAACAGCAAGGTGGCCAAGGTGGAGCAGCGTGTGGCGGCCATATCGTC
TGCCAAATGAGTGGATGCATACCATGCGTATTAAATAAACATAGCTTATATTTATGAAAGATACCTATAATAAAGAGATCTACATTCGAGTCCAG
TTCCAG
(SEQ ID NO: 227)

Start ATG: 103 (Reverse strand: CAT)

MADPKFQNLPGIAYDQPDVYETPDDPELDTSDYYEEEPENEAIERLHISPSVAHKRFSGATVEGSVDFTDRIGRRMCRGYDTRGSSDYELVGQGE
KETPVQKCQRLQIEMNELLNEVAALQVDRKVADEEKQSYDAVATVISTARKVLESLKLEQVLGKEQTPGSKQVKALISQVEEFKQSGVLTAIPTP
GTDLAATARVASLEQRISQLEKVLGAQPDKLSRLTAATNTTNVLEAVRHLSTKAALIQPDKLDTIEQRLTSLAGKMDAIAEKSSGSAQDAKRDQK
ITELYDIAKRTEPVVEILPHVIERMQALEALHKYANNFAKIIAEIEQKQGTITTSLVNNKELLHSVQETFAQNLETINSKVAKVEQRVAAISSAK
*
(SEQ ID NO: 228)

Name: dynamitin-like
Classification: motor_protein

Celera Sequence No. : 142000013384768
GAAATGAGTTTTGTTTTGTTTTGTTTCTTCCGAGTGTTTGTGTGTTTATGTGTGTGGGGAGGGGGTGTATTCTGTGTGCGGCGTGTTTTGAGTGA
GAGAGATAGAGAGAGAGCGCGAGTTGCTGCGGGTCGACGGTCGAAGGGGGTGGTGGTGGAGTTGGTGGTGGGGGGCTTGGTTTATACGACAAGTT
TTGATTTATTATTAAATTTAAATACCTATGTATATAAATTACGTTTCTGTTTATTATAATTATTGTTGTTTCCATCTTAATCATTTTGTTTTCTT

TCGCTTTTTATTTTTCATATTTTTTTTTTTGTTTTTTGTATGTAGTGGGCAACTGCGGCATTTGTAAATTTCTTTATATTTAAATGTTCCTTTTGA
CTGTGTAAAAATATCGATTTCCATCTGATCTTGTTTTGTAGTTACTATTCATGTATGCATTTGCTTTTCGTTTTAGTTAAATTACGTTAACGCTG
CATTCTGAACTCTCTGTTGCTGCTGATTCTGCTGCTTGTTCTTCGGATTCTTGATCGGATTCTTCTGATTCTTCATCTTGGCGCGCTTTCTATGC
TATTGAAATGTTGTTTGTGGTGCTGCTTACTGCCTTCTGGATCGGGATCCTATATTCCGCTCTGATCTGATCGGTTATGTTCATGTTATGTCGGG
TTGTGTGTGTCTGTGTTGTGTGTATGAGAGTGGAGTGTGTTGGGTGTTCGCATCTCGTTATATGTTGTATATATATATATATATATGTGTATATA
TATATATATATAATATATTATATGTATGTATAGTTAGTTGCTTAATAGTAGAATTTCTTGAATGTTGTTGTGGTAAAGTGTAGGTAATGTTGCTC
TATGTCTCTATGTCGACTCAACTGCACTACATACATATGTCTTTCCACCGGATACGCGGCGAACCGAAACGTGCCGAGCCGAACCGATCCCCGTT
TCTGACCCGCATCCGCATCCGTATCCGTATTTCGTTTCCTCACCTCCGCCTCATTCGCTGCGCAGTTTCTTTAGATCCGGTGACTTCTCCCCCAC
GCCCACACCCACTCCGCCGGCGTTCTTCAGCTCCATATCGCAGTGCAGGGCAGTACGCTTCTGTCCAATGGCTGGTGCCGAGTCTGCACCCGCTG
CTACCGGTGAAACCGCATCCACCGCCTTGTTCGCCGCCAGCTGCTGCAGTTTACTGTCCCTCACAATGCCGTTGCTGCTATTGCTCTCGTCAGCC
TCTAGCTCCGCCTCATTATCCTCCTCCTCGTCCAGCTCATCTTCCTCCTCGTCCTCCGCCTCATCCTCATCCTCGTCGCCCAGGACGCCGTTCCC
GTTACCATTTCCATTGGCTGGTGCTGCAGTCGCTTTGCTGGCTGGCTGTGGTGCTGCTGTAACCGCTTCCTCTTCTGCCAAAGGAGCAGGCTGAC
CGTTGTTGGTGATCGAATTGTTAGTTTTGTGGGGCTGGCTCGGCGACTGCTTTTGATTCTGATTCTGGCTCGAGTGCTGTGTGGGAGTCAGGATG
GGCAGGCTGTTGGTCTTGGGCGGCGCCTCCTGATTGCTTTCAGAGTCCGAGGCGAGCGGTGTTCCACTCGAACCGATGCCAATGCCAATGTCTAG
GGCGATGGGCTCACCGTCCTCTGTGGAAGTGGTGGCCGTTGTCTGTGTGGTGCCATCGTTGTCATCGATGATCGGCTCCTGGGAGGTGGAATCGT
TCGAAACAAAGTTGGAGTCACCGTCCTGCAGGGCGGCGCCAACGGCAGCTGCGTTGTTCTTGGCCTCGCCCGACTGTAGAGGCGTCAGAGCAGCC
GGGTTGGTGTTCTCATTCTCTGTCTCCGATTCTGTAGCAGTGTTGCGACCGCCTGGGGGATAGAAAGCATTGGATTAGCCATCAATGGTCAATTT
GTTAACTCGGCGAACTGCGGTCAGAGTAATCAAACAAAGAAACTCTGTGTTTGAAATTATTAGACATCCTAACACTTTTGAAAAGCTGCCAACAA
GTATAAGCTACTGATAATATGTTAAAAGTTAACTATTTTACAGTAGTAACTTTACAATTCCTCCTTTTTATTTAACATGACGCCACGAGTAACGA
ATAAATTGTAAATTGTAAATTGACCACTAGGCTACTACAAACATAATGTTTAATGGAAAATTCCGGATAGGAAAAATACTTGGTTTCTGGAAAAG
ACCACTCGGTTTGAGTGTTTTGTTGCAAGGGTGTATACTCAAGCCGCAGTTATCGGATCATCTTAGCTGCTTACCTGCTCCTTGGCTTTCGTCGT
CCAAATCAACACCCACACCATCGTTGGTATCGTCGCCATCGAGCACCTTGCTGCTGTTGCCGTTTGTGCTGAGTGAACCGGTGCCAGTGGAGGCG
CCGGATCCAGGCGGCGGCATATCGTCGAGCATCTCGGGACTGAGATCATTGGCCACATAGTGTGACCAGAGGGCCAGCTCCACGCGATGAGGCGA
CCAGTGCGGCGTATCCCCGCCCACCTCCGCATTGAGGCGCTCCACGGTGGCCTGAATGTGATTGACGAAGTTGAGGTACTCCTTGGTGGTGTAAT
CGATGCCCTCGATCTCTGGTATGGCCATCAGGCACTCGTCGGCCATGAATGGTGCCGAATCGGGAGCTGCGGCTGCCAGCAGTGCACTGGCCATT
GTGGTGCCAACGCCCTTGAGGTTCGATAAAGCTGTGATCGCCTGCTCCAGATTGGGCAGCTTGCGGAAGGCCTTCTTTGTCTCCTGGATGACGGC
GCGCGGTGTGTTGACCTTGACCAGGTAGGATAGCTGCGGATAGAATTTGCCGCGCGACTGCTTCCACTTCATCGACTGGACGAGCTCATCGTATA
CCATATGCGCGTCCTTGCCGCGTGCCTTAATCAATTTGGGCAGTTCATTCTGATACCACTGATCCAGGCGGATCAGCTCTTGCGGCTTCTTGCAG
CGCTTCTCGGCCTTTAGCTTAAGAACCTGGGGATAGAGCTGGTAGCAGTACTCGAACTGTTTGGTGCTCCCGGTCTCGAAGAACGAGACCGTCGC
CTTGCCGTTGGACATCTTCTGCGGATGCGGATGTGTCGTTGTCGCCTGCTAATGATTGGTGGTATCGCTGTATCTCCTTATCGTGGTATCTATCG
CCTTGGGGCCCAGGACGTTGGCTGATCCGCAAGTGACCGGCTGGCTATATATGCGGCAATATATGTACTTTGGTGTAAGCTACTATACGCCAAAT
CAATTTATTGCTTACTGTTTAGTCTCCTGCTTTTCCTGTCCGTTCCGAGCTGCTCCTGTCAACGTACTGCTATTCGTGCGTTGAGAGTTCCCGGC
GAGAAAGAAGCGAGTACGTGAGAGACAGAGAGAATGCGAGTGCGAGAGAGGGAGCACGAAGAAGCAGCAACGCAAAGGAGAGTGGATGAAAAGAG
AAGAAAAGAGGCACACAATTAGGTTTACAGTTACGATTACATATGCAAGGGGGATCGGTGCGGTGGCATAGGGAGGTAGTTCGATTGATTACTGT
TAATGCTGCTGCTGCTGCGGCCGTGTCTCTGTTGTTTGTTGTATTTACTCAATCCGATAATCGCTCACTATTTGCCAAAAATCTGCTCGCTTCCG
CCGCCGTTTGCACAGCACACAAATCGAATTTTTACAGTGCTGTCGTCGGGTTCTTTTTAGTCCGCCATGCACTCACACAGTCAAACTGACAGGCA
CACGGATGGACACACACACACTTACTCAGCACACTCGCTCTCGCACACCCAAAGAGAGCCAGGCGCTCATACACAGGCAAAAACACGCACACAAC
ACACACACTGACTTAAACACGCACACACACTTATATACTGAGGCAACAACAGCAGCAGCAGAAAATTTCTTTTTCATCTAGGTTTTCAAAAAAAATA
CGAACGCGAGCATTAAATAAACGAATGCTACTATTTTTCGCTGTTGTTGTTGTTTGTGCTTTTTTCGTACCTCTTGTCTTTTTGGCAAACGGTGA
GAACAGCTTTTCACTAGCGCACTGCACGCACACAGATGAGTGGGTGAACAACAAATACCTTTTAGTTAGTCGCCGCCAGTCTTCCTTTCCGTCCA
CATCCAAACAACTACTCCAATGCTTTGCTGTTTTTCTGTGTTGCCTCTGCTTTGCTTTGCTTCGCTTCGCCTCTGTGCTTGTGCTGTGCTGCGTG
CTTCGTGCTGTGCCCGTGCTGTGCTGCTTCTTCTTCTTCCTCTGCTGTTTCAGTTTCTGCTTTCTGCCTGCAGGGGCGCCGTTGACAACTGACAA
ATAAAAAGGGGTTACTCTGTTCTCGAAATGAGCACGCCACCGAAGGCACAACAAAAAATTAAAAAGGATCGGAGCGGAGCGATGCAGCTGTGCGA
TGTGCTGCTAACTCGTGTGACGGGAATTGGGAATTGGGATTGCGAATGGGAATGGGAGGGAATACGAGAAGCGAATATGGGAATGACGAACGACG
ACGAACCGGGAACAGGAGTTGTCGTTCTATCTCGCCCGCACTCGGTGCCCGAATGTATCTGTATCTCTCTGGCACCCTCGGCGTTCCATTTCATT
TTGCCGGCGACGTCCGTGCTCTCTGCCGCCGCTCTGCCATCGCCTCTGCCGCTGCGTTTATGCGCAGTGCGTCATTACACGAATACCTGTTTAAA
GCGGAGGCATAAACGCGGCTTTGTCGATCAACATCCATGTTACCGAAACCCATGTTCGAGTTATAGAAACTTCGAGTAACAAATATCTATATTCT
AGCAATGTTTACCCTTATTAGCTTAGTTAGTGCAATTATGTTTCATGTTTTTACAAACAGCAGAATGTTTTTAACAATAGTTATCTCTATATTCA
GGTCCTTCAATTAAATCAAAAAGGAATGGGTTTTGTGAGTGGGTTGGGCTCCAGTGAGACTTGTTAATAATTTAAGAATTCGCGATATTCTAGTG
TAAACAGCGCGTCACTGCATGTTCGCTGCTTTTGTTGTGCCAGTTGCCAGCGACAGCGGCGTCGTGTCATTATTCATATTCATGAGGGGGTGCGT
CAGGTTTGCTGAATTTTACTGACTTGTTTGCGCGAACCGAAATTATTTATGGTTCAGCACGAAGAGCGATAGAAATTCATGCATATGTTGTTGGT
TGGTTAAAAAGTTGCCCTTACATGCAGTTAAGTGCATATAATTTGTCTACTTGCGCATTTATTAAAAATGCATACATATTAAATAATGTACTTAA
TTACTCAGCGGTTTGAGGGTTGGAGCATTTACAGATGACACTGTAGTGATCAAATGGTAGCTATACATGTATAAATATCTAAAATATTACAAAAC
TATTCCAGCGTTCAAGCATTAACTAATTCGAGAACAGCTGCTGGTTCCATAATCGAGTACACACGTGTGCTACTCAAAGTCTAAGCTGAGAGAGC
GGTCGAGCGGCAACTTGATATTTAAAAAACAGAACCCTACTTAACAGTCGACTCAAGTTCGATCCCCCCGCAGGTACGCCCC
(SEQ ID NO: 229)

Exon: 4497..4049
Exon: 3299..3246
Exon: 3179..2260
Exon: 1857..1001
Start ATG: 3055 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT8088
AGATAGAACGACAACTCCTGTTCCCGGTTCGTCGTCGTTCGTCATTCCCATATTCGCTTCTCGTATTCCCTCCCATTCCCATTCGCAATCCCAAT
TCCCAATTCCCGTCACACGAGTTAGCAGCACATCGCACAGCTGCATCGCTCCGCTCCGATCCTTTTTAATTTTTTGTTGTGCCTTCGGTGGCGTG
CTCATTTCGAGAACAGAGTAACCCCTTTTTATTTGTCAGTTGTCAACGGCGCCCCTGCAGGCAGAAAGCAGAAACTGAAACAGCAGAGGAAGAAG
AAGAAGCAGCACAGCACGGGCACAGCACGAAGCACGCAGCACAGCAACAAGCACAGAGGCGAAGCGAAGCAAAGCAAAGCAGAGGCAACACAGAAA
AACAGCAAAGCATTGGAGTAGTTGTTTGGATGTGGACGGAAAGGAAGACTGGCGGCGACTAACTAAAAGCAGTACGTTGACAGGAGCAGCTCGGA
ACGGACAGGAAAAGCAGGAGACTAAACACCAGCCGGTCACTTGCGGATCAGCCAACGTCCTGGGCCCCAAGGCGATAGATACCACGATAAGGAGA
TACAGCGATACCACCAATCATTAGCAGGCGACAACGACACATCCGCATCCGCAGAAGATGTCCAACGGCAAGGCGACGGTCTCGTTCTTCGAGAC

CGGGAGCACCAAACAGTTCGAGTACTGCTACCAGCTCTATCCCCAGGTTCTTAAGCTAAAGGCCGAGAAGCGCTGCAAGAAGCCGCAAGAGCTGA
TCCGCCTGGATCAGTGGTATCAGAATGAACTGCCCAAATTGATTAAGGCACGCGGCAAGGACGCGCATATGGTATACGATGAGCTCGTCCAGTCG
ATGAAGTGGAAGCAGTCGCGCGGCAAATTCTATCCGCAGCTATCCTACCTGGTCAAGGTCAACACACCGCGCGCCGTCATCCAGGAGACAAAGAA
GGCCTTCCGCAAGCTGCCCAATCTGGAGCAGGCGATCACAGCTTTATCGAACCTCAAGGGCGTTGGCACCACAATGGCCAGTGCACTGCTGGCAG
CCGCAGCTCCCGATTCGGCACCATTCATGGCCGACGAGTGCCTGATGGCCATACCAGAGATCGAGGGCATCGATTACACCACCAAGGAGTACCTC
AACTTCGTCAATCACATTCAGGCCACCGTGGAGCGCCTCAATGCGGAGGTGGGCGGGGATACGCCGCACTGGTCGCCTCATCGCGTGGAGCTGGC
CCTCTGGTCACACTATGTGGCCAATGATCTCAGTCCCGAGATGCTCGACGATATGCCGCCGCCTGGATCCGGCGCCTCCACTGGCACCGGTTCAC
TCAGCACAAACGGCAACAGCAGCAAGGTGCTCGATGGCGACGATACCAACGATGGTGTGGGTGTTGATTTGGACGACGAAAGCCAAGGAGCAGGC
GGTCGCAACACTGCTACAGAATCGGAGACAGAGAATGAGAACACCAACCCGGCTGCTCTGACGCCTCTACAGTCGGGCGAGGCCAAGAACAACGC
AGCTGCCGTTGGCGCCGCCCTGCAGGACGGTGACTCCAACTTTGTTTCGAACGATTCCACCTCCCAGGAGCCGATCATCGATGACAACGATGGCA
CCACACAGACAACGGCCACCACTTCCACAGAGGACGGTGAGCCCATCGCCCTAGACATTGGCATTGGCATCGGTTCGAGTGGAACACCGCTCGCC
TCGGACTCTGAAAGCAATCAGGAGGCGCCGCCCAAGACCAACAGCCTGCCCATCCTGACTCCCACACAGCACTCGAGCCAGAATCAGAATCAAAA
GCAGTCGCCGAGCCAGCCCCACAAAACTAACAATTCGATCACCAACAACGGTCAGCCTGCTCCTTTGGCAGAAGAGGAAGCGGTTACAGCAGCAC
CACAGCCAGCCAGCAAAGCGACTGCAGCACCAGCCAATGGAAATGGTAACGGGAACGGCGTCCTGGGCGACGAGGATGAGGATGAGGCGGAGGAC
GAGGAGGAAGATGAGCTGGACGAGGAGGAGGATAATGAGGCGGAGCTAGAGGCTGACGAGAGCAATAGCAGCAACGGCATTGTGAGGGACAGTAA
ACTGCAGCAGCTGGCGGCGAACAAGGCGGTGGATGCGGTTTCACCGGTAGCAGCGGGTGCAGACTCGGCACCAGCCATTGGACAGAAGCGTACTG
CCCTGCACTGCGATATGGAGCTGAAGAACGCCGGCGGAGTGGGTGTGGGCGTGGGGGAGAAGTCACCGGATCTAAAGAAACTGCGCAGCGAATGA
(SEQ ID NO: 230)

Start ATG: 628 (Reverse strand: CAT)

MSNGKATVSFFETGSTKQFEYCYQLYPQVLKLKAEKRCKKPQELIRLDQWYQNELPKLIKARGKDAHMVYDELVQSMKWKQSRGKFYPQLSYLVK
VNTPRAVIQETKKAFRKLPNLEQAITALSNLKGVGTTMASALLAAAAPDSAPFMADECLMAIPEIEGIDYTTKEYLNFVNHIQATVERLNAEVGG
DTPHWSPHRVELALWSHYVANDLSPEMLDDMPPPGSGASTGTGSLSTNGNSSKVLDGDDTNDGVGVDLDDESQGAGGRNTATESETENENTNPAA
LTPLQSGEAKNNAAAVGAALQDGDSNFVSNDSTSQEPIIDDNDGTTQTTATTSTEDGEPIALDIGIGIGSSGTPLASDSESNQEAPPKTNSLPIL
TPTQHSSQNQNQKQSPSQPHKTNNSITNNGQPAPLAEEEAVTAAPQPASKATAAPANGNGNGNGVLGDEDEDEAEDEEEDELDEEEDNEAELEAD
ESNSSNGIVRDSKLQQLAANKAVDAVSPVAAGADSAPAIGQKRTALHCDMELKNAGGVGVGVGEKSPDLKKLRSE*
(SEQ ID NO: 231)

Celera Sequence No. : 142000013384445
GGAGTTGATGAAAGTTTTGGAAGTCAATTAATTTGTTTGATTTTGGCAATTAATTCCAGTGCAGCGCAAAATAAAAAAAAAATAAAAATATTTTA
TATAATTTATATAAATTTTATTTAAACATAGCTCAGCTTGCCGCGCTGTAGGAAAACTTCTACATACACGTTTTATGCTTTATATACACATTCTT
GAAATGAACTATGTACGTATATGATGTCAGTTTTGTATCGAATACTAGAAGCAATTAAATAAATTTCTAACACAACGTACGCACTAAAGTATAAC
ACATATTAAATAAACGTTGCGGTTTTTTCTAGAATTTAAACATATTATCAACACATTTTACATATGCGTTGCTTGAATTTGTTGTTAAATAATAC
TTAATAATTACAAATGTTTTCGCCTTCTCAAATTAAATTTGGACAAAATTGAAGCTAGTTTGGAATGCATTTACAAATATTTGCCGTACAGCAAA
TCATAGCTTGCTTAACAACACTTTAAAACGTATAATATATATTTAGTCACAAGAAATGACTAAAAATAACAAAAAAACATTGATAGACGGATTAA
AATATTGCAAATGATTACGTTAAGGTGTGCAAGCACTTGGACTTCGTTTGAAAATATCTATTCTGAATCGGTTTCATGTTTGCTCGATCATCTGC
TTTGAGACAGTTAACATAGTTCCACTACATAATTCAACGTGTGTGTTTTTAGTGATTGGTGAGGACACAACTACAGGTTTTATAAGGACTTTTCT
TAAAGTTCATAGGTATATTTCACATAGGCTACCTTCCTTTAGCTATTGATGGAAATTGGTTCGTTTTTGCTTTTACTTTCCCTTCATTTGTTTTA
GCATAGTATATAAATTGGTGTATACATATAAATAGTCAAACTTATTTGTTTTCATTTAAATAGTAATAATATAAATATATATATATATATATATA
TGTATATATGTATGTATATAGCATTTTTCGTGTTTTGCTCAATGTTCAACATTATAATATAATTTTCTTATCTGCTTCCGTTTCATTTGTGTTTG
CTATTGCTGCCGTTTTTTTTCATAAACTTTATATATGATTTCTGTAGCATCGTGTAAACAGTTTCAAGATCTTAATATTCACTTGCACGTTTATAT
AATATATAGAGCTATTGGTATATTTAATTTTTCATTACGCATTTGTGTCTGTGAGTGTGTTTTCTGTTTTCCGTCTATGAGGTTAGAGCGCTTAG
ACTGAGTGAGTGAGTGAGTGGTGAGTGGGTTGCACGTATGAGCTTCTTCTGGACCGCTTATAACGCACCAAATGGGTCGAGTGGGACGCCTTTAT
TGCTGCCATTCTGCGTTGGCTGGATGGGTTGCATGATGCCCGTTGCATTACTGTGCGGCGCCGCCATCATCGTCGGTTGCACCCCAGTCAAAGGG
GCTGCTGCCTGCCCCCCCATCATACTTGGCTGTCCCATCACCGGCATTCCCTACAAGAGTCGTTAAAAAAGGCGTTAAGAGCGAACATAAAATGT
TTGTTCAATTGAAATTCATGCACTGGAGGAGGGAATACTTATTAACTGCTATGACAGACGCAATGCTACAAAATCAGTGGCAGGAAAAGATTAGT
CGTTTGGGCTTAAAAGGAGGGGGCCCGCCGTGAGCTTGGAAAACAGTTGCTACATGGAATCATACGGAAGGTGGTTAGCTCTACAGACAAGTGAA
ATAGTAACTCCATTAAGAACTGAATGTCTACTAAACTTAAATATGTAGATTTAAATAATAATTTAACAGATACGAATGCAAGATTGTAATGCACT
ATAGTTCAGAGACGGAGACCATAGAGGGAGGAGAGGCATGTTAAACGCTTGTTACTGGTCACCAAGTGGGAATTGTTGGCATGTTTTTTTTTTTT
TTTTTTGCAAGTTAGAAGGAAGTGGCGTAGAGGTCACATTTATACGTTATAGTGCTGTGATGATAGAAGTTCGATTGTTAAACGAAATGATAGGA
AATAAAACTGAAAGAATTTCTTGATTTAAGGAAAACGGCAACTCAGGGCAAAACCAAAATTATATTTATTTATAATCTTTCATTCTGTTTGAGTA
ATTGTAATGGTTTCTTGTAATGTTTCATTTCGTTCGTTTTGGCATCATCTTACCTGCATATAATTTGGCATTACAGGATAACTAGCATGTATATA
CGGATGATTGATTGTGATTGGCGCAGGACTTACAGTCATGCCATGTGCCTACGTATTGCATATTGGTATATATATATATAGGCATATTGATAGAA
TATATATTGATATATCACAAACACACATACACACACACAGACAGCATTGGCACAGGCGCAGCGTGAGTGGTCATACGTGATTCGTTTGTTGTTGT
TTGTTTGATTGGATTCAATATATATTTAGTTGTGATTCAATTTGATTCGGTTCGGTTAACGATTTTCGATTTTCGATTTCGATTTCGATTTCGAT
TTTGCGGTATGCGTTGGGATAGTTGAGATATAAAGCAAACATAAAATAAAGAAAAGAAAGAAGTTGATAGTTTATATATACTCCGTTAAAATGCA
AATTAAAAATTAAAATAAAAGAAATTAAAACTATAAAATGGAAATATGTGTCTTGACGTATTTGGCCTGCGTGTTTTGTGTGTGTGGAGGCATAA
AACCCACCGTCGTTGCCCTTCTCTCCAGGATGCCCTAATGCTTATGATCTAGTGCTGTTTGCTGTGATTCTGTAGTTTACGGTGGGGTGTGTGGA
AACTAGGGCCAAGAATATGTGTGGACAAAATAAAGTCAAACTTACAACCCGCAGACTTGATTTGCGATTTGATTTTGGTCATCCAATTTACAATT
ATGATATACGAAATTTAAAAACACTTAGAATTTTAAAGGGGATTCTCACGACGAAGACATATTAATTATAAAAATTTACTTTAAATCTTATCAAG
ACAATTTATGCAAGCTAAAAAATAGTTCATACAGATCAAAAATGTCATGAAAACCAAGGAAACCAAGTAGCTCAAGTTGTAAATTTATACGGATT
GTGCAATTGGTAAATAAACATTAATTTTGATAATATCGTTCACATTAAATCAGGTAAAAAAAAGTGTACTTCGCATGAAGTGTAGCCTAAAGTGT
TGGGTGACACAAAATTGTTAGAAAATGATAGGAAAAAACAATGCATTAACAAAAATAAAGAAATGTGTCGTTTGTTTTCTTCTCTGGCATTGTTA
TAGTTCTTATTATTTTTTGTCTCTGCTTCGGCACAAATTCTAGTGTATCGAATCTTTTGTTTTAGTCACTTTTTAAATTTGAACAAATTCGAGG
CAACGTAGATTCTTTCGAGTAGTATTCATTGTTTCTGAGTAGAGTAGTTCGGTAGACAGAAGAGTTAGAGTAGGCAAAACTCACCATTGGACGAT
AGCCAGCACCAGTAGTAGCCGCCATTGGTTGGGGTGTCCAATTAGCACCTGGTTTCGCTGTATTTTTAGGTGAATTCCATTGCACGGGTCTATGA
GAATAATGGGGTAAGAGAGTAATGATATATAGACGACGTCAATGAACACGGCATTTGAATTTTGGGTTTTTTTTTTTGGGTATCTAAATAGATTT
CTGCGTGATTTCGAACCATTTTTTTGATGGATTTTATGTACACGTATGGAACATGAATATGGGAGGGTCAGTTCGGAATGGTATTGGATAAATGG

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

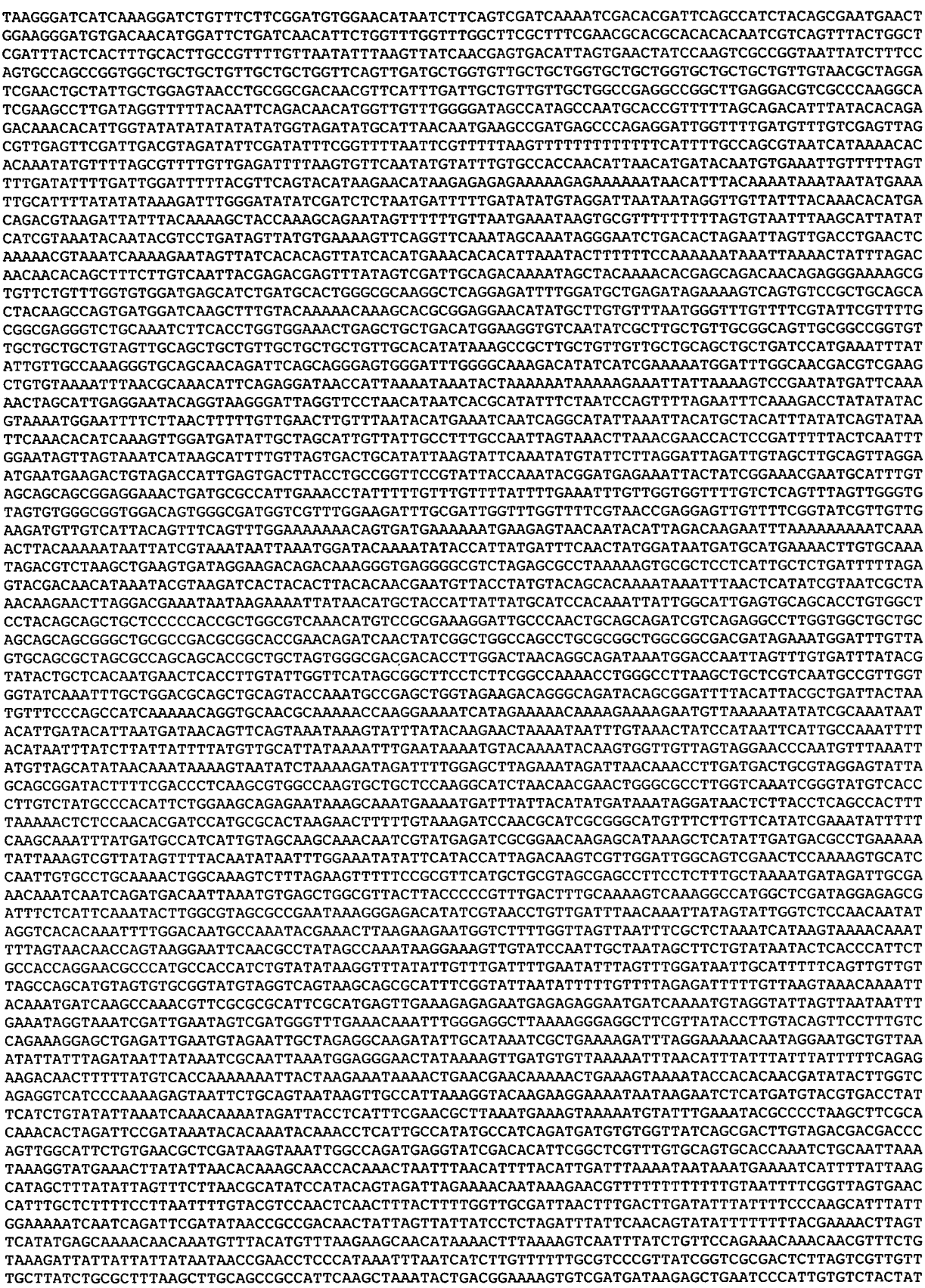


FIGURE SHEET 124

TTCACAAGCCATCGCAGATGTTCGCCGTCCTTTTGCTTCATTTTGTTTGGCTGACGGGCGCCAGGCCAGTGATTCATTTATACATAAATAAGAAC
AAATTTCAATAAACAGTAAATGTGGAAAATTGATCGGTCCTTGTAAACGAAACTGGTGAGTTTCTTAACGAGCACAGTGGCCTGGGGGTGTCACT
TTATGACAAAACGTTGAAATCGCTGAGTAGTTAAGACATTTTGAATGAGTTATTTAGTTAAAATTCGTATCCGCCCTTTTTGAAATCTTCACTGA
TTCACATATATTTCGAAAATATTTACAGTGCTCGGATACCAAAAGCGATTGGCGACTTCTGTAGCGTAGTTATCGCTGGGGTCAATTCGCATGCT
TATGCTCTTAAATACATAAATAAATAAATGTGTCGGGTATCGAGACTCCACTGTAGTGGGGGACCATTGATACTTAATTTTAATTATTATTGCCC
ACTTGTGTAGCTGGTTGAAATATTCTGGGATCTTTTCAATCGGTGTAAAGCTCATTAAGTGCTGTTGTTTCCGTGAACACACAACTGGTTTTATC
ATAGGACAAAAGTTGTTAACAAAAGAAAATAGAGAAAATAGGTAGAAGAAATATATTTCATGCTACCTGCTGACGTCTTGTAAAATGTACGGACT
GACTTTTAACTCAGGTTTAATTTATTTAGACTTTTGGTAACTGAATTGAGCATAACGTTTTGGATAAAGTAATCAACTTGAATAAACAGCACATG
TGGCCAAATTTTGGGTTATATTGGAAATTGGTTTGCGGCAACTGCAATACAATGTTTATGTGACAAGTAACGCCCCACAATATTGCCCTCTTTTA
TTCCCATTTACTCGTAGCCATATCTGATGAGTCATCTGAAAAGTGCCAACAAGCTAAATAAAAGGGGGTCAAAATGCGAGCAAAACTAGCCAAAA
AAACAGATTCCAACGGGAATGAATGTCGTTAGGATATGGAGCTCTTTAGAAGTATTTGCAAAATTCAAACGTGTAAGCAAATCCAGCAAATTAGG
GAAGACTCTTGCATAAATTTAACAAGCAATGACACCGTGACAAACACAATCCCTGCTTTCGTAGGCGTTTTAAGCCATTCAAAGCCCCTACAAAC
ACACGTGCACCCGTGGGAAAGTGACGTAACATTAGAGAGAGAGAGAGAGTGTGTTGGTAGAAAGAGAGGGGAGTCCAATCAATGACGAACGGAGT
CCACAAACACCAGCAGCTGAGCCACAGATGCAATTTGAGGGTGGTGGTTTGTGTTTGTGGGACTTTGTGGACCGTAATCAGTGGTTTCGTTTTCA
GAAAACTTTGTGATTTATCGCACAAAAACAAAAGGCACGTGAAAATGGAGCGAGGAAGCCAAGAAACCCGAACTGGTTGCATCTGAATGTTGTTG
CTAAATTACTTTTGCAGCGTACTAACTGTGCCGATGGTTTTTATATTTAGGCTACATTTAAATTTTTTATTTTCTTTGCTAATTTGTTAGGCACT
CCTTACTTTAGTATATTATTCATTCCAATTTTTATTATTATTAAAATTTAAGTTAATTTCTAAACAGATTTTATTGCGACTTATGTTTGCAAATA
AAAATAAATTAATTTTAAAGCGTTACAAAGTAACAATAATATTTTCGTGTGTTTGATGGGTACATTTCCACTAGTAGCACAAGGCTGTGCCTCTT
TTCTCTCTGTGTTATAACAAGGAAATGTAACGGTGATTTACGCAATGAAAGACCAAGAGAGTGGGCAAGGGAAAGAGATAGACAGGGCAACTCAC
AGTCCAAGTGCTTCTTCTTCGGGCCAATGCATTCCTCCGTGGTGGCCTTGCAAACGGACTTGGCGAGTCCTTGGCCCGCAAGGCTGTGACGGGCG
GCCAGCAGCCTGTCGTTGATCGTTTGCCCTGCCATGGTCATGATGAAGCTGTTGCTGTTGTTGTTTCTGCTGCCGCTCGCTGGTTTTTATTTACT
TGATTAATTTAATTATGCACCAAAGGAGCTGACCACACCGACACACACACACACTCGAAAGCAGATACAGAGAGAGGGAGAGAGAGACACACACA
CACACGCGTATGGGGCGAGCGAGAGACAGAGAGGTATTGATTGATTGAGAATATTTCGAACGGGAAAACTCTGCTATGCGAGCCTCACGATTAAA
CTAACAGTAAAGATTTAGTGGTTCCTACGTCACAATCACTACACAATTTATCGCCGCGGTTTATGCGCTCTCTAACCGGTGCCTAACGCTGAAAC
GCGATTTTTTAATTCTCTATTTTTCCTCTGCCACAAATCGATAATGGCGACTGGCAAATGGAGCGAGCGTATGAGCAATGTCCTAAAGCGTCCAC
AAAGTGGAGCTAACGCGTGCAATCGACTTGAGTTTACGGCGTTAGGTGGGAAAATATCGATTGCCATAACGTAAGCGAATACGAAATAGCTGAAC
TTAGCTTTTACGATGTGTTCATATAAGTTCTGAAAATAAAAAAAAATAATGATAAATAAATAAATAAAAATATAAAATATTAAGATACTATAAAT
AAATCTTTTTTTATAACTTAGCACTTAAAATTCCCCAACAGCAGTTAAAAAGTAGCTAGATTTGTCGGAAGTGTAGCCAAACGTAACGTAAGCTA
AGGGGCTGTCAACAGGAATTTTTAGTTTCGAGTAGGCGGTCATACTGGTCATTAAAATAAATAAAATTATACTAAAAAACAGTAGTTAGCACAAT
CAACAGTCTCGTAATAAAATTGTAAGATGTTGAATGGACAGATTGCACACAGTTATTTGGAGAACTCGTGCACGCTGATCATACCCCGCCCGCCT
GTCCTGAATCAGTCCTCAAAGTCGGCCCAGCCAGCAGCTGCTGCTGCTTCTTCTTCCGCTGGTGAGGAGTTTGGTCAGGAAGCGGGGTCGGG
GTTGGCGGAAGCGGAGGCGTTGCATGTGGATCGCATAAGAAACTGCGATATATTCGTTGACGCGCACGATCTTTATTTCTACGCAGATGTTAAGC
TGTACAAGTGAGTCACATCCGGCAATCTGTCGTGCCCATGGTGGGCCATGGTGGCGAAATTCCAGCGATATCATTGCGTACTTGTACTCCCTTTT
CGGACAGATTCCACAGCCGTCGCACCTTCGACTTGCGAGAGCTGAAGACGCTGTTGATAAAGTTCAACACGACAGAGAATCACTACCAAATTTGC
CTGCGCTGTCTGCCCCTAACAGCGGGTGCCCAGGAAGGACCCGGTGGAGAAAGAGGCGGAGGCGGTGGTACGGGGGATGCAGCCAA
(SEQ ID NO: 232)

Exon: 12766..12256
Exon: 9679..9537
Exon: 9082..9007
Exon: 8671..8639
Exon: 8414..8312
Exon: 8246..8125
Exon: 8067..7874
Exon: 7808..7672
Exon: 7263..7149
Exon: 7082..6833
Exon: 1475..1001
Start ATG: 12391 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT8341
TTGTGGCAGAGGAAAAATAGAGAATTAAAAAATCGCGTTTCAGCGTTAGGCACCGGTTAGAGAGCGCATAAACCGCGGCGATAAATTGTGTAGTG
ATTGTGACGTAGGAACCACTAAATCTTTACTGTTAGTTTAATCGTGAGGCTCGCATAGCAGAGTTTTCCCGTTCGAAATATTCTCAATCAATCAA
TACCTCTCTGTCTCTCGCTCGCCCCATACGCGTGTGTGTGTGTGTCTCTCTCTCCCTCTCTCTGTATCTGCTTTCGAGTGTGTGTGTGTCGGT
GTGGTCAGCTCCTTTGGTGCATAATTAAATTAATCAAGTAAATAAAAACCAGCGAGCGGCAGCAGAAACAACAACAGCAACAGCTTCATCATGAC
CATGGCAGGGCAAACGATCAACGACAGGCTGCTGGCCGCCCGTCACAGCCTTGCGGGCCAAGGACTCGCCAAGTCCGTTTGCAAGGCCACCACGG
AGGAATGCATTGGCCCGAAGAAGAAGCACTTGGACTATTTGGTGCACTGCACAAACGAGCCGAATGTGTCGATACCTCATCTGGCCAATTTACTT
ATCGAGCGTTCACAGAATGCCAACTGGGTCGTCGTCTACAAGTCGCTGATAACCACACATCATCTGATGGCATATGGCAATGAGCGATTTATGCA
ATATCTTGCCTCTAGCAATTCTACATTCAATCTCAGCTCCTTTCTGGACAAAGGAACTGTACAAGATGGTGGCATGGGCGTTCCTGGTGGCAGAA
TGGGTTACGATATGTCTCCCTTTATTCGGCGCTACGCCAAGTATTTGAATGAGAAATCGCTCTCCTATCGAGCCATGGCCTTTGACTTTTGCAAA
GTCAAACGGGGCAAAGAGGAAGGCTCGCTACGCAGCATGAACGCGGAAAAACTTCTAAAGACTTTGCCAGTTTTGCAGGCACAATTGGATGCACT
TTTGGAGTTCGACTGCCAATCCAACGACTTGTCTAATGGCGTCATCAATATGAGCTTTATGCTCTTGTTCCGCGATCTCATACGATTGTTTGCTT
GCTACAATGATGGCATCATAAATTTGCTTGAAAAATATTTCGATATGAACAAGAAACATGCCCGCGATGCGTTGGATCTTTACAAAAAGTTCTTA
GTGCGCATGGATCGTGTTGGAGAGTTTTTAAAAGTGGCTGAGAATGTGGGCATAGACAAGGGTGACATACCCGATTTGACCAAGGCGCCCAGTTC
GTTGTTAGATGCCTTGGAGCAGCACTTGGCCACGCTTGAGGGTCGAAAAGTATCCGCTGCTAATACTCCTACGCAGTCATCAAGCTCGGCATTTG
GTACTGCAGCTGCGTCCAGCAAATTTGATACCACCAACGGCATTGACGAGCAGCTTAAGGCCCAGGTTTTGGCCGAAGAGGAAGCCGCTATGAAC
CAATACAAGTCCAAGGTGTCGTCGCCCACTAGCAGCGGTGCTGCTGGCGCTAGCGCTGCACTAACAAATCCATTTCTATCGTCGCCGCCAGCCGC
GCAGGCTGGCCAGCCGATAGTTGATCTGTTCGGTGCCGCGTCGGCGCAGCCCGCTGCTGCTGCAGCAGCCACCAAGGCCTCTGACGATCTGCTGC
AGTTGGGCAATCCTTTCGCGGACATGTTTGACGCCAGCGGTGGGGGAGCAGCTGCTGTAGGAGCCACAGGGAATGCCGGTGATGGGACAGCCAAG
TATGATGGGGGGGCAGGCAGCAGCCCCTTTGACTGGGGTGCAACCGACGATGATGGCGGCGCCGCACAGTAATGCAACGGGCATCATGCAACCCA
TCCAGCCAACGCAGAATGGCAGCAATAAAGGCGTCCCACTCGACCCATTTGGTGCGTTATAAGCGGTCCAGAAGAAGCTCATACGTGCAACCCAC



TCACCACTCACTCACTCACTCAGTCTAAGCGCTCTAACCTCATAGACGGAAAACAGAAAACACACTCACAGACACAAATGCGTAATGAAAAATTA
AATATACCAATAGCTCTATATATTATATAAACGTGCAAGTGAATATTAAGATCTTGAAACTGTTTACACGATGCTACAGAAATCATATATAAAGT
TTATGAAAAAAACGGCAGCAATAGCAAACACAAATGAAACGGAAGCAGATAAGAAAATTATATTATAAT
(SEQ ID NO: 233)

Start ATG: 376 (Reverse strand: CAT)

MTMAGQTINDRLLAARHSLAGQGLAKSVCKATTEECIGPKKKHLDYLVHCTNEPNVSIPHLANLLIERSQNANWVVVYKSLITTHHLMAYGNERF
MQYLASSNSTFNLSSFLDKGTVQDGGMGVPGGRMGYDMSPFIRRYAKYLNEKSLSYRAMAFDFCKVKRGKEEGSLRSMNAEKLLKTLPVLQAQLD
ALLEFDCQSNDLSNGVINMSFMLLFRDLIRLFACYNDGIINLLEKYFDMNKKHARDALDLYKKFLVRMDRVGEFLKVAENVGIDKGDIPDLTKAP
SSLLDALEQHLATLEGRKVSAANTPTQSSSSAFGTAAASSKFDTTNGIDEQLKAQVLAEEEAAMNQYKSKVSSPTSSGAAGASAALTNPFLSSPP
AAQAGQPIVDLFGAASAQPAAAAAATKASDDLLQLGNPFADMFDASGGGAAAVGATGNAGDGTAKYDGGAGSSPFDWGATDDDGGAAQ*
(SEQ ID NO: 234)

Name: synapse-enriched clathrin adaptor protein LAP
Classification: chaperone
Gene Symbol: lap
FlyBase ID: FBgn0026210

Celera Sequence No. : 142000013384695
TTAAATGCAGGTGTGCCACAGGGTTCTGTCTTAGGACCTACATTGTTTAATATTTTTACACACGATATTCCACAAGCTACAAACTGTGTACTTTC
ACTGTTTGCTGACGACGCCGCTGTCTACAGTGCTGGTTTCTCGTACAGCGAGATAAATCAATCCATGCAGAGTTACTTAAATGAATTAGACATAT
ATTACAAAAAAATGGAAAATTAAAATTAACCCTAATAAAACGAATGCTATATTTTTTACAAAAAGAAGGAAACCTCGTTATCTTCCTGATAGACAG
TTGCGAATACTAGACTCTCCAATACAATGGGTTGACAACATTCGATATTTGGGTATAATTTTTGATAAAAAACTAACATTTAAATACCACATCAA
CAACACAATTATGAAAGTTAATAAAATTATTTGCACACTGTACCCTCTAATAAATCGTAAATCTAAATTATCAATATCCAATAAGATCATAATTT
TTAAAACAATTTTTAATCCAATATTAATGTATGGGTCACCTGTTTGGGGTAGATGTGCTCAAACTCATATCAAAAAACTTCAAATATGCCAAAAC
AAGCTATTAAAATTAATAATGAACTTACCTTATTACACAAACACTAAGTACCTACATATAAAAGCAGGTGTACAAAAAGTTCAACAAAAAATACA
ATATTAACAATCTTTTGTTTCAAGTCTTAGTTTTTAAGTTAGTTGTAAGTCAATTAAGGTTTTTCTTCTCCCTTGTTTTCCTTAATAAATAATAA
ATATTGTTATACAAAAAACTAAAAACAGGTCAACTAGACATAATTAATAAATATTTCAGATGAAAGCCTTAGCTAAACACTGTAAATACCTAATT
ATACCATTAGCTTTAATGAAATGTACATATATATATAAGGGATAAAGCACAAATAAATAAATAAATAAAATAAATTCATTACTTACCAGGAGTTT
CTTTTACTACCAAAGCATATAGAATTAATGACATCGTCGAGGGGGAAAGTGCATTTGAAAATAATTTAATAGAATTTATTTTTAACAAAAATAGA
ATTACTAGGGGCTACAATTAAAAGTGTATAATTTATGCATGTACGTAGGTTTACATTTAATTTTTGCACGTTTCGATTTGATTTGCATTTCGGTC
GGCCTCCCAACCGCACTAAAAACTAAAGCCTAGCTATTTACACAGATCGATGCAGAAGTCATAGTTGAAAGTTCATAGTTTCCCCCTGGAATCCT
TCCAGGAGATTGTGCTGCAGCTCCAATTCTATATATCTCTATCTCTGGTTGCGGAAATGCCATGTTATCCGGAAAGTGTGGGGCTATAATGGCAT
ATCGGCAATTGGCTAAAATACTGTCATGGCCGATACTTGAATTTCTGGGTTGGCTGACCCAATTGCCACTGCGGTTTGATATGGTTTCCCGGGCC
ATGTAGTTCTCCATCGGATCGCCAGCCAGAATCCCCTTGCCAAGCATTTGGAAGCTGAATATCCACTCATGACAGCCTTCCAGCAATCGGGCGAT
ATGTAAAGTTTGTGCTGCTGTGCCGAAGGAGTCCGGCGATATTGCTTGGTGGCCAACCACCACCTCAGAAGTAGAAGCTCTCGCACTGCTGCTGC
TGCTGGTGGCGTTGTCGCTGCTGCAAGGCGATGTTGCTGCCGCTCAAGCTGCTGCTGCTGCCGCCACTGACCCCGCCGCTGACCCCGCCAGTGCC
ACCGGCGGCAGCGGCCGCCTCCAACTAGAATCATAAGTGCTGGTACTCGCCCATGTCGTACATGGCGGTCATGGGCATGGCGCCCATCACGCTGT
GCAGGTGCGAATAGGCCACGGCGGCGGTCAGTGGAGGCATTTGCATCTGGGCAGCGGCCGCCGCACTCACGCCTCCTCCGCCGCCGCCGCCACTG
CTCTTGGTGGCGGCGACATTGGCGATATTGCTGGCGGGATGTGGCTGGTGCGGATGGTGCTGCAGGCCTTGCTCGGCGGCGACATGCTGCAGCTG
CTGCTGATGCAGGCCGTTGTTGTTGCCGCTGCTGTTGCCGGGTGAATGCTGCTGCTGTTGCTGCTGCTGCTGGTGCTGCGCACTCTGGCTGGGCA
ACATGCTGCCCTCCATCTCGGAGTCGCTGGAGGAGTCAAGGTGCTGCTTGTCCGTGGAGCCGCTGCAATGGAGATGAACAGGTTGCGTGGTTAGC
GGAGGTTATTGATTTAGAATGCTAAAGCCAGCATAGGCTACTATACTACTATACTTCTACAACTAGCATTAATACATCATATTGAGCACTTCATG
ATCTTTATGTTCCAGGTCTCATCTATCCCTTATGTCGAATTGAAACTATCGCCTGCTCCGCCTGCTGAAGACGTGACCCGTGGCATATGGTTTTT
GGATGTCAGCATCGCTTACGCTAAAATGTGTCAATTGCTGCAACTAATTTAGTGCTGTCAACACACAAACGCACTCCAGTGCATAATTTATTTAT
AAACAAATGACAAATGACAGGGGCACAGGCATTGCAATTGAAACGAATTCCGGAAGGAAATCGTCTGCCGCTCGCGTTTCTATAAATGGTATCAT
GTTCGCCGTTGAGGTGTCGCCTCAGGGAATCCGAATGGAGTGAGGAGCATGCGAGATGAGGAAGCGAGATGGCATGCCCTCCCCGGGGCATTCGG
ATATGAGGCATCTGATTTCAGTCCCAGGATGACTTTCCACATTTCCAGGGGTTTGCTTCAAGTGGGTGCGAGTGCTGCACACCCCCGCTTGCATC
TTAAGTAGCTGACTTTTATTGTTTGTGGCTGAAACTCATTCGAAACTCGAACGCCACTTTGGGGTTAATGTGAGTCCTGCCCCCTGCACTAATGG
CTAATACCCGACCATAACAAGACCGAAACTCGAGCAAATGCCAATCTCCCTCCCGCAATCTCACCCACTCCGCTGGCAATCATCGGCAAAGTGTT
AATCTTGTCGCCAATTGCATGGCCGAGCACAATCAGTAATCGGTTATCAGCAGCCGCATCGCGGAACCAGTTTGCGAAGAAATTGATGACAGCCA
CGAGCAACATCAGCAAACAACATGGGGCACCTCCAGGATTGGACCCACCAAACTTTGCATACCCTACTGATAACGATACTTCTTTCATATACCTA
ATAGTAGATATTTGTTAAACTTGATATGTTACTTGGAATTCCTGATCTTAGTAGCCATTCAAAACCATTCCACTTGGACCTAATGTTTAAAAGCC
TTTAATGATAAAGAGACACTTGGTCACTAAACACATGTCGAATTAAAGGAATTATCGACAAATCCATTTGTCCAGCGAAGCAATCTTCATTGAGG
GTATTGTTATTTGGGGGAAGGGGGGGAACGAGGCTCGTTCGGGGCAATGCGAAACATTTAAGCGCACACTCGACAAATTTGCGATCTGGCACAAT
GGGACAGAGACGGAGGGCAGGACAGGACCGATCTGATGGCCGGCAGATACACCACTTCCCCAGCTGCCGCGGATTCCGATTCCTCATTTCTGATT
CTCCATTCCCGATTCCAAATCCTCGATTCCGAGCGGGGGATCTGCAGTAGGAGGAGTAGGAGGAGGAGCCCACATACGGCGCAGCTGTACGATAT
CGGCAATCGTGTAATTGTAGATTGTATCCACCGAGTGGCAGCCACCAACAGCGATGGCATGCCATCCACTTCTTGCAGCGTTTGCATGAACTTGA
ACTTGCTCCAGCGATCAGAGGCGCAGTGGTGGAGGAGGAGGAGGAGGATGAGGAGGAGAAGGAGGCGGCGGGCGCGAGACCATGTGACATGTGAT
GGACACTGCTCCCTACTTCCCCAATTTTCCGAAAACGAGTTCGCGCTGTGGACATTAAAGTGACGCTCGTTCCGATCCGCTCCGTTCCGTTCCAA
ACCGTTCGAGGCAAAAATCGATGGCCTAAGCACAGCAAACATGAGGAATGGCCCATCCCAGAGCGAAAAGTGGGGAGCAAACAAAGGGCAGCAGA
AGCATATAAACAATGATATCGAATTACCAGAGTTTCGTAGTTCTGCCCCCCATCTCTGGCGGCTCTGCAACACTTATTAACACATACAAACGGAC
AGCGCCCACTCTTGTCCCGTCCCATCTCCCATTCCCATCCCCATCCCCAGTCCACATCCACATCTACATCCCTGTCCGCATTTCCAGTGATTGCA
TTATAAACACACAAAAATGCCTCGGCTCGGTCTAGTTTGGTTTTACCGGGGCACCGAACGGGAGCAGCGAGTCTCAAGGACAATTCCTGGGCCAG
GAGTGAGTGTCGCATATAGTTTATAACAAAATGGAATGGCAACCGCTGAGGAGCAGCAGGTTTTGGGTCTCCGTCCTCGTGTGTGGTACCTTTGG
CTGAAGGTTCCTCGGGCTTTTCTTCCCGCACATTTCTTTTCATATTTCTTTTTGGGTCCAGAGTTGTGCCCAGTGAGGGGGAATTAATTTTTACT
TGTTTGCCCAATTGGTTTTTTGTAGCCGGGCTCTGTCTTAAGCAGATTCATTAGCTTGGTAATAATGCATGATCGGATTATGTTTAACTGGAAAC
GGAATCGGTGAGGGGTGAATCGGTGGGTTGGGCCACAAACGAGTTTGCCACGTGAGTGAGTTGGTCTATAAAGGTATTTAACATTTTGGCAAGAC
ATCTTTCGCATCGATCTGATGTCAATTGATTGGGAAAATAGAAGAATTGAGAATGGCCCATGACATAACCCCAACTAACTTTCACACGAATGAGT



GGAGAACTGGGACTGGACTGTGGCTTCCAAGGAATTCCGTTGCTAATAAAAATTATAAGCCAATAAATCCTTAAAGAAAACAAACAAACAAACAA
GAGGCTCAGGGCCCTGCAAGATCGCTGAGATCGGTGAGATCGGGATATTTGGAGAGATACGGGCAGATCAGGAAGATCGGGAGGATCGAGAGGGC
CAAGGAACAGGTTGAGTTATCGCATTGCGCGATCGGTACACAAATCTCGGGACGTGTGCTCAGCAGGACACCCAACTAAACGGGCAACGGCGATC
CATAAGTGGAATCTGAAAAGGTGTTGATCATAAATTATCATTTAATTTACGCATGTGTGTGGCTGTTGTTAATGTTCGTGGCGACCCTCTGACAC
TCGAAAACGCTCGCTCGAGGATGGGGGAACCTGGACCTGGGTCGGTCGTCTCACCTCGGCTGGGGCTTGGGGTTCTCCTGCTCGTCTAGCCGACG
TCTGGCTGGTTATTGTTGGGCATTGTCTACAACTATGTAAGATCCCAAAGATTAACCCAAAGTCCGAGCCCAGCGCTGTCATCGTTATAAGATAT
TTTATTATCGCTCCGGCGAAGATCCCGAAACTCGAAGGTGGAAAGCTGTACGTAGCCTGTGTGGCGTGTGGAGCATTTTATACTGGTCGAGAATT
GTTTTGACAGTTTCTTATAATTTTGTGGCCTTTTAATTGCCCGGCCCGAGGCAAATCGGCTGATTCCTGAGGAGAGCTAATCGCGTCCCCAGGCC
CCCCGCCGATGGCAATCCAACTTTTATGTAATCCCCAAGTCTTTTCAGCACTTTGAGGTTTACACACTTTTCGTGGGAGCACCTAGAGGAAGCCC
CATGGAAAACAATTGCTCAGGTCAAGTCGAATGAGCAGCTAAAGAAGTTTCCATAAAGAAACAAATATTTGTTTTATATATTTTCAACTATTGTA
ACTCAACCCATTGGATACGCAAAGATTTAAGAAAGGAAGTGGAACTGAGAGCACCTGAACTTCACTTGGAGTTTTTTTTCAGGAAATTCGAATAA
AGTAATGTATTGTAAATTACACCACAACAGTACTAATTTCATTTTCTATACCTTTTAGTAATGATATTAATGTAAATAACCAATCATCCTGTTTG
AGTAATGCAATAAAGCAGCATGCCCAGTTCTTCATTTTCGGGAGCTTTCCATACTCCTCGTTCGCACCAGATGAGATCTAATTATTGTCAAGAGA
GTGTACACTTGACACCCACTCCCGGAAAAGCGCGATGAGCGGTTGTCAGTGCGGATGGCAAGCGCCTCCGGGCGATTCCGTACCACCAGCCGGTC
CATCATCACCAACAACATCATTATCAACGCCATCGGAGCACGGATCGGGATGGAGAGGGAGCGGGCATGAACTGGGACAGCAGCGAGATTGGGAA
CGGGAACCGAACTGGCGAACTGAGCACACAAACACAAAGGCGAAGATGTAGAGTAGAGTAGAGAAGAGAAGAGACCCTCCGACGGGCAAAAGCGC
AAAATACATAATAATAAAAACAGAATGTACAATAAAACGAATAAAAATGAATAACGTGCTGGCGGGGATTGGAGCGAGGGACCGGCGGTGGGCAG
CGGGGAGTGCGGGGTTGTCAGGGCGAACGAATAAAGAACACACGCACATTTTGTGGTAACCCGATACCCTGGCCAGCTACCCTCCAGCCAACCGT
GGCATTCGACGAACGCAAAATGATGACGATGTCTGGGGGAGATGCGGATTCGATGGGCAGGGGCTGGGGTAGGGGCAGGGGTAAGGGCAAGGGAA
GGGGAGTGGGATGGACTTGGGACTGGAACTGGAAGTGGAACTCGGACTGGGTCGCCTCGGTGGTGAATACATACATGGAGATGCAGGGGCAGGGG
AAGCTCGTCTGCAATTGGGACTGTCTGTGTGCAAGAGAGGGAGGGAAGAACGCTTAAGGTACTGGATTCCCGGAGAAATGGCTCATAATGCCTGG
CAGATCAATCAAATGGCCCCTGAATTCTTCTCTTTCATAACGAGGATTCCTTGAAACAGCAAAGAAGCATCTCTGTCTTGGGTTAGATATTAACT
CATTGGTTTAAGGATCGTTATTCTGCTAGAAGGTTTGGCCATATGGATGATATCTTGAAATACTAAGTTATATAACAAAATTTAAGTTTAGGACA
ATGTTGAAACAGAAGAACATTTTGAAAATTTTTACATCCTTAATACAGGTATATAAGATTTGTAAAATTGTATCTTTTCAAGTATCTTTTACGAA
TGTTTGGCATTTGGCTTATGCTACCTTTCAACCTGAGGTCATTAATCGGATATTTATGTAACCGAAAGTCCCAGAATGCCAGAATGCTATTGTAA
AGGTTGGAAAGTTGATAGGAAAATATCGGATTACGGCTAGATTGTTTGGGTTAGTTCTTCAAAACTTTTCACCCAACTTTGCATTAAACAATGCG
ACGGAAACCCGATATTGTTATTGGCAGTATTTTCGAGCTCTCAGTAAGCAGTGCCCTTCAATTCAATTCAAAATTTACAAAATTCTTCGTAAAGA
GAATATGCACAAGACCTGGAATAAGGCGTTCCACAAGCGCAAGCTGGTGAGCTCAGAGCGTAATAATGCATCAGCATGCGAAACTATTCCCAATT
CTTCCAGTGGAGGAGCGTGTCCAAGCCCGGAAAGCTGGTGTACTACATGCAGCCGCTAATCGAGCACCTGTTCGACACCTGGATGCAACCACTGC
CCTTTCCGACGCTCCTCAAGTTCATCTACAGCTGGGTGCTGATCTTCTTCATCATGATTCCGATGCTCTATCCGCTGCTCGTCCTCCTCTCCTAC
TACGGCATATTCCAGTACGCGGCGGAGGAGCACTTCGGACTGAAGACGCCCGAGAAGTGGGACCTCCTGGGCGCCGCCGCCAGGCTGTGGCACTT
CGAGGTGACCAACAGGAAGTATCTCCTGTTCGTGTCCATGTACATTGATCGCTACCGAGTCGTTTTAACCGCCATATCTTCGACAGTCGACTATA
TGCGCATGGCTCTGTGGTTCGTCTTCAACTGAACCAACAGCCGGAGTCCTTCGATCCCTACTTGCGAATCCCGTTTGCGGGGGAGTTGGCTTAGT
AACTGCCTTTGGAGTGGATAATTTTAGGTCTTTGGGTGGAAGTGTTTCGTACGAAGAACTTAACCAATTAAAAGTTGAGCTGTATTCTATTCTGT
AATTCTATGGGTATGGATATAGGATGAATCGTTTGGTTCCATCTACCTAGTCTTTGAGCACTCTGTCCTCCATTCTCTTTTGGCCCAGCGAAGGT
AGTGCCTATGCAAACAATAACCACTTTGCCAGTTGCTGGGCCGTTCAAAGTGCCGCTTTGGATTCAGATTTGGCGCCGTTGTGGTTTGCTGGCTG
CCACAAAGCTGCATGGAACATAGATACACACACCCTCATGCAAAAGTAAAAAAACAGAAAACGAAAAGAGCGCAGAGGAGAGGAGCAAAGCGGAG
TGGGGAGGGGAGGGGAAACAATATGAAAAAGTTAAAGTAGCAGCACACTGAGTTGCTCATCGAGGCAACAGCCATAAACATATATCAGGTTACCT
CCAGGAGGAGCTGGAGGTATGCAGCTACGCAGTCCATAGTACGGCAAACTATCGCAGAGAACGAACGACGTGTATCTGTGAGATACTTTCGACGA
CTGGCCGTGCATGGGTGTGTGCGCGAGTGTGTTAGTGTGCCTTGCGGTTGCCACGGCATCCAATTTATAATATTTTTTGCATTATTTCTGTTTTA
CCATTTTTTATTTCCATTTTTATTACGACAATTTCTCGCTTTTCGCCTGCCGTTCGTGCGGCGAAACTGGGCGTAAGTGATATACCATTTAGCAT
AATGGAACTATCCTGGCGAAAGTTTGGGACTTTTGCCAATTTGACCCGGCTAATGATTGTCCCACCCAACTGGAATGGCTAGAAAGACAGCGGAA
TGGCCACTATCCCATTAGAAATTTGAATTTTCACTCTCTCGGCTGTTTGCACTTCACATGACTTCCAGCCGGATCGCAGGACAAACAAAAGGATG
CTCGTCGGCCAAAGGATGTTTTATGTTTGAGAATCTAACTCCTATCTTTCGAGGATCTACGCCATCCCTCTGCCTCAAAGTGGAAACATCCGAAA
GGAGTGGCTCAACTGCCCGAAACTATTTGCTTAAGCGGAAATGCAGATGTTCAGATGTTCAAATCGGGTGGCGGAAGGGAAGTGGAGGGAAGTGA
AGTGAAAGGACTGGGGTTTTTAATTAGTGACGAGGCCTGCGAGACATATGCCGGAGATATGCGTGTACCGAAGGCAAACATCAACAAATCAAATA
AAAATACAAATAAAATAAATATATAGGATCGTTTTGGAATCTGGAACAACATGTTAATGACTTTGTCAGCGACTCTTTCTTTCTTTCCCTCCGCA
TTTAACCACATCTCGTGTGCCAGTTGCGTGTTGTCCTTGGCACTAATTAGCCAGCCCCCCCATTGAACGCCCACCCACCCGATACCGCCCACTCG
GCGACCTTGAAAGTAAATGCCGTCAGCTTTTGTAATTGAAATTTTAAATGCAAATTAATATATTATTTTTTGCGGTGCCTTGCACGCGCTGACAC
TTGTCAGATGTATCGCAAATAAAGCATAAATATACTCGTATGTGCAGATGCCCCCCTCCCCCTGCCACCCGCAACTCATATGTACGTATGAAACG
CTGATATAAGCAATCTAGATATATCTATCTATCTTTGGAGTACGCCCAAAAATATCTCAGTTGTCCCCCCCCAGTGAATCAGACGGGGCAATCAG
CTTAGATCTATAGTAATTAGTGATTTGGTGCAACTCACTCTTTGTGTTCGGCAGCTCGATCTCTTTGTCGTCGGTTCTTGAACCAATTGGAAACC
TGTAAAAGCACAGAAATAGCTTAGATACATTTGTAAGCATTCGCAAGATTCTGCCCCATGATTAATGGGATGCAATTAACATCCTCTGCGAGGAA
TTTCAATTGAAATTTGTCAAAAGATGCGTTTGACATTTATATTTCACTTCAGCCGCTCGCATCTCTGCTCTTTGCATCTTGGCATCTGGGCATTG
CCATCGACTCACCTGCGTGGTGGTCAGTCCTGTGGCCTCGGCCAGATCGCGTTTCTCCCGCGGCGATGGATACGGATTGTGCGAGTACCAGTCCC
TCAGTACGGAGCGCGATTTTTCCTGCGGATGAAAAGGTGTCATTTTAATCAATACGTATGGAGATAAACCAATTATAAGCCCCTAAAATCAATGT
TGTCATATATCAAATTGTAACTAATATGAATACGAGTGAAGTGAAAGCACTTAATAGTCAAGCTTTTCTATCTATTAGAAACATATCTAAGAGCG
AACAAGAACCTACAGTTCTCTTTATTTGTGAATTATTTTGTTTTGCGAGATCTTTTAAAATTAATAATAAACCTAGATTGTATAGAAAGCAAAAG
GGTATTCCGTTTACTACCCAACTGTGTCAATCCTTTTTTCTTTATATTCCCAAATTGCGTCAAAACTGGATGATTCGTGGGGCGTAACTAGGACT
CAGCCCACATTTCCGCGCGCTACTTGAGGCAACTGTAAGCCCGTCGAAGAGCAAACAAAGCGAATCCCGTCCAGGATGTGCCTCCGATAAGCCCG
AAAGGCGTTACCCCCAGCGCAATCAGGCGGTTCGCAGTCCATGCAATCAGACAGGCGAGCGGGCATTTGTACGATTTCCGCGCTTGCCACAATTA
AAGTGGAAAGCGGCCAGGACGACGTGGAGCTGGTGGCCCGAACTCACCTTAAAACAGTAGCTCGTCTCCTCGCCATCCCAGATGGTGCGGGGCAA
TGGAAATTTACGGCGAACACGATATTTGCCAACAGCACCCAAGGGTCTTCCGCGCAGTTTTCGGCTTCCACATAATGCGCTACAGTCGTGGAGA
AGAAAGGAGGGGGAAGTCAGTTTGGTTGCGTTTCTGGCCCCAAAGATTTGGGCTTGGGCAGCGCAGCGGGCTGGAGGTTTGGAGGATCGGGGGGT
TGGACGGTTGGACGGTTGGAGGCTCACCTTTCAACCACAGGGCCTGGAGCTTGGCGTGATTCTGGGCCGAGAAGTGGTGATGCTCGAGCAGGCGG
TACAGCTCCTTGTATTGTCCCCGGTGGAATGCGACGACCGCCTTGGCCTTCAGCACGGACTCGTTCAGCTGCAGCTTATCACATTGTGGCAGCGA
CCAGAGGAAGCGGCCCAGTCTTTCGATGTTGCCCGCCTGCTGGAGAACCTGTAGGTGTCCGGGTAAAGATATACATTATAATGTCATCTAAATAT
TTCACTAAATCTATTGAAGCTATCATGACTAATGGTGATTTCCTTCCATAACTTATTCTTACACATTCTACTTATAGTTTGTGATTACCTCGCAA
ACACAGGCCACCTGCTCCTGGGTGAAGCCGAAGCTGGGCAGGTTCTCCCTGCCGCCGGAGCCTCCACCACTGACCACTCCGCCGCCGCCGCCGCC
GTTGCTGCTGCTGTTCAGATGGAGGCCACCGCCTGCTCCGCCGCCGTTGTGCGCCATGATGTCCAGAGTGCTGTTGTTGTTATTGCTGGTGCTGC
TGTTATTGTTGTTGTTGTGCAGGGCCACCGATCCGCTGAGACCGGTGGGACTATAAGGAGGCGTGTGACGGGCGGTGAGAACGGCAGCCGCA

Confidential - Subject to Protective Order

TTGGCCGCGGCCAAGTCGTAGAAATCTGTGGCGGGATGCTGTAACATTTTCTGCGGGAATCGGTTGCCTGGCTGGATGTTGGTGGGGTGGATTTC
AAGGACACCGCTACAAGTTGCAGAAGGGATCGATCAGTTGAACTGGTGAATGGTGTAACCTAAACTAGTAGTTGCCTAAATCTTTGGTGTTTTGA
GCGCTGCAATGATAAAAGTAATAGAAAATCGCCATAAGTTTATGTTTGCATATTGAAAATACAAATATACAATGTGTGTACAGGCTTAAAAAGCC
ACTGTATGCTAAATAGATAATATCTGTGTTGCTTGGAGCCATAAAAACCCACGATTGCAACACACAATTTTAGGAAAAACTCGCGCCACATTCTG
CGTTTAGTAATTAGCCCCCTAGTATTCATCTTTTTATTACCCCGCTCGATTAATATTTAAACAGCTCTCTAATTGAGACACATTAGGCTGTGAAA
ATCACCATTGAATGGCAAGTGATTCGAACAAATGCCAAACAAAACAAGCGCGTCTGCATGAGTTTGCCATATTCATAAGCATTAGAGATCCAAAT
TCAAATCCAAATTGAAATCGAAATCAAAACAGAAGTGTACAGTACAGTGGAGAACCTCGATCCGACCCCATGTTGTCAAACATGATTAACCGAGT
CCGGGGGCAATTATTAATGCGGCATGTTCGATGCTCGATAATCGGAAATACGGCTGGCCATTGCCATCGTGGAGCTCTCTAACCTGTCCGCACCC
AACCGACCAAGAGATCTCTTACGAAAATAAACTCTTTACACAATATAGTACGTGTATATGGGGCGCATGGTGTTTCGGTATTCCTCCGATTTCAC
ATTTCACATTTCCCATTTCACATTTCTGTATTCGGTTCTAAGAATATTTCTAAAATTACCAGGCGGCAGCGACGACGACGACCATGCCTCCGCCG
CCATCGCGAGGGAGTGAGCGAGAGGCGCGAACGTATCCCCCAGATAGAATATCTATGAGGTATAGACGATGTTTTCACATTTCAAAACAATGCAA
TCGATCTGTCCGAATAAACTGATATATGTAGATATATCAGCCACAGATATCTGCGTATCTAGGCCCCTCCCCCCCCCCCCCCCACAAAAGCTAAAG
CTAAAGATCGGGCTATATGCACACTGATTCTCGTGTATCGGAGTCGAGATATTCTTGGATCTGCTTTCGGTTTCAGTTCTCGTGTGTGCCGGCCA
GATTATATATACAAAAAAACAAGGAACAAGAAACAAGAAAATAGAGATTCGTTCTGGCTGCCGCTGTAACGAAAATACCAACGCCAAGTTGGCTG
CTCTTGAGTCATCGGCCTAGGCCAGATCCCCCGCAGCCGCCGCCTCGCCGAAGATTTCCATCGATTCGATTTCTTCAGCTCGCTGCGATTCTTCT
TTCTCCGCTGCTTGTATTTTGTATTTTCGATGGCCTGTTTCATGTTTGACGCAAGTAAACAAGCAAAATGCGAACGTGAAACGCAATACGCGATA
AATTTTCAATCTGTTTTGGCCAACAGCAATCCAGCAGTTCAGTTCACAAGTGGATAATATTCGATGGACACAATGCATTCTGGACATATTGCCGA
ACTATTAGAGCCGATTTACGCCTCATTCGATCGGATTCTGAGCTCTTCAGCCACATTGGACCATAGCATACTGGCATACCAAGGTTTATGGCCCT
GTACCGTTGCACGATCCCAAGTGGAAGTGGAAGTCCCTGCCCCAAAACGAAGAAGAACACCAGCAGCTACGACAGCAGCGGCCTCGAAAGATATT
CTATCTGTATCTTTTGGCTGCCTCTTCAGTTCGCCTTGTGGGAGATCTGTTATCGCGCGCCTGTAGCTGCCTGACTTTTGTGGCATTCGAATAAA
ATTAATTTAATTTATTTTACAAATTCTGTAATTTATTATCTATTGGTTTCTGTTTCTGTATCGTGTTTGCCCCATTCCCCTTCCCCTGTGCTTCT
TCCTACTTTTATAAGATTTTAATTTGAATGTCGTGGAATCCCTGGAAATCTGAAAGCGGACACCTAACTCTATTGGGCTGTTAATCAAATTGAAT
TGTTCGAGCTGCCGTGGCTGCAAGCGTTGTTCGCCTAATTAGTTTGTAATCAAAGTCAGCTTACGATTGACTTGTTGATGGATTCGATTCAACTC
GCAGGGCAGTTCCAAAGCCCTAAGTCCTAAGTGCACTTCGGGAACTCTGCAGGTGAAGTGTGCCCCAGCTCGAGGAGCACCCAGCTCAACTTGGA
GCATGGTGCCATCGCAATCGCAAAAAGCACAAACAGTGCGCCTGTTTCTCGCGGCTAACACCGAAATCATCTGCTCCGGCGTCTGTGTTTATACA
ATGTAATCGAATGGGAATGGGATTGAGACTGTGACTGGGGATTGGGGATTGGGGATTGGGGATTGAGGACTGGGAAGACGTGTGCCATGCAACCT
GTTGTGGGCCAGCCCCCGTTCCGGGTAATTCGAACGGCTTTCTGGCCGCTGGTCGGGATTAGTAAGCGCTGCTGCTGCCAAACGGTCGAGACAAT
CGCTGCTATCCGCCAGATACTATTTTTAACATTTTCCGTTTAATTGCCGCGTGAGGGAGCTACGCACAAAGAAATCGAATAGAGCGCGGCGCAAT
GAATGAAATTTGTCAATTTAATGGGTTGCACACACATGTGTCTCTGCCTCCGCAGCCGAATGTATCTGCATCTGCATGTCGGCTGCTTTTCGCCT
TGCTGCGCCGCATTTGCCAAACTTTGAATGAAACTGAAGTGCACTGGTCGAAAGTCCCGCCGGTGGGGAGCTCGTCCCCAAATTACGACGGATTC
TGCACGCCGGTGCGTAAAATGATCAAAGCTGCTGCGGCCAAACTTGCGTATCTGTATCTGTTTCTGCCCGAGTCCCGAATCTAGGCGAATGGAAT
GCGCAAATTTGTCAATTTGGCCACTTCCGAGATGGAATCCACATGGCTGGTATCTTGATGATCCGAAATAGGCAACCAGAACCGTACGCAACATC
TGCTCCCATCTCTGCACTCAATTAATCATTCGACTTCTGACGACAAACACGCGTTGGCCAATTCGTTTAAACGCTCCCAATCCCCCGAATATCGC
AAATATCGAATTTAGCCGGACAAAAGTGGGTCCACGCCCACTCATCCTCACACGAAGTACAAAAGTTGTCGGCCAAACAGTCGCTATAGTTAATA
ATTTCATAAATTTTGTGGCGAGAAACGAAATGATAAAGCCAAATGGTTTCATAAATAAACACTGTGTGCGTTGGTTTCGAGCACCAAACGGTTGG
AAAGCCTTTGCGATGAATGAATGACAACTGGAAACTACTTTTCCTTTGGATCAAATCCATCTCATATCTTTTCCTCTAATTAATAAATACATCTG
AGGTGGGTGGGCCGTTGAGTAGCCAACTTGGAAACGTGGAAAACTTAGAAAAAAAATTGAGCGGTGAATAAAACAACAGAATTTTTCTTTTGGTGT
GTAAACAAGTTTCCTTTCCAAATATAAGTGAACATGCAATTCCCGTGCTTTTGCCTTCGTTTCGATTCCCTCAGAATTGCTTCTCAAGTGCCTCG
AGTTGGTTTTCCGATGGCTTTTGGCCATTTGGAATTCGCCAATGCCACGCCGCCAAAAAGCGAAGTGCACTTTGGCTCTCAGCTCTCCTCATTGA
AATCGGCAAAACGTTGTGAATCTATGGACTTCGATGATAGATTGATCCATTAGAAAGCGGATAGAGATACGCCGTGACATTTATGGACTGCATTA
ATGTTTTCGCTGCACACGCTTTAAAGGCTATTTAAAGCACTAAAATATATTTTTAAATGAAGTCTTCAAATAGGCAAAGTGATTGATACTTTCTC
AGAGAACTTTAGGCTTTTCTAATCAAGAATAACGCTTTGCTGTAAGTTCCATTTTAACCGTATGGGATGTTTAATAAAAGGTCTATGTTCTATGA
TCTTATCTATAGGTGATAAGTGATTTCTTGAACATGTGGTTAGTTCTTCTAAGGCTTAGTTTGACCTATTGAAATTATTATTTTTCTGAAACTTT
TGTATATATTTATGGTTTTATAATTTTAAGGTTCCAATATGGAAATGTATAATCTAATATTAGCTATATTTATTCACATAATCGTCCCGAAATTT
ATCATAGTTATTATATCTCCTTTTTCAAGTATCAATGCCAATTTTATTTTAAATTAATCCCCCATATACCATTCGTTTTTCTTATTGTGAAAGAA
TATCCGTCCTACTTATGCATCTACATATATTTTTGCCATGGTTTCTAGTGTTCCACAGTAAACTTTTGCCGTCGGCAGCATGAAAACTGAATCTC
GCTGCTCACCTGTATTTTGATTATTTATTGTTGATACGTATCCGAGTTTGTTAGTTTTTGTTTGTTACTCTTTGTTTGGGTTTGTGCCTTTTGCC
TTGGCTTTCCGATTCGACTTGTGCTATATCCGCAAATGTTAGAGTTGGCCAAGAAGGCGCTGATTTCGGCTGTGCGGCATTTCCTTGATTTGCAT
TTTGGCCAAACTCTTCAAATCGAAGCCATGTGCCGTTCGCGCACGCACACACTCTTAGTCGCGATCACACTGGGCACTAACTAACACAAGCTTGC
CGTTGAATATTGCTCATACGCACTGTGCGAACACGTGTTGCAAATTACTTTTCGCGAAAACTTCGCTGTCCTGCGCGACTCGGACAAATTGCACC
TGCAAATTTGGTGGGCAAAGCTGCGACGACAGCACTGAGGCAGTGCCAACAAAAAATGGCCGCCCGCGGATTGATTAGCTCAATTTTGCTCGCTT
TTCTCTCGCTTCGTGTGCGTTTATGTGGCGCGATACTGATGCGTTCATTCAGGAAACACGCAAATTAAATATAACTTTGTGCGCGGGACGTCAAA
AGACCGCCGGATCCGGCCTGGATTACTAAGCGAGCGACGTGGGTAGAACGGGCAGCGAACCGCACGCGACGGAATCTCGAAAACAACTGAGAACT
CTCCGGTTCTCAAACCTAATCGAACCGAAAACGGCCGAGACAAAAGGCAGAAAATGGTTGGTGCCGCTGGCGGTGTGCGTGCGCCAGAGCGAGAT
GGCCGACTGGTCGTGCGAGTGTGTGAGTGAGCGAACACCAAGGGGGTGAACTGCACAGTGGGATGCACCGACACTTTGTGCGTCACTTTCCAAAA
ACGTTATAGGAAAATAATGGAATCAAGTGAAGCGAGACTTACATTCACTGACTTTTATAAAGTCACTGGGCACACACAGTTCATGATTACACATA
TATGAACTGATGATAACTCAGAATTCACTACGTTTTAGTTGTTTTCAATATCTTGCCTTTACAAGTGTTTTTATTTTTATTCTATTTTATTTTAT
TGTATTCTAATGTTTTCGTAGTAAGACATAGTACATTTTTCCGTTATTATATGCTATTGTATCTTCAAAACATTAGAAAATGGTTTTATATATTT
TTAAAGTGGCTTACAATTAAGTTAAGTTAAGTTAATTGAACAAATATTTTTATAAACGTGTAGCCATTGAATTTGACACACGGTGCCAAT
CGACAACAGTTTGACAGCCACTGCGAGAGGGGCAGCGTGCGAAAGAGCGAGAGAGCGCATAAACAGGTTGACCGAAAGAACGCCCCCTCGGCTTA
CCTGTTCGCACACACACACACACACACACACACACACATAGATGCCCTCACGCACACCGGCGCACTGGAGGACAGCAACGTGCTGATTGGTCAGCGG
AAACGCATGCCAGCAAAAAGGCATGCGCATTGGGCGCCATATTGAAAGGCGGAAATCGGAGGTGATTGCAACTGCATCGCTGCTCCTCCCCAGGA
ACTCCTCATCCTGGCTGAAAGGATGCCCGGTGCAATAGCTGCCATCCTACAATGCCGTTTGAATTACTCACCGCAATAGTTCCATGCATCTCTCG
TATAATTGCAATTACTGGCCTTTTCTCATATTCATTCACTCCACTTTTTTGGTTTAACTCAACCTTGTGGTCCTTCCACATTAGTGCGGTTTGCA
TTGTATTATTTAATGATTCCGAAGGAGATGAAGCCGTTTGGTAATTGAAGCCAACTAATTGTGTTAATGATTTACTAATATATTTAGTTTACTAA
ATATTTACTATATACACAGGCTCCTTTCGTCTTCAAGTCCTTGTTCATGATAACTGAAATAACTTGAACCTAATTTAATTTCAAACTATTAACAT
GATCTAGAGACACCTGTACAAAGTGCAGCGATGCGTTCAGAATGCCTAACTTTCTTTTTGAATACAAATAGTCAAC
(SEQ ID NO: 235)

Exon: 16841..15875
Exon: 11688..11204

Exon: 11068..10858
Exon: 10720..10593
Exon: 9997..9893
Exon: 9689..9634
Exon: 2152..1001
Start ATG: 11542 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT8839
GAATTCTGAGTTATCATCAGTTCATATATGTGTAATCATGAACTGTGTGTGCCCAGTGACTTTATAAAAGTCAGTGAATGTAAGTCTCGCTTCAC
TTGATTCCATTATTTTCCTATAACGTTTTTGGAAAGTGACGCACAAAGTGTCGGTGCATCCCACTGTGCAGTTCACCCCCTTGGTGTTCGCTCAC
TCACACACTCGCACGACCAGTCGGCCATCTCGCTCTGGCGCACGCACACCGCCAGCGGCACCAACCATTTTCTGCCTTTTGTCTCGGCCGTTTTC
GGTTCGATTAGGTTTGAGAACCGGAGAGTTCTCAGTTGTTTTCGAGATTCCGTCGCGTGCGGTTCGCTGCCCGTTCTACCCACGTCGCTCGCTTA
GTAATCCAGGCCGGATCCGGCGGTCTTTTGACGTCCCGCGCACAAAGTTATATTTAATTTGCGTGTTTCCTGAATGAACGCATCAGTATCGCGCC
ACATAAACGCACACGAAGCGAGAGAAAAGCGAGCAAAATTGAGCTAATCAATCCGCGGGCGGCCATTTTTTGTTGGCACTGCCTCAGTGCTGTCG
TCGCAGCTTTGCCCACCAAATTTGCAGGTGCAATTTGTCCGAGTCGCGCAGGACAGCGAAGTTTTCGCGAAAAGTAATTTGCAACACGTGTTCGC
ACAGTGCGTATGAGCAATATTCAACGGCAAGCTTGTGTTAGTTAGTGCCCAGTGTGATCGCGACTAAGAGTGTGTGCGTGCGCGAACGGCACATG
GCTTCGATTTGAAGAGTTTGGCCAAAATGCAAATCAAGGAAATGCCGCACAGCCGAAATCAGCGCCTTCTTGGCCAACTCTAACATTTGCGGATA
TAGCACAAGTCGAATCGGAAAGCCAAGGCAAAAGGCACAAACCCAAACAAAGAGTAACAAACAAAAACTAACAAACTCGGATACGTATCAACAAT
AAATAATCAAAATACAGCGCTCAAAACACCAAAGATTTAGGCAACTACTAGTTTAGGTTACACCATTCACCAGTTCAACTGATCGATCCCTTCTG
CAACTTGTAGCGGTGTCCTTGAAATCCACCCCACCAACATCCAGCCAGGCAACCGATTCCCGCAGAAAATGTTACAGCATCCCGCCACAGATTTC
TACGACTTGGCCGCGGCCAATGCGGCTGCCGTTCTCACCGCCCGTCACACGCCTCCTTATAGTCCCACCGGTCTCAGCGGATCGGTGGCCCTGCA
CAACAACAACAACAATAACAGCAGCACCAGCAATAACAACAACAGCACTCTGGACATCATGGCGCACAACGGCGGCGGAGCAGGCGGTGGCCTCC
ATCTGAACAGCAGCAGCAACGGCGGCGGCGGCGGCGGAGTGGTCAGTGGTGGAGGCTCCGGCGGCAGGGAGAACCTGCCCAGCTTCGGCTTCACC
CAGGAGCAGGTGGCCTGTGTTTGCGAGGTTCTCCAGCAGGCGGGCAACATCGAAAGACTGGGCCGCTTCCTCTGGTCGCTGCCACAATGTGATAA
GCTGCAGCTGAACGAGTCCGTGCTGAAGGCCAAGGCGGTCGTCGCATTCCACCGGGGACAATACAAGGAGCTGTACCGCCTGCTCGAGCATCACC
ACTTCTCGGCCCAGAATCACGCCAAGCTCCAGGCCCTGTGGTTGAAAGCGCATTATGTGGAAGCCGAAAAACTGCGCGGAAGACCCTTGGGTGCT
GTTGGCAAATATCGTGTTCGCCGTAAATTTCCATTGCCCCGCACCATCTGGGATGGCGAGGAGACGAGCTACTGTTTTAAGGAAAAATCGCGCTC
CGTACTGAGGGACTGGTACTCGCACAATCCGTATCCATCGCCGCGGGAGAAACGCGATCTGGCCGAGGCCACAGGACTGACCACCACGCAGGTTT
CCAATTGGTTCAAGAACCGACGACAAAGAGATCGAGCTGCCGAACACAAAGACGGCTCCACGGACAAGCAGCACCTTGACTCCTCCAGCGACTCC
GAGATGGAGGGCAGCATGTTGCCCAGCCAGAGTGCGCAGCACCAGCAGCAGCAGCAACAGCAGCAGCATTCACCCGGCAACAGCAGCGGCAACAA
CAACGGCCTGCATCAGCAGCAGCTGCAGCATGTCGCCGCCGAGCAAGGCCTGCAGCACCATCCGCACCAGCCACATCCCGCCAGCAATATCGCCA
ATGTCGCCGCCACCAAGAGCAGTGGCGGCGGCGGCGGAGGAGGCGTGAGTGCGGCGGCCGCTGCCCAGATGCAAATGCCTCCACTGACCGCCGCC
GTGGCCTATTCGCACCTGCACAGCGTGATGGGCGCCATGCCCATGACCGCCATGTACGACATGGGCGAGTACCAGCACTTATGATTCTAGTTGGA
GGCGGCCGCTGCCGCCGGTGGCACTGGCGGGGTCAGCGGCGGGGTCAGTGGCGGCAGCAGCAGCAGCTTGAGCGGCAGCAACATCGCCTTGCAGC
AGCGACAACGCCACCAGCAGCAGCAGCAGTGCGAGAGCTTCTACTTCTGAGGTGGTGGTTGGCCACCAAGCAATATCGCCGGACTCCTTCGGCAC
AGCAGCACAAACTTTACATATCGCCCGATTGCTGGAAGGCTGTCATGAGTGGATATTCAGCTTCCAAATGCTTGGCAAGGGGATTCTGGCTGGCG
ATCCGATGGAGAACTACATGGCCCGGGAAACCATATCAAACCGCAGTGGCAATTGGGTCAGCCAACCCAGAAATTCAAGTATCGGCCATGACAGT
ATTTTAGCCAATTGCCGATATGCCATTATAGCCCCACACTTTCCGGATAACATGGCATTTCCGCAACCAGAGATAGAGATATATAGAATTGGAGC
TGCAGCACAATCTCCTGGAAGGATTCCAGGGGGAAACTATGAACTTTCAACTATGACTTCTGCATCGATCTGTGTAAATAGCTAGGCTTTAGTTT
TTAGTGCGGTTGGGAGGCCGACCGAAATGCAAATCAAATCGAAACGTGCAAAAATTAAATGTAAACCTACGTACATGCATAAATTATACACTTTT
AATTGTAGCCCCTAGTAATTCTATTTTTGTTAAAAATAAATTCTATTAAATTATTTTCAAATGC
(SEQ ID NO: 236)

Start ATG: 1114 (Reverse strand: CAT)

MLQHPATDFYDLAAANAAAVLTARHTPPYSPTGLSGSVALHNNNNNNSSTSNNNNSTLDIMAHNGGGAGGGLHLNSSSNGGGGGGVVSGGGSGGR
ENLPSFGFTQEQVACVCEVLQQAGNIERLGRFLWSLPQCDKLQLNESVLKAKAVVAFHRGQYKELYRLLEHHHFSAQNHAKLQALWLKAHYVEAE
KLRGRPLGAVGKYRVRRKFPLPRTIWDGEETSYCFKEKSRSVLRDWYSHNPYPSPREKRDLAEATGLTTTQVSNWFKNRRQRDRAAEHKDGSTDK
QHLDSSSDSEMEGSMLPSQSAQHQQQQQQQQHSPGNSSGNNNGLHQQQLQHVAAEQGLQHHPHQPHPASNIANVAATKSSGGGGGGGVSAAAAAQ
MQMPPLTAAVAYSHLHSVMGAMPMTAMYDMGEYQHL*
(SEQ ID NO: 237)

Name: sine oculis
Classification: transcription_factor
Gene Symbol: so
FlyBase ID: FBgn0003460

Celera Sequence No. : 142000013384695
ACGAAGACTTCGCGCAGAGCCGAAGAAACGAGAAACCGCAACTCGCTTGGCCGCTCTTCGGAAGAGTGCCCGCGAGTGGAAGACTACGCAGCCAG
TCTTCAGTTCGATTCTTCAAAATAGGTTTTTGATTTGGAGCTGCAAATGCTGTATTTTGCAAAAAGTTTCTTTTACTTGGCATGCTGATGGCAAC
TCTGTTAGGCTGTAATATCAGGTGGAAGACCAACATGGGAAAATCTAAAAGTTGGTCTTTCAAAAGTTCTAAAGAATTGCAAACTGATGGATCAC
AAAAGTGGCATTTGATGGAATTTTAGAGCTTATTCATTTAGATGTGTTACTATCTTTCCTTACAGTTTTTGATAGAGTATCCAATGTGCCACATG
GAATTCACATAGATTCAGCCCCAATCGACTTGGGTCCGTGGGGAAGTGGAGCTACTAACAGAGTGCACTTAAACGGAAACAGTAACAATTGAAAG
TGGCAATTTGGGGAGCGTACGCGCCTTAATTAGATTGCGGATTAAGATGGTCCCATCGAATCATATTCATGGGTGGATCCGCGGCGACTTCCACA
TGGAGTCGACTCTAATCAGCAGCAATTACTGTGCCAATTGCCCATGCCGATTCCGCTGATTTCGGCTTTCGATTGAAAATGAGAATGGCTCGTTG
GAAAAGTGGGATTAGCAGCAATGGAAACATGATGGAGGAGAATCGAATCGAGGCAGTCTTTTCGATCGTCTGCGCATCATGCCACAAAACCATGC
CCCATGACCAGTGAAATTGTGTTTGCCGGGCTTGTTTTCTTTTATTTCGTTTACTTGCCTCCTCTGCGTTTTCACACTTTTCACGAATCGACGTA
TCCATTGTTGGGCAACTTGGCTAATGGAATCGGCAAGCAGCCACCAGCGAACCATTAATTGAGCACGCTGGCGGCTTTAATAGTTCTAAAGCAGC
TGGATATTAGTGTCAGAGTCGCAGTGAATCGCGCAGCGGTACTCCGCTTTAATTTTCACAATTAACTTTATTTATTCGATCATAAACATGTGCAT
TTACGGGAGAAGAGAGCAGGACTACTTGGCTAGTATTTCGGCAGCTCGGAATAGCGCGGCGGCGTGGACCACAGCACGCTGGAGTTTCGCTTCAG

CTGGCTGGGATCGATGTTCGGGAATATCTGCTTTAGGTCCGGTGTGGTGGGCGCCACCGAGAAAAAGCTGTCGATGATGTCGGTTGGGCAGTGGC
TCTGCATAGCAATTGCCTCTCCCCTTACGTGGCCTGAAAATAAACACATAAGTCAGAATCTATATTTAAGAACATTTCCTTTAGTAGTCCCAATG
GAAATCAGACTGTAATCTGGTGTATTTACTTGTATATATTTACGATGAATAAGGTATCTCGAAAATAACTCTTCGAAATGATCCACAAACTTACT
TCGACTCCAGGTGGGCGCTGGGGGACGCTTGTGGGTGACCTTTCCCTCGTCGTCTGTCGAGTCGTCTTCGTGCAGCATCTCCCAGGTGTACTTGG
TTTTCGGCGGCGGCGGAAGCATCTTCTTGGGCTTGGCGCCGGTTAGCTGCTGCAGTTTCTGCTGCTCCAGCTCCTTGAACTTGGCCTTCTTGAGC
GCCTCGGCTTCCTCTTGCTGGCGCATCTTCCGCTGCAGCTCCTCCAGCTCTTGTCGTTTGCGCTCTTCAATTCGCTTTCGCTCCTCCTGCTTCTT
GGCGCGCTCGGCGGCCAGCTTGGCCATACGCTCTGCCCGCTCCCGCTCCTTGGCTTCGCGCTGCTGGGCAGCCTGCTGGTGCTTTTGCTCACGCA
GCTTCTTGCGCTCCTCCGCCAGATTGTGCAGGCCCTTGCGGAAGTCGTCTCCGCTGTTCTCGCGCGACAGCGTTTTTGTGGACGTGGAATTGACC
GACCTTAGGTTCGTACCGGTGGCCGTCTTCAGCAGACTAGTGGCCTTAGACGCGCTGGCAGGTCCCTTCTTGGGCTGCGCCGAGCTTAATGGTAG
TGTGCTTGTCGTTTGAGTCGGTGTGAAAAAGCGACCAACAGTCGGAGCAGGCAGCTTGCCAATTTTGGGAGTGTTGTTTGATCCTGGCGTGCCCT
GCTGAAGAGTAAAAAAAAATAACAATAAATGAATCACCTATCAAACAGTTCTAGAAAGCGCCAATTGATACAGAACTGGTGAATAGTCTAGCCTA
ATTCTGCCTGCTATCTGCCTGCTATATATGTGCAACTATACTGTACCTACCAGATCTTTTCCCCGCTTAGGGCGCATGCTGTTCTGTGCGTTTGC
CGCATTCTCGAACGCCTCCACGCGCATTTTCACTGGACTCTGAAGCAGTGGGCTGTAGAAGTGCAAAGATTGTTTAGAAGGATAACATGCATGAA
GAGGCAGGGTATCTACTCACTTGAAAAGCTCATGTGTACGGGTAGGCAGTTTTATAGCCTTTATGCTCGAGAGCAGCTTGGTCGTCGGCAGCTTC
TCCTCCACCGACTCGTCCTCCGTTAAGAGGCTGTCCTGCTTACTCAGAGGTTGTTTCTTGTCGTTGGAGTGCACCTCAAAAGTGGCATCTCCAGC
TGGTCCTATTGGACTATCGCTCGTCGGCGCAGGACCCAGTACGAGGGTGGCGTTGGAAATCGCCACGGTCTCATTGACAGCAGCCGGAGCAACTG
CAGCCACTGATTGCTCTGCAACGGGCGGATCTTCGAGTGCATCCTTGTATATGGATCGCTCCTGAACCGTTCGCGAATCGCTGCTACACTTGCGC
GTGCGCGACGAGACTGGCGAGCTCTTGTCCAGGTCGCTGAATCGTTCCACCTTTATGGGTCGGTGGCTTTCCACGTCCTTCTTCTTCTTGCGGAC
CTTCTTGGAGACCTCCGTGGATGTCGTCGTGTTGCTGGCCACCGTATCGTCCGGTCGCGCTGCCTCCGTTGTTACAGAGGAGACGGTGGTCACAT
TTGCCGTGGAGACCGCATTGGTTAACGGGGGCACTGCTTCGGTACTGAGTTTCTCGCGCTTTACCTTCACGCGGAGTGTCTTCGTGGTGTTCACG
TCCTCTGTGACTGAGGCCTCCTCCGGAGGCTTTTGCTGCTCAGCTGTTTCTGCTGCTGGCTCTTCTAGTTCCGGCTCCGCTAGTTTATTTTCCTC
TAACGCCTGTGCACTGGTGAAGCTGTTAAACTGGGAGACTCGCTGCTCGCTCTCAACCTTGACCTTTACGAGCTCCTCGCTGCTGGGCCGCCGCA
TCTTACGGTTGAGTGAGGGCTCCTTGAGTAATTTCTCGGTCTTCAGCTTAGCGGCTCGCTGTGGCCTTCCGGAGCCGAGGGTGGTGTCCGCCGAG
ACGGGCACAGGCGGAGGCGGCATCAGCGAGGCCGTGGAGTTGTGCTCGTCCTCGGCGATAGCCAGCAACTGGGAGTTGCTGACCCGAGTGCTTTG
ACGGGCCGACGTGTTGTTGGCCGTGGCGTCTGGAGCTGCTCAAATGGAATATCACAGGGGTTGTTGGTCGTTAATGCTTTAAAATGGCCAGGATA
CTCACCCTCGGGCTCATTCTGATCCTCGGCCAGTGAGGTGAGTCGCTTGGGGCGCTTTTTCGTTTGCTGCGGCGTCACCGAAGAGTTCTCCTGAC
TCTTCGCTGCCGGAGCACTGTCCCTCGGTTTGGCCTCCGCCTCCGGCTGGCCTGTGCCGTAGAAGAGGTGGTCCAGCTCCTCAAAGTGGGCCTAA
AAAACACATATGACGCCATGTTGACAGTGTCGGAATTTCGTCTCCTGATCCTGGCTTACCTTGCGCAGGACCTCGAGCTCCCTGCGCAGGTCCGA
AAGCGAGCCCAGCACGCCCAAGATGTCCTCCATATCTAGCGACTGTATCTGACAAACTGCAAATCCGGATTCGGTTCCTTCGATTTTATCGTTTT
TTTCAAATGGCGGCAATTGCGACGCGCGTCAGCATTTGATAACATGCCTTTAATTGTGCACTGTTGACAGTTAACAGCTCGTCGGGTGCTGTAAG
GCGCATTTATGCCTCTGCTTTCCAACACTGCACGGGCGATAAAGTTCCCGCGCAAAATGAAAAACACAACCAAAACTTGTTTTTTGAGTGAATAT
TGGGAGATATTTATTTGAATTCTTTAAAATAATATTATTGGGTTATTTAAATAGTTACGTACTGGATTTCTAGCCCTGTAAATTTTGAAAGTATA
ACATTAGGTGAACCAGTTCCAATACGTTCCCGCCACTACCATCTCTAGAAAGCAGTGCTGCACGGCTCCCCAAAAAACATATTGTAAACAAATTT
GAGGGAAAATGGTAAGGGAAAGAACAAAAAGGAACATTTAAATTATAAATATAGATTACGGAAGAGAATTAATTTGCGTAAAGGACCGGAAATAT
TTCAAACAAGTTTCAGCAAACGTCCAGTGCTGCACAAGCACTTCCGACGATAGTATCGCCATGGCGAGCTGACCAGCAAGCCCATCTCTAGCACA
TTTGTTAAAAAATTTGCAACAAGCCAACGAAAATCGACCAGGAACGGTGGACAGCCAAAACCGCGCGCTCTGCGACGACCACCGTGGGATGCACA
TACGTATGCGCAGCCGTGCCGCGGAGTAGACACAGTGCCCGCGATCCGCGACCAGCGAACCGCCAAACCCCGAGAAGCCAGCTGCAGCAGATCCA
CAGATCGCGCCGCAGATCCAGATCATGGGCCTCGACTTCGACGCAGTGGAATACTGCAAAGGGGTGAAGACCCAGCAGTCCCAGCCGCCTTTCGC
CTGTCCCGTCCGCGGCTGCGACCGCAGCTACAAGACCATCATGGGTCTGCAATACCATCTTATGAAGTACGACCACGACAACCCACAGCCGCTCA
CGCCCGTGCTGACTCCGAGCCGCAAGAAGGCGCGCTCACGCTCCGGCGGCCACCACTCCACGCCTCGTCCGCACAAGGATCACCCCA
(SEQ ID NO: 238)

Exon: 3932..3765
Exon: 3701..3521
Exon: 3455..2396
Exon: 2332..2236
Exon: 2091..1425
Exon: 1268..1001
Start ATG: 3833 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT8873
AAATGCTGACGCGCGTCGCAATTGCCGCCATTTGAAAAAAACGATAAAATCGAAGGAACCGAATCCGGATTTGCAGTTTGTCAGATACAGTCGCT
AGATATGGAGGACATCTTGGGCGTGCTGGGCTCGCTTTCGGACCTGCGCAGGGAGCTCGAGGTCCTGCGCAAGGCCCACTTTGAGGAGCTGGACC
ACCTCTTCTACGGCACAGGCCAGCCGGAGGCGGAGGCCAAACCGAGGGACAGTGCTCCGGCAGCGAAGAGTCAGGAGAACTCTTCGGTGACGCCG
CAGCAAACGAAAAAGCGCCCCAAGCGACTCACCTCACTGGCCGAGGATCAGAATGAGCCCGAGGCTCCAGACGCCACGGCCAACAACACGTCGGC
CCGTCAAAGCACTCGGGTCAGCAACTCCCAGTTGCTGGCTATCGCCGAGGACGAGCACAACTCCACGGCCTCGCTGATGCCGCCTCCGCCTGTGC
CCGTCTCGGCGGACACCACCCTCGGCTCCGGAAGGCCACAGCGAGCCGCTAAGCTGAAGACCGAGAAATTACTCAAGGAGCCCTCACTCAACCGT
AAGATGCGGCGGCCCAGCAGCGAGGAGCTCGTAAAGGTCAAGGTTGAGAGCGAGCAGCGAGTCTCCCAGTTTAACAGCTTCACCAGTGCACAGGC
GTTAGAGGAAAATAAACTAGCGGAGCCGGAACTAGAAGAGCCAGCAGCAGAAACAGCTGAGCAGCAAAAGCCTCCGGAGGAGGCCTCAGTCACAG
AGGACGTGAACACCACGAAGACACTCCGCGTGAAGGTAAAGCGCGAGAAACTCAGTACCGAAGCAGTGCCCCCGTTAACCAATGCGGTCTCCACG
GCAAATGTGACCACCGTCTCCTCTGTAACAACGGAGGCAGCGCGACCGGACGATACGGTGGCCAGCAACACGACGACATCCACGGAGGTCTCCAA
GAAGGTCCGCAAGAAGAAGAAGGACGTGGAAAGCCACCGACCCATAAAGGTGGAACGATTCAGCGACCTGGACAAGAGCTCGCCAGTCTCGTCGC
GCACGCGCAAGTGTAGCAGCGATTCGCGAACGGTTCAGGAGCGATCCATATACAAGGATGCACTCGAAGATCCGCCCGTTGCAGAGCAATCAGTG
GCTGCAGTTGCTCCGGCTGCTGTCAATGAGACCGTGGCGATTTCCAACGCCACCCTCGTACTGGGTCCTGCGCCGACGAGCGATAGTCCAATAGG
ACCAGCTGGAGATGCCACTTTTGAGGTGCACTCCAACGACAAGAAACAACCTCTGAGTAAGCAGGACAGCCTCTTAACGGAGGACGAGTCGGTGG
AGGAGAAGCTGCCGACGACCAAGCTGCTCTCGAGCATAAAGGCTATAAAACTGCCTACCCGTACACATGAGCTTTTCAACCCACTGCTTCAGAGT
CCAGTGAAAATGCGCGTGGAGGCGTTCGAGAATGCGGCAAACGCACAGAACAGCATGCGCCCTAAGCGGGGAAAAGATCTGCAGGGCACGCCAGG
ATCAAACAACACTCCCAAAATTGGCAAGCTGCCTGCTCCGACTGTTGGTCGCTTTTTCACACCGACTCAAACGACAAGCACACTACCATTAAGCT
CGGCGCAGCCCAAGAAGGGACCTGCCAGCGCGTCTAAGGCCACTAGTCTGCTGAAGACGGCCACCGGTACGAACCTAAGGTCGGTCAATTCCACG
TCCACAAAAACGCTGTCGCGCGAGAACAGCGGAGACGACTTCCGCAAGGGCCTGCACAATCTGGCGGAGGAGCGCAAGAAGCTGCGTGAGCAAAA
GCACCAGCAGGCTGCCCAGCAGCGCGAAGCCAAGGAGCGGGAGCGGGCAGAGCGTATGGCCAAGCTGGCCGCCGAGCGCGCCAAGAAGCAGGAGG

AGCGAAAGCGAATTGAAGAGCGCAAACGACAAGAGCTGGAGGAGCTGCAGCGGAAGATGCGCCAGCAAGAGGAAGCCGAGGCGCTCAAGAAGGCC
AAGTTCAAGGAGCTGGAGCAGCAGAAACTGCAGCAGCTAACCGGCGCCAAGCCCAAGAAGATGCTTCCGCCGCCGCCGAAAACCAAGTACACCTG
GGAGATGCTGCACGAAGACGACTCGACAGACGACGAGGGAAAGGTCACCCACAAGCGTCCCCCAGCGCCCACCTGGAGTCGAAGCCACGTAAGGG
GAGAGGCAATTGCTATGCAGAGCCACTGCCCAACCGACATCATCGACAGCTTTTTCTCGGTGGCGCCCACCACACCGGACCTAAAGCAGATATTC
CCGAACATCGATCCCAGCCAGCTGAAGCGAAACTCCAGCGTGCTGTGGTCCACGCCGCCGCGCTATTCCGAGCTGCCGAAATACTAGCCAAGTAG
TCCTGCTCTCTTCTCCCGTAAATGCACATGTTTATGATCGAATAAATAAAGTTAATTGTGAAAATT
(SEQ ID NO: 239)

Start ATG: 100 (Reverse strand: CAT)

MEDILGVLGSLSDLRRELEVLRKAHFEELDHLFYGTGQPEAEAKPRDSAPAAKSQENSSVTPQQTKKRPKRLTSLAEDQNEPEAPDATANNTSAR
QSTRVSNSQLLAIAEDEHNSTASLMPPPPVPVSADTTLGSGRPQRAAKLKTEKLLKEPSLNRKMRRPSSEELVKVKVESEQRVSQFNSFTSAQAL
EENKLAEPELEEPAAETAEQQKPPEEASVTEDVNTTKTLRVKVKREKLSTEAVPPLTNAVSTANVTTVSSVTTEAARPDDTVASNTTTSTEVSKK
VRKKKKDVESHRPIKVERFSDLDKSSPVSSRTRKCSSDSRTVQERSIYKDALEDPPVAEQSVAAVAPAAVNETVAISNATLVLGPAPTSDSPIGP
AGDATFEVHSNDKKQPLSKQDSLLTEDESVEEKLPTTKLLSSIKAIKLPTRTHELFNPLLQSPVKMRVEAFENAANAQNSMRPKRGKDLQGTPGS
NNTPKIGKLPAPTVGRFFTPTQTTSTLPLSSAQPKKGPASASKATSLLKTATGTNLRSVNSTSTKTLSRENSGDDFRKGLHNLAEERKKLREQKH
QQAAQQREAKERERAERMAKLAAERAKKQEERKRIEERKRQELEELQRKMRQQEEAEALKKAKFKELEQQKLQQLTGAKPKKMLPPPPKTKYTWE
MLHEDDSTDDEGKVTHKRPPAPTWSRSHVRGEAIAMQSHCPTDIIDSFFSVAPTTPDLKQIFPNIDPSQLKRNSSVLWSTPPRYSELPKY*
(SEQ ID NO: 240)

Celera Sequence No. : 142000013384847
AATGGCTTGCTGAATCCCTGACCTTTCCGCGACCCCTGCTCATTGCATTTTGCGGGAGAGGAGAGCCAAAGGCGACGACCGATTTTAACCTTGAC
AGCTCTCCCAGCTTTTTTTACCCCACCTCACCTACGCCAACTGAGGCAATCACACACACACACGCTCGCAGATTATGGCTATTTGTTATCAATGC
GAATTACGGCACTCGGGCGTTTTAGCCAACATTTCACTTAAGACTGTTTGTGCTTATTTTAATCACGTAGGCCACCGAATTTGCCAAATAAACAA
AAAAAAACGCACATACAACGCACACACACAGACGCACGGGCAGCTATATGTGCATTGTTGTTGGTTTTTCCTGCGAGTATTCTCTTTTGTAAGAC
GTTTTAGGGTTGCAACTTTTAACCCTATTGACTGTTTTATACCCTGCCTTGAGCTCTATTACGCCCCTTGTTTATAAAAACCGCGTAAACTGTGC
AAAAAAAGGGAAAAATTCTTAACTCAGCACTAAAATTTCTTTTTGATAGCGATGGGCGTCGACCGATACTTAGCGTGCAGCGATTGACATGTACT
CGTTGTACAGCACTATTACCGGCGGGCAGTAGGTATCGATAGCTGAACGAGCCAACGTTAGTGGTGATTATTTTATACTGGCACTTATATACTAA
CGGTAATCAAAGCTTTTTATTTCGCTATTTTTATTTACTAGCTTTAATATTTAATTGCACAAGATTCGGAAACAAAAAGCTATTGGGAAAATTAA
CTCAAAGCGGCCATTAACCCCATAAGAATTACTTTAATACAACTTCAGTCGATCGTTTATCAATTAAGCAAGGTCTCTAAGAATGGCAAATACCC
TTATCGTCTATTCCAATACATTTATATATATATATTTTAAAGTCGATAGTCGATAGCGCGATGTGCCATCTCCATTATCAAAACTAAACAGATGC
TGGGCGGAAAATCAACTGGTTCCTCGTGATAACTTAATCCCACTAATAAGCGCAATGTCGTCCAGTGAACGAGTGGCCAAAGTGGTGCTGGTGGA
CATCGAGGGCACCACCACTTCGATTAGCTTTGTGCACGATGTCCTGTTTCCCTACGCCAAGCAGAATGTGGAAAAGTTCCTGAGGGATTCGTGGG
AAGAAGATGATATAAAGCGTATTGTCCAGGATCTACAGCAAGTGCCCCAGTATGCGGACTACAAGGCCCTGTTAAGTGGTCCACCTACGGAAGTG
GATGTAGATCTGATTGCAGGCTTTGTGCGCTATTTAATTGATCAGGATCTGAAGGTCACGCCAATGAAAACGCTGCAGGGCTTGATTTGGGCGCA
GGGCTACGCTAATGGAGAGCTGAAGGGCCAGTAAGTTCCCCATTCAATATTCTCCTATCATGGCCATATAAGTTTTACAATCTGAACTCTAGAAG
GTTATCAAAGAAAAGGCTTACTTAACGTCTGTTCCCAAAAATAATTTGGGTGTCTTTCTGAGATCCAATTATACAGCTTGGTGATTTTTTAAATA
TGTATGCTAGCTATATTCTCCGCACGGGAATGTTTAACTTTTGCTGATTTCAATAGTTATCAGATAACATTCAACATAGTAACCAAAAGTACAAC
GCAACAACTCATTATTATTGATAATTAATTAATTATCTATAAATGTTATTATAGTGTATACGAAGACGTCCCTGCAGCTTTTGAGGCTTGGCGTG
CTGCTGGCCTCCAGATTGCAGTCTACTCCAGCGGCAGTGTGGCTGCCCAAAAGCTGATATTCGGTCATAGTTTGGCCGGGAACCTGCAGCCGTAC
TTGAGTGCTTATTTCGACACCCATGTGGGCCACAAACAGGAACAGCAGTCCTATAAAAACATTGCCAAGCAATTGAAGGAGGACCCGAAGCAGAT
ACTCTTTCTCACGGATATTCCAGGAGGTGAGTGGCTGATCCACACGAATCCTCATCCGTAACATTTTTAATGTGAAATTATATTTTAGAAGCGGC
CGCCGCTCGCTGTGCGGGCTTGCAAGCCATAATTCTGAAGCGTCCTGGAAACGCCGCCCTAGCAGACGATCAAAAAACTGGATTCGAGTTGATTC
CGGACTTTAAACCACTTCACAACCTGAAAGTTCCGGTCAATAAATCCCAGGCTTAGGTCATTCCAAAAAAGTATACATATATTGTGACTATGTGC
TTGGGAATTAGGTGAATCTCTAGAGGAAAGCTCGATCTGCGCTGCACAGGTCGTCACCGCTGTCGTGGCTGGGCGTCTCGGTCGTGAGCCCCTGC
GGCCGTCGTTCGGACCGCTTGCTTCGTTGAGACTGCCTCGAACAGGACTTTTCTGAGCCATAGACCTTACGCAGTTGCTGCAGCTTAGTATCCGC
ATCGGGAACAGGAAACTCTGACTTTTTCTTCCTACGTTGCCGGCTCCCCTCGCACGAATGACGCAGTTCCTCGGTCCGGCAGGTGTGGGTGAGCT
TGCCCACTTCTGGACCCCAGAACGTGGGTCCTTCCAGAAGAAGGGGAGCGGATTTGACCCGTTGACGCATCATCTCCATATGCAGTTCGTACTGA
CGCTCCTGAAAAGCCTGCTCTGCCTTGCGAGTGGCCAACCGAATGGATAGCAGTGCCTTGTGGGATTCGCTAAAGAAAGAACACTGAATGTGTGC
GAAACTTAATATTTGGTGAACTACTCACTTCAAGGACAGTGATTTCCAAGCCGGCGTTTTCCTCACCTCCCAATCGAATTGCGGACGAGGATCAT
GATAAGTGCAGTTGTTCTTCAGCTCCTTAACCTTCTTCCTAGATACTTCAGCCCTCAAAGTTGCCGCTAGATTAGGACGAGATACCGGATGCAAC
GGGGACACACTGGGCGTTCTCCTCTGGACCGGTTCCTCCGGCAACTCATAGATGCTCAGCGGTGGTAGTGGCTTCTCATCCTTTACGCTAGACCC
TGGCTTTGGTTTCCTTACTCTTCCGCGTCTTCCTCGACCTCTTGCTGCGCTGGAAGCACTACTACTTCGCTTCGACGAGGTGGTGGGTGATTGAA
TCTGTATCTTGGGAATTTCCTCCTGCTTGCTGAGTGGGAAATAGTTGCTTCGCGCAGGCTGAGCTAGTTTGGAAGGCTTCGAATGAGCCTCTAAG
GCAATCCCTTG
(SEQ ID NO: 241)

Exon: 1001..1355
Exon: 1671..1919
Exon: 1988..2146
Start ATG: 1005

Transcript No. : CT8961
CGCAATGTCGTCCAGTGAACGAGTGGCCAAAGTGGTGCTGGTGGACATCGAGGGCACCACCACTTCGATTAGCTTTGTGCACGATGTCCTGTTTC
CCTACGCCAAGCAGAATGTGGAAAAGTTCCTGAGGGATTCGTGGGAAGAAGATGATATAAAGCGTATTGTCCAGGATCTACAGCAAGTGCCCCAG
TATGCGGACTACAAGGCCCTGTTAAGTGGTCCACCTACGGAAGTGGATGTAGATCTGATTGCAGGCTTTGTGCGCTATTTAATTGATCAGGATCT
GAAGGTCACGCCAATGAAAACGCTGCAGGGCTTGATTTGGGCGCAGGGCTACGCTAATGGAGAGCTGAAGGTATACGAAGACGTCCCTGCAGCTT
TTGAGGCTTGGCGTGCTGCTGGCCTCCAGATTGCAGTCTACTCCAGCGGCAGTGTGGCTGCCCAAAAGCTGATATTCGGTCATAGTTTGGCCGGG
AACCTGCAGCCGTACTTGAGTGCTTATTTCGACACCCATGTGGGCCACAAACAGGAACAGCAGTCCTATAAAAACATTGCCAAGCAATTGAAGGA

GGACCCGAAGCAGATACTCTTTCTCACGGATATTGAAGCGGCCGCCGCTCGCTGTGCGGGCTTGCAAGCCATAATTCTGAAGCGTCCTGGAAACG
CCGCCCTAGCAGACGATCAAAAAACTGGATTCGAGTTGATTCCGGACTTTAAACCACTTCACAACCTGAAAGTTCCGGTCAATAAATCCCAGGCT
TAG
(SEQ ID NO: 242)

Start ATG: 5

MSSSERVAKVVLVDIEGTTTSISFVHDVLFPYAKQNVEKFLRDSWEEDDIKRIVQDLQQVPQYADYKALLSGPPTEVDVDLIAGFVRYLIDQDLK
VTPMKTLQGLIWAQGYANGELKVYEDVPAAFEAWRAAGLQIAVYSSGSVAAQKLIFGHSLAGNLQPYLSAYFDTHVGHKQEQQSYKNIAKQLKED
PKQILFLTDIEAAAARCAGLQAIILKRPGNAALADDQKTGFELIPDFKPLHNLKVPVNKSQA*
(SEQ ID NO: 243)

Name: ENOLASE-PHOSPHATASE-like
Classification: protein_phosphatase

Celera Sequence No. : 142000013384830
AAATTAGCTCATATTGTCAGGCTAGAGCGAATGGAGGTCATATGGAGATCGTCGCGTGTTCATTTTTTGCTTACGTGATGAATGTCATGAAACTG
AAAGCTTTCGATCTACTTAAAAATCAAATTTAAAAGGTAGCTACATTAAGATGCAAAAACTATTGAGTTATTAATACACAAACAAAGCAAACAAC
AAGGTGCATCGCAATTATCCTGATGATCTTGACAACAAGCGAATTAGATTAGATAGTCAGTGCGACCACTAAGAAATTCTATGGGAATGCCGTCA
GCTTCCAAATGTAAAGTGACTTGCATAAGTCAGCACAGTCCCCTTATGTTTGGGGTAGATTTTGTAGGTCAGGTGACAAAGGTGAACCAGGTGGC
ACTGAATGGAGCCGAACGGCCAGCCGGGTCACGTTTCCCCCAAATCCCACAATAATGGGGTTGGCGCTGTCTAGAACCGACCTTGGCTATAGCAA
TAGTCTACTATGCAATAAATAGTGTGCACTCGTAATGCGTTCCCAACAGGGGTTTCGGTACAGAAATCAATATCACCGCAATGGCCATCGGCAAT
TGACAACGGACAATGATTGAATGGGGGATAATGGGGCCTAGCTGGGCAGACCCCAACATCGGAATGGCATTTGTACAACTTCTGCCATAAACTAT
GCAAATCTGGCGTCTCCTGGGATATCCGCCGTTCGCAATAGCAAAATGTCGACTGCATTTCCGGCAGCCAATTTAATTAGTTGTTAGGCAAACAT
TCGGGTAATCAGTGGCTAAACAGCTTATTTAGCTGCATTTGGTCATTCAAGTTGGATTATGTCTGTGCAGCGTAAATATGCACAAAATGTTGCAC
ATTGTTTCGGCTGAAATATAATATTATCTTACAATGAGACATAGAAGCAGCGTTTAACGCGCACAAACATAATGGGCAACCGACATTTAAACAAT
CACTATAGCACTGAAAAAGTTGACAACCTCAAACTTCATACGTTTGGCAGCTCGGCCAGCATTTCAGTTCATTGATATACAGAACATTGTTCAGT
CTACATCAATTTTGAATTGTGAATATTCGGTAAAGATTATTGTGATAAAAATGGAAACCCCAAGCGAGTTAACTGAGAAACAGAACCAAGACCAA
CCTACCTACCAGCCGCGACTGAACGAGGTGGCCCAAAAGTTTCTCGCCGATTTGGACGCGGAGCGCAAGCGATTGTCCGCGGAGTTTCCACTTTG
CGCACTGCTAATCGACGAATGTAAAATCAATTTGGCTCTTTACAGGGTATTTTAATGGTACTTATCCCAATATTCCAGCTGTGGACCGTGTCTAC
TCCACTGGTCGCATTCCCGGCAAGGAGCCCTTCGCAGACGTGTACCAGCAGAAGCCGATGAAGATTATCCAAAAGGTCTTCGTGCCTGTTAATAA
GTTTCCCAAGGTGCGTTTTATACAATTAGCTGTCCCCTCCGTCCGCAAAATAAATCCGTACCCTTGCGCAGTTCAACTTCACTGGCAAGATCCTA
GGGCCCAAGGGCAACTCGCTGCGTCGCCTTCAGGAGGAGACCCACTGCAAGATTGTCATCAAGGGTCGCAACTCGATGCGCGATCGTAACAAAGA
GGAGGAGCTGCGCAGCTCAGGCGACCCGAGATATGCCCATCTTCACAAGGATCTCTTTTTGGAGGTCAGCGCGGTGGCCCCTCCGGCGGAGTGCT
ATGCACGGATAGCCTACGCCCTGGCCGAGATCCGTAAGTACCTCATTCCAGACGATAACGACGATGTTTGGCACGAGCAGCAGCGCGAGCTGATG
GAAATGAATCCCAAGTCGGCCAAGAAAAGTAACGGACTCAATATGGCGCCCTACAGGTAATGGTCATCTTATTCTCTCTGCATACCGATGCAACT
TGACTTACTTGACAAGCAAGTTAAGCATGTGGTATCCATCTGCTTGCCATTGGGCAAAGGGTAAAAATCCATTGTTATTTTGCAGATCGAATTTC
GACAAGGCGATTGGAGCCATCAGGAATAGGGCTCCCAAGTACAACAACCAGATTAGGCGAGTTACGGAAAATCCGCGCGAGTAAGTTACTTGTAA
AGTATAATTTTGTATCATTTAATGACCAAACCAGGAGTTACCGCGTCCTAGTAGTTCCTTGAATCCTAGCCAACATGCGTTAAACCAGCATTTAA
CATTTCGATCTTTATAGAGTCGCCTATATGGAGGAGGTGGAATATGATTATGATGAACATCTTATGTTCTGCTCCCCAGTCGTCCGTCTATAGGC
TATGAGTATAGCAAACGTAAGTGTTTGGTAGTGCCGGGGTCTGTTACATAAGATAGTTTTATGAGATGCACCTTAGATGGGAACCTTGGGATTTC
CATTAGATTATATTGTACTATCAAAACCAAAAACAGTGCATGAGTAAGATCTCAGATCAAACTCTATAATATACTAGAATGACTAATATTATACA
ACGATTTACTTCAGTTTAGTAATTACAAATAATAATCAACCAATTTTATAGCACCTACATCAATGACAGCGACAAACGCTACGCCATTTAAACGT
GGATATCCGTATCCAAGTATAAGCCCAATCCTGCTATGTGGACTGACTGAGTTTATACAATCCAAGGAAGCACATTAAAGAAAGCAGCATTTAAA
ATGATTCTTTTAATTAATAAACAAACATTTATAAAAAGCGCACTTGTTAAAATTATATCCTGAGTTCGTAATTTTCTATGAATTTAAAAAACTAA
TAAAATGAAAGGCAATGCATGAATTTTATAAATACTTTGTACTCAGATCTAACAATATCTTTTATATTCTTACTCCGTAACTTACGCCGACACGA
AAGCTTAATTTATTCTTTAACCGAAAAGATATTCCATGCTTTCAAGCTTTTGTGTAAAATACAATGTAAAATCGAAGTATGTAACGTAAGGAAAA
TGTAAAAAGTAAATAAAACCCAACGAAAAATGTTAAATGAATTTATATGCAAATTAATATTCAGTCATATATATATATATGTCATATATATGGCA
TATATGTCATATATCATTATGGAACATTGACTAATATCTTTAAGATCTCTTCTGAGAAATCTTGCCAAAAGATTTACGGGGTTTCGTGTCAGTTT
GAAATCGAAAGACACTATAGAAAAATCGAAAGTGGATCAATAAACTTTATACGGCGCCTTCGTGACTGATAATAATCAGTCCATAATCACGCGAT
TTATATCCTTCGATCGGTGGCACACTTCAGTCACATGCCACATGGATCGTAAAACGCAATCGAGACTATCGCTATGGACTTTGGACA
(SEQ ID NO: 244)

Exon: 1001..1255
Exon: 1314..1435
Exon: 1497..1861
Exon: 1986..2075
Exon: 2222..2317
Start ATG: 1096

Transcript No. : CT8995
CTCGGCCAGCATTTCAGTTCATTGATATACAGAACATTGTTCAGTCTACATCAATTTTGAATTGTGAATATTCGGTAAAGATTATTGTGATAAAA
ATGGAAACCCCAAGCGAGTTAACTGAGAAACAGAACCAAGACCAACCTACCTACCAGCCGCGACTGAACGAGGTGGCCCAAAAGTTTCTCGCCGA
TTTGGACGCGGAGCGCAAGCGATTGTCCGCGGAGTTTCCACTTTGCGCACTGCTAATCGACGAATCTGTGGACCGTGTCTACTCCACTGGTCGCA
TTCCCGGCAAGGAGCCCTTCGCAGACGTGTACCAGCAGAAGCCGATGAAGATTATCCAAAAGGTCTTCGTGCCTGTTAATAAGTTTCCCAAGTTC
AACTTCACTGGCAAGATCCTAGGGCCCAAGGGCAACTCGCTGCGTCGCCTTCAGGAGGAGACCCACTGCAAGATTGTCATCAAGGGTCGCAACTC
GATGCGCGATCGTAACAAAGAGGAGGAGCTGCGCAGCTCAGGCGACCCGAGATATGCCCATCTTCACAAGGATCTCTTTTTGGAGGTCAGCGCGG
TGGCCCCTCCGGCGGAGTGCTATGCACGGATAGCCTACGCCCTGGCCGAGATCCGTAAGTACCTCATTCCAGACGATAACGACGATGTTTGGCAC
GAGCAGCAGCGCGAGCTGATGGAAATGAATCCCAAGTCGGCCAAGAAAAGTAACGGACTCAATATGGCGCCCTACAGATCGAATTTCGACAAGGC

GATTGGAGCCATCAGGAATAGGGCTCCCAAGTACAACAACCAGATTAGGCGAGTTACGGAAAATCCGCGCGAGTGGAATATGATTATGATGAACA
TCTTATGTTCTGCTCCCCAGTCGTCCGTCTATAGGCTATGAGTATAGCAAACGTAAGTGTTTGGTAGTGCCGG
(SEQ ID NO: 245)

Start ATG: 96

METPSELTEKQNQDQPTYQPRLNEVAQKFLADLDAERKRLSAEFPLCALLIDESVDRVYSTGRIPGKEPFADVYQQKPMKIIQKVFVPVNKFPKF
NFTGKILGPKGNSLRRLQEETHCKIVIKGRNSMRDRNKEEELRSSGDPRYAHLHKDLFLEVSAVAPPAECYARIAYALAEIRKYLIPDDNDDVWH
EQQRELMEMNPKSAKKSNGLNMAPYRSNFDKAIGAIRNRAPKYNNQIRRVTENPREWNMIMMNILCSAPQSSVYRL*
(SEQ ID NO: 246)

Name: KH domain RNA binding protein
Classification: RNA_binding

Celera Sequence No. : 142000013384830
TGACTCCCCACAAAAACAAAACACTCAACTGATTGCTCTCGGGAATATAATCTTAGAAGTACGTCCAGAATTTCTGTGGTCACTGGAACATGTGT
GGCACATGAGATTGCCACCAGACCCCAATACACATGCGTTTCATATAGATCCTATTGCTTTCATTAATGTATACACAGCGATTGTGGGGTCTGTG
AAAGGGGTACAATTGCACATATGTACGTCTTCATATATATGTACATATACGATTCCCCACATTTGAACGATATGAGATCGTCTCTTCAGTTCTTG
GTTTCTCTCGCTCTAAACAAAAGATTGGGGGACGTGAAGTCTAAGGATTGGCAGACATATGCATTTCTAGACAATGTTGTTGCATTTGAGTGCAT
TCGCTAATTGTAAAAGTTGCCAATTCATCAGCGTCTGAGATCTGAAAAATTATGCTATATATAATTAGTTACTAGAGGGCTGGTTTCGGGCTTTC
ACCTCTATATACATGGGATAGTATAGTATGGTATGTATATAGTAATCAATATTTAGTCCAAGGGTTGTGAAAGGAAACTTTCTATAAAGAACAGG
ATACTTGATCGAAAGATGAGCCAGTGGCACTTATTTAAGTATCAATCGACCCGATTAACTTCTGCAGAGACAGTCATGCACCTGTTCATTCAATC
ATATACAATTAGTTCCCAGCAGGCCCAAACAAACTGAATAAATATACAAATGAACTCGTCTGTGTGTTCTTTAATTTGTCGCAAGTGTGCAAATC
AGAAAAATGTGACGAACCGAGCGTTGTTTATCAACAACAAAGAGAAAAAACAGACAGAACATGGGCAATCTAAATCGAGAACGGCACAACATACA
AAGGCAAACAAATTGGCGAAGAAGGCACAAACCGGTTGCCACTAAGGGAAGTCAGAGCCAAAAGAAAGCGATGGAACCAAAACCGGTTCATTGAA
CCTGCACACCACCGGCATCATGGTATAGACACACAGAACGATTCCAGCTCTTTATCACACAAAAAATCATTCTTTATTTATGCCATTTCTGTTTT
TAGTTGAGCACAATTACTTGCTTACGGAACGAAATGTAAATAAACATGGCGAGCTATGGTAAATGCAAATGTCTGGAAAAATCGATTATGCGTTT
ATGCTTAGTTCAAATCGGTTATGTTGCTGATGGATGACATGCTCCCCAAACACTTTAGTCGGTGGCATCGGCCTTGGCCACGGAGAAGGCCTCCG
AAACGGGCAGGGTGCCGCTGTTGGCGATGACCACATCCTTGACGGGACGGTCGCGGGCATCAGTGGCCGAGTTCTCGATCTGGCGCACCACATTC
ATGCCCGACAGGATCTTGCCGAAGACGACGTGGCGTCCATCCAGCCAGCTGGTCTGCTTGGTGGTGATGAAGAACTGCGATCCGTTGGTGTCCTT
GCCAGCGTTGGCCATGCTCAGCCAGCCGGCGCCATAGTGCTTCAGCTTGAAGTTCTCATCCTCGAAGCGCTCGCCGTAGATGGAGCGACCGCCGG
TGCCGTCGCCCTTGGTGAAGTCACCGCCCTGGATCATGAAGTCCTTGATGATGCGGTGGAACTTGCTGCCCTTGTAGCTGCGGGGTATAAGAGCG
TTGCATGATGGTCAGTTTTGTCAGCATGGGAATTTAAATTTAAAAAAAAACTGGGTTTAGAACTCGAAACCTAACCAAAAAAGAACATGCATACT
TATAAATTCAGAGAAGAAAAAAGAAATACCCAAGAACTGCACTTTTATAGTATGGTAGACTTAATAACAGTTGGCGTTCTTTGTTAACCCATTAG
TGCCGCTTTGTCAACTGATGTATGCGATTGGCCGCTCAAACGCCACGTAATTGCTTCAATCTGAGAGCCCCGCTATAACCTACAAAGTGCCGCTG
ATTAGCGGCATCTTTTGCTGGCCTAGCGGTACCTGGCACCCTACTATGTTGGGGTATTTTCGGTACTCAAGTACCCTACTCACCCCTCGCCCTGC
GGCTTCAGCGCCAGCTCCTTGAAGTTCTCCACCGTCTTGGGCACCGTCTTGCCGAACAGACCGATCTCGATGCGACCAGCGGGCTCGCCGCCAAT
GGTGATGTCAAAGAAAACCTACGCAATCGGAAGCGGTTTATTATTAACAAGTCATCTCACTTGATTTATGGCGCAGCAAATGTGTGTGTGTGTTT
GTGTGTGTATGTACGTGGTGTATGCAGAATGTAAGGACGAAAGTCCAAGGAGCACGCACCTTCTCGGTCACTTTGGGACCCTTGCTATCGTCGGC
AACAACGACGCCGGCCACCAGGGCTACCACGAAAACGGATAAGAACAGCTTCATCGTTCTAAATATTCACAGCGCTTCAGTTTATTCCTCAAGCG
ACGTCGCCAATGGATATTTCACGACTGAATTTTCGGTTTCTGTTAGTGATGTAAGAAAACTTTGTTGCATCGCCAATCGATGTTTTCCATCGTTT
TTTATGTTTTTGTCGAAATATCGATGCTTAAGTGTGACCATTCGATGACGATGTCTGATGATCACACATTCGGGCGGAAAATTCAAATTCAAATA
GTTAATACGCCGAAAGCATAAGTTAAGGTTTTCGTACGAAGGAACAAAGTAAGTTCGAAGAGTTGACTTTATTGGTATAGTTTTTAATATTTTAG
GGATTAGAAGTCCAGTTTGCATTAGCACGTAGCATTCTCTCTTGTTTTATTGACGGTTCTGTACACAAAAAGTAAGTAAAAAAATATGCTTTTAT
TTATTGGTGTACTGCTATTTGCGTCTGAGATTTGTCCATATCCTTGGCTGCCTTCTCTGCTCTCTTCTTCTCCCTGCTGGCCAGAACTTTCTCCC
TGGATTTCTGGGCCCTTTCAGCGCAATCCTTGGGTCGTGTCTTCAGGGTCATATCATCCACGGCCGCCTGTTTACGGGCTGATCTCGAAATGCAT
CGTTCCATGCAGCTGATGGGCACAAATCTTCCAATGAAGCAACCGCAGTGTGAACAATAGTGATTGATGTCCTGGCGGCCAGACCATTTTTTACT
GAAATAAAGTGAACATTACGAAAGATTTATAAAGCTTCATGCAGATGGCCAACCAAAGTTTTGTGAATCCCAGAAATCTCTGCAGGCAAGTGACC
AACTCCAGTTGCACCAAACTGGTTCCAGACTTCTCACACGAAGGACAACGGATCCAGGTGGGCTCCTCCTTCAGGTATCCCACTTGTGGCTTGTG
GCTGACAATGATGGCCACAATCTGCGGTTCGTCCACGGTCATGATGCGAGTTCCAGCGAGAACGATCGGTGACTGAAAGATGGATCAAATTTGGA
GAGATCATGGGAGGGAAAATCAAAATCAGAATCACTCTCCCGATTTCTCTTAACCGAGG
(SEQ ID NO: 247)

Exon: 2384..2245
Exon: 2108..1984
Exon: 1597..1001
Start ATG: 2334 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT9017
TGGCGACGTCGCTTGAGGAATAAACTGAAGCGCTGTGAATATTTAGAACGATGAAGCTGTTCTTATCCGTTTTCGTGGTAGCCCTGGTGGCCGGC
GTCGTTGTTGCCGACGATAGCAAGGGTCCCAAAGTGACCGAGAAGGTTTTCTTTGACATCACCATTGGCGGCGAGCCCGCTGGTCGCATCGAGAT
CGGTCTGTTCGGCAAGACGGTGCCCAAGACGGTGGAGAACTTCAAGGAGCTGGCGCTGAAGCCGCAGGGCGAGGGCTACAAGGGCAGCAAGTTCC
ACCGCATCATCAAGGACTTCATGATCCAGGGCGGTGACTTCACCAAGGGCGACGGCACCGGCGGTCGCTCCATCTACGGCGAGCGCTTCGAGGAT
GAGAACTTCAAGCTGAAGCACTATGGCGCCGGCTGGCTGAGCATGGCCAACGCTGGCAAGGACACCAACGGATCGCAGTTCTTCATCACCACCAA
GCAGACCAGCTGGCTGGATGGACGCCACGTCGTCTTCGGCAAGATCCTGTCGGGCATGAATGTGGTGCGCCAGATCGAGAACTCGGCCACTGATG
CCCGCGACCGTCCCGTCAAGGATGTGGTCATCGCCAACAGCGGCACCCTGCCCGTTTCGGAGGCCTTCTCCGTGGCCAAGGCCGATGCCACCGAC
TAAAGTGTTTGGGGAGCATGTCATCCATCAGCAACATAACCGATTTGAACTAAGCATAAACGCATAATCGATTTTTCCAGACATTTGCATTTACC
ATAGCTCGCCATGTTTATTTACATTTCGTTCCGTAAGCAAGTAATTGTGCTCAACTAAAAACAGAAATGGCATAAATAAAGAATGATTTTTTGTG
TGATAAA
(SEQ ID NO: 248)

Start ATG: 51 (Reverse strand: CAT)

MKLFLSVFVVALVAGVVVADDSKGPKVTEKVFFDITIGGEPAGRIEIGLFGKTVPKTVENFKELALKPQGEGYKGSKFHRIIKDFMIQGGDFTKG
DGTGGRSIYGERFEDENFKLKHYGAGWLSMANAGKDTNGSQFFITTKQTSWLDGRHVVFGKILSGMNVVRQIENSATDARDRPVKDVVIANSGTL
PVSEAFSVAKADATD*
(SEQ ID NO: 249)

Name: peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (cyclophilin)
Classification: chaperone

Celera Sequence No. : 142000013384827
CCCTGGTATCCGAGATCGTCGGTGGGATTACCAACAAGTGCCGCCAAATAATCAAGCGCTCCCGCAAGTCGGCCGCCTCCTCTTGGTCGTCGGCG
TCAAGTGGGTCAATGCTTCGCACTAATGCCGAGCAACTTTCCCATGATAAGCGAAAGGCCAATAGACGCGAGGCTGCTGAGGTTGCTCAAAAAAT
GAGTTTTGGAATGCGCGAGTTAAATCTTACCCGCGCAACGCTTCGGGAAATATACGGAAGCTACGGGGCACCTGAAACAGATCATGGTCAGCTAG
ACATCGTCCACACTGAGTTTCCAAACAGTTCTGCAAAATTAAATAATATTGAAGACGAAGAATCTCGGGAAGCTCTTGAATCTCTGCAGCGTTTA
GACGAATTTATGGACCAGATGGATAACGACGGCAATCCTTCCTCACATACATTCCGTATTGACAATTAATCACAGAAATTTTTAAATGCAAATAC
AAAATAATCACTTTAGTGCACATGAAATTATATGTATTGAAATAAAAAGTTTGATGCAACAACAAATTTTACAGTTGTTTGGTATTTTGTATGGG
AAAGTTTGTGGCAATATATGGTTTTACTTGAAAGCGGATTGGACATGGTCACACTGCCCACAAATCACAACATTGCGTTATAAATGAAGCACATC
TAGTTTTGTGTTAAGAAAGTGGTTCACAATTTATATAGCAGGTTATGGTAAAACATCGATCGTTCCGAAAAATTCCGCTCGTTGGCACATTTTCT
AAATTTTTCGTGCGACAGCGGTGATTATTATATGATATTATTATGATTATATATACAAAAATTATTATAATTATATAAAAGTTGGCGACCATATC
AAAAAGGTTGCTATAAAAACAAATGGCAATTTATAGCGGAGTTTCACTCCCAAAGCGATGTTCTCCACCCATTCCAGTCAGTCATGGTAAATATA
CCTTCTAAAAAATATATGATTTTTTCGATAGAGATACACGGGCACACTAGACCCACCGATCGCGACTTTGTGTGTGTTAAAATGACGCGCATATC
GTTTTGGGCTAATAATATTGTTCACGTTTTATAAAACAGATACACGGTTAAGCTCTGACCGGTCGTATTATTATCTGTGTGTTCTTGGTTGACAC
GTTTATTTCATTTATTCTCATTTAAAGCAACGATGTGAAGAACAGTGCGGGCGTTTCTCAACATAAGAATACATACAAACTTATGCGTGATGGTG
AGCAAATAAAATAGTTCAAAAAATTACTCGGCCACCGCCTTAACCGTACAAACGGAAATACATAAAGGTAAAGGGCTCAACAACAGTATTACTGA
TTAGGCAATTGATTTATATTTCAAACTTCTTAAATAAAGTGTCCACAAATATGTATGTTCTTAGCATAGAGGCGTAGTCGGTGAGTCAGCCACGC
CAACAGTTAACAGTCGTCATTTTGCTGTCTGTCTAACACGCAATTTGTGTGTGTATATGTGAATAAACAGATACCGGTATGCAATCGCAAAGCTG
GTCAACTGTAAAGATCGGTATGTACTCAAAATTAGGTCATCACCTTGTTATGCAGATACATTTGGGAAACAGTTGACTTACTTGGTATTGGTTAT
CAGCCGAAAAGCAAATGGTGATACGGTTTTGCACCTCAGCTTACTCACGGATACATACCTACGTACATAAATGTATGTATACGGTATACAGTCTT
AGAAAAAATATTAGTACCGACCAGCTAGCGTTTGCCTAAAACGCTTTTACAAAAATAAACGTATATGTTTTAAGTTGTTTTTTGTCATAATTAAT
ACATTTATTATTATTTATTTATGAATTTCAGAGCTTTAATAGTAACTAAATTGTTTAAACAAACTTAAAAAAAGATTTACAAATAAAAAAATATT
TCGTGTGCGTGACGGAATTGCTAGTTCATTAAAGGGAGGTCATATGTACATACATACACATTGCAAAGAGTACAGATCGCTCATCATTTCATTTT
TCCTAATGTACATATACATATGTACAAACATGTTTATTAAACTGCCTACATGCAAATCTTTGAAGTTTTAAGAAAATAAGCACAACTAGTTTGGA
AAATCTTGGGAGCCAAGATCTATCTGTCCACTGATTTTCCTATGACTTCAAGAATGTAAAACCCTTTTTGTTAAACAAATTTTGATTAAAGTATA
CCAGAATAATATTAAACGTATCGTCCGTATCTATAAAAGGTATTAATAGTATTACCTAAATTTAAATTCTCGGTTTTATTCATAAGAGTGAAAAA
ATATACAAGTTCCTTTTTAATTTTTACTTATTGAAAATTTGATTAATTTTTATTATTATTTTCAGTTTAGAATAAATTCGGCCACAATTAATAT
ACTTATTTATTCATCAAAACCAAACCACCACAAGAGCATAACCAATCATGTTAAAGTTTATCAGAGGAAAAGGGCAGCAGCCCAGTGCTGACAGA
CAACGCTACATCGTAAGGTAAAACAAACAATTTTCTCTTTCCGTTCTATTTTTTTTTTTTTAAGTATTTGTAGCCGATTGGTATATTTTGTGGGG
TCATTTATTTTGATCTTGGGTGGTAAATACATTTTTATGGAAGTTAGAAGAAAGCTTATAATTTATGAGGAATAAATAAATACCTCCTTTTGAAT
CTTTTGTTATGTCTTCTCCTATGTGCATACTTTTGGGCATTAACATTTAGGTAAATTTTTTCCACCGCAACTACAAGTAAACCGCATACACACAC
AGTATTTTGTAGACTCGCGCCACAAAGCACCGCATAAAAAAGGTTACGGTGCTTTTTTGCTCGTTTCTTTTGTGCACTCCTTCTATGCGGTGCCA
AATATGAGGAGGTACCTGAAGCTTGGTTGATTTTGTGAGTGTCTTTTTCCACAGCATATTTTTGTGTATTGGCTACTTTAAAAATTCTATTATAT
CGTTGTGCTCGTAATGTTGTCCATTCCTTTTAAATATTTTCGAATTAAATATACCATAGATGTTTCCCTATTACCATAATAGTTTAATAAATATA
CGTATATGAAATTTTTTTTATCCTATGTTAGTATAAACATGTTATTCAACAAATAAAAGTAGGTCAGAGGTAATCGCCATCCAGCTCCAGAAAGA
GGGGGGAGCTGATAAGATTGCGTTTATGTACCTAATGGGTTGGGTAAGTGGCTTGGTTTCACAAACACCCTTATTTCAGGTACAAAATAAGTATG
TCATAGACGGCGTAAAATTGATAAGATTTTAAAGTCAAAAGAAAATGAGTTTATTCGCCTGTAACTGCGTTAGAAATCCAAATACACCCGCAATA
TTATATGTATAGAAAGAAAAAGTTTGATGCAACAACAAATTTAAAGTTGTTTGGTATTTTGTAATGGAAAGTTTGTGTCACTAAATATGGTTTTA
CTTGAACGCAGATTGGACATGGTCACACTGCCCACAAAATCACGACATTGCGTTATAAATGAAGCACATCTAGTTTTGTGTTGAAAATGTGGTTC
ACAATTTATATAGCAGGTTATGGTAAAACATCGATCGTTCCGAAAAATTCCGCTCGTTGGCACATTTCCTAAATTTTTCGTGCGACAGCGGTGAT
TAATTACAAAAATTATTATTATAATTATATAAAAGTTGGCGACCATATCAAAAAGGTTGCTATAAAAACAAATGACAATTTATAGCGGAGTTTCA
CTCCCAAAGCGATGTTCTCCACCCATTCCAGTCAGTCATGGAAAATATACCTTCTAAAAAATATATGATTTTTTCGATAGAGATACACGGGCACA
CTAGACCCACCGATCGCGACTTTGTGTGTGTTAAAATGACGCGCATATCGTTTTGGGCTAATAATATTGTTCACGTTTTATAAAACAGATACACG
GTTAAGCTCTGACCGGTCGTATTATTATCTGTGTGTTCTTGGTTGACACGTTTATTTCATTTATTCTCATTTAAAGCAACGATGTGAAGAACAGT
GCGGGCGTTTCTCAACATAAGAATACATACAAACTTATGCGTGATGGTGAGCAAATAAAATAGTTCAAAAAATTACTCGGCCACCGCCTTAACCG
TACAAACGGAAATACATAAAGGTAAAGGGCTCAACAACAGTATTACTGATTAGGCAATTGATTTATATTTCAAACTTCTTAAATAAAGTGTCCAC
AAATATGTATGTTCTTAGCATAGAGGCGTAGTCGGTGAGTCAGCCACGCCAACAGTTAACAGTCGTCATTTTGCTGTCTGTCTAACACGCAATTT
GTGTGTGTATATGTGAATAAACAGATACCGGTATGCAATCGCAAAGCTGGTCAACTGTAAAGATCGGTATGTACTCAAAATTAGGTCATCACCTT
GTTATGCAGATACATTTGGGAAACAGTTGACTTACTTGGTATTGGTTATCAGCCGAAAAGCAAATGGTGATACGGTTTTGCACCTCAGCTTACTC
ACGGATACATACCTACGTACATAAATGTATGTATACGGTATACAGTCTTAGAAAAAATATTAGTACCGACCAGCTAGCGTTTGCCTAAAACGCTT
TTACAAAAATAAACGTATATGTTTTAAGTTGTTTTTTGTCATAATTAATACATTTATTATTATTTATTTATGAATTTCAGAGCTTTAATAGTAAC
TAAATTGTTTAAACAAACTTAAAAAAAGATTTCCAAATAAAAAAATATTTCGTGTGCGTGACGGAATTGCTAGTTCATTAAAGGGAGGTACATAT
GTACATACATACACATTGCAAAGAGTACAGATCGCTCATCTTGCATCTCATTTTTCCTAATGTACATATACATATGTACAAACATGTTTATTAAA
CTGCCTACATGCAAATCTTTGAAGTTTTAAGAAAATAAGCACAACTAGTTTGGAAAATCTTGGGAGCCAAGATCTATCTGTCCACTGAATTTCCT
ATGACCAAGAATGTAAAACCCTTTTTGTTAAACAAATTTTGATTAAAGTATACCAGAATAATATTAAACGTATCGTCCGTATCTATAAAAGGTAT
TAATAGTATTACCTAAATTTAATTTCTCGGTTTTATTCATAAGAGTGAAAAAATATACAAGTTCCTTTTTAATTTTTTACTTATTGAAAATGTGA
TTAATTTTTATTTATTATTTTCAGTTTAGAATAAATACGGCCACAATTAGTATACATATTTATTCATCGAAACCAACCCACCACAAGAGCATAAC
CAATTATGTTAAAGTTTATCAGAGGAAAAGGGCAGCAGCCCAGTGCTGACAGACACCGCCTACAGAAGGACCTTTTTGCTTATCGTAAGGTACAA
CAAACAATTTTCTCTTTCCATTCTATTTTATTTTTTTTTTTTCGTATATGTAGCCGATTGGTATATTTTGTGGGGTGTCATTTATTTTGATCCTG
GGTGGTAAATACATTTTTATGGAAGTTAGAAGAAAGCTTATAATTTATTAAGAATAAATAAATACCTCCTTTTCAATCTTTTGTTATGTCTTCTC

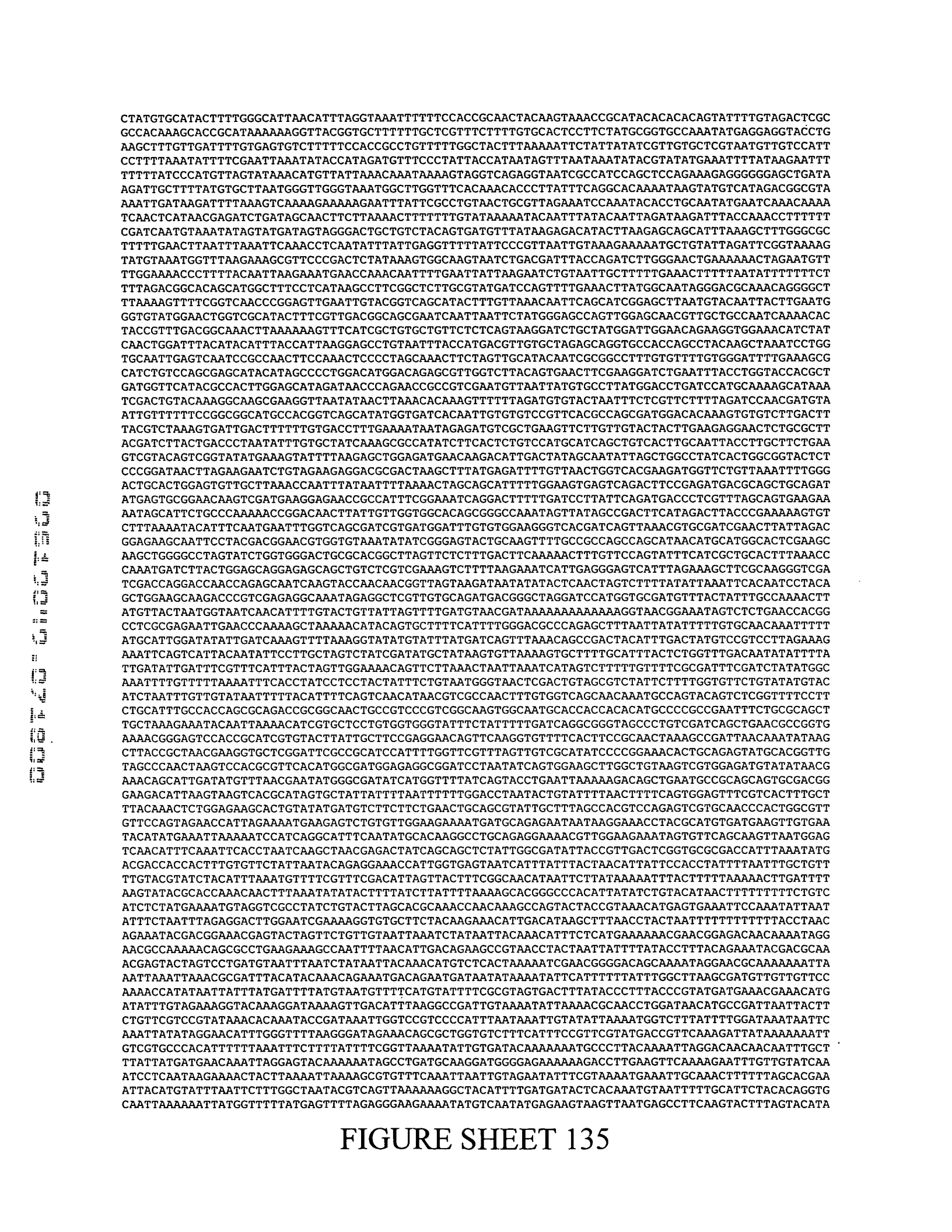


FIGURE SHEET 135

ATGTAATTTAATTTTAGAAATCCTACGGCTTTATATTCAATTGTAAAGTATTTTAAAATTCCTGACGATTTGTAGTAATTGTTTTGTTCTTAGCT
TTTTTGCATTCTCCTCCGTTACTCCGTTACTCGTATAGTAAAAGGTATAGTATATACAATAGTATTGTAGATTCGTTGAGAAGTATGTTACAGGC
AGAAGGAAGCTTTTCCGACCATATAAAGTATATAATTGAGTATTTAGCTTAGGATTATTAATAAAACATGTATTTTATTTAACAAACTGGCTTTA
CAATATTTTGTGGAAGAACACCGATCTATTTAGTTGTAGGTCTCAAACTGAAAACTCCTAATTTTGACTTATTTAAAGATCATACCTCGGTTTTG
AGCCTTAGAGGTTTGTATGAGTGATTTTCTAGAATGATCTTTGTACTTCGTTACAATAAATTGTTTTCTTCTACTCTAATATAGTTGGAATCGAG
TAATCCCTAGATAAGAGTTAGGCTTAAAATAGTAAATTACAAATATTGAATTGGACATTACAATTGCATATTCTCAGCTTGCTGTATTGTAAAAA
TTAATTATTAACTCGAAGAGATTCGGCAATTAATACGTCCCTATTCGCATTGTTTTTACTTGGGGAAATTTTATTGAAAAACTAGATTCTCTGTT
ACAATCAGATATGAGAACAAGTTATTGCACCAGCACATCTCTCGGCCAGCTCAATTCAATTAAATAGCTAAGCACTTGTTGCGAATTCATGCTTG
GAGTGTTTACGTAAGATTTGTAAAAATAACTAAACTGGATTCTCCACATTCTTGCGTAGCTGTGTGATTCTACTGTCACAACTCTCCGTCGACGA
TTTCTAGAGCCATCTTCTTGCGGAAGTACAACATTTCCGACTGGGTAAAGGTAATTGGCACATCACACGTTATATACTCGGCGAACATGCAGCTG
AAGATACCGCAATCGCTGCCATCTAACTGTCGTGGTATATTCTGCACGCTCTCAATAACAAAATCGCTGGTATCAAACTGCTTTTTGGGCTTGAA
TATTGACTCTTCGCGTAGATATTTCTCTAGAGCGTCCAGCACTGGTCGGTTTGGCTTTCCCTTTGAGTCATAATACCGGATTGTCTTGTTCCGCA
AGTGTATGATGGCCATGCACCAGTGGACGCCGTTGCAGTGCACTGGTACCGGGATTATGTCCTTGCTGAACAAGTCCACTTTGCGAGTCCAGCGC
TTAATGCCTGCATGCCCAGCTTGCAGGAGGCGGGG
(SEQ ID NO: 250)

Exon: 1001..1302
Exon: 5155..5314
Exon: 6656..7434
Exon: 7493..8684
Exon: 8742..8847
Exon: 9439..10081
Exon: 10146..10588
Exon: 10849..10957
Exon: 11023..12525
Start ATG: 5231

Transcript No. : CT9059
ACCCACCGATCGCGACTTTGTGTGTGTTAAAATGACGCGCATATCGTTTTGGGCTAATAATATTGTTCACGTTTTATAAAACAGATACACGGTTA
AGCTCTGACCGGTCGTATTATTATCTGTGTGTTCTTGGTTGACACGTTTATTTCATTTATTCTCATTTAAAGCAACGATGTGAAGAACAGTGCGG
GCGTTTCTCAACATAAGAATACATACAAACTTATGCGTGATGGTGAGCAAATAAAATAGTTCAAAAAATTACTCGGCCACCGCCTTAACCGTACA
AACGGAAATACATAAAGTTTAGAATAAATACGGCCACAATTAGTATACATATTTATTCATCGAAACCAACCCACCACAAGAGCATAACCAATTAT
GTTAAAGTTTATCAGAGGAAAAGGGCAGCAGCCCAGTGCTGACAGACACCGCCTACAGAAGGACCTTTTTGCTTATCGTAAGACGGCACAGCATG
GCTTTCCTCATAAGCCTTCGGCTCTTGCGTATGATCCAGTTTTGAAACTTATGGCAATAGGGACGCAAACAGGGGCTTTAAAAGTTTTCGGTCAA
CCCGGAGTTGAATTGTACGGTCAGCATACTTTGTTAAACAATTCAGCATCGGAGCTTAATGTACAATTACTTGAATGGGTGTATGGAACTGGTCG
CATACTTTCGTTGACGGCAGCGAATCAATTAATTCTATGGGAGCCAGTTGGAGCAACGTTGCTGCCAATCAAAACACTACCGTTTGACGGCAAAC
TTAAAAAAGTTTCATCGCTGTGCTGTTCTCTCAGTAAGGATCTGCTATGGATTGGAACAGAAGGTGGAAACATCTATCAACTGGATTTACATACA
TTTACCATTAAGGAGCCTGTAATTTACCATGACGTTGTGCTAGAGCAGGTGCCACCAGCCTACAAGCTAAATCCTGGTGCAATTGAGTCAATCCG
CCAACTTCCAAACTCCCCTAGCAAACTTCTAGTTGCATACAATCGCGGCCTTTGTGTTTTGTGGGATTTTGAAAGCGCATCTGTCCAGCGAGCAT
ACATAGCCCCTGGACATGGACAGAGCGTTGGTCTTACAGTGAACTTCGAAGGATCTGAATTTACCTGGTACCACGCTGATGGTTCATACGCCACT
TGGAGCATAGATAACCCAGAACCGCCGTCGAATGTTAATTATGTGCCTTATGGACCTGATCCATGCAAAAGCATAAATCGACTGTACAAAGGCAA
GCGAAGATCCAACGATGTAATTGTTTTTTCCGGCGGCATGCCACGGTCAGCATATGGTGATCACAATTGTGTGTCCGTTCACGCCAGCGATGGAC
ACAAAGTGTGTCTTGACTTTACGTCTAAAGTGATTGACTTTTTTGTGACCTTTGAAAATAATAGAGATGTCGCTGAAGTTCTTGTTGTACTACTT
GAAGAGGAACTCTGCGCTTACGATCTTACTGACCCTAATATTTGTGCTATCAAAGCGCCATATCTTCACTCTGTCCATGCATCAGCTGTCACTTG
CAATTACCTTGCTTCTGAAGTCGTACAGTCGGTATATGAAAGTATTTTAAGAGCTGGAGATGAACAAGACATTGACTATAGCAATATTAGCTGGC
CTATCACTGGCGGTACTCTCCCGGATAACTTAGAAGAATCTGTAGAAGAGGACGCGACTAAGCTTTATGAGATTTTGTTAACTGGTCACGAAGAT
GGTTCTGTTAAATTTTGGGACTGCACTGGAGTGTTGCTTAAACCAATTTATAATTTTAAAACTAGCAGCATTTTTGGAAGTGAGTCAGACTTCCG
AGATGACGCAGCTGCAGATATGAGTGCGGAACAAGTCGATGAAGGAGAACCGCCATTTCGGAAATCAGGACTTTTTGATCCTTATTCAGATGACC
CTCGTTTAGCAGTGAAGAAAATAGCATTCTGCCCAAAAACCGGACAACTTATTGTTGGTGGCACAGCGGGCCAAATAGTTATAGCCGACTTCATA
GACTTACCCGAAAAAGTGTCTTTAAAATACATTTCAATGAATTTGGTCAGCGATCGTGATGGATTTGTGTGGAAGGGTCACGATCAGTTAAACGT
GCGATCGAACTTATTAGACGGAGAAGCAATTCCTACGACGGAACGTGGTGTAAATATATCGGGAGTACTGCAAGTTTTGCCGCCAGCCAGCATAA
CATGCATGGCACTCGAAGCAAGCTGGGGCCTAGTATCTGGTGGGACTGCGCACGGCTTAGTTCTCTTTGACTTCAAAAACTTTGTTCCAGTATTT
CATCGCTGCACTTTAAACCCAAATGATCTTACTGGAGCAGGAGAGCAGCTGTCTCGTCGAAAGTCTTTTAAGAAATCATTGAGGGAGTCATTTAG
AAAGCTTCGCAAGGGTCGATCGACCAGGACCAACCAGAGCAATCAAGTACCAACAACGCTGGAAGCAAGACCCGTCGAGAGGCAAATAGAGGCTC
GTTGTGCAGATGACGGGCTAGGATCCATGGTGCGATGTTTACTATTTGCCAAAACTTATGTTACTAATGTCAACATAACGTCGCCAACTTTGTGG
TCAGCAACAAATGCCAGTACAGTCTCGGTTTTCCTTCTGCATTTGCCACCAGCGCAGACCGCGGCAACTGCCGTCCCGTCGGCAAGTGGCAATGC
ACCACCACACATGCCCCGCCGAATTTCTGCGCAGCTTGCTAAAGAAATACAATTAAAACATCGTGCTCCTGTGGTGGGTATTTCTATTTTTGATC
AGGCGGGTAGCCCTGTCGATCAGCTGAACGCCGGTGAAAACGGGAGTCCACCGCATCGTGTACTTATTGCTTCCGAGGAACAGTTCAAGGTGTTT
TCACTTCCGCAACTAAAGCCGATTAACAAATATAAGCTTACCGCTAACGAAGGTGCTCGGATTCGCCGCATCCATTTTGGTTCGTTTAGTTGTCG
CATATCCCCGGAAACACTGCAGAGTATGCACGGTTGTAGCCCAACTAAGTCCACGCGTTCACATGGCGATGGAGAGGCGGATCCTAATATCAGTG
GAAGCTTGGCTGTAAGTCGTGGAGATGTATATAACGAAACAGCATTGATATGTTTAACGAATATGGGCGATATCATGGTTTTATCAGTACCTGAA
TTAAAAAGACAGCTGAATGCCGCAGCAGTGCGACGGGAAGACATTAATGGAGTTTCGTCACTTTGCTTTACAAACTCTGGAGAAGCACTGTATAT
GATGTCTTCTTCTGAACTGCAGCGTATTGCTTTAGCCACGTCCAGAGTCGTGCAACCCACTGGCGTTGTTCCAGTAGAACCATTAGAAAATGAAG
AGTCTGTGTTGGAAGAAAATGATGCAGAGAATAATAAGGAAACCTACGCATGTGATGAAGTTGTGAATACATATGAAATTAAAAATCCATCAGGC
ATTTCAATATGCACAAGGCCTGCAGAGGAAAACGTTGGAAGAAATAGTGTTCAGCAAGTTAATGGAGTCAACATTTCAAATTCACCTAATCAAGC
TAACGAGACTATCAGCAGCTCTATTGGCGATATTACCGTTGACTCGGTGCGCGACCATTTAAATATGACGACCACCACTTTGTGTTCTATTAATA
CAGAGGAAACCATTGGTCGCCTATCTGTACTTAGCACGCAAACCAACAAAGCCAGTACTACCGTAAACATGAGTGAAATTCCAAATATTAATATT
TCTAATTTAGAGGACTTGGAATCGAAAAGAAATACGACGGAAACGAGTACTAGTTCTGTTGTAATTAAATCTATAATTACAAACATTTCTCATGA
AAAAACGAACGGAGACAACAAAATAGGAACGCCAAAAACAGCGCCTGAAGAAAGCCAATTTTAACATTGACAGAAGCCGTAACCTACTAATTATT
TTATACCTTTACAGAAATACGACGCAAACGAGTACTAGTCCTGATGTAATTTAATCTATAATTACAAACATGTCTCACTAAAAATCGAACGGGGA
CAGCAAAATAGGAACGCAAAAAAATTAAATTAAATTAAACGCGATTTACATACAAACAGAAATGACAGAATGATAATATAAAATATTCATTTTTT

Sequence Listing Page 136 of 136

ATTTGGCTTAAGCGATGTTGTTGTTCCAAAACCATATAATTATTTATGATTTTATGTAATGTTTTCATGTATTTTCGCGTAGTGACTTTATACCC
TTTACCCGTATGATGAAACGAAACATGATATTTGTAGAAAGGTACAAAGGATAAAAGTTGACATTTAAGGCCGATTGTAAAATATTAAAACGCAA
CCTGGATAACATGCCGATTAATTACTTCTGTTCGTCCGTATAAACACAAATACCGATAAATTGGTCCGTCCCCATTTAATAAATTGTATATTAAA
ATGGTCTTTATTTTGGATAAATAATTCAAATTATATAGGAACATTTGGGTTTTAAGGGATAGAAACAGCGCTGGTGTCTTTCATTTCCGTTCGTA
TGACCGTTCAAAGATTATAAAAAAATTGTCGTGCCCACATTTTTTAAATTTCTTTTATTTTCGGTTAAAATATTGTGATACAAAAAAATGCCCTT
ACAAAATTAGGACAACAACAATTTGCTTTATTATGATGAACAAATTAGGAGTACAAAAAATAGCCTGATGCAAGGATGGGGAGAAAAAAGACCTT
GAAGTTCAAAAGAATTTGTTGTATCAAATCCTCAATAAGAAAACTACTTAAAATTAAAAGCGTGTTTCAAATTAATTGTAGAATATTTCGTAAAA
TGAAATTGCAAACTTTTTTAGCACGAAATTACATGTATTTAATTCTTTGGCTAATACGTCAGTTAAAAAAGGCTACATTTTGATGATACTCACAA
ATGTAATTTTTGCATTCTACACAGGTGCAATTAAAAAATTATGGTTTTTATGAGTTTTAGAGGGAAGAAAATATGTCAATATGAGAAGTAAGTTA
ATGAGCCTTCAAGTACTTTAGTACATAATGTAATTTAATTTTAGAAATCCTACGGCTTTATATTCAATTGTAAAGTATTTTAAAATTCCTGACGA
TTTGTAGTAATTGTTTTGTTCTTAGCTTTTTTGCATTCTCCTCCGTTACTCCGTTACTCGTATAGTAAAAGGTATAGTATATACAATAGTATTGT
AGATTCGTTGAGAAGTATGTTACAGGCAGAAGGAAGCTTTTCCGACCATATAAAGTATATAATTGAGTATTTAGCTTAGGATTATTAATAAAACA
TGTATTTTATTT
(SEQ ID NO: 251)

Start ATG: 379

MLKFIRGKGQQPSADRHRLQKDLFAYRKTAQHGFPHKPSALAYDPVLKLMAIGTQTGALKVFGQPGVELYGQHTLLNNSASELNVQLLEWVYGTG
RILSLTAANQLILWEPVGATLLPIKTLPFDGKLKKVSSLCCSLSKDLLWIGTEGGNIYQLDLHTFTIKEPVIYHDVVLEQVPPAYKLNPGAIESI
RQLPNSPSKLLVAYNRGLCVLWDFESASVQRAYIAPGHGQSVGLTVNFEGSEFTWYHADGSYATWSIDNPEPPSNVNYVPYGPDPCKSINRLYKG
KRRSNDVIVFSGGMPRSAYGDHNCVSVHASDGHKVCLDFTSKVIDFFVTFENNRDVAEVLVVLLEEELCAYDLTDPNICAIKAPYLHSVHASAVT
CNYLASEVVQSVYESILRAGDEQDIDYSNISWPITGGTLPDNLEESVEEDATKLYEILLTGHEDGSVKFWDCTGVLLKPIYNFKTSSIFGSESDF
RDDAAADMSAEQVDEGEPPFRKSGLFDPYSDDPRLAVKKIAFCPKTGQLIVGGTAGQIVIADFIDLPEKVSLKYISMNLVSDRDGFVWKGHDQLN
VRSNLLDGEAIPTTERGVNISGVLQVLPPASITCMALEASWGLVSGGTAHGLVLFDFKNFVPVFHRCTLNPNDLTGAGEQLSRRKSFKKSLRESF
RKLRKGRSTRTNQSNQVPTTLEARPVERQIEARCADDGLGSMVRCLLFAKTYVTNVNITSPTLWSATNASTVSVFLLHLPPAQTAATAVPSASGN
APPHMPRRISAQLAKEIQLKHRAPVVGISIFDQAGSPVDQLNAGENGSPPHRVLIASEEQFKVFSLPQLKPINKYKLTANEGARIRRIHFGSFSC
RISPETLQSMHGCSPTKSTRSHGDGEADPNISGSLAVSRGDVYNETALICLTNMGDIMVLSVPELKRQLNAAAVRREDINGVSSLCFTNSGEALY
MMSSSELQRIALATSRVVQPTGVVPVEPLENEESVLEENDAENNKETYACDEVVNTYEIKNPSGISICTRPAEENVGRNSVQQVNGVNISNSPNQ
ANETISSSIGDITVDSVRDHLNMTTTTLCSINTEETIGRLSVLSTQTNKASTTVNMSEIPNINISNLEDLESKRNTTETSTSSVVIKSIITNISH
EKTNGDNKIGTPKTAPEESQF*
(SEQ ID NO: 252)

Classification: tumor_suppressor
Gene Symbol: l(2)gl
FlyBase ID: FBgn0002121

Celera Sequence No. : 142000013384907
ACGAATCTCCAGAGGCCGGTCCTTTCCAGCCAGATTCTCGCCTCCAGCGCTCAACGAGGTGTACCGAAATTTCTCCAGCGCATCGCTTGCATTCG
AAATAAGCTCGCGCACAAAGACCTCGTGGTCGGAGTATAAGGAACGAGCCACAATGTCAAGTAGCTGGCGCGTCTCTGCCTGGAACTCATGCTTG
TCCACCACTGATCCTGATGCCTGCTTGGTCTCCGTGGAGTAGCGACGGAGCGAGAGAGCTGCAAGTGAAAAGATGAGTGTTATGTAAACATAAGA
ATCCCTCCGGGGAGCCGGTTGCTTATATTCAGTGCTTACCACCCGGCGAATGCTGCGATCCAATGGTGATATTGAACGCTGCTGGGGCGGATCGG
TGACTCTGCCTCAACACTTGGGCACAGCGACCGAGGCGGCACGCCTGGCCCAGCACTCCCATCGCTCGTACAGACATCTTGTTGTTTTAATGTTT
TGCCCAACTTTAATGTTACCCAACTACGAAGTTTGTTCCAGCGCACATGTGTGCACAGTGTAGCCAAATCAATCGATTGTAAGTATTCGATAATA
GTAAACTGGTAAAACCCTACTCATAACGGTGTTTTCTTCCAAATTTCTGGGCTGTAATGAATTTTGGACTCAAATGCTTAGTTGGTTTGAATAAG
AGTTACTACATGTAATGGAGAGTTCAGTTTCATCACATTATTCAGCTCAAAACTGAAGCAAACTGCCAGCTGACTAGTTCTCTAAAGATTTCGAT
CAGCAAGAGAGAGAGAGAGAGATAGAGATGTTTCAACTGTGAACAACAAACCGTAAATTCTGAAGGAATTAAGAACAGATTACGTTTCATTGTTT
AGCCAATGTAGATTGGATGCTGATTTTTGAGTTATGAAATAACAAATGTCTTCAAAGAAGACAGTAAATAAAAGAAAGTTAAATCAAATCCAATA
TTGAAAGACATCGATACCTCATATCGATATACGGTCCAATTGCTGACAGCCCTGCTCGTGAATGCAACTCTGCTGTAGCGCGTCAGCGTCGCGTT
GTAATTTTTGTTGAGTTTTTTAAATAATTTTAATTAGCATCTGCGTGTCTTACTATTAGAATATCATGTGTTAAGTGTTTCCCATTCACGCCACC
ACACAAAAAGATCCAATCATGAGCGCCACCACCATCGACAACGTACGGGTGCTGCTTCAGTCGCTGCCTGCTGCCGCCGTAAACAGCGCCACTCA
GCCGGGCGATCTACAGACGCCGGGCAAGATTGCGGCCCCAGCGACTCCCCTTCGCGCCAAGAATCCCGCCCAATTACAGATCATGCCGGAGAAGG
TCGAGGAGATGCCGCCGTCACCTCCGGAGGAGTTCTGGAGGGACCTGCAGCAGTTTCACGAACGACGCGGGTGAGTTGCCGCGGCTCTCCTGTAT
TTGGAGACGACCTAACCCACTTTCCCTCTGCCCAAACAGCACTCCATTGACACAGCCCGCCAGGATCAGCGGTAAGCATGTCGACCTGTACAAGC
TGTACAACGAGGTAACCGAACGAGGCGGCTTTAATAAGGTGACCATGCGGGACGAGTGGGACGAGGTGTACAGCGCCATGGAGACATTGCGGGAG
CGCTGCGTTAACGGAACGGCTAGTATCAAGCACATCTACAGACGCTACCTGGACAAGTACGAACGGTTGAACTTCTTTGGCGAGGATCCAGACAA
GATGGAGGCTCTGGAGGCGGCTATTGAGATTGTAGAAATGGGCGGTGGACGCTCGCGATCTCGTTTTTTGGCTGGCGCCGGTGGTGGCCTAGGAA
GCATTTTTGGATCAGCACACTCTACGTTGCCGGCGGTGCCAATGGCCTACAACCAGCGCCAGCACTCTGTTAATGTGGAACGACGCCGACAGTAC
AAGATGTCCACGCAGTTGCACCGACACAGCAGCTACGAGAAGCTGCTGTTGTCTCTGCTTTCTCCGCTGCCCAATGAGCAGGACTTCGCCATAAA
CGTGTGCACACTTATGGCCAACGAGGCGCGCCACACCCTACAGCTGTCCGAGTGCCCCAAACTGCTTGATGTGCTGCTTGCTCACCTGGGAGTCT
ACGCTGACTTCACCATGCGCCAGCTGTTCCAGCACAGTTACACCGAGGTTCGACACCATTCGCAGCTCAGTTTCTGGCGCGACCTGCTACACGAC
AAGCCACAGGTCCTAGAGCTCTACACGGATGAGCAGGCCTGGCTGGACAACGGTCTGATAAGTAAGGAGGACGGTGAGAACTCTGCCGCTCGAAG
TGAACTGCTGGCGGCCTGCGACGAGTTGCACTTCCTTAATCTGCGCCGGAGCAACGGGACTGATGAGCGCATGGGCCAGCGAGTGCTTCAGATTG
TCCAGCTAGTCCGTACACTCAGCTTTCATCAGGAGAATCATGCACTCTTGGCCTCCAACCGCACGTTGTGGCGATATTTGGTCATGGGAGCAAAC
GTACGATGGAGTAAGTTTTTTTTATCTGCTTAGAAATTATATTTTTTGGCGCTTTGAATGTACGAAGTATCAAGGTGCTATCATAAATACACTGC
AAGGAAATTGACTATTGCGTAGCATAGCAATCCCGAAAGAATCAATTTAAAATAAAATAACTGAAACACGTTTCGCTCGTTCTAGGCAACATTCA
CATCCAGGCCCTCGAGACCGCTGGCAACCTGGCTCAACAATTTGAGCTGCTAGACCCCACCACTGACGAGCTATCGCGGAATCTTTTAGCTACTC
TCTGCGAGGGTATTGACTCTAACGACCGCGCGGTGATCATGAGCTGTCTGGAGATACTCTATAAGTTGTGCGGACGAGAAGGCAATTCGCAGCAC
ATCAATCGTTGCCTTGGCCTGGACTTTTACCAGCGAGCCATGTTGCTCCTCTCGCTTACCGACGTCATGATGATTATCTTTACGCTGGAGGCAGT
TTACGCACTAAGTGCTCTTGGCGCTCGGCCATGTTCGATGCTGATGCAAGTACGTGGCCTAATAGACCAGCTGGTGACCCTTATCACAGTGGAGG
CTCAGTCATATGGCACAGGCGGTTGCATATTAATGCGTGTCGTAGAGGTTTTCCCCGGAAACATGGCTGCCTCGCTGGCTCAGAACATGCCCGCC

ATTCTTGCTCCAGGTCCCACTTCCCTGACTACACTTCCAACATCGCTGCAAGTAGCTGTTAAACCGCCAGCAGTTTTACCCACGCCTACACCCGC
CCAGACGCAAGTGCTGCCTCACGGAGAGCAAACACCCTTGGTTACAGCTCTCCCCGGTCTGCCAATGCCCAGTCTGCCACAGGTTCAATTGCCTG
TACCCAGTCTGCCGCAGGTACAATTGCCACCAATCGCTGCCACCGTGACCCTTCCCAGTCTGCCCTCCGCCTCCCAGAGTTTTACACACGAGGAC
GAACAGTATGCGCTGGCTTGGCTGGGAGCCACGTATGAACGGGCTGGGAACGGTAACGATCTCCGTGTGGAACAAGCGGAACTATACAGAATATA
TTTATCGCATTGCCAGAAGGCGGGTAAGCTTTCAGTGGTTAATCACATGCAGTTTCCTCGTCTAGTGCGGCTTATATTTAATCAATCGGTGGGAC
CAGTAATTGTACGGCACCTGGACGGAATAGAGCTACCTGGGACGTACTACGTAGGCATTAGGATGCGAGCTCAGCCGCTAGCCATGCAACAGAGA
CCCACCCCCAGCATTGTTCCTGTTAAAAAGGACACGCCAATATTGCCCAAGCAACCATTTAGTGATCCTGTTCAAACGGAAGTGGCGTCTGAGGA
AAGCGTTTCTTCTGCAGTCACGCCACCCCCAAGCTCCTCGCTCATCAAAAGCTTGTTGGCCAACAAGGTAACTGAACGCCAACAGAAGCAGAAGG
CCCAAGCTCAGACGCCGCAGCCGCCAGCCCTTGTGGCTACCACGGCATCGGGCACAAATGCTACCCAGCCCATCAAGGTAACCTCAACAGCTATA
AGCGCCTTCGTGAACAACCCGCTAATGCAGCACACACCGGTGAAGGTGGGTCAGACTACCATTAAGCCGTTGCACCCCCAGATGGCCATCGAAAA
GAAGCCAATCACTGATTCGGCCCCGCCACCTCTCGCTCCATTGAGTGGTGCAAACGTAGTGACGAAAGACGCCAGCGGGCGCACTCTCATCATTG
CATCAGCAGCTGCCAAACGAAAATTAACCATTGACGAGGAGCAGAATAAGCGTCTGGCTTTAGATGCCGCTGCCAGCAGTTCCAGCAGCTCATCT
TCTGGCGGCAAGGAAGAAGCGCAGGTGACTCCCTCGAAGAATGCAGCCAATCTCTATGCGGATCTGGCGGCATCTATTTTGGAGGATGAGGATAT
GGATGACGTTCCACCGCTGGCCAAACCAAGCCAGGAGCAAAGCCAGCAGCACCCGCAACAGGCACAGCAGCTTCAACTCATTCCGGCTAAAGTGC
AACCAACCCAACGTCAACTTGTTTTCCCCGGTAGCAATGTGGTTTCTCCAGCTCCGCATTCCCAACTAAAACTTGCCACCACGGCCACCATAAAG
ACGGATCAGGGCTTGCAAACTGTGCCAGTGATCCTGCAGCCCAAGACTGCAATGGATTCCACGCCAGCTCCGCAGACGCAATATGTTCTGGCCAC
CAACCAGCAAGGCCAGACGTATCTTGTGGCCCAGCAGCCGACTATTCCGACATCCACGCAGTCGGCACCACCCACTCTGCTGGTGACGCAAACAC
CACAACAACAAACGAAGACCATAATAATCCTGCAGCAGCCAGGAGGAGTCTCTGCGGCGAACGTGGCTGGCACTCAGAAAATGATAATGACAACG
GCGCAGGGCCAGCAGGTCCTGGTTACCACCACCACAGCTCCACAACTGGCCCAACCGCGTACTTCTACCCCCCAGCAGCAAATCTTTATCGCACC
CCAGCGACCAGTTCCGGCGTTGGGTGCTGGCCAAATGTCGCCTTCACTGCTGTCGCAGTTGAACCAGATCCCGGCTACTATAAAGCTTCATCAGC
CCCAACCACAGCCGCAGCTCGTTTCGCCGCAATTAGCACCCCAGCAGCGATTAGTTGCCGCAAAGCCGGGCGCTTCATTGCCCATTCCTCAGCTC
CAGCAACATCAGTCTATCATCCAGCAACACATAATCTCGGGCCCCTCCACTCCTACTTCCACAGTTGGCGGTACGGTTGGTGGGGAAAAGAGGCA
GGTAATTCTGGGCGGAATCAAGGAGACCACGCTAATTACCCAGACGTCGGCCACACCGGCTCCCCTGCAGCAAAGCCAGCTTAACTCGCAGACGA
TCATCACTCAGTCACCTACCAGCACGGCTATCGTAGGAGGCGTGGCTCTTCAGCAGCAACATCACATTCGATCTGTGTTGGACCAGCAGCAGCAG
CATCATCCATCCATCATCCAACAGAAGATAACCATGCCGGCAGTAAGTTGGGAACTGGGGCCGAAATTAAAGAATTATTATTTTTTTTTAAGTAT
ATATACAAGGGTCATTGAAAAGTATGTAAACAGCTTAAAATTTGATTTCATAATATGCCCATGCCCGTTCTAAATCCCATAAATCGCATCACATT
CACATTCCCCATTTTTAAATGTTTCCATCGCGTTTTCACTACTTGAGTGGCGGGTTTTACAGGATCTCTTTTCTAAATAGCCAACAGGTGTATGG
TAATAAGAATTGTGCTAAGATGACTAAAACAAATATTTTAATATATTATTTTAGATTTCCGAAGCGACCAAACCGAAAATAGCACCCGTTCCAGT
TTCACCAACTGTAACTCTCCTAGCAAAAAAGCCGGCGCCGCCACAACCTGCTCAAGTATCTAGCCCCAAGCCATCAGTCACCCAGGCTGTTGTGG
TAACGACGTCAGGAACTAGTGATTCAACGGAAGGCGGCAAAACAGTTGTCTTAGCAACCAGCGAGGCCAAGCCAGCGGAATCAGAGGTAGTAGCA
CAGACGGTTGTCCCACCTGCTGTCGTAACTACAGGTCCCAGCAGCAGTTCTTTGGTTGTCAGTCAGAGCGTCTACGCTGCTTCTGGCCCGAATGC
CAACCCCACGCCCTCTCCCATGCCCGTGGATGCAAATTGGTTGTACATCTGCGACTGGCGGAACTGTCCCCGCAAGAAATTCAAGTCTCTTAACG
AGCTGCAGTACCACGTGTGCAGTGTCCACTGTCCAGATCACCTTGATTCTGATGCCGACATTTATTGTCAGTGGGGCAGCGGACCCAACTTCTGC
GACAACAGAGCGCGCAAACGGTACTCATTGATGACGCATCTGATTGACCGGCACCTGACAACGGAGAACTTGCGCGCCAGTGTGCAACGTCGCCT
GGCAACTGGGATTCACAATGTGGCGCCCACCCAGGCTCCCGTGACCATAGTGCGCAACGAGGGTCATGCCCAACGATTGGCGGGAGGCGCTACTG
GTTCACCTTCGGGTCCTGCTTCAGCGGTTCCAGTCGTTGGCAGCGCCGCAATGCAAGCTATGAACCGACACACGACTGATTACACGAACGCTAAA
GAGCTGATGGACGAAAATGAGGGTCCAGTCACCAAGAGCATCCGTCTGACAGCGGCGCTCATTATACGCAACCTGGTCACCTACTCGGCTACGGC
CAAGAGAAGCCTGAAACGCTATGAGTCACGCTTGGCCAATGTCGCCTTTAGCAATGTGGAGGCTAGCGGAGTGCTCTCCCACATCATGTACGAAT
TGAGCCAGTAAGCCGATATAGCTTACCATCAATATGATTATTTAACTGACTTGTAAGAACGACACTAAAAAAATGTGAAAAGCAAACCATACCTT
GTTTGTCTAAATGATTCATACCATATAGCACCAAAATATGGGAGATTCGGGAGTAAGATTTTAATTTGACTTCTACAATTCTACGAGGCTTAGAA
TTAAAGAGCTATGGTGGACATTATCAGATATACTCCTGGTTAGCAAATAAACGTTTTGAATTAATCGTTCAAAACATACTTTGATTTACATTGTT
CTTATAAAATATTAATTAACACATCTGAGTTATAATCCGTTAAAAGAATCCGAACCGAAGAGTCCGCTAAATCTTCGTGTACTACAGTGAAACAC
TTTTTATCGCCTAACGTAAGATATTAGAATGGGATGAAATCAGGTTCATCATACAATAGCTTCTCCGTTCTTCAAAAAGTTTTCATCGTCCAAAA
TCGTATACTTGTTGCTCCTGTACGTGTCCAATTCAAAAATGTACTTCTTGCCGCAGTCCTTCATTAGCTTGTGGATAACTGGCTTGATGTTCTCG
ATGCCCGCGATACTGGCCAGTTCATTGTAGTAGACAAACTGAAATTACAGATAAAAGATTGTTTTATATATGTTCTCTGCTTGTAAAAGTCTTTA
ACAAATAAGTCTACATAAGCTAATATTTTTAATTTCTTATACAGGGTATTGTGAACACTCACCTGTCGCTCGCCCATCTGATGTGCTTTCTTCTG
GTTGCGCACGCCGCAGCCCCACCGCTCTCCGATCTCCTGCTCCAGATCGGCAATCATCTGCTCCCGGGAGGGAAACTTCCGCTGACCTGTGAAGA
ACTTCAGCGTGAAGCGCACCTGCATGTCGAAGATGTGGGTGGGAATCACGTTGAAGGGCAGGCCCACAAAGGCCATGGTCGGGTGGTTGATGTTG
ATGCAGTGCTTCCACAGTGGCTGCACGAAGTTGTCTATCACCTGGACACCCACATCGGTGCTGAGGCAGGGGAATGTGTACTTGTAGCCGGTGCA
GAACATCACGTGGTCAAAGCTCTCCGTGCTGCCGTCCGTGA
(SEQ ID NO: 253)

Exon: 1001..1400
Exon: 1465..2480
Exon: 2651..5457
Exon: 5755..6831
Start ATG: 1159

Transcript No. : CT9107
CCTGCTCGTGAATGCAACTCTGCTGTAGCGCGTCAGCGTCGCGTTGTAATTTTTGTTGAGTTTTTTAAATAATTTTAATTAGCATCTGCGTGTCT
TACTATTAGAATATCATGTGTTAAGTGTTTCCCATTCACGCCACCACACAAAAAGATCCAATCATGAGCGCCACCACCATCGACAACGTACGGGT
GCTGCTTCAGTCGCTGCCTGCTGCCGCCGTAAACAGCGCCACTCAGCCGGGCGATCTACAGACGCCGGGCAAGATTGCGGCCCCAGCGACTCCCC
TTCGCGCCAAGAATCCCGCCCAATTACAGATCATGCCGGAGAAGGTCGAGGAGATGCCGCCGTCACCTCCGGAGGAGTTCTGGAGGGACCTGCAG
CAGTTTCACGAACGACGCGGCACTCCATTGACACAGCCCGCCAGGATCAGCGGTAAGCATGTCGACCTGTACAAGCTGTACAACGAGGTAACCGA
ACGAGGCGGCTTTAATAAGGTGACCATGCGGGACGAGTGGGACGAGGTGTACAGCGCCATGGAGACATTGCGGGAGCGCTGCGTTAACGGAACGG
CTAGTATCAAGCACATCTACAGACGCTACCTGGACAAGTACGAACGGTTGAACTTCTTTGGCGAGGATCCAGACAAGATGGAGGCTCTGGAGGCG
GCTATTGAGATTGTAGAAATGGGCGGTGGACGCTCGCGATCTCGTTTTTTGGCTGGCGCCGGTGGTGGCCTAGGAAGCATTTTTGGATCAGCACA
CTCTACGTTGCCGGCGGTGCCAATGGCCTACAACCAGCGCCAGCACTCTGTTAATGTGGAACGACGCCGACAGTACAAGATGTCCACGCAGTTGC
ACCGACACAGCAGCTACGAGAAGCTGCTGTTGTCTCTGCTTTCTCCGCTGCCCAATGAGCAGGACTTCGCCATAAACGTGTGCACACTTATGGCC
AACGAGGCGCGCCACACCCTACAGCTGTCCGAGTGCCCCAAACTGCTTGATGTGCTGCTTGCTCACCTGGGAGTCTACGCTGACTTCACCATGCG
CCAGCTGTTCCAGCACAGTTACACCGAGGTTCGACACCATTCGCAGCTCAGTTTCTGGCGCGACCTGCTACACGACAAGCCACAGGTCCTAGAGC

TCTACACGGATGAGCAGGCCTGGCTGGACAACGGTCTGATAAGTAAGGAGGACGGTGAGAACTCTGCCGCTCGAAGTGAACTGCTGGCGGCCTGC
GACGAGTTGCACTTCCTTAATCTGCGCCGGAGCAACGGGACTGATGAGCGCATGGGCCAGCGAGTGCTTCAGATTGTCCAGCTAGTCCGTACACT
CAGCTTTCATCAGGAGAATCATGCACTCTTGGCCTCCAACCGCACGTTGTGGCGATATTTGGTCATGGGAGCAAACGTACGATGGAGCAACATTC
ACATCCAGGCCCTCGAGACCGCTGGCAACCTGGCTCAACAATTTGAGCTGCTAGACCCCACCACTGACGAGCTATCGCGGAATCTTTTAGCTACT
CTCTGCGAGGGTATTGACTCTAACGACCGCGCGGTGATCATGAGCTGTCTGGAGATACTCTATAAGTTGTGCGGACGAGAAGGCAATTCGCAGCA
CATCAATCGTTGCCTTGGCCTGGACTTTTACCAGCGAGCCATGTTGCTCCTCTCGCTTACCGACGTCATGATGATTATCTTTACGCTGGAGGCAG
TTTACGCACTAAGTGCTCTTGGCGCTCGGCCATGTTCGATGCTGATGCAAGTACGTGGCCTAATAGACCAGCTGGTGACCCTTATCACAGTGGAG
GCTCAGTCATATGGCACAGGCGGTTGCATATTAATGCGTGTCGTAGAGGTTTTCCCCGGAAACATGGCTGCCTCGCTGGCTCAGAACATGCCCGC
CATTCTTGCTCCAGGTCCCACTTCCCTGACTACACTTCCAACATCGCTGCAAGTAGCTGTTAAACCGCCAGCAGTTTTACCCACGCCTACACCCG
CCCAGACGCAAGTGCTGCCTCACGGAGAGCAAACACCCTTGGTTACAGCTCTCCCCGGTCTGCCAATGCCCAGTCTGCCACAGGTTCAATTGCCT
GTACCCAGTCTGCCGCAGGTACAATTGCCACCAATCGCTGCCACCGTGACCCTTCCCAGTCTGCCCTCCGCCTCCCAGAGTTTTACACACGAGGA
CGAACAGTATGCGCTGGCTTGGCTGGGAGCCACGTATGAACGGGCTGGGAACGGTAACGATCTCCGTGTGGAACAAGCGGAACTATACAGAATAT
ATTTATCGCATTGCCAGAAGGCGGGTAAGCTTTCAGTGGTTAATCACATGCAGTTTCCTCGTCTAGTGCGGCTTATATTTAATCAATCGGTGGGA
CCAGTAATTGTACGGCACCTGGACGGAATAGAGCTACCTGGGACGTACTACGTAGGCATTAGGATGCGAGCTCAGCCGCTAGCCATGCAACAGAG
ACCCACCCCCAGCATTGTTCCTGTTAAAAAGGACACGCCAATATTGCCCAAGCAACCATTTAGTGATCCTGTTCAAACGGAAGTGGCGTCTGAGG
AAAGCGTTTCTTCTGCAGTCACGCCACCCCCAAGCTCCTCGCTCATCAAAAGCTTGTTGGCCAACAAGGTAACTGAACGCCAACAGAAGCAGAAG
GCCCAAGCTCAGACGCCGCAGCCGCCAGCCCTTGTGGCTACCACGGCATCGGGCACAAATGCTACCCAGCCCATCAAGGTAACCTCAACAGCTAT
AAGCGCCTTCGTGAACAACCCGCTAATGCAGCACACACCGGTGAAGGTGGGTCAGACTACCATTAAGCCGTTGCACCCCCAGATGGCCATCGAAA
AGAAGCCAATCACTGATTCGGCCCCGCCACCTCTCGCTCCATTGAGTGGTGCAAACGTAGTGACGAAAGACGCCAGCGGGCGCACTCTCATCATT
GCATCAGCAGCTGCCAAACGAAAATTAACCATTGACGAGGAGCAGAATAAGCGTCTGGCTTTAGATGCCGCTGCCAGCAGTTCCAGCAGCTCATC
TTCTGGCGGCAAGGAAGAAGCGCAGGTGACTCCCTCGAAGAATGCAGCCAATCTCTATGCGGATCTGGCGGCATCTATTTTGGAGGATGAGGATA
TGGATGACGTTCCACCGCTGGCCAAACCAAGCCAGGAGCAAAGCCAGCAGCACCCGCAACAGGCACAGCAGCTTCAACTCATTCCGGCTAAAGTG
CAACCAACCCAACGTCAACTTGTTTTCCCCGGTAGCAATGTGGTTTCTCCAGCTCCGCATTCCCAACTAAAACTTGCCACCACGGCCACCATAAA
GACGGATCAGGGCTTGCAAACTGTGCCAGTGATCCTGCAGCCCAAGACTGCAATGGATTCCACGCCAGCTCCGCAGACGCAATATGTTCTGGCCA
CCAACCAGCAAGGCCAGACGTATCTTGTGGCCCAGCAGCCGACTATTCCGACATCCACGCAGTCGGCACCACCCACTCTGCTGGTGACGCAAACA
CCACAACAACAAACGAAGACCATAATAATCCTGCAGCAGCCAGGAGGAGTCTCTGCGGCGAACGTGGCTGGCACTCAGAAAATGATAATGACAAC
GGCGCAGGGCCAGCAGGTCCTGGTTACCACCACCACAGCTCCACAACTGGCCCAACCGCGTACTTCTACCCCCCAGCAGCAAATCTTTATCGCAC
CCCAGCGACCAGTTCCGGCGTTGGGTGCTGGCCAAATGTCGCCTTCACTGCTGTCGCAGTTGAACCAGATCCCGGCTACTATAAAGCTTCATCAG
CCCCAACCACAGCCGCAGCTCGTTTCGCCGCAATTAGCACCCCAGCAGCGATTAGTTGCCGCAAAGCCGGGCGCTTCATTGCCCATTCCTCAGCT
CCAGCAACATCAGTCTATCATCCAGCAACACATAATCTCGGGCCCCTCCACTCCTACTTCCACAGTTGGCGGTACGGTTGGTGGGGAAAAGAGGC
AGGTAATTCTGGGCGGAATCAAGGAGACCACGCTAATTACCCAGACGTCGGCCACACCGGCTCCCCTGCAGCAAAGCCAGCTTAACTCGCAGACG
ATCATCACTCAGTCACCTACCAGCACGGCTATCGTAGGAGGCGTGGCTCTTCAGCAGCAACATCACATTCGATCTGTGTTGGACCAGCAGCAGCA
GCATCATCCATCCATCATCCAACAGAAGATAACCATGCCGGCAATTTCCGAAGCGACCAAACCGAAAATAGCACCCGTTCCAGTTTCACCAACTG
TAACTCTCCTAGCAAAAAAGCCGGCGCCGCCACAACCTGCTCAAGTATCTAGCCCCAAGCCATCAGTCACCCAGGCTGTTGTGGTAACGACGTCA
GGAACTAGTGATTCAACGGAAGGCGGCAAAACAGTTGTCTTAGCAACCAGCGAGGCCAAGCCAGCGGAATCAGAGGTAGTAGCACAGACGGTTGT
CCCACCTGCTGTCGTAACTACAGGTCCCAGCAGCAGTTCTTTGGTTGTCAGTCAGAGCGTCTACGCTGCTTCTGGCCCGAATGCCAACCCCACGC
CCTCTCCCATGCCCGTGGATGCAAATTGGTTGTACATCTGCGACTGGCGGAACTGTCCCCGCAAGAAATTCAAGTCTCTTAACGAGCTGCAGTAC
CACGTGTGCAGTGTCCACTGTCCAGATCACCTTGATTCTGATGCCGACATTTATTGTCAGTGGGGCAGCGGACCCAACTTCTGCGACAACAGAGC
GCGCAAACGGTACTCATTGATGACGCATCTGATTGACCGGCACCTGACAACGGAGAACTTGCGCGCCAGTGTGCAACGTCGCCTGGCAACTGGGA
TTCACAATGTGGCGCCCACCCAGGCTCCCGTGACCATAGTGCGCAACGAGGGTCATGCCCAACGATTGGCGGGAGGCGCTACTGGTTCACCTTCG
GGTCCTGCTTCAGCGGTTCCAGTCGTTGGCAGCGCCGCAATGCAAGCTATGAACCGACACACGACTGATTACACGAACGCTAAAGAGCTGATGGA
CGAAAATGAGGGTCCAGTCACCAAGAGCATCCGTCTGACAGCGGCGCTCATTATACGCAACCTGGTCACCTACTCGGCTACGGCCAAGAGAAGCC
TGAAACGCTATGAGTCACGCTTGGCCAATGTCGCCTTTAGCAATGTGGAGGCTAGCGGAGTGCTCTCCCACATCATGTACGAATTGAGCCAGTAA
GCCGATATAGCTTACCATCAATATGATTATTTAACTGACTTGTAAGAACGACACTAAAAAAATGTGAAAAGCAAA
(SEQ ID NO: 254)

Start ATG: 159

MSATTIDNVRVLLQSLPAAAVNSATQPGDLQTPGKIAAPATPLRAKNPAQLQIMPEKVEEMPPSPPEEFWRDLQQFHERRGTPLTQPARISGKHV
DLYKLYNEVTERGGFNKVTMRDEWDEVYSAMETLRERCVNGTASIKHIYRRYLDKYERLNFFGEDPDKMEALEAAIEIVEMGGGRSRSRFLAGAG
GGLGSIFGSAHSTLPAVPMAYNQRQHSVNVERRRQYKMSTQLHRHSSYEKLLLSLLSPLPNEQDFAINVCTLMANEARHTLQLSECPKLLDVLLA
HLGVYADFTMRQLFQHSYTEVRHHSQLSFWRDLLHDKPQVLELYTDEQAWLDNGLISKEDGENSAARSELLAACDELHFLNLRRSNGTDERMGQR
VLQIVQLVRTLSFHQENHALLASNRTLWRYLVMGANVRWSNIHIQALETAGNLAQQFELLDPTTDELSRNLLATLCEGIDSNDRAVIMSCLEILY
KLCGREGNSQHINRCLGLDFYQRAMLLLSLTDVMMIIFTLEAVYALSALGARPCSMLMQVRGLIDQLVTLITVEAQSYGTGGCILMRVVEVFPGN
MAASLAQNMPAILAPGPTSLTTLPTSLQVAVKPPAVLPTPTPAQTQVLPHGEQTPLVTALPGLPMPSLPQVQLPVPSLPQVQLPPIAATVTLPSL
PSASQSFTHEDEQYALAWLGATYERAGNGNDLRVEQAELYRIYLSHCQKAGKLSVVNHMQFPRLVRLIFNQSVGPVIVRHLDGIELPGTYYVGIR
MRAQPLAMQQRPTPSIVPVKKDTPILPKQPFSDPVQTEVASEESVSSAVTPPPSSSLIKSLLANKVTERQQKQKAQAQTPQPPALVATTASGTNA
TQPIKVTSTAISAFVNNPLMQHTPVKVGQTTIKPLHPQMAIEKKPITDSAPPPLAPLSGANVVTKDASGRTLIIASAAAKRKLTIDEEQNKRLAL
DAAASSSSSSSSGGKEEAQVTPSKNAANLYADLAASILEDEDMDDVPPLAKPSQESQQHPQQAQQLQLIPAKVQPTQRQLVFPGSNVVSPAPHS
QLKLATTATIKTDQGLQTVPVILQPKTAMDSTPAPQTQYVLATNQQGQTYLVAQQPTIPTSTQSAPPTLLVTQTPQQQTKTIIILQQPGGVSAAN
VAGTQKMIMTTAQGQQVLVTTTTAPQLAQPRTSTPQQQIFIAPQRPVPALGAGQMSPSLLSQLNQIPATIKLHQPQPQPQLVSPQLAPQQRLVAA
KPGASLPIPQLQQHQSIIQQHIISGPSTPTSTVGGTVGGEKRQVILGGIKETTLITQTSATPAPLQQSQLNSQTIITQSPTSTAIVGGVALQQQH
HIRSVLDQQQQHHPSIIQQKITMPAISEATKPKIAPVPVSPTVTLLAKKPAPPQPAQVSSPKPSVTQAVVVTTSGTSDSTEGGKTVVLATSEAKP
AESEVVAQTVVPPAVVTTGPSSSSLVVSQSVYAASGPNANPTPSPMPVDANWLYICDWRNCPRKKFKSLNELQYHVCSVHCPDHLDSDADIYCQW
GSGPNFCDNRARKRYSLMTHLIDRHLTTENLRASVQRRLATGIHNVAPTQAPVTIVRNEGHAQRLAGGATGSPSGPASAVPVVGSAAMQAMNRHT
TDYTNAKELMDENEGPVTKSIRLTAALIIRNLVTYSATAKRSLKRYESRLANVAFSNVEASGVLSHIMYELSQ*
(SEQ ID NO: 255)

Classification: DNA_binding
Gene Symbol: BcDNA:GH12174
FlyBase ID: FBgn0027541

Celera Sequence No. : 142000013384103
GTGGCCGCAGTGGACTTGCTTCTCCTTCAGGATCTTCGCCACCTGGCGCGTCTTCAGAGCCAACCAAGCCAATGTGCGCTCTTGGTTGTACTTGT
AGAACTTCTGTTCGCCAGAGCTCTTCACATCTGCCACGCATTTAAGGTTCCCTGGGTCGAGGATCTCGTTAAGCAGACGACTGGTGCTGGCCTCC
TCCACGGCAATGTTGTCCAGCGATATTGCTCCTGATTGTGGTTAAAGATTTTCAAGAATACAATAGTATAGTATACCATCGAAAGCGAATGATAA
TATCTTACTTTGCGCACAATGTTTTCGGAGGTGATGAAGAGCCAGGAACGTGGGATCCACGGGCGCGGTCATGTAGATTCTGCCGTTGGAGCAGA
CCTCGCTGTCCACGAACCAACTGCGTCGGGGTTCCGTGAACGCCACCAGCTCCATCATTCTGCCATCGGGATGGGTTATGAACAGTGCCTCCTTG
CCATGTCCGGGATGGAAAAACATCTCCAGCCGAAGGTGTCCGTCGTCCGCATCTTTGGGCAGCAGTTCCTCCGACATGAAGAACACCTTCTTCAG
TGCCGAGGCCTTGCACATCTTGGCAGATCCCTCCGCATCCGGATCAGCTTTTGGTTTTCTCGCTCGCGTTTCCTTTTTGCCCATTTTCTCGAATA
ACTTGCCAAGCGTGAAGCAAAAGTCAATAACTGTGGACCGAACCAAAACAAACGATTTGCCGCCTTTTTGGTTATTGATAGAAGTCTATCGATTA
ATTTTGGTATTTTATATAGTCTGCTAATTTTAACTTGTTCCTATAAACTATTTTATCTATTTTATGCCAAATAGAAGAGCTTAAAAATTAAATAA
TCTCTGCCACTAACGTCCGCATCTTAATATTGCAACTAGTCTAAAATGGGTATTAACTTTGATTGAGAAGCGCGGTCACATTGCTTGAACAGATG
TTCACAGTGATGAAATTGTTTACAACAGTATATTGTTTTTAAACAACAAAATGAGCGTAGATATAGCCAGCACGATCAAGTTCCGGGATATTTGC
AGCCTGTTCGAGAAGATTAAGGCCACGCAAAAGGTGGCTAACAAGGAGGAGGTCCTCAAGAGCTACTACGAGTCCTTCTGTCGCCACCGCGAATC
CTTTCGCCGGCAAACCGGATTAAACAACGACCAGCCGGAGGACGGTGCCAGTAGCTTCTATTCCGTGCTGCGACTGCTGCTTCCGGGTGCGGACA
CTGGTCGGGATACCTATGGATTGCAGATCACCGCGCTGGGCAGGCTCTACATCAGGGTGCTCCAGCTACCCACGGACTGTGAGTGCAGAAACGTA
TTGGCAATGGCATTTAGGCTTATTTAGAATCTCTTTGTTGTCTCTACTAGCCAGCGATGCCATCAGGCTGCAGCACCGCAACGGAAACATGTACC
GGGACTACGGTGATGTTGTTTATTCCGTGCTTAAGCCAAGGTGCTTTAATCCGCCCAGCAATTTGAGACTGAAAGAAATCCATCAGATGCTGGAC
ACCATTGCCAACGAGGACACAGAAGGTGGGCGCTTTTAAACTGATCTGAACGACTGAACGTCTTAATGAGACCGCTCTTTGCAGTTAAGCAGCAG
CAACTCATCCGGTTTACGGAGCAGGCCTCGCCTGAGGAACAGAAGTGGCTAATTCGGTTGCTGCTTAAGAGCCTCGGGCTGGGGATCGGTGAGCA
AAAGATTTTCGGTGTGCTGCACCCCAAGGCGCAGGATATCTACCAGCGCTGCTCCGATCTGGGACATGTGTGCAATCTGCTGGCAGACCGAACCA
CCGACCTAGACGCCAGCAGCAGCAAGGACAGCAAGGCGGCGGTCAAGTTTGTAAACCTGAATTCCGTCATACGGCCATTCCACCAGATACGTCCC
ATGCTGTGCGAACGATTCCCCGGTGACATCCAGGAGCTGATGCAGTCGGATGTGCTCTATCTGGAGACCAAAATGGATGGCGAACGCTTTCAGCT
GCACATCGATCGGGGTCGTTTCATGTACATTTCCCGCAATGGAGTGGACTACACCAGAAACTTTGGTCACAGCTACGATCACGGCACCTTAACGC
CAAAGCTGAGGGGACTTCTGCCGCTGGGTCTGGAGTCTATCATACTCGACGGCGAGATGATGGTGTGGGATACCAACAAACTGCGCTTTCGGGAA
AAAGGCGAGAATACGGACGTGAAGAGCCTGAAGCCGGAGGGCAGCTGGCAGCCATGTTTCGTGGTGTACGATCTGCTATATTTTAATGGCCAGAG
TCTGCTGGACCATACCTACATTCAGCGGGCGTACAAATTGCAGAAACTCATAGTTGAACAGTCGGGTGTGCTGCAGTTGATGCGTGCACGCAAAA
TCGGTTCCGTTCAAGAGTTCAACGAGCTGTTCCAGCAGGCACTCGACTCCCACGCCGAGGGCATTGTGCTAAAGAAGCAGGGATCAAGATATCAG
CCTGGCGTTAGACTGGGCGGTGGGTGGTACAAGGACAAGGCTGATGTGAGTAGAGTCATTTTTAAGTAGAGTGCTTTAATATGAACTCACTTCAA
TTTTCCAACCAGTACATCAAAGGGCTGATCACCGAGTTCGATGTGCTGATCATCGGGGCATTCTACAATCGCAAGCGCACCTTTGTGGACTCATT
TTTACTGGGCGTTCTCCAGCCGGCGCCGCCAGGCAGCTCTAATCGTCCCGAAGTCTTCAGTATTGGAGTGGTTGCCAACAATACGAAACAGCGCG
GAGTGCTAAATCACACACTGAAACCACATTGGCATGATGTAGTCAATGAGCCACCGCCATTGTGGTTTCACTACAAGCCCAAGGAGAGGTCCGGA
TGCCCCGATCTGTGGATTGAACCGCAGAACTCGGTAATTTTGCAGGTGAAAGCTGCTGATCTGGCGCCCAATGGAGCATTTTTCACCCGAAAATC
GTTGCACTTTCCGCGCACTGAGATGAAACGGGATGATAAGACCTGGAGCGAGTGTATGACACTTAAGGAGTTTAACGATCTCTGCGGAGGTCCTT
TGGCCATCAAGAAGTTAAACAAGCGGCAACTGCGACTAGAGGATGTGACCACCAAGCGGAAACAGATGCGTATGACGCCCTCGGAGCGAAGCCGA
CTGGGATTGGCCGTCTATGAGAAGCGCTATGACGCTAGCACCTCCGCTAGCACTTCCAAACTTTTCGACGGTCTGAGCTTTTGCATTCTGAGCGG
ATCTGCCGGACGACACAGCAAGCATCAGCTGCAGGAGCTGGCTGTTAAAAACGGTGGCTGCATCGTGGAAAATCCCCTGCCCAATGATCCAAAGT
GTTTTTGCATCGCAGGCGATGAGACGTTTTTAGTTAAGCGGCTCATCCTTCAACAGCCACGCACCTGTGACATTGTGCGCATGGAGTGGCTACTT
AGGGTCTGTCAGAAGCAGGAGCTTGAACTAAAGCCTAGAGATCTTATTGCGGCCACTGAACCACTGCAGCAGGATCTGGCTGAATGTTTTGATCG
GCACGGTGATAGCTACACCAAAGACATTGCCAACGTGGAGGAGCTGCAGGATCTGCTTCAAGGCATTGAGTTGACAGCTGATAATGTGGCTGGCA
TAACCGCATCTAATCTCAATGCTCTGGAGGATCAGCTTCTGGATGGGAAAAAGAATCTGAACATGTTCCGCAACCTTAATGCGTTCTTCTACAGT
CCGCATGGTGATGAAGTGGCTAAGCTTCTGTTTCTTCAAAACGGCGGCCGGATAGTCGACGATTCCGATCCGCAACTAAATCTGGGATTTATCTG
TATGTCTTCTGACATCGATAACGACCACTTCGAGCACTGGCTGCACAATCATTCCAAGTTGACCACTGACAAGGTCTTAAACTCGGCGTGGATAC
ATCAGTGCCATCGCGAAGGCATCCTACTTCCTATGCATTCTTTCGTCTAACTCAATGAGTTTTTCACGCTTTATAGTTTTGTACAAAAATTACCT
GTTATCCTTGTTATAAAATTGTTGTTTCATTGACATTTTTCTTACCATAAAAAGCTTTAAACAGAAGTCATTCCGAATTTAATGTTATATCAAAA
AGATTTTCATGGATAATTTGCTTCAATAAAGTGAAACATAGAATAACAATAGTAGAATGACAATAAGTACGCAAAAAAGTTATTTTTCAATGATT
TCGTTTTTTATTCACATAAAAAGAGATAACGAGCAGAATAGTATTGTTTCCGTTGGGAGGATTTTGGACAAGTTTTGGGGTAGTGTGGATATGGAT
ATTAGGATCGTTATTTCGCCAATTGATACGTTTGACAGTTCGGTTACAAAGTTCAGGGAGTTCTCTTCGGGATTTTCATTGGTTTATCGGTTCTG
CACTTTGGGCAATAAGAACATCAAAAATACATTTATTTTATTCATTGTAAAGTTAGATATATGTTTGTATATATATAACATAAATAATGTATATA
TAGGTGTATAACATTTAACACTAACAATTCTTAAGCGCGAGCTCTTCGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTATTTCTTTCTCTGTCTCTCCA
TCTCACTTGCACCTACTAACGCTATCTCTGTCGTTCATTGACTTGACTTTAATTTAATGAGGAATATGCAATCTCTGAGATTGTTTAA
CACATTTATCGACTCTATGAACATATAGATTACGTATGTCAATCAAATTGTTTAAAATTTACCAAGCTAATATCAACAAAAAAAAAAAAACTTTA
TAGTTTAAGTTTCTCAGTTAGTTCGATTCATGGGAGTGGGCAAAATTCGTGGTTGGAATATTTGTTGATGTTTATACATAAATAGTTGGGCTTGG
GCATACAAATGCAGAGTACTCTCGATCTTGATCTTTATTTGTGGGTATAACAATCGGTATACTAAACTTAGTCGTTACTTTTCAATGTTGTTTGG
TTGTGGGTTTGTTCTCTTATATTTTCACTTTTGTGTTTCTTATTCCGGCATGGTAAATAGGTTACAACGCTACACATAACAACTATCAACATTTA
GGGTATGCATAATAATAGCGATATCATAATAATAATAATAATAATAATAGTAATAACATCAGTTACAACTTTATTTGTGTGTGTTCGTCGTT
CCTTCAATATAATTGAAAATA
(SEQ ID NO: 256)

Exon: 1001..1313
Exon: 1381..1545
Exon: 1605..2515
Exon: 2578..4151
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT9161
ATGAGCGTAGATATAGCCAGCACGATCAAGTTCCGGGATATTTGCAGCCTGTTCGAGAAGATTAAGGCCACGCAAAAGGTGGCTAACAAGGAGGA
GGTCCTCAAGAGCTACTACGAGTCCTTCTGTCGCCACCGCGAATCCTTTCGCCGGCAAACCGGATTAAACAACGACCAGCCGGAGGACGGTGCCA
GTAGCTTCTATTCCGTGCTGCGACTGCTGCTTCCGGGTGCGGACACTGGTCGGGATACCTATGGATTGCAGATCACCGCGCTGGGCAGGCTCTAC
ATCAGGGTGCTCCAGCTACCCACGGACTCCAGCGATGCCATCAGGCTGCAGCACCGCAACGGAAACATGTACCGGGACTACGGTGATGTTGTTTA

TTCCGTGCTTAAGCCAAGGTGCTTTAATCCGCCCAGCAATTTGAGACTGAAAGAAATCCATCAGATGCTGGACACCATTGCCAACGAGGACACAG
AAGTTAAGCAGCAGCAACTCATCCGGTTTACGGAGCAGGCCTCGCCTGAGGAACAGAAGTGGCTAATTCGGTTGCTGCTTAAGAGCCTCGGGCTG
GGGATCGGTGAGCAAAAGATTTTCGGTGTGCTGCACCCCAAGGCGCAGGATATCTACCAGCGCTGCTCCGATCTGGGACATGTGTGCAATCTGCT
GGCAGACCGAACCACCGACCTAGACGCCAGCAGCAGCAAGGACAGCAAGGCGGCGGTCAAGTTTGTAAACCTGAATTCCGTCATACGGCCATTCC
ACCAGATACGTCCCATGCTGTGCGAACGATTCCCCGGTGACATCCAGGAGCTGATGCAGTCGGATGTGCTCTATCTGGAGACCAAAATGGATGGC
GAACGCTTTCAGCTGCACATCGATCGGGGTCGTTTCATGTACATTTCCCGCAATGGAGTGGACTACACCAGAAACTTTGGTCACAGCTACGATCA
CGGCACCTTAACGCCAAAGCTGAGGGGACTTCTGCCGCTGGGTCTGGAGTCTATCATACTCGACGGCGAGATGATGGTGTGGGATACCAACAAAC
TGCGCTTTCGGGAAAAAGGCGAGAATACGGACGTGAAGAGCCTGAAGCCGGAGGGCAGCTGGCAGCCATGTTTCGTGGTGTACGATCTGCTATAT
TTTAATGGCCAGAGTCTGCTGGACCATACCTACATTCAGCGGGCGTACAAATTGCAGAAACTCATAGTTGAACAGTCGGGTGTGCTGCAGTTGAT
GCGTGCACGCAAAATCGGTTCCGTTCAAGAGTTCAACGAGCTGTTCCAGCAGGCACTCGACTCCCACGCCGAGGGCATTGTGCTAAAGAAGCAGG
GATCAAGATATCAGCCTGGCGTTAGACTGGGCGGTGGGTGGTACAAGGACAAGGCTGATTACATCAAAGGGCTGATCACCGAGTTCGATGTGCTG
ATCATCGGGGCATTCTACAATCGCAAGCGCACCTTTGTGGACTCATTTTTACTGGGCGTTCTCCAGCCGGCGCCGCCAGGCAGCTCTAATCGTCC
CGAAGTCTTCAGTATTGGAGTGGTTGCCAACAATACGAAACAGCGCGGAGTGCTAAATCACACACTGAAACCACATTGGCATGATGTAGTCAATG
AGCCACCGCCATTGTGGTTTCACTACAAGCCCAAGGAGAGGTCCGGATGCCCCGATCTGTGGATTGAACCGCAGAACTCGGTAATTTTGCAGGTG
AAAGCTGCTGATCTGGCGCCCAATGGAGCATTTTTCACCCGAAAATCGTTGCACTTTCCGCGCACTGAGATGAAACGGGATGATAAGACCTGGAG
CGAGTGTATGACACTTAAGGAGTTTAACGATCTCTGCGGAGGTCCTTTGGCCATCAAGAAGTTAAACAAGCGGCAACTGCGACTAGAGGATGTGA
CCACCAAGCGGAAACAGATGCGTATGACGCCCTCGGAGCGAAGCCGACTGGGATTGGCCGTCTATGAGAAGCGCTATGACGCTAGCACCTCCGCT
AGCACTTCCAAACTTTTCGACGGTCTGAGCTTTTGCATTCTGAGCGGATCTGCCGGACGACACAGCAAGCATCAGCTGCAGGAGCTGGCTGTTAA
AAACGGTGGCTGCATCGTGGAAAATCCCCTGCCCAATGATCCAAAGTGTTTTTGCATCGCAGGCGATGAGACGTTTTTAGTTAAGCGGCTCATCC
TTCAACAGCCACGCACCTGTGACATTGTGCGCATGGAGTGGCTACTTAGGGTCTGTCAGAAGCAGGAGCTTGAACTAAAGCCTAGAGATCTTATT
GCGGCCACTGAACCACTGCAGCAGGATCTGGCTGAATGTTTTGATCGGCACGGTGATAGCTACACCAAAGACATTGCCAACGTGGAGGAGCTGCA
GGATCTGCTTCAAGGCATTGAGTTGACAGCTGATAATGTGGCTGGCATAACCGCATCTAATCTCAATGCTCTGGAGGATCAGCTTCTGGATGGGA
AAAAGAATCTGAACATGTTCCGCAACCTTAATGCGTTCTTCTACAGTCCGCATGGTGATGAAGTGGCTAAGCTTCTGTTTCTTCAAAACGGCGGC
CGGATAGTCGACGATTCCGATCCGCAACTAAATCTGGGATTTATCTGTATGTCTTCTGACATCGATAACGACCACTTCGAGCACTGGCTGCACAA
TCATTCCAAGTTGACCACTGACAAGGTCTTAAACTCGGCGTGGATACATCAGTGCCATCGCGAAGGCATCCTACTTCCTATGCATTCTTTCGTCT
AACTCAATGAGTTTTTCACGCTTTATAGTTTTGTACAAAAATTACCTGTTATCCTTGTTATAAAATTGTTGTTTCATTGACATTTTTCTTACCAT
AAAAAGCTTTAAACAGAAGTCATTCCGAATTTAATGTTATATCAAAAAGATTTTCATGGATAATTTGCTTCAATAAAGTGAAACATAGAATAACA
ATAGTAGAATGACAATAA
(SEQ ID NO: 257)

Start ATG: 1

MSVDIASTIKFRDICSLFEKIKATQKVANKEEVLKSYYESFCRHRESFRRQTGLNNDQPEDGASSFYSVLRLLLPGADTGRDTYGLQITALGRLY
IRVLQLPTDSSDAIRLQHRNGNMYRDYGDVVYSVLKPRCFNPPSNLRLKEIHQMLDTIANEDTEVKQQQLIRFTEQASPEEQKWLIRLLLKSLGL
GIGEQKIFGVLHPKAQDIYQRCSDLGHVCNLLADRTTDLDASSSKDSKAAVKFVNLNSVIRPFHQIRPMLCERFPGDIQELMQSDVLYLETKMDG
ERFQLHIDRGRFMYISRNGVDYTRNFGHSYDHGTLTPKLRGLLPLGLESIILDGEMMVWDTNKLRFREKGENTDVKSLKPEGSWQPCFVVYDLLY
FNGQSLLDHTYIQRAYKLQKLIVEQSGVLQLMRARKIGSVQEFNELFQQALDSHAEGIVLKKQGSRYQPGVRLGGGWYKDKADYIKGLITEFDVL
IIGAFYNRKRTFVDSFLLGVLQPAPPGSSNRPEVFSIGVVANNTKQRGVLNHTLKPHWHDVVNEPPPLWFHYKPKERSGCPDLWIEPQNSVILQV
KAADLAPNGAFFTRKSLHFPRTEMKRDDKTWSECMTLKEFNDLCGGPLAIKKLNKRQLRLEDVTTKRKQMRMTPSERSRLGLAVYEKRYDASTSA
STSKLFDGLSFCILSGSAGRHSKHQLQELAVKNGGCIVENPLPNDPKCFCIAGDETFLVKRLILQQPRTCDIVRMEWLLRVCQKQELELKPRDLI
AATEPLQQDLAECFDRHGDSYTKDIANVEELQDLLQGIELTADNVAGITASNLNALEDQLLDGKKNLNMFRNLNAFFYSPHGDEVAKLLFLQNGG
RIVDDSDPQLNLGFICMSSDIDNDHFEHWLHNHSKLTTDKVLNSAWIHQCHREGILLPMHSFV*
(SEQ ID NO: 258)

Name: DNA ligase
Classification: DNA_repair_protein

Celera Sequence No. : 142000013384500
GGTATACGGCCACTCCGGCAAAGATAAAGGCCAGCAGGACCATGTCAGTCTGGCCTGATATTCTGTTGGTCTCCCTTTGCACTTTTATTCGATCG
TATTTGGCCTGGGCGGCTTGTCTCCGGTCAAATGATTTACCATAGTGATTTCGCGACCACTCGTCGAAGTCATAGATGGGCGTACGGCCCGCAGA
ATCAGATACACGCGATTTCTGAAATCGCGACTTGTAAAACTTAGTCTCCGCATCGTCCTCGACTACGGGTTCCGCTACATCGTGGACATCTTGGG
CATATTGGGCGCCTGCCGTATGTACGATTCCCTTGTCGTAAAGTCGACGCAGCCGGTAATTTCCCAGAATCTCATAAGCCTGATTGATCTCCCGA
AATTTCTTGGCTGCGTTCTCACTTCCTTGGTTCCTGTCCGGATGATAAAGCATCGAGAGCTTATAGTAAGCTGCCTTGATCTCGTTCTGCGTGCA
CTGACGCCTGATTCCCAGTGCGTCGTAGTGGCTCATCTGGTGGCGTTGACTGAGGTAGAGGCCACGCAGCAGAAGCAGAGGTCGCCACAACATTG
GGCTGTGCTGGTACATCTTGGATGTGTTCTTTCGCCCGCTTCACTTGTTTTGGTTTCGTTATATCACATGAAAATTAAAAACAAATCGAATCAGC
TGTTTGAACTTGAACTTGTTCACCCTCGCCATCGTTGTTATCGATAGATCGATAGTATTCTGAACCAATGGTGCAGGTACAGCAAAAAATTAGCT
GAAAGAGGAAAAAGAGCTTGTAATTGATTAATTTATAAAAGATAGATTTTGAAAATATTTACAGAATAAATGATTTTCAAAAAAGTTTTTACAGA
TATATCAGAAAAATATTTGTAATCCCTGGCTTAGTTAAAAATTTAAGACTTTAGTAAAGTTGAAATTCGTCAGCTGTTTGGGCTATGATGAAAAA
AGCAAAACGTAAGCTCCACGGTTCCAGTCAGCTGTTTGGCCGATTCGCTGCGAATGGCAACTGTTGCAACTATTTTGGTTTGAGTCTTCTCAATT
TTTATTTATATATAGAACAGGGCAGCAGCCGGTTCAATAGTCTCACGCAGCGTGCTTGATTTTCCCGCTAAACGCCTGCAACTGTATCTGTGTGT
ATTCGAGAGCGATCGAGAAGTTTCTGGTGGTCGAAATTTAGGCCAGAAGGCACAAAACCGAACTGAATAGTGAGTCATCCGTTAACAATAAAAAG
TTGCAGCTACAGTTTTTGTCTTTTTATACAGAAAATTGTGTAACCATGACAAACACCATCAACAGCGAGGAAGTGTCCGACGCAGGAAGCTACAA
AGATAAGGGCAACGAGGCGTTCAAGGCCTCCCGCTGGGAGGAGGCAGTGGAGCACTATGGCAAAGCCATTAAGGCGGGCTCTAAGCACAAGGAGC
TGGCGGTTTTCTATAAGAATCGTGCTGCCGCTTATCTGAAGCTAGGAAAGTATGAAAATGCGGTAGAGGACTGCACTGAATCTTTGAAAGCGGCT
CCGGGGGATCCCAAGGCACTGTTCCGTAGGGCTCAGGCGTACGAAGCTCTGGAGAAGTTCGAAGAGGCCTACAAAGACGCAACCGCTTTGTTTAA
AGCGGATCCCGGCAACAAAACCGTACAGCCCATGCTCCAGAGGCTTCATGTCGTCGTGGAAGAGCGCTCTGCCCGTAATGCCAAGACATCCACAA
AAGTCAAGCAGATGATGGATCTTACTTTTGATTTGGCCACGCCCATCGATAAGCGTCGCGCGGCAGCCAATAACCTAGTAGTTTTGGCCAAAGAG
CAGACTGGCGCTGAACTGCTTTACAAGGACCACTGCATCGCCAAAGTGGCCTCACTAACAAAGGTGGAAAAGGATCAGGACATTTATGTGAATAT
GGTGCATTTGGTGGCTGCTCTTTGCGAAAATAGCGTCGAGCGTACAAAGGGCGTTTTAACTGAACTCGGAGTACCGTGGTTCATGAGGGTTCTCG
ACCAAAAACACGAGAACTGTGTGTCCACCGCCCAGTTTTGCCTACAAACAATATTGAACGCATTGTCTGGGCTTAAGAACAAACCCGATTCGAAG

CCGGAGAAGGAGCTGTGCACTAGGAACAACCGGGAAATTGACACTCTCCTAACATGCCTAGTTTATAGTATCACGGATCGCACGATTTCTGGAGC
AGCTAGGGATGGCGTTATTGAGCTTATAACCAGGAATGTCCACTACACAGCTCTAGAATGGGCCGAACGCCTGGTTGAGATCAGGGGACTGTGCC
GTCTGCTGGATGTGTGCTCCGAACTGGAGGATTATAAGTACGAGAGTGCAATGGATATCACAGGCTCATCATCCACAATTGCATCCGTTTGTCTG
GCCCGGATATATGAGAACATGTACTACGATGAAGCTAAGGCACGGTTCACGGACCAGATCGACGAATACATTAAGGACAAGCTTTTGGCGCCTGA
TATGGAATCCAAGGTGCGGGTCACCGTTGCGATTACTGCCCTGCTTAACGGTCCATTGGATGTGGGCAATCAGGTTGTGGCCAGAGAAGGTGAGT
TCTGTTATTGGATTTAGAAAATGGTACTTAATTAATGGTGAAATTTGTAACAGGAATACTGCAGATGATTCTAGCAATGGCTACGACCGACGATG
AGTTGCAGCAGCGAGTATCATGTGAGTGCCTAATCGCCGCTTCCTCTAAAAAGGACAAGGCCAAGGCTCTTTGTGAGCAGGGAGTAGATATTTTA
AAGCGGCTCTACCACTCCAAGAACGATGGTATTAGAGTACGCGCCCTGGTGGGTCTTTGCAAGCTGGGTAGCTACGGCGGTCAGGACGCGGCCAT
CCGACCATTTGGCGATGGAGCTGCCCTTAAGCTGGCGGAGGCATGCCGTCGGTTTTTGATCAAACCTGGAAAGGATAAGGATATCCGTCGTTGGG
CTGCCGATGGTCTGGCTTATTTAACACTGGATGCTGAATGTAAGGAGAAGCTCATTGAGGATAAGGCTTCCATTCACGCTTTAATGGATTTGGCC
CGCGGAGGAAATCAGTCCTGTCTCTATGGTGTGGTCACTACTTTTGTGAATCTGTGCAATGCGTATGAGAAGCAGGAGATGTTGCCTGAGATGAT
AGAACTTGCCAAGTTTGCTAAGCAACACATACCGGAGGAGCACGAGCTGGACGACGTAGATTTCATCAATAAGCGTATTACTGTGCTGGCAAATG
AGGGCATAACAACTGCTCTTTGTGCACTGGCGAAAACTGAAAGCCACAATTCACAGGAGCTGATTGCCAGGGTTTTGAATGCGGTTTGTGGACTG
AAAGAGTTGCGAGGAAAAGTGGTTCAAGAAGGCGGCGTTAAGGCGCTGCTTCGTATGGCGCTTGAGGGAACTGAGAAAGGAAAACGCCATGCTAC
CCAGGCGTTGGCTAGGATTGGCATAACCATTAATCCGGAAGTATCTTTCAGTGGCCAGCGATCGCTTGATGTAATCCGTCCTTTGTTGAACCTTT
TGCAACAGGACTGCACAGCGCTGGAGAATTTTGAGTCGCTAATGGCACTCACCAATCTAGCCAGCATGAACGAGAGCGTGCGCCAGAGGATTATC
AAGGAGCAGGGGGTCTCCAAGATAGAGTATTATCTGATGGAGGACCATCTGTACCTGACTCGTGCAGCTGCCCAGTGTCTGTGTAATCTGGTTAT
GAGTGAGGATGTCATTAAAATGTTCGAGGGCAATAACGACCGAGTGAAGTTCTTGGCGCTTCTCTGCGAGGATGAGGACGAGGAGACCGCAACAG
CTTGTGCCGGAGCTCTGGCCATTATTACTTCAGTGTCTGTCAAGTGCTGTGAGAAGATCTTGGCCATCGCCAGCTGGCTGGACATTCTGCACACT
CTGATCGCCAATCCCAGTCCGGCGGTCCAGCATCGAGGCATTGTGATTATTCTAAACATGATCAATGCTGGAGAGGAGATCGCCAAAAAGCTGTT
TGAAACGGACATTATGGAACTGCTGAGCGGTTTGGGGCAGCTGCCCGATGACACGCGTGCCAAGGCCCGAGAGGTGGCCACCCAGTGCCTGGCGG
CGGCGGAGCGTTATAGGATCATCGAGCGGTCCGACAACGCGGAAATCCCCGATGTGTTTGCCGAAAATTCGAAAATATCTGAGATTATCGATGAT
TAAGCGAAATTCGTTTGTAGTGCCTTTTGTTTTTCCTCCATTTCATCTTCTTTACTTTACTCACAGTGTCATCGCGAAATTTAACTTATTTTTCA
AAATATCAAATGTACTTAACTGTTTTATAAATATTGTTCGAATTTATTTCGTTTTTAAAGGTAGTTTGTTTTATTCCTTAGTGGGTAATATAATA
TATTATTTAGTTATTTCATGAATACGCGATTTTTTAATTTAACTAATTTAATACAGACCAAGCCTAATCCAAGCCTAATTGCTGCGGCCTAATGT
GATTTGGATTGTAATATGGATGGCCACTAGGATGGCCTAGTGTTTTCCCACCGACTCCATTTTCCCCGGTGCACTGCCTCGGTACGTTTTCTATT
CATTGCCACACATTAGTCGCCAGCTCGAGGTAGCTGACTTCCTCTAATGCAGAAGATGCTTCTGATGCGGCAGTGTTGCAGTGTCAGGTAGCCGG
GAATTCCGAGCCGAGCATCTCTTCCAGCTGATTGCTCAATCTCAATGAAGTGTGATTAAATAAATAATAGTTGCTTTAATTTAGTTTGGCTCAGC
GCAGTGGGAAATGGCCGAGGGTTTCGGTTGCTATGATTCGGTTGCCATGACTTAACGGCATTTATTCCGAAATCCATCCCGCTTTTTGTCTTTGG
CCATTTGGCATTCCTTTTCCCGCGATTATTTCGCATTTTCCTCTTCTCCTTAAACCATATACTGTGCTCAATTTGACCAATATAAATAACGTGGT
TAGAAGGTAAAGTAATGAGGAAGATGAATTCTTCAGGACCCTTATATGCTAAAGGGATATAAGCTGAAATAAAATATGTTGATGTAAGACCCCAG
AAGGAAACAAACTAATGCTTGGCAATATATTTAAAAAATTGGTGTATAAAAACAATTAAGTTAGGGGAATAAACATTTTAAAAAATGGTAAAAAA
AGACATTTTAAAAAATGTAAAAAGGATATTTCCGTGGAAATATATTAGCAAAT
(SEQ ID NO: 259)

Exon: 1001..1209
Exon: 1267..2559
Exon: 2619..4183
Start ATG: 1281

Transcript No. : CT9235
CGAATGGCAACTGTTGCAACTATTTTGGTTTGAGTCTTCTCAATTTTTATTTATATATAGAACAGGGCAGCAGCCGGTTCAATAGTCTCACGCAG
CGTGCTTGATTTTCCCGCTAAACGCCTGCAACTGTATCTGTGTGTATTCGAGAGCGATCGAGAAGTTTCTGGTGGTCGAAATTTAGGCCAGAAGG
CACAAAACCGAACTGAATAAAAATTGTGTAACCATGACAAACACCATCAACAGCGAGGAAGTGTCCGACGCAGGAAGCTACAAAGATAAGGGCAA
CGAGGCGTTCAAGGCCTCCCGCTGGGAGGAGGCAGTGGAGCACTATGGCAAAGCCATTAAGGCGGGCTCTAAGCACAAGGAGCTGGCGGTTTTCT
ATAAGAATCGTGCTGCCGCTTATCTGAAGCTAGGAAAGTATGAAAATGCGGTAGAGGACTGCACTGAATCTTTGAAAGCGGCTCCGGGGGATCCC
AAGGCACTGTTCCGTAGGGCTCAGGCGTACGAAGCTCTGGAGAAGTTCGAAGAGGCCTACAAAGACGCAACCGCTTTGTTTAAAGCGGATCCCGG
CAACAAAACCGTACAGCCCATGCTCCAGAGGCTTCATGTCGTCGTGGAAGAGCGCTCTGCCCGTAATGCCAAGACATCCACAAAAGTCAAGCAGA
TGATGGATCTTACTTTTGATTTGGCCACGCCCATCGATAAGCGTCGCGCGGCAGCCAATAACCTAGTAGTTTTGGCCAAAGAGCAGACTGGCGCT
GAACTGCTTTACAAGGACCACTGCATCGCCAAAGTGGCCTCACTAACAAAGGTGGAAAAGGATCAGGACATTTATGTGAATATGGTGCATTTGGT
GGCTGCTCTTTGCGAAAATAGCGTCGAGCGTACAAAGGGCGTTTTAACTGAACTCGGAGTACCGTGGTTCATGAGGGTTCTCGACCAAAAACACG
AGAACTGTGTGTCCACCGCCCAGTTTTGCCTACAAACAATATTGAACGCATTGTCTGGGCTTAAGAACAAACCCGATTCGAAGCCGGAGAAGGAG
CTGTGCACTAGGAACAACCGGGAAATTGACACTCTCCTAACATGCCTAGTTTATAGTATCACGGATCGCACGATTTCTGGAGCAGCTAGGGATGG
CGTTATTGAGCTTATAACCAGGAATGTCCACTACACAGCTCTAGAATGGGCCGAACGCCTGGTTGAGATCAGGGGACTGTGCCGTCTGCTGGATG
TGTGCTCCGAACTGGAGGATTATAAGTACGAGAGTGCAATGGATATCACAGGCTCATCATCCACAATTGCATCCGTTTGTCTGGCCCGGATATAT
GAGAACATGTACTACGATGAAGCTAAGGCACGGTTCACGGACCAGATCGACGAATACATTAAGGACAAGCTTTTGGCGCCTGATATGGAATCCAA
GGTGCGGGTCACCGTTGCGATTACTGCCCTGCTTAACGGTCCATTGGATGTGGGCAATCAGGTTGTGGCCAGAGAAGGAATACTGCAGATGATTC
TAGCAATGGCTACGACCGACGATGAGTTGCAGCAGCGAGTATCATGTGAGTGCCTAATCGCCGCTTCCTCTAAAAAGGACAAGGCCAAGGCTCTT
TGTGAGCAGGGAGTAGATATTTTAAAGCGGCTCTACCACTCCAAGAACGATGGTATTAGAGTACGCGCCCTGGTGGGTCTTTGCAAGCTGGGTAG
CTACGGCGGTCAGGACGCGGCCATCCGACCATTTGGCGATGGAGCTGCCCTTAAGCTGGCGGAGGCATGCCGTCGGTTTTTGATCAAACCTGGAA
AGGATAAGGATATCCGTCGTTGGGCTGCCGATGGTCTGGCTTATTTAACACTGGATGCTGAATGTAAGGAGAAGCTCATTGAGGATAAGGCTTCC
ATTCACGCTTTAATGGATTTGGCCCGCGGAGGAAATCAGTCCTGTCTCTATGGTGTGGTCACTACTTTTGTGAATCTGTGCAATGCGTATGAGAA
GCAGGAGATGTTGCCTGAGATGATAGAACTTGCCAAGTTTGCTAAGCAACACATACCGGAGGAGCACGAGCTGGACGACGTAGATTTCATCAATA
AGCGTATTACTGTGCTGGCAAATGAGGGCATAACAACTGCTCTTTGTGCACTGGCGAAAACTGAAAGCCACAATTCACAGGAGCTGATTGCCAGG
GTTTTGAATGCGGTTTGTGGACTGAAAGAGTTGCGAGGAAAAGTGGTTCAAGAAGGCGGCGTTAAGGCGCTGCTTCGTATGGCGCTTGAGGGAAC
TGAGAAAGGAAAACGCCATGCTACCCAGGCGTTGGCTAGGATTGGCATAACCATTAATCCGGAAGTATCTTTCAGTGGCCAGCGATCGCTTGATG
TAATCCGTCCTTTGTTGAACCTTTTGCAACAGGACTGCACAGCGCTGGAGAATTTTGAGTCGCTAATGGCACTCACCAATCTAGCCAGCATGAAC
GAGAGCGTGCGCCAGAGGATTATCAAGGAGCAGGGGGTCTCCAAGATAGAGTATTATCTGATGGAGGACCATCTGTACCTGACTCGTGCAGCTGC
CCAGTGTCTGTGTAATCTGGTTATGAGTGAGGATGTCATTAAAATGTTCGAGGGCAATAACGACCGAGTGAAGTTCTTGGCGCTTCTCTGCGAGG
ATGAGGACGAGGAGACCGCAACAGCTTGTGCCGGAGCTCTGGCCATTATTACTTCAGTGTCTGTCAAGTGCTGTGAGAAGATCTTGGCCATCGCC
AGCTGGCTGGACATTCTGCACACTCTGATCGCCAATCCCAGTCCGGCGGTCCAGCATCGAGGCATTGTGATTATTCTAAACATGATCAATGCTGG

AGAGGAGATCGCCAAAAAGCTGTTTGAAACGGACATTATGGAACTGCTGAGCGGTTTGGGGCAGCTGCCCGATGACACGCGTGCCAAGGCCCGAG
AGGTGGCCACCCAGTGCCTGGCGGCGGCGGAGCGTTATAGGATCATCGAGCGGTCCGACAACGCGGAAATCCCCGATGTGTTTGCCGAAAATTCG
AAAATATCTGAGATTATCGATGATTAA
(SEQ ID NO: 260)

Start ATG: 224

MTNTINSEEVSDAGSYKDKGNEAFKASRWEEAVEHYGKAIKAGSKHKELAVFYKNRAAAYLKLGKYENAVEDCTESLKAAPGDPKALFRRAQAYE
ALEKFEEAYKDATALFKADPGNKTVQPMLQRLHVVVEERSARNAKTSTKVKQMMDLTFDLATPIDKRRAAANNLVVLAKEQTGAELLYKDHCIAK
VASLTKVEKDQDIYVNMVHLVAALCENSVERTKGVLTELGVPWFMRVLDQKHENCVSTAQFCLQTILNALSGLKNKPDSKPEKELCTRNNREIDT
LLTCLVYSITDRTISGAARDGVIELITRNVHYTALEWAERLVEIRGLCRLLDVCSELEDYKYESAMDITGSSSTIASVCLARIYENMYYDEAKAR
FTDQIDEYIKDKLLAPDMESKVRVTVAITALLNGPLDVGNQVVAREGILQMILAMATTDDELQQRVSCECLIAASSKKDKAKALCEQGVDILKRL
YHSKNDGIRVRALVGLCKLGSYGGQDAAIRPFGDGAALKLAEACRRFLIKPGKDKDIRRWAADGLAYLTLDAECKEKLIEDKASIHALMDLARGG
NQSCLYGVVTTFVNLCNAYEKQEMLPEMIELAKFAKQHIPEEHELDDVDFINKRITVLANEGITTALCALAKTESHNSQELIARVLNAVCGLKEL
RGKVVQEGGVKALLRMALEGTEKGKRHATQALARIGITINPEVSFSGQRSLDVIRPLLNLLQQDCTALENFESLMALTNLASMNESVRQRIIKEQ
GVSKIEYYLMEDHLYLTRAAAQCLCNLVMSEDVIKMFEGNNDRVKFLALLCEDEDEETATACAGALAIITSVSVKCCEKILAIASWLDILHTLIA
NPSPAVQHRGIVIILNMINAGEEIAKKLFETDIMELLSGLGQLPDDTRAKAREVATQCLAAAERYRIIERSDNAEIPDVFAENSKISEIIDD*
(SEQ ID NO: 261)

Classification: chaperone

Celera Sequence No. : 142000013383999
CGTTGGAAAAGCAAAGAAGCAACAAAAAAAAAGACCGCAATTTGCCTTTGCAATTGGAAAATTAACAAACAAAACTCAAAAGTCAACACAACTTAT
GCCGCGTTCTCTTGCCTTTCGCGTTTATTATTTTTTAAAAATAAATACGTACTCGCGATGAGCACGAAAACAACCGGACCGCTACCGTCGACTAA
TATTTTGTTATTAACTATTTCCGCTGCACTTTTGTTTTAAATACTTCGGCCAAACACACAAAATACAACACATAAAGCGCAAAACAACAAAAAAC
ACACTGCCCACACGCACACAAAGAGAGCGCGAGAGCGCGCCAACCAAGTAGCGATAGATAAGAGAGAGAGAGAGAGAACTAGTTCCAGTGAAATC
CAAGCATTTTCTAAATTAAATGTATTCTTATTATTATAGTTGTTATTTTTGATATATATAAACAACACTATTATGCCCACCATTTTTTTGAGATG
CATCTACACAAGGAACAAACACTGGATGTCACTTTCAGTTCAAATTGTAACGCTAATCACTCCGAACAGGTCACAAAAAATTACCTTAAAAAGTC
ATAATATTAAATTAGAATAAATATAGCTGTGAGGGAAATATATACAAATATATTGGAGCAAATAAATTGTACATACAAATATTTATTACTAATTT
CTATTGAGACGAAATGAACCACTCGGAACCATTTGAGCGAACCGAATCGCGCGGAACTAACGACAGTCGCTCCAAGGTCGTCGAACAAAAGGTGA
ATGTGTTGCGGAGAGCGGGTGGGAGACAGCGAAAGAGCAACTACGAAACGTGGTGTGGTGGAGGTGAATTATGAAGAGGGCGCGCGATTTGAAAA
GTTTGTATATAAAAAATATATCCCGGTGTTTTATGTAGCGATAAACGAGTTTTTGATGTAAGGTATGCAGGTGTGTAAGTCTTTTGGTTAGAAGA
CAAATCCAAAGTCTACTTGTGGGGATGTTCGAAGGGGAAATACTTGTATTCTATAGGTCATATCTTGTTTTTATTGGCACAAATATAATTACATT
AGCTTTTTGAGGGGGCAATAAACAGTAAACACGATGGTAATAATGGTAAAAAAAAAAACAAGCAGTTATTTCGGATATATGTCGGCTACTCCTTG
CGTCGGGCCCGAAGTCTTAGAGCCAGATATGCGAGCACCCGGAAGCTCACGATGAGAATGGCCAGACCCACGTAGTCCAGCGGCAGATCGGCGGC
GGAGAAGTTAAGCGTCTCCAGGATGACCTTGCCCGAACTGGGGCACGTGGTGTTCGACGATGTGCAGCTAATTTCGCCCGGCTCCACGTCCGCCC
ATTGGTTAATCAGCAGACCCTCGTTGGCGTAACGGAACCATGAGAGGTACGACAACCATTTGAGGTATACTGGCACCGAGCCCGAGTTCAAGAAG
AAGCCGCCAAAGAGCAGGAATGGTATGATAACCGGCGGACCCACAGACAGCGCCATCGAGGTCGAGGAGCTGGCGCAGGATATTAGATATCCGAA
GGACGTTGACACATTGGCCACCAGAGTGACCAGCGCCAGGCAGTTGAAGAAGTGCAGCACTCCGGCCCGCAGTCCGATCATCGGATAGGCAATCG
CCGTGAAGACCAGTGGCACTGTGAGAAAAAGCGGCAATTCGGCAATCGTTTTGCCCAGAAAGTATGTGTCACAGCGATAAAGTCGACTTCGGGCC
TCCCTCATAAAAACTGGCAGCTCTGAGGTGAACACCTAAATCGAATCGATTCATTAGAAAGTTAGTAAATTATTGAAATGCAAATGTATTCTAAA
CATGACTTACATTTATCGTGGCAAAGACGTTTTGAAAGGTCATGTTGGTCAGGAAGAGGAAGATGGCTCCGTTGATATTCATCACACCCACTTGC
GTGAGTTGTTGGCCCAAAAAGATGAGGCCAATCAAGATGGCAACCATCTGCAAATTAAAATGTTACTCGCATCTCATTAATATTCGCGAGTTAAA
TGAAATTTATTTATCTTCTGCAAAACTATAAACTATACATCTCATTGAAAAAAACTAAGAAGGGTGTGGAATCAGGCAATTCTATCTAAAATCTA
GCGAATTTGTTTCCAAGAATTGTAAGCGTTATATCATTTGTTTCCACTGGAACCACTCACCGTTGTCTGAATAAGTCGCACTTTTACGAGGAGTG
GTTCCTTGAGCACCGACAGCCAGGATCGCCACAGGACCGCCCGGAACTGCATGAACCAGGTGGCCTTGTAGGTGTACCCATTCTCCGGCTGCTCC
AGTGGCTTCTCCAGATTTTTGGTGGCCAACAACTGCTCCATATCCCGGGCTACTTTGCTAATGGCAAAATTGTCGCATATCTTGGCGATCCGATC
ACGGGACTCGATCTCCCGTCCGGGCACAACGGCCAACACCTGTACGTAAAAGTCCGCCGGATTGTAGTTGGTAGGACACTGGGCACCCACGCTGG
ATAGGAGTTGAGATGTTATGTAATACTAGATACCCTTAATAAACACATCGAACTCACTAGGAAAAGAAGTCGACGGCTTCGCTGGGAGTGCCCAA
GAAAGCTACCCTGCCCTCGGCCATCAGAAGGATCTTGTCAAAGAGCTCAAACAGCTCGGAAGACGGCTGATGAATGGTCAGGATGACGGTCTTGC
CCTTCTGCGACAGCTTCTTCAGCACCTGGACGACGCTGTGGGCGGTAAAGGAGTCCAGTCCGGAGGTGGGCTCATCGCAGATCAGAAGCGGCGGA
TCGGTTAGAGCCTCGGAGGCGAATGCCAGACGCTTCCTTTCTCCGCCGGACAGACCTTTCACCCTGCCGGGCACACCGATGATCGTGTGCTGACA
TTTGCTGAGCGAAAGCTCCTGGATCACCTGATCCACGCGGGCCACTCGCTGCCGATAGGTCAGATGTCGTGGCATCCGCACCATGGCTTGGAAAA
TCAGGTGTTCCCTGGCCGTTAGGGAGCCGATAAAGAGGTCATCCTGCTGGACATAGGCGCACCTGGCCTGCATCTCCTTGGCGTCCACAGGTTGG
CCATTGAGCAGTCGCATCCCGGATGGCGATACTTGGATGCCCTGCGGCGATCGAAAGGCAAGGGCATTCAGCAGGGTCGTCTTTCCGGCACCGGA
ACTGCCCATCACGGCCAAAAGTTCGCCCGGATAGGCCACGCCGCAAACTGAGTTTCAAATTGGTAATTGGACCCTTTATTAAGATTTCACACAGA
TCAGCCGACTGCGAATAGAAACTCACCGTTCTTGAGCAAATGTTTCCTGGGCGCCGGTATGTGTCGCTCGTTGCAGAATAGTCCGCGTGTCCGGT
TGACCAGCTGCCGCCATCCGGAGCCCGGCTGATTGACCGCCCCAAAGATGTCCATATTGTGCCAGGCATAGGTGAGGTTCTCGGCTAGTTGGCCG
CTCCCTGAACCGGAGTCCTCCGGCGGACTGGGTGGCCGGAGCGTGCCGTAGTTTTTGGCCTGCCCGAAGCCCTGGTTAATGCAGCTCTGCGAAGC
CGCTCCGCTGTCACCCTGCAATGATAGGGGATCTCAAATATCAACTACAAGCGTTATGCTCATCTAACCCCGAACAAAAAGTACCCCGAAGTATC
CTACGAAGTAGGTTTATACTTTTATTTATTTTTTGTGCATCTAGAAAAGGTTTCAAGCTGAAAACTTTTCAATTTCACGGCGTTCGTCCATAAAA
ATGAAGGCGTCTGTGCATAAATCTAGCCCAGCCTGGCCAATCCCTGCTCCGCCGTCCCTGTTTCCGGGCACTAACCCCCCCCCCCCCCCTCGGCT
TTATAAAGAAGGAGCCCATCTGTTTAATAAAAATGCCCAAGATCCGAGTTTTCCAAGTTTCCCAAAAAGGAGATGGCGAGGCCTATTTAAAATGT
GCAAATTAGGGCTGGCACTTGGTGGATGGCCTTGAAAGTGGGCGGTGGACGGTTGACGGGGTCACAGGTCGTTGGGCGATGGACGATGGGGCGAT
GGGACGATGGGTGGTGGCAGTGGCAAGGTTCCTCCCACCATGTTGCCACCTCATAAGACAATTGCGAGTGTAAATCGCTGGCATCTTTGGCTTTC
GTTTGGGGACTTTGAGCTTCGCCAGTTTTGTTTTTATAAATATAAAACTTTAAGGATACTTTGGCTTTTTTTGGGTGGTGGGAAAACTCAATCT
CTTGTAGATAAGTGCAATGAGCAGTATAAAGCAGTCCATTTACTTGATCCAATTATGTTGAACGCAATAGTGTTCAAACTACTACTTCTGCAATT
GAGTTTAAGTTTATAAATCCGAAATACAAATTCTTATTTACGTTATTTTGTTTACGGGTAAAGTGATTTCCAAAACCACTGAGCTGTCAGTTTTC
GCCCAGGTGGGGCTTCCCTTTTCGAAATGGCGGTAACCGAAGACGTTTGCGGTATGGTCAAATCAAGCCATCCTCCCCGCCCCAACTTTTCGCCC
CATACCACTTCCGTTCGCGCATATTTTCATTTTCATAAACAATTTTCCGTTTTCCATTTGTGGGGTTTCTTGCCATCGCAGCGGCCTGCGGCAAA

GCATAAATAACAGGGATCCACTAATTGGCGTCGAGGCAAAAAAAAAAAAAAAATGGAAAAAACAAGACAAAATGATGGCCACAATATGGAAAGCAT
TTTATCCGCCGCTGCTCTCATAATAATTTGTATAAATAATCATAAAAAAAATTAAGCAAAAAAATGCAAGCAAATGAGAAAGGCAAAATCCGAAG
AAGAGGGCCAAATAAAAAGCTGACATTCAATAAAAGCAAGAAAAAATAATGTCCACCTTGCACTCAGCGCCTGGCGGTCCTTGCTACAGTGAGCC
CTGCTAAGAACTTTCATTTTTTGAACTATTTAAAATTAAATTTATTTTTCAAAACGATTGGGGGATTTGGATTTATCGTTTACATTGCTACATAT
AAAATCTAGCTAAAAGACCAAAGCCTGAAAACTGTTGCATTTCCTCCTTAGCGAGGCTTCACTGCTCATCTTCTGCTGCGATGCTTTGACAGCTT
ATTCTTCTAGCCACTCAGTGTCCAGTTTTTGGCCTGTTACCAAAAAAAAAGCACAATTGGTGACGTTACGAGAGGTAGACGCGAAAAAATGTAAT
ATCCGTTTTCAGGCACTCCTCGAGCAGAGCGAGATGGCCATATGGCTGGGAAAGAGATAGAGGGACATGGCGAAATTGTTTTCACAACAAATGAG
GCCGAAAAATGTTATTAAAAAGTTTTCTTTTCTTTTCTGTTTTCGCCGTCCCTTTCCCACTGGGTTTTCTTATCTCCCTGCCTCCTCTGGTTTAC
TCTCCCACCTTTTCCCTATTTTCGTATTTTGTTGAAATAAGTAGCGAAAGATGCTACATTTCATATTTATTTAATTTTTTGGCTTACTTTTTTTT
TTATTTACTTTGCGTGCTATTTTTGAATTACTTACGAAATACGAAGGAAACTCGAGGAGTGGGCGCTAGATGGCGCTGTGCAGGGAGGCGAAGGA
GTATCGTGATGAACTTGACAAATTGAAATGACTGAATAAAGAAGCGACTCAATTTGTTGTTCCTCCCGTTTTGTCGATTGTGCGAGTGGCTAATG
AGTGCACTCAAAAGTCATTCACTTTGATGAGAACGAAATACTGAAGGAGGCGCAATTATTCAGCGGAAAAGCTGACGACCACTCGATATTATTAA
GGAAATATCAGAGCGTAAACGGCCCAATATGTACATATATGCAACGAACATATAATTAAAGATGGCTTCAAATATTCCATACATATCATATTTTT
CAATACTTTGTTACCTTTACTGCGTTACTTACTTCCCAAAAGAATTAAAGTTCTTATCTCCTTGTATAACTTTTTGAGACTTTTCAAAATTGTTT
CAAAGAGCCCGGGGCTAGATATGCAAATCGTACTCACTTATTTATTTTGTTATACAAGCCGAGGTGCTAAGAATTTAAAGCAAGATACGCACGAA
GATACCTAGATATCAGATGCTGAGCCCAAAGCATTCGTCTAGCCAAATAATGACCCAGATAAGACTAGATTGTACATTTTTCGTCGAGCGAGACG
TGCAAACAACGAGGTATTAAGATCAGGTAGAAGATGCGAGTACACAACCAGAAATGGATACGGATACAGTATCTAGTATCTTGGCAAGCCTAGAG
TTATAGACACCCAGCAATGTTGTTGGCCAACTTAAGCCGACTCCTCCCACGCCACCACTGGTTATGCGTCCCTAATTACGATCTACTACATCCAA
CTATTTGGGGTCGATGTATAATGTAGTGTAGTGTAGTGTAGTGTAGCAAGAAAATATTTGAGAATGAAAGGTGGAAGAAATGAGGACTTCATGGT
AAGCTTAAAATATCTGGTTGTTATATTTTTTGTAAAAAAGAATATAGTCGAAAATGAATGCCTTTAGATGTCTTGATCATGATATGATCTCAAAA
ATTGTCTTATATAGCGAGAACAGCTACCAGAATAATCTGTTTCGTGTCACTATTTGTTTGTGCAATTGCGGTTTGGGATTTTTGTGGGTCGCAGT
TCTCACGCCGCAGACAATTTGATGTTGCAATCGCAGTTCCTATAGATCAAGTGAACTTAAGATGTATGCACATGTACTACTCACATTGTTCAGAT
GCTCGGCAGATGGGTGTTTGCTGCCTCCGCGAATTAATAGCTCCTGATCCTCTTGGCCCATTGCCGGGATTTTTCACACTTTCCCCTGCTTACCC
ACCCAAAACCAATCACCACCCCAATCACTCAAAAAACAAACAAAAATAAGAAGCGAGAGGAGTTTTGGCACAGCACTTTGTGTTTAATTGATGGC
GTAAACCGCTTGGAGCTTCGTCACGAAACCGCTGACAAAATGCAACTGAAGGCGGACATTGACGCTACGTAACGCTACAAACGGTGGCGAAAGAG
ATAGCGGACGCAGCGGCGAAAGAGACGGCGATATTTCTGTGGACAGAGAAGGAGGCAAACAGCGCTGACTTTGAGTGGAATGTCATTTTGAGTGA
GAGGTAATCGAAAGAACCTGGTACATCAAATACCCTTGGATCGAAGTAAATTTAAAACTGATCAGATAAGTTCAATGATATCCAGTGCAGTAAAA
AAAAAAAATGTTTTTTTTATCTACTTTCCGCAAAAATGGGTTTTATTAACTTACATACATACTAGTGACAACATGTTTATGTTTAGCTAATGTGT
TCCGTTCAAAATAATTAAAAATTCGACCACCTTTGCACCAATATGATAGTACCCCACCTGGGCAGTACTCATAAGCTGAGTGGCTGTCTTTGAAT
ACTGATTAGGTTGAGTGGGAAGCGTCTTCTTATCGTGAATAAGAGAGTTCTTGTTAATCCGCCTGTTGTCGTCCCGTTTCGGGGGTTTGCACTGT
ACTTTGCATGCATGATTTATCAAACGGCGACTGTTGATGATGCGCATTCCGCACTCCCCGTTTCCCGTACGCCTATCCGCACCCGTACTTCGGAC
ACTCCGGTCGTTGTCGTCATCGTTAGCACCTCATCTCAGGCCCCGGAATCATGAACTGCCGCCATCAGCTGTCCGGGCATTATCAATCTTCATCA
TCGGGGCCAGTTGGTCCAGGATATGGATCTCGACTGGGACGGGTTTTCCGGGAGGCTATCAATACCATTTTCACGGACGATGTGGTAACAGGTTA
GCAGTTGCAGTTGCCGAGGAATCTGCAGGAATTAATTTGCTGACGACGATTAAGTGGTCTTCAAATGAATATGGTTTTCTTTTGAGAGTTTAGCT
CAGAATAATAGCTTTTGATTCGATTTGCAAGTTAATTATGCATATGCATGTGATATTTGTAGAAGTCTCACTCAGCACT
(SEQ ID NO: 262)

Exon: 6869..6640
Exon: 3530..3257
Exon: 3182..2528
Exon: 2466..2151
Exon: 1947..1816
Exon: 1745..1001
Start ATG: 6711 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT9359
GTTTCGTGACGAAGCTCCAAGCGGTTTACGCCATCAATTAAACACAAAGTGCTGTGCCAAAACTCCTCTCGCTTCTTATTTTTGTTTGTTTTTTG
AGTGATTGGGGTGGTGATTGGTTTTGGGTGGGTAAGCAGGGGAAAGTGTGAAAAATCCCGGCAATGGGCCAAGAGGATCAGGAGCTATTAATTCG
CGGAGGCAGCAAACACCCATCTGCCGAGCATCTGAACAATGGTGACAGCGGAGCGGCTTCGCAGAGCTGCATTAACCAGGGCTTCGGGCAGGCCA
AAAACTACGGCACGCTCCGGCCACCCAGTCCGCCGGAGGACTCCGGTTCAGGGAGCGGCCAACTAGCCGAGAACCTCACCTATGCCTGGCACAAT
ATGGACATCTTTGGGGCGGTCAATCAGCCGGGCTCCGGATGGCGGCAGCTGGTCAACCGGACACGCGGACTATTCTGCAACGAGCGACACATACC
GGCGCCCAGGAAACATTTGCTCAAGAACGTTTGCGGCGTGGCCTATCCGGGCGAACTTTTGGCCGTGATGGGCAGTTCCGGTGCCGGAAAGACGA
CCCTGCTGAATGCCCTTGCCTTTCGATCGCCGCAGGGCATCCAAGTATCGCCATCCGGGATGCGACTGCTCAATGGCCAACCTGTGGACGCCAAG
GAGATGCAGGCCAGGTGCGCCTATGTCCAGCAGGATGACCTCTTTATCGGCTCCCTAACGGCCAGGGAACACCTGATTTTCCAAGCCATGGTGCG
GATGCCACGACATCTGACCTATCGGCAGCGAGTGGCCCGCGTGGATCAGGTGATCCAGGAGCTTTCGCTCAGCAAATGTCAGCACACGATCATCG
GTGTGCCCGGCAGGGTGAAAGGTCTGTCCGGCGGAGAAAGGAAGCGTCTGGCATTCGCCTCCGAGGCTCTAACCGATCCGCCGCTTCTGATCTGC
GATGAGCCCACCTCCGGACTGGACTCCTTTACCGCCCACAGCGTCGTCCAGGTGCTGAAGAAGCTGTCGCAGAAGGGCAAGACCGTCATCCTGAC
CATTCATCAGCCGTCTTCCGAGCTGTTTGAGCTCTTTGACAAGATCCTTCTGATGGCCGAGGGCAGGGTAGCTTTCTTGGGCACTCCCAGCGAAG
CCGTCGACTTCTTTTCCTACGTGGGTGCCCAGTGTCCTACCAACTACAATCCGGCGGACTTTTACGTACAGGTGTTGGCCGTTGTGCCCGGACGG
GAGATCGAGTCCCGTGATCGGATCGCCAAGATATGCGACAATTTTGCCATTAGCAAAGTAGCCCGGGATATGGAGCAGTTGTTGGCCACCAAAAA
TCTGGAGAAGCCACTGGAGCAGCCGGAGAATGGGTACACCTACAAGGCCACCTGGTTCATGCAGTTCCGGGCGGTCCTGTGGCGATCCTGGCTGT
CGGTGCTCAAGGAACCACTCCTCGTAAAAGTGCGACTTATTCAGACAACGATGGTTGCCATCTTGATTGGCCTCATCTTTTTGGGCCAACAACTC
ACGCAAGTGGGTGTGATGAATATCAACGGAGCCATCTTCCTCTTCCTGACCAACATGACCTTTCAAAACGTCTTTGCCACGATAAATGTGTTCAC
CTCAGAGCTGCCAGTTTTTATGAGGGAGGCCCGAAGTCGACTTTATCGCTGTGACACATACTTTCTGGGCAAAACGATTGCCGAATTGCCGCTTT
TTCTCACAGTGCCACTGGTCTTCACGGCGATTGCCTATCCGATGATCGGACTGCGGGCCGGAGTGCTGCACTTCTTCAACTGCCTGGCGCTGGTC
ACTCTGGTGGCCAATGTGTCAACGTCCTTCGGATATCTAATATCCTGCGCCAGCTCCTCGACCTCGATGGCGCTGTCTGTGGGTCCGCCGGTTAT
CATACCATTCCTGCTCTTTGGCGGCTTCTTCTTGAACTCGGGCTCGGTGCCAGTATACCTCAAATGGTTGTCGTACCTCTCATGGTTCCGTTACG
CCAACGAGGGTCTGCTGATTAACCAATGGGCGGACGTGGAGCCGGGCGAAATTAGCTGCACATCGTCGAACACCACGTGCCCCAGTTCGGGCAAG
GTCATCCTGGAGACGCTTAACTTCTCCGCCGCCGATCTGCCGCTGGACTACGTGGGTCTGGCCATTCTCATCGTGAGCTTCCGGGTGCTCGCATA
TCTGGCTCTAAGACTTCGGGCCCGACGCAAGGAGTAGCCGACATATATCCGAAATAACTGCTTGTTTTTTTTTTTTACCATTATTACCATCGTGTT
TACTGTTTATTGCCCCCTCAAAAAGCTAATGTAATTATATTTGTGCCAATAAAAACAAGATATGACCTATAG

(SEQ ID NO: 263)

Start ATG: 159 (Reverse strand: CAT)

MGQEDQELLIRGGSKHPSAEHLNNGDSGAASQSCINQGFGQAKNYGTLRPPSPPEDSGSGSGQLAENLTYAWHNMDIFGAVNQPGSGWRQLVNRT
RGLFCNERHIPAPRKHLLKNVCGVAYPGELLAVMGSSGAGKTTLLNALAFRSPQGIQVSPSGMRLLNGQPVDAKEMQARCAYVQQDDLFIGSLTA
REHLIFQAMVRMPRHLTYRQRVARVDQVIQELSLSKCQHTIIGVPGRVKGLSGGERKRLAFASEALTDPPLLICDEPTSGLDSFTAHSVVQVLKK
LSQKGKTVILTIHQPSSELFELFDKILLMAEGRVAFLGTPSEAVDFFSYVGAQCPTNYNPADFYVQVLAVVPGREIESRDRIAKICDNFAISKVA
RDMEQLLATKNLEKPLEQPENGYTYKATWFMQFRAVLWRSWLSVLKEPLLVKVRLIQTTMVAILIGLIFLGQQLTQVGVMNINGAIFLFLTNMTF
QNVFATINVFTSELPVFMREARSRLYRCDTYFLGKTIAELPLFLTVPLVFTAIAYPMIGLRAGVLHFFNCLALVTLVANVSTSFGYLISCASSST
SMALSVGPPVIIPFLLFGGFFLNSGSVPVYLKWLSYLSWFRYANEGLLINQWADVEPGEISCTSSNTTCPSSGKVILETLNFSAADLPLDYVGLA
ILIVSFRVLAYLALRLRARRKE*
(SEQ ID NO: 264)

Name: white
Classification: transporter
Gene Symbol: w
FlyBase ID: FBgn0003996

Celera Sequence No. : 142000013384832
CGTTGCCAAGCCCCAAAAAGGGGGCTCACCAGAACGAGCACAGTAAAAGAGCAAGCTGAATATATTTTCTAAGTAAAATTTATTTATTATGTATA
AATAATTCTCTTTTAGCTCTCGCACAAGCGCTATTAACGTTAGTAATTTACAGTTCGCTCTGCAGTCCTCGTTGCCGAACCAGGGACTCACAGTC
GGGTATCCAGGTCACCTTTGGTGGGATTTAGGAGATCCCCCCTGCTGTAACCACTGGGTGTCCCTGGTCGGCTGCGAAGTGGAAATCAAACGAAA
CATAACGGCACAAATAGTTGGCTTAAACAATTACAATAACAATTGTGGAATATATAAATTTGCATACAGGCTAAAAGTGAAGTGGTCCCGTCTCC
ACAAGCATAGCTCCCACTTCACTTACGTTCGTATTCGTAATTTAGTTAGAAATTAGATTTCTTGTACTTGTTGAACATCGTTTGCTTTAGTGTTG
TTTTGCAGTTCCCATAGCTATCTATCCAATATATAAATACGAAAATCAATTGTAAAGAAGAGGGATATTCGGGCCGGTGCCACCGCTGCGCCATG
GTGGTTATTTGTTGACTTGGGCGCAATGGAGCCCCAACGGGTACAGAAGGAATGATTGGGATAGATGCGACTCGCTTCTGTGATTTTTGACTTTG
GCTACCCTTAAACCCATAAGAGAGATGCAACGCAGAGGTTACAATTTTTACAATAGAACGTTTGTTAATTTGTTGCTTAGGCGCTGCTTTATCCA
CTACTATATCTACCAGTTATTTATCATCCTCAGTTATACATTTATACAATCCTATTGCACACATACGATTCTCATATGTCTTGCTTAGCACCCCC
TCAAGATACATATACATAATCATATACATACATAGATATAGATATTTTGATACAGTTATAGTTAAAGTTAAAAAAATACCTCACACTTGATAATA
ATGAGTGTAAAGACCCGCCCGCGACTATGGTATGAAGTTAACCCCGACCAGCTCGAAAGAAAGTGATAGTGTAGGAGGCATAGGAAATAGAGGGT
CGAGAAGGCCTTGAGTTGGCGGTCCTAGACGGGCCCAATATCACTTTGGTATCTGGCGGTCAGGTAGTTGGCCGCCTCTGTCATTTGTTCCAGGC
ACTGGTACAGACCGTTAAGATGCCTCCGGCAGCGCTTGGCCAGCTCCGTGGCCTTGTCCCCCGAGCCCGGCTTCGATTTGGCGACGTCTACAATG
TCGCTGCCGTCGCTGCTTTGGGCGTTGTCGCTCTTGTTGCCATCGGACTCTAGCCCCGAGTCGTTTTCCTGCGATATGTCCGAGTCAGAGTCACT
CATGTTGCTCACCGAGTTGGTGGACATCATGGATGCGGTAGAGGTACGGCGCACATGACCCTTGACACTTCCGGATGCGGTTGTGCTTGGACTGC
CGCTGTTGAATTCAGTCTTGCTCTCGCTGGGATTGCAGCTCGAAGTGGAACTGGTACTGGCGTTGAGCTGCTGTTCGGAGTGCTGCTGGTCGTCG
TCCTCCTGGTTGGCGGTCCAAAGCAGATCTTTTTTCAGGGAGTTCAGCATGTTGTACAGATTGAACAGCTCGGAGGCGCTGAGAAAGTCTTGGAC
ATTTTTTGAATGCGCCGCTCCCCGCTTGCCGTGGGCACTGGAGGTCTGTGTCAGCTGGTTGGCGGTCGAGTCCTTGCCGGTTGCTGGGATGATGT
CAGTGCTGTCGCCGATCTGGGGATAAATTATGTAAAGTGGGAGCCATAAGTTGTTGGTTCCGGATCCGGATGGCTGGTCAAATGGGGGGCTGGGG
TTCTTGGGTTATGCGGTACCAACCTGCCGATCCATGAGCCTGCATGGCACCAGTATGGTGTCGTCCATAATGTTGACAGTCTTTACAAACTTTTC
CATCACATTGACAATGCTGTCTTTGGAGAACTGCTGCTCATCGTGACGGGCGATGCGGCGCAGGCAGTTTCTGAAAAACAGAACAATCGAAAGAT
GAGCTTGGGCCAGAGCACAATAAACCAGTAGAGCGTGTGCAGGGGAACCAGTTTGGATTGGACAATAGTCTGCGTGATTAGTGACTATGCCACAT
CACGCCAGACTGGACCAAGCGCTGGCCGTTCTAAAGCGTCGTTAAGTCTGCGGCGATCAGACTTCCGCCACTCGAAGCCATCTTTCTTTGATGCT
TTCGACTGGAGATGGGTGCGCCTCCTGCTGACCAACGTGGCATATGATATATATGAATTGGTTTCTATGCAAATCAGCGACTCGCTGGCGTTGTC
GCAAATTCAATTTGTATAAAATAGAAAACCAGTTGGTGCTTTATACCTGACATTGCTCGTGTGGCTCTTAAAACAAAGCACAGACGGACGGACAG
AAAGATTTCTATTTTGGTTTCCAAAGCCAATTTAACGCGTCCACGTGCTGTCGGTGGCGGGGTGCGAGGGTAAAGCCCGACTTTGCTCGCAAGCT
TCAATGTAATGGTTATACAATCCTGGCTGGTCGCATTAACTTTAATTTCACGAAAAGATCGCGTAACATCTCCAGGTCAAGCCCCATAAACTTGC
CTGAGCTCCCTCCATTAACCCGCCGGGAATATATGTTAGTTGCTGATATCTGGAGCTGGAGCGGCCAAAGTCTAGAGGCGGCTTGGCTTATCGTC
GCTAGACAGTTCCCAGACAGAGCTGAAGTTGCGTATCTCCCGCACCTCCTATTTAATGCGGCCAGATTGCTCGGGGCGGATCGGCATGTGGGCAG
CCAGTTCGGGGCCGCGTGATCGCAGCTAGTTGACAGAGCGAGCGCCGAGCGCACTGATAAATTTAGTTTCAGTGACTGCGCCATTTAAAGACCTC
TACCCTACAGTTCTATCCCTGGCCAGCGCCCGCCCCGATGCCATGGCAATCCAACTTAGAAAATCTAGATATCGATGACTGAAGTGTAACGCGCG
GCAGGCCGGGGTGGGGTGGCCACGCGAGTACTGCGTGCTCCGAACTCTGCTGACCGACATCGTCTCACTGTGGTCTAGAACCACAATAAGATCTA
GATCTAGAGAAGGCTGGCGCGGGTGTCAATGTTCTTTCCACTGGCACGGCCAGATGTCGTGGACGTCGACGGAGGATTCCCAGCCACTGAACAGA
GTGACTAATTAAGCTAATTGCAGCGGGTTCCAATCATGGAAATCCGCGTAGGAATGCGAAAACAATTACCATCTTATCAACGCTTTTCGCTTAGA
CACTCGACCATAATTGACTGCCATCTCGTGGAAACCTGAGTAATCGCCTCTATTTATTTTAAATTATAGATATTTTCTAGCCCTGACCACGACCC
TTGCTTCGCTTAGTCACTTAAGCTGGCCACACGATAGTTCAACTTATCACTGCATTTTGAATCCTTTCCTTGCGAATCCTCTGAACAGATCCCGA
AAGCCCAAAAACGCCGGCTTGGGCAACACGCCAGATGCTACCAGCCAATTGACCAGGCAATAGGTACACCTGAAGTGTTATGGAAATTTGGCTAA
GCCCCACAAGCGTCACGCGACATGCTCGCCAAGAAGGGCGGGGTAAGCAGCGGGAGAGGGAGGGTACCGCATACAACGCCGAAATCAGGCGACTT
TTTCGCTCAGCGGTAGCTAAGGGCGGTGAAGGAGTGCTGAAGGGGTGGTGGTTTGGTGGGTGGCTGATGACGAGCTGGCTTTATGTGGCAAGCGA
ATCAAACGCTTCTCTTCGCACTCTCTCTTCGGTCCGTTTCGCCGTTTTCTCTTTGCCGCCGAGTGGCGTGATGTTGCCCAGAAACTGTACAGCGG
CCAGAGTCGCCTCCATCAGCTGAGCAAGATGAATGAATCTCTAGCGATGCTCTGCCTTCCCCTCACCTTCCTACCATCGCTCATGCAACCATGTT
TAGTGGTATTTCTCGTATTTGCAATGTTGAGCAATGGCATATACATAGCCATACGAACAGAGTTGACCAATATTTGGTTTACTTTGGCTTTGGCT
GCGCCTCGACCTCCAGCATAATCGATTTTTGATACGCCCGCAAATTAGATATTCTACCTACTCGGTGGCCGGGTTGGCCGGATTGGCTCGGCCAT
CGGGCATAGAGCATTGACGACCGTAAGTTGGCGCTCAAGGCGACACCTGCCTCAAAAAGTGACACACTGCCAGCGCAACGAGGTGAATCAGAGAA
TTTTCTGCGATTTAAGCGCCCCAAGGAGGCGGGCAGCACCAGAAGCGATGAGTAATGGCTATGGCCGATAGCTGGGCTGGCGGACTGGTGTCAGT
GGACCGGAGGTGCGCACAGATAAGGCATCTTATCGCTTATCCCAAAGCTGTGATTTGCCTCCGCTGGCTCACTCGAAACATTTGGGCAAACAAAC
GGCAAAAAAAAACACCAACATACTTCTGTATAGGTGTACAATATATAGCCGATTGTGTCATATTAGCGCTGGCTTGATTTTTTTATTTTATTTTAT
TTTTTTTGTATTTGTTGTTGTATTTTTCTTTCGAGTTTGAATGGCCGTCCGTCCCCCTGTCCATCGAAAATCGTACGATAAATTTCTTGTATCTC
GTTTTTCGTTCGGCGGTGGTGGTGCAAACGAAAGAGAAAACGCTCGCGGGGTGCGGTTTGGATTCAATTTGAGAGGCGAGTAAATGGACGGAAGA
GAGCGATTCGGATGGGTTAGAGGAGAGGCAGTGCGGGGCTTGGGTGATGGATCGGGAACGGGGGGGGGGGATCAATTTAGCATCACTTGGGCAAA

TTGAACTTAAACGCCTTAACTAGCGAATTCGGATTGCGACTTACCGACTTGTCTCCAGCTTGGTGAGGTCCGTGTATCCACTCATGATGACTGTG
TATTCCTGATGACTATGTACTGCTGCTGCAGGAAATATGTGGTTCGAGAAATTTTCTTTGGCCGCACCAACACTCGCGCACTTTCACTCGCGTTT
GGAATCGGAGTATTCCTGACAGGGATTACGAAATCGGCACAGGTGACTGGGCTGGCTTCAGCTCGGTTGCAGTGCAGGTCTGGCCTGAATTGGTT
TGGATTCGGAATAGGAGTAGCTGCTGCCCCGGCGGAACTGCTGTGTCTAGTGCGCTGCCTCCAATAAGTCGCGGCTGTTTTATGCCAAAAATTTA
CATGTACTCGATTAGACCCCGACTTTGGTTTGGCTTTGGCCGTCGATCTAGTCCGAACCAATTAAATATGGGAATTCTAAGTAGTCTGCACACGC
ACCGAGTTTAATTTAATTTCAGTTTCTGTTTCGACACGAGCAGTCAGCGAGAAGAATTTTGAAAAAATTACAGAGAGGGAAGCATTGCCAGTTGC
TTTTATAGTACGGGCCGAGTCAGGGCTGCGGAGGCTCCGATAGAACTATCGATTACTCAGCTCGGGGCAATCGATGTAAACATCAGCTGTCATGT
TCAATGTGGCAGCACCGGCCAACGCCGTTAATTAATTAGCTAATTCGAAAATGCTTAAATTTAAAAATAAATTAGGATAAGTGGCAAAATATTCA
ACATTGTTTTATTTTTTTTTAGTTTTGCACCAAATTATCAATATAGATTGTTGTAACATAACTTGGGCAAAAAATAGAGCGTGCCATTTAATTTT
CCTCTTATTACTACTAAAGTGCATTCAACAATTGCTGGAGAGTACATATGTAAATTGCACTGAGATTAGAGAACTTCCATTATTGCGAATCAATG
CTCTTCCCAGAACCACCTTTGCAACCACCCGGAAGCGCACGTCTGTTAGGACCGCTCGTGTCGCAGGACACTATCCACTTACTCCACAATCCCTT
CTGACCACGCTGCGTCCTTTACTGTGTCCCAAGTCGACACCGTTTCCGATGGGCCTCTGTACGCATGGCCGGGTCGAGTCCAAAGTCCAGCAGTC
CAGGTACCGTTAGTTCGAGCATTTCTTAGCTTGCAAATTGAAGTGGTCTTCAGTCCCTTAATAACATTTCGTTTTCGCCTAGAGCTGCACTTTAG
ATTTACATTTCTTTCCTTTTTGTGACCTAAAAAACAAAGAGGCGTTAAAGACAGTTGGAAGTACATTTTCTATAAAAGCTTACTGAATTCCCGAA
GTACGAAAAAACTCCATTTATTCCGGCTGATCTCTGCGCCCCTCAGGTCTCTTGGAATCCTTTGCACGCACAGGTACATTTCCCAAACTTGATCC
CGGGTCAATGCGTCGATCATGTTCAGCTCGGGGTCCCAAAAAAAGGTAATAACTCCCCGCCTTAAGTTCTCCGCCAAGTCGTCGAACATCTGTTA
AATTTAAATTAAAATTATTTTTGCATTCGTCGACAT
(SEQ ID NO: 265)

Exon: 5306..4795
Exon: 1970..1829
Exon: 1726..1001
Start ATG: 4835 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT9411
TTCCCTCTCTGTAATTTTTTCAAAATTCTTCTCGCTGACTGCTCGTGTCGAAACAGAAACTGAAATTAAATTAAACTCGGTGCGTGTGCAGACTA
CTTAGAATTCCCATATTTAATTGGTTCGGACTAGATCGACGGCCAAAGCCAAACCAAAGTCGGGGTCTAATCGAGTACATGTAAATTTTTGGCAT
AAAACAGCCGCGACTTATTGGAGGCAGCGCACTAGACACAGCAGTTCCGCCGGGGCAGCAGCTACTCCTATTCCGAATCCAAACCAATTCAGGCC
AGACCTGCACTGCAACCGAGCTGAAGCCAGCCCAGTCACCTGTGCCGATTTCGTAATCCCTGTCAGGAATACTCCGATTCCAAACGCGAGTGAAA
GTGCGCGAGTGTTGGTGCGGCCAAAGAAAATTTCTCGAACCACATATTTCCTGCAGCAGCAGTACATAGTCATCAGGAATACACAGTCATCATGA
GTGGATACACGGACCTCACCAAGCTGGAGACAAGTCGAAACTGCCTGCGCCGCATCGCCCGTCACGATGAGCAGCAGTTCTCCAAAGACAGCATT
GTCAATGTGATGGAAAAGTTTGTAAAGACTGTCAACATTATGGACGACACCATACTGGTGCCATGCAGGCTCATGGATCGGCAGATCGGCGACAG
CACTGACATCATCCCAGCAACCGGCAAGGACTCGACCGCCAACCAGCTGACACAGACCTCCAGTGCCCACGGCAAGCGGGGAGCGGCGCATTCAA
AAAATGTCCAAGACTTTCTCAGCGCCTCCGAGCTGTTCAATCTGTACAACATGCTGAACTCCCTGAAAAAAGATCTGCTTTGGACCGCCAACCAG
GAGGACGACGACCAGCAGCACTCCGAACAGCAGCTCAACGCCAGTACCAGTTCCACTTCGAGCTGCAATCCCAGCGAGAGCAAGACTGAATTCAA
CAGCGGCAGTCCAAGCACAACCGCATCCGGAAGTGTCAAGGGTCATGTGCGCCGTACCTCTACCGCATCCATGATGTCCACCAACTCGGTGAGCA
ACATGAGTGACTCTGACTCGGACATATCGCAGGAAAACGACTCGGGGCTAGAGTCCGATGGCAACAAGAGCGACAACGCCCAAAGCAGCGACGGC
AGCGACATTGTAGACGTCGCCAAATCGAAGCCGGGCTCGGGGGACAAGGCCACGGAGCTGGCCAAGCGCTGCCGGAGGCATCTTAACGGTCTGTA
CCAGTGCCTGGAACAAATGACAGAGGCGGCCAACTACCTGACCGCCAGATACCAAAGTGATATTGGGCCCGTCTAGGACCGCCAACTCAAGGCCT
TCTCGACCCTCTATTTCCTATGCCTCCTACACTATCACTTTCTTTCGAGC
(SEQ ID NO: 266)

Start ATG: 472 (Reverse strand: CAT)

MSGYTDLTKLETSRNCLRRIARHDEQQFSKDSIVNVMEKFVKTVNIMDDTILVPCRLMDRQIGDSTDIIPATGKDSTANQLTQTSSAHGKRGAAH
SKNVQDFLSASELFNLYNMLNSLKKDLLWTANQEDDDQQHSEQQLNASTSSTSSCNPSESKTEFNSGSPSTTASGSVKGHVRRTSTASMMSTNSV
SNMSDSDSDISQENDSGLESDGNKSDNAQSSDGSDIVDVAKSKPGSGDKATELAKRCRRHLNGLYQCLEQMTEAANYLTARYQSDIGPV*
(SEQ ID NO: 267)

Celera Sequence No. : 142000013384832
CTGGTCTGGCCCCGCGCTGCTGGTGGTGGCGAGTGGTGCGACGGTGGTGGTGGGTGACGGCAAAGTGGGTGTGGGATGTGCGTGCCCAGACAAAG
TAAGAGCGCTTAGAGTCTATTATCTATCCGGCAAGTGCTGACGCGTTGCGATCGCCCGTCGTCGATCGCTAAATCTGTGTACTCCGAAAAATCTG
GTGCATCAAAATGTGCTACGTTATTATCACCATCGCCAGTCTGGTGTGGTTCCTCTGTTCGCTGGTGGCCGACATGCTCTTTGCTGTGGCCCTGG
TCACGCCCAGGTGGCTGGTGGGCCCCGCCCAAGGAACAGACTCCACCGCCAGCTCTCACCACCAATCCTCGGTGGGCATCTACACGCGCTGCAAG
GTCATGCAGGAGGGCGGATTCCAATGCGGCCGCTTCGACTTGGACGGACTGGCCACGGACAGTAGCGTTTACCCCAACGAATGGAAAGCGGCAAT
GTTCTTCGTCATGCTGGGATTTAGTCTACTCTCTGTAACGGTGATCCTGACCCTGATCACCTGCTGCCGCCAGTCGGCCTGTGGCAAGAGCATAC
ACAACATGACGGCCTGCGCCCAGGTCGTAGCAGGTAAGCAACCATTACTGTGATATCCTCGCAGCATTTAAGTTTGCATTGTTTATAGGAATATG
TATGATGTTGGGTCTATTTCTGCATCCGATGGGATGGCGAGCGAACCGGATTCAACGTCTATGCGGCATGGATGCCGAACCCTTTTACCCCGCCG
ACTGTAGCATAGGTAATTCTTTGAAACTTTTCTTAGAAACTTACTAAACTTAATCCTTACAGGAGTTTCATTCTACTGCGGAATCATTGGGGTAC
TCCTAACATTTACTGCCGCCGGTATAAGCCTAAAGGCAGAGTCTTCCAATATGCGAACTCGAGTTCGCAGACGCGTGGAGGCGGGCAGTAAACTG
GTCTGTATTCCGTAGCTGCCTTTGAATACAATAAGAACACTATCTGACTTGGAGCGAGCATACTTAACTTCATTCTCGAATTAAATTTATCATTA
GCATAAATAAACTTTTAACATTCTACAGTATAGATACAAGGTGTGGGTGGATATCTATACGACCCTACTTGTTGCGCTTGCCCTTAGCTTTGCCA
GGAGGCTTGCCCTCAACATTAGGCTTTGCCTTAGGTATGTAGACACCATGGTTCGTCTTCTTTAGGTGGGCAAACAGCTTGTTCTTGGAGTCAAA
GACAAGCCTACAGGTAACACAAGTGTGTTGCGACTTGGTCGGGTCGAGGTCCTCATCTCCGCTTTTGGGAGCCACTGTTGCCTCCTTTGTATTCG
GTTCCGAAACAGTTTGCTCTAATAGCTTAACCTTCCTAGTCGTCGTCTTTTTGCTTTTACTCTTTTTGCTCGCTTTTTTGCCTTTACTCCAGTCT
TCATCCTCTGACTCGCTCTTGATTGCCTTCTTTTCTATTGGCTCATCTGGTTCGTCACTGCCTTCCGCCTGCGCTTGCTTGACAGCTGACTTCCT
TGCCTTTTTGTTTTTTTTGGTTCGTTTGGCTAGCGAAGATTCTTCTTCGCTTGGAACCCCGTCGAAAGATATCTGATCCTCAGAGACTTGCAATT
CTTCCAGCGATTCCTGTACGCCCATTAAACTGTCTTCATGGGGTTCATTGTGGAAAGCGTCCTCTTCTTCCTCCATTTCCTGACACAGCCGGTCG
ACATTTTCATTATGCTTCTTGCTTTCTTCGTGATTAGCACGCGCCTTGGCGTTTTTAAATGTCTTGTTGCATGCCACGCAGTAAAGATCGTCTAC

ATACTCCACTTCGTACTCCTCGGCTTCCTGGCCGCCTTCATGGTCAAAGTCCTCGCCATCGTCGTCGTTCTCGTCTTCATCCGTGTAATCTTCTG
ACTTGCTATCGTACTGCTGCTCTAACTGCTTTAGCTGCTCCTCGTAGCCCTCGTTAAAGACATTATTTTTCCTGACGGCTGCCAGTTCTTCCTGG
CGCTTCCTTAACTGCTCTTTGCGCTTCTCCTCCTGCTTAAGTCGATTGGCCTCGACGCGTTCCTCAAGCATGCGCCTGTAGGCCTGCACTCTGGG
ATCCCTTTTTCGCACAAAGTTGACTAAGTTGCGAACCTAAGTAAATGAGGTAAGTAAAATGTGTCTCGGAAGAAAAAAAAGGGAATTCATCGCCC
ACCTCTTCGTTGCGTTCCTTGCGGGCAGCCTGAACGATCTTTTTCATCTCCTTCTCCACCTTGCGTAGGATAAAGCGCTCTTTTATTTCGCGAAC
ATCGTAGGGACACAGCCAGTCGTAGGTCTTCCGGGTACTGTATGCCTGCCAAAAGGCGTAGAACGGACCCACCACATCTTCGTAACTACTGTTTG
AATGACCAAAGTCAGGCGCCATCCCCAACCGGTCGTCCTTGTCCATGAACTCTAAGTCCTCCGAGGCGATTTGGACGAAGACATCGGTGTACACG
CGGTAAAAGCCGTGCTCATTGTCGCCATAGCCCTTGTAACAGGAGCTCGTGAAGAACTGGAACACGTCCAGGCAGTTCTCCGCATAATCGGAGTT
CTTGCCGCGCAAGATCTGCTCGCGATGGTTGTCGTACCAAGACCGTTCCTGAGGATCAGACAGAACTTCATACGCTTGCTGGATCAGCTGGAAGC
GCTCTTTGGCCTCCGCCAGTCGGTCGGGATTCTTGTCCGGGTGCCAGCGCAGGGCCATCTTACGGTACGCACTCTTGATGTCCCCATCGTTGGCG
TTTCTTTGGAGCTCGAGCTCCTCGTAATAGCAACGCATGTTTCTTAGAACAACAAATAATTTTGATAGAGTTGCCAGATGGGCGGAAAGACAGCT
GGCGCTCACAGATGCGTTGTCAGTGCTGCAAAGCGCTGGAAGGGGAACGTAAATATCTTGCAAAGTAGCTTACTTTTGGGCTGAGAGCGTTTTGC
GTTTATTGTAATAGCTGAAAAAAACGTTAGGAAAACAATAGAAGCCTATTCTTACAAGGTCTTGAAATTACAGTTACCCAGTTAAGTGGCTAAAC
TGCAAGTGGCATCTCCTAGCAGTCATACGTAACTGCGCATCCCGTCATTAGCTTTTTTACTTTCGACGGCGACGGACGTTTCTTTTCATCCGTGT
CCGCGCATCCTTAGTTGACTAAATTCTGCCGCATGCTTTTCTCACTACCACCGAAGCTCACACATCGCATACCTATACACAGGCAGAGAAAAAAA
ATAAAATCGGAAAGGTTCCTGTGAAAAGCAGCAGTTAAACACATCAGAAGTTGTAGTTTTTCCCAGGACGTAACGGTGCTTTTTTCCCTTAGTTT
CCGAAGCATTTATACATAATTTGCATAAACTAAATAATAATCGACTGGAATCGAAGCTCGACTATTGCCAATCACCCATAACGATACAAGCAAAG
TGCCAAAATGTCGTTTAGCATTTGAGTCTGCATACGAAAAGGAAAATAGCTTGACATAAAATTTACAGTTACGTGGGATTTACAACCGTGGGCTG
TAACACACAGACAGGCCTTCACATACACACACATACTTACGTCGAGTGAGTGCGGGAGTGGAGTCCTTGAAGCATCTCTGCTTACGAACAACCCC
CACAACATTGGGTGCGTCGGTACTCGGCGCGAAGTAATGAATAACGGCCAAAAATAACCGTCAACAAAAAACAAACAAACACAAGTATAGAAAGC
CGACGAAGTCCGTGTGTGTTCTGGTGTAGATTTACCATTGCCCTTTCATCTCTTGTGCGGGTGTGTGTGTGGGCGCCAAAATAAAAGAAGGC
(SEQ ID NO: 268)

Exon: 2797..2188
Exon: 2126..1001
Start ATG: 2793 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT9445
AAACATGCGTTGCTATTACGAGGAGCTCGAGCTCCAAAGAAACGCCAACGATGGGGACATCAAGAGTGCGTACCGTAAGATGGCCCTGCGCTGGC
ACCCGGACAAGAATCCCGACCGACTGGCGGAGGCCAAAGAGCGCTTCCAGCTGATCCAGCAAGCGTATGAAGTTCTGTCTGATCCTCAGGAACGG
TCTTGGTACGACAACCATCGCGAGCAGATCTTGCGCGGCAAGAACTCCGATTATGCGGAGAACTGCCTGGACGTGTTCCAGTTCTTCACGAGCTC
CTGTTACAAGGGCTATGGCGACAATGAGCACGGCTTTTACCGCGTGTACACCGATGTCTTCGTCCAAATCGCCTCGGAGGACTTAGAGTTCATGG
ACAAGGACGACCGGTTGGGGATGGCGCCTGACTTTGGTCATTCAAACAGTAGTTACGAAGATGTGGTGGGTCCGTTCTACGCCTTTTGGCAGGCA
TACAGTACCCGGAAGACCTACGACTGGCTGTGTCCCTACGATGTTCGCGAAATAAAAGAGCGCTTTATCCTACGCAAGGTGGAGAAGGAGATGAA
AAAGATCGTTCAGGCTGCCCGCAAGGAACGCAACGAAGAGGTTCGCAACTTAGTCAACTTTGTGCGAAAAAGGGATCCCAGAGTGCAGGCCTACA
GGCGCATGCTTGAGGAACGCGTCGAGGCCAATCGACTTAAGCAGGAGGAGAAGCGCAAAGAGCAGTTAAGGAAGCGCCAGGAAGAACTGGCAGCC
GTCAGGAAAAATAATGTCTTTAACGAGGGCTACGAGGAGCAGCTAAAGCAGTTAGAGCAGCAGTACGATAGCAAGTCAGAAGATTACACGGATGA
AGACGAGAACGACGACGATGGCGAGGACTTTGACCATGAAGGCGGCCAGGAAGCCGAGGAGTACGAAGTGGAGTATGTAGACGATCTTTACTGCG
TGGCATGCAACAAGACATTTAAAAACGCCAAGGCGCGTGCTAATCACGAAGAAAGCAAGAAGCATAATGAAAATGTCGACCGGCTGTGTCAGGAA
ATGGAGGAAGAAGAGGACGCTTTCCACAATGAACCCCATGAAGACAGTTTAATGGGCGTACAGGAATCGCTGGAAGAATTGCAAGTCTCTGAGGA
TCAGATATCTTTCGACGGGGTTCCAAGCGAAGAAGAATCTTCGCTAGCCAAACGAACCAAAAAAAACAAAAAGGCAAGGAAGTCAGCTGTCAAGC
AAGCGCAGGCGGAAGGCAGTGACGAACCAGATGAGCCAATAGAAAAGAAGGCAATCAAGAGCGAGTCAGAGGATGAAGACTGGAGTAAAGGCAAA
AAAGCGAGCAAAAAGAGTAAAAGCAAAAAGACGACGACTAGGAAGGTTAAGCTATTAGAGCAAACTGTTTCGGAACCGAATACAAAGGAGGCAAC
AGTGGCTCCCAAAAGCGGAGATGAGGACCTCGACCCGACCAAGTCGCAACACACTTGTGTTACCTGTAGGCTTGTCTTTGACTCCAAGAACAAGC
TGTTTGCCCACCTAAAGAAGACGAACCATGGTGTCTACATACCTAAGGCAAAGCCTAATGTTGAGGGCAAGCCTCCTGGCAAAGCTAAGGGCAAG
CGCAACAAGTAGGGTCGTATAGATATCCACCCACACCTTGTATCTATACTGTAGAATGTTAAAAGTTTATTTATGCTAATGATAAATTTAATTCG
AGAATGAAGTTAAGTATGCTCGCTCC
(SEQ ID NO: 269)

Start ATG: 5 (Reverse strand: CAT)

MRCYYEELELQRNANDGDIKSAYRKMALRWHPDKNPDRLAEAKERFQLIQQAYEVLSDPQERSWYDNHREQILRGKNSDYAENCLDVFQFFTSSC
YKGYGDNEHGFYRVYTDVFVQIASEDLEFMDKDDRLGMAPDFGHSNSSYEDVVGPFYAFWQAYSTRKTYDWLCPYDVREIKERFILRKVEKEMKK
IVQAARKERNEEVRNLVNFVRKRDPRVQAYRRMLEERVEANRLKQEEKRKEQLRKRQEELAAVRKNNVFNEGYEEQLKQLEQQYDSKSEDYTDED
ENDDDGEDFDHEGGQEAEEYEVEYVDDLYCVACNKTFKNAKARANHEESKKHNENVDRLCQEMEEEEDAFHNEPHEDSLMGVQESLEELQVSEDQ
ISFDGVPSEEEESSLAKRTKKNKKARKSAVKQAQAEGSDEPDEPIEKKAIKSESEDEDWSKGKKASKKSKSKKTTTRKVKLLEQTVSEPNTKEATV
APKSGDEDLDPTKSQHTCVTCRLVFDSKNKLFAHLKKTNHGVYIPKAKPNVEGKPPGKAKGKRNK*
(SEQ ID NO: 270)

Classification: chaperone
Gene Symbol: BcDNA:GH03108
FlyBase ID: FBgn0027599

Celera Sequence No. : 142000013384832
GTAAGAAAGATCATCTCTGGCTGAAACAGTGCGTACTGACTTTTCATTGTACGGCCTCTCCGGCGTGTTGTGGTACGAGATCAGCAGCTCCTTGG
CCAGCATCTTGTCTGGGAAGTTGCGAATCAGGTACAGCCAGCACTGAATGGTTCTAGACATAGGGGCAATAGTGAGTTATTACATCTGGCCATCA
CCCCACACCCTCATACTCATTCTGTTCCATTAATATGGTTTGTTGCTCGCGATCATAGTAGTCCGGGTAGTCTTCTAGTATGTCCAGTTTGGAGA
GCATGGTCTCGTCCACTTCGTAGACTTCGCCTTCTATGTGGTTCCCCTCACCCGGGCGGGCGAGCAGAAATGGGATGTTGTAGCGGGTTCCGACA
ACCAGGGGAAACTTCGTTTCCGTTTTCCCCCTTCCAAGGAATCGGGCTTGGCCGTTCTCCTTTTTCGTCAGCCAGTGGTGATTGGGCTCACCGCG
CTTCAACGTGCCATACACAAAGACCCTTGCCGCCATTCTCAGCTTTTCAGCCATTGCGCTTCCCGCCGCCAGGCTTATCAGTTTCAAGCGGTATC

GTGCTATCAAATCCGACCTGTAGATTGCGCAGTCGACATAACCCGTCCGCTCTTCTTCTTGCTGCCATTCGCACCGAATCTAGCCTCCGTACACC
GCGAGAAACTGAAGCCCTCGGCACTGGGCTGTGGAAAATTACCAGGGACTGCTGTCCAGCATCTTTACTTCTATAATAGAACGAGGGGCATTTTA
TTTTATTTTAAATTGCTTCAGTTTATTTGCTTTGTTTGTCGAAAACTATCAAATTACAGACTACGTTTGCTAAAACCTAAATAATGCGTATGGTA
CATATGTATCAGTTTATATCGTTTGCCCATATATACGGGTATATATCGATCAGTACATCTGCGTCTGCAAGTACGGTCTTAAAATGCAACTACGG
TAACATAAGATTAGTGGCCAGGCTATCCAGAGAACATCCAAACAAACGGGCGACACCACAACCCACGTTATTAGTTCTGGGCCTCGTAGGTGAGG
TCGTCCTGGGCCGGATGCTTGTGGGTGCGGCGATGGCGCATAATGTATGGATGGGTGGTTGAGTTCTCGTAGCTGGACAAGTAGCGCAGACTAAG
TAGGTTCTCCGGGTACTTCTGCAGCAGGTACACCCAGCATGGAACGGTTCTGGAAAGGAAATTGTGACCCATCACACCACATTGCTGAAATGACG
TCAGATCCGACTAATGCTCACCCTTCTCCAACGCCAATGTTCATATCGTGCATCTCGCGAGTGTAGATCTCCTCGCAATCCTCCAGGTTGTCCAG
GGAATTCAGCATTCGATCGTCCACCTCGTAGATCTCCCCTGTTACGTAATATCCCACTCCGGGCTTGTTCAGCAGGAAGGGAATGTTGTAGCGGG
TGGCGATCACTAGCGGCAGCTTTTGGGTGGTGGTCGCCTTGCACCAGAACTTAGCGAAGCCGTTGCCAGAGCTGGCCAGGATTGAGTTGCTGGGC
TGTCCGTACTTGAGGGCGCCGTACACGAAGAGCTTGCTCAAGGCGGAGGAGACTTTCTGTGGAGTGCGTGAGAGGTGGGTGTGGCGTAAAGACAG
ATAAGTAGGGTTAGGTTAGAGATCTGATAAACTGGTGGTATCTTGTGAGAGTTTGCTCTACTGGTATCAATCGATCGCCGTGGCTTATCAGGGAT
CAGGGATCCGAACACTTTCCACTGGCTAGCCCCCGCAAGTTATTGATAAGGTTCACGAAACGTCTCGGTGTTTGGCGAGATTCTCAGCTGAACCG
CTTTTTGGGCGAGAATGGGATGGCTCAACCGGTTTCGTGCATTCACACGTTTATTCTTAAAGTCTGTTATTGTTGCTAATATATGTACGTAGCTG
TTTCGTATTTTTGGGGCTGAGTGCGTGCCTCACAAACTGCGCAGCAGTTACGCCTCCACAGGTACATATGTATGGAGACACTCGCTATCTGTACA
CATGTAATTGGCACATTAATAATTGCTTAAATCGGTTTAATCATTGCAGTAAATGGATAACACACGCAAGCGGCCTTAAATCAATGTCATCAAAC
GGTTGCATCAAAGCATCTTGGCGAATCCGCTTACATAACCCAGAACAGGCATCAGCTCACACTCATACATATGTAGATATCTTAAAAATTCCAAT
AAACTATCTGATAACCCTCCGATGGATCGGATAACTTAAAATGCCTTAAATTTAGTTCCCAAGCTCTCAGGCTTTTACACGCTTTCCATTTGGGG
CTGCCCACTTGCCAAGGACGAAGGATAAGGGATGCGTATACACAAGCTAAAAGTGTGCATGTGTGCGTGGGCTTCACATTGTGCTGCACTCTTAA
TCAGCTTACCTTTGCTTGGCCCATTTTCTTGTCGAACCGCCTGCAGATAATTAAAATTGCAAATTGCTGCACTAAGCAAAGGCGAGAGAGCTCTT
CGGGATTGGATAGGATAGTGTGCACGAGCTCCAGCAGAGATACAACCGCGCCGATGGCCAGCAAAACTCCAACTAAATCGTGATGGAGAACAACG
TCGGCGGACACGGTGCTGCCGCCTGCCACTGTTGTTGTTGTTATTGCTTCTGGCACAGTGGAGCAAAGTCACAACGTGTTATTGGTTCAACTTAT
ATAAATATATTGCATATGAAAGTATTAGTCGACACTACGTGGAAAAGCAATTCTTAAATAATAATTATGGTATATATCCAATTTCATCAAAATTG
GAAAAAGGAAGAAAATATTATTTGCCCTGTTTACTGACTCTGCCCAGTGTGCCTTGTCGTCAAGACCAAGAGGCCCGCCTCTAGTGGAACAACAA
CAAGTAAAACAATAACACGCCACACGCGCAAAGCTAAAAATGACGGTTCTGCCGACTGGTCTTTATCTAAGAAATATCCTCTGGGGGGGGGTGTG
GGTTAGTTGAAATACCCGAAATATTATAGGCCCCGCAAGCACAAACACTCTAAAATTCGGGCATTATCAATGGCCTAATAACATCTGAGCACAGA
AGTCCCTCTTGAGATCCACGCTCCCTCTATGATACCCCCCCCTAGCAGCATTTTAGTTCGCTGGCGACGCCTCTGGAGAACACGTACGCATGTCT
TCTTCAGTTTCTCTGCTGATCGGTGGGGATCGGAAATCGTATACTGTATATTGTAATATTCTGCACTTCCATGTGTCCGATTTGTTATAAACAAT
AACAAAGTCTCTTTGTAATTGATTGGTTGATAGGTGGGGGAGGGGGTGCGGCAACAACAACACCAAAACCAAACCAGTTGACATGCGCTCTTTAA
AATCAAAATCTCACTGCGCTCTCTGAATTGTGCCCTGCGAAAGGTAAGGCATTTTAGTTTTCGGACTCAATACGAACTATCAAGCGTAACTACAT
ATTGTATATTGTTGCCCATTCATTATGAAAGGGTAAGCACTCAATAAAGTTAGTGCTTCTCATATTTCCTCAGGTTAGATAAATCGATATAATAC
ATATGCATAATGCGTTTTTGAAGTTGGTATTTTAATATGGACAAATTATAGGTTACTTTATGAGGCGATTAAAGCTGTTTTTATATTTTATGTTA
TTCC
(SEQ ID NO: 271)

Exon: 2614..2385
Exon: 1576..1257
Exon: 1189..1001
Start ATG: 2399 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT9529
AAGCAATAACAACAACAACAGTGGCAGGCGGCAGCACCGTGTCCGCCGACGTTGTTCTCCATCACGATTTAGTTGGAGTTTTGCTGGCCATCGGC
GCGGTTGTATCTCTGCTGGAGCTCGTGCACACTATCCTATCCAATCCCGAAGAGCTCTCTCGCCTTTGCTTAGTGCAGCAATTTGCAATTTTAAT
TATCTGCAGGCGGTTCGACAAGAAAATGGGCCAAGCAAAGAAAGTCTCCTCCGCCTTGAGCAAGCTCTTCGTGTACGGCGCCCTCAAGTACGGAC
AGCCCAGCAACTCAATCCTGGCCAGCTCTGGCAACGGCTTCGCTAAGTTCTGGTGCAAGGCGACCACCACCCAAAAGCTGCCGCTAGTGATCGCC
ACCCGCTACAACATTCCCTTCCTGCTGAACAAGCCCGGAGTGGGATATTACGTAACAGGGGAGATCTACGAGGTGGACGATCGAATGCTGAATTC
CCTGGACAACCTGGAGGATTGCGAGGAGATCTACACTCGCGAGATGCACGATATGAACATTGGCGTTGGAGAAGGAACCGTTCCATGCTGGGTGT
ACCTGCTGCAGAAGTACCCGGAGAACCTACTTAGTCTGCGCTACTTGTCCAGCTACGAGAACTCAACCACCCATCCATACATTATGCGCCATCGC
CGCACCCACAAGCATCCGGCCCAGGACGACCTCACCTACGAGGCCCAGAACTAATAACGTGGGTTGTGGTGTCG
(SEQ ID NO: 272)

Start ATG: 216 (Reverse strand: CAT)

MGQAKKVSSALSKLFVYGALKYGQPSNSILASSGNGFAKFWCKATTTQKLPLVIATRYNIPFLLNKPGVGYYVTGEIYEVDDRMLNSLDNLEDCE
EIYTREMHDMNIGVGEGTVPCWVYLLQKYPENLLSLRYLSSYENSTTHPYIMRHRRTHKHPAQDDLTYEAQN*
(SEQ ID NO: 273)

Name: Calcium binding related protein
Classification: ligand_binding_or_carrier

Celera Sequence No. : 142000013384694
GCACGACACGCCGGAGCGAATGCTAGAGAAGGAGTGTATCAGTGAGATTGTGCCTTGGCGCGATTCCCGCCGCTGGCTGTACTGGCGTCTGCGAC
GTCTCCTGTTGGAGGACGCATATATTAAGAAGATCCTGCGCGCTCAGGACAACCTCTCCGTGGGTCAGGCCAAGCAGATGCTGCGTCGATGGCTG
GTAGAGGAGAAGGGTGCCACAGAGGTGAGACATTTTGAGCTTCCACTCCAGGAGACCACTAAATTATTCTCTTATGTATAATTAGGCTTATCTGT
GGGACAAAAACGAGGAGATGGTGTCTTGGTATGAGGAGCAGATCAATGCCGAATCTATTGTTTCCCGCAACGTGAACTCCGTGAGACGGGATGCC
ATTATTTCTACCATTTCGAAAATGCTCGAGGTAAGAGCCAAATCTTAATACCTATAAATTGGGAACTAACTCCTCTATTTATATATCTTTT
CAGGACTGTCCCGACGTAGCGCTGGACGCTGTTGTGGGTCTTTGCCAAGGTCTGACGCCAGTGAATCGAGGCGTGGTCGTACGCACATTAGCCCA
GATGCAGCTGAATGAGGAGACCTCTAACAGCAACCAGGGATGATTCTACGCTATGTTCTAAGTTCTTTTTAGGCCCTCTATTTCATCCTTCCCGT
TCCCGCCCTTCACCACATTTCTCAGTCCCGCTTTGCGCTTGTAAGATATCGCAAGGCGTGCATGATGTGCATTTTGTTTAGTTAAATTTGTTTAA
AAGTAATTAGCGTAAATCTAGTTATGTATTGGAGTTGTAGGCATGGGTTAATTTGTTGCCTAAGTGGCCCGATAAACTAGTTGTATCGTGTACAT

ATTTGATTATGTATATCCCCTGAATACAAATCATTCCATTAGTTGTATAAGAACTAAAGTCCTTTGTACACAGAGCCTTTTGAATAATACGAGTT
ACTGAAAAAATAAATGTATGGTACACTACATTAACAAAACTCGCTGGATTGCAAAAGGGGTTTTTCGTCTTGTTCTGTTTTTCTTTTCTTTTGGT
TCCACAGGATCGATAATGTACATAATTTCATTTATTTTTATAATTTTAAAATGAAATCTATCGCAGTCGGGGGTTATATCCTCCGATTCACTGCG
TTCCTATATGCCGTTTTTTAATTAAGATGAGTGGGGGGAGATGGGATGGCGAGAGCCTGCTTCAGTTCAGGTTATCCATCCAATCGGGCTCGGCG
ACACTTATCTTCTCTATAATGGAATTAACCTGATAGCATAGCGACTGGATCTGCCTATCCCACTGAGGCAGTAGTTCCCGATTCTCGAAGTGCAC
AATGGCCGAGATCTGGTCGATGTGTCCGTTCATGCGACCTTCGGTAATCATCTGAGAGGCAATCTTCTCTGCTTTCACCGCGGGTATGTCCAGCA
GAGCGCCTAGCTCCTCAAAAGTTATGTTGTTGTACAGCTTACTAGCCGACAACAGATTGTGCTCGAAAACAGCCCGATCCAAGATCGAGGATCCA
TCGGAGGTGGCAGCCTTTTGGTGGTCCTGCAGCAGGGCCTCGAACTCCTGTAGCTCGGAGCGCCGAATGATGCGCTCCAAGTACATCTTTTCCAA
AATTCCATAGGCCGGCAAGTGCTGACAGCGTTCATCCTTGAACAGAGTGGCCAGCATGCGGGAACGCTGCTGTCCGGCAGAGGCGAGGACTGTGC
AGATGAGCGCTTTCTTCAGTGCCGTCATCCTCTCGCCTTGGTCCACGATCTTGCGGTAGGAGAGCTCGTTATATCGCTGGGCGGCCTCGATAAAC
TTGCGCCTGTAATCCAGGACACGAGCATAACAGACTTTATATAGAACCTAAAAGGTGCGATTTTTAACAGATTACCCATCTAAAATAGCGCTAGG
AAGCCATTTACCTGCAACTCCTCGGAATTAGTTTCGGCCTGCAGCAATGATGCCCGGTTGATGAACAGCTCCGCCTGCACCGAATCGTTGTCCTC
CAGATAGAGTCGAGCGATCTTTAAGTAGGTGCCCAACTTGCACTCCACGGAGTACTGTTTCTGACCCGTCTCCAGAGGAATGCCAACTAGCACTG
TGGCCGCATCGCGCCACTGCTGGTTGCGCTCATAGATGTTGGCCAGGTGGAAACGTATGCCAGCCACTTGCTCTTCGAACGAGATGACGCGCGGA
TTGACCTTTTCCAGGGTGAAGTGAGAAAGCATCTTGGACAGATCGTCAGGCAACTTGCTCAGCTCGCTGCCCACGTCGTTAAGGATCTGCCGCGA
GATCACCAGGCTGACGTGCTCGTTTACAATGGCCTCCACAAAGAGCCGGAGCCCATCGATCAGCTCTTGGCCGGTGTTCGTCAGCACAGTCTTCA
GCAGCTGGCGGTACTTGTCCGCCTGGTCCTTGTGCGTGCCAGTGAAGTTGATCAGGCCCATCAGCTGGCTACGCAGAGCTGCCGTCGAGATGCCG
TAGTTTGCGGCCATATTCACTTCTATACCCAATTACTTCGCACTAGCTAAAAACAACAACGCAAGCTCATCCCTGTTATCGATAGCTCGCAAATC
CGGCCGGGACAGTGCAGGACGCCTAGCTTTTATCTAGCTGGTGTTGGAAAATGTTCGATGGTGATACTCAGCTTACAAATTTAGTTCGCAATTTA
TATTTTATTTATTATTACCTATCTATCTATGACTTCTTTCCATAGATAGGTTTTGAGTAAAGACCAAACCACATGAAAATGTTGACATAAAAAAA
TGTATATCTGAGGATAAAATTTAAATATTACATAACATAATATAACATATTTAAAATACTATCTGCAAAGCGCAAGACTCTTACCAAGGCTTACA
TTTGTTCTACTCGTATTATCTTCCAATAAAATATTTATGGAATAAAATATGCCAATAAAATATTGGCAGTATTTCCTTTCAGCATTCGATTTTTA
AAGGAAGGCCTATAATGATTCGGTAAGGTTTAAAATTCACTTAATGCTTACACTTGTACATACTTTCCCAATAAATTATTTAAAATTGGCGCTTC
AATCCAAGCTGCAGTCTATCGGTGACTGCATTCTTGAAATATCGATACAAAAATGACAGTCGGTGCGCTGCAGTAAACAGTGAAAAAATATACTT
GTGTCGAGTCCAATTGGACTGCGAAAACTGCATTAAACAAAGAGGTCAAAGACAATCTGCAAGTGGTAGTAGCTAGAGAATTACTAGAAACTCGA
GATATTCAGTGCAAAGACCAATCCATTCGGATCCTTGTGGAAAAGGGTGGAGGCCAGGCCCACACATACATACACTTTCAGCAGCAGCGCAGCTC
GCCGAGTGAAGTGGAAAATGTATCCAAAGGAGTCCAATGGCCGTTTTTGCGAGCAGATATGAACGGAAATTGCCAATTGACGACACCCAGGCGCT
GAGCTGCGAGATAACCGCCGTCCAGGAGGTCGCCGGACATACGGTAGCTAGATCGCGAGGGGGCAGAGCTGCTGACCCCAGCGAAAAATCAATAA
TTGTTGATGAT
(SEQ ID NO: 274)

Exon: 2526..1912
Exon: 1852..1001
Start ATG: 2484 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT9624
TTGTTTTTAGCTAGTGCGAAGTAATTGGGTATAGAAGTGAATATGGCCGCAAACTACGGCATCTCGACGGCAGCTCTGCGTAGCCAGCTGATGGG
CCTGATCAACTTCACTGGCACGCACAAGGACCAGGCGGACAAGTACCGCCAGCTGCTGAAGACTGTGCTGACGAACACCGGCCAAGAGCTGATCG
ATGGGCTCCGGCTCTTTGTGGAGGCCATTGTAAACGAGCACGTCAGCCTGGTGATCTCGCGGCAGATCCTTAACGACGTGGGCAGCGAGCTGAGC
AAGTTGCCTGACGATCTGTCCAAGATGCTTTCTCACTTCACCCTGGAAAAGGTCAATCCGCGCGTCATCTCGTTCGAAGAGCAAGTGGCTGGCAT
ACGTTTCCACCTGGCCAACATCTATGAGCGCAACCAGCAGTGGCGCGATGCGGCCACAGTGCTAGTTGGCATTCCTCTGGAGACGGGTCAGAAAC
AGTACTCCGTGGAGTGCAAGTTGGGCACCTACTTAAAGATCGCTCGACTCTATCTGGAGGACAACGATTCGGTGCAGGCGGAGCTGTTCATCAAC
CGGGCATCATTGCTGCAGGCCGAAACTAATTCCGAGGAGTTGCAGGTTCTATATAAAGTCTGTTATGCTCGTGTCCTGGATTACAGGCGCAAGTT
TATCGAGGCCGCCCAGCGATATAACGAGCTCTCCTACCGCAAGATCGTGGACCAAGGCGAGAGGATGACGGCACTGAAGAAAGCGCTCATCTGCA
CAGTCCTCGCCTCTGCCGGACAGCAGCGTTCCCGCATGCTGGCCACTCTGTTCAAGGATGAACGCTGTCAGCACTTGCCGGCCTATGGAATTTTG
GAAAAGATGTACTTGGAGCGCATCATTCGGCGCTCCGAGCTACAGGAGTTCGAGGCCCTGCTGCAGGACCACCAAAAGGCTGCCACCTCCGATGG
ATCCTCGATCTTGGATCGGGCTGTTTTCGAGCACAATCTGTTGTCGGCTAGTAAGCTGTACAACAACATAACTTTTGAGGAGCTAGGCGCTCTGC
TGGACATACCCGCGGTGAAAGCAGAGAAGATTGCCTCTCAGATGATTACCGAAGGTCGCATGAACGGACACATCGACCAGATCTCGGCCATTGTG
CACTTCGAGAATCGGGAACTACTGCCTCAGTGGGATAGGCAGATCCAGTCGCTATGCTATCAGGTTAATTCCATTATAGAGAAGATAAGTGTCGC
CGAGCCCGATTGGATGGATAACCTGAACTGAAGCAGGCTCTCGCCATCCCATCTCCCCCCACTCATCTTAATTAAAAAACGGCATATAGGAACGC
AGTGAATCGGAGGATATAACCCCCGACTGCGATAGATTTCATTTTAAAATTATAAAAATAAATGAAATTATGTACATTATCGATCCTGTGGAACC
AAAAGAAAAGAAAAACAGAACAAGACGAAAAACCCCTTTTGC
(SEQ ID NO: 275)

Start ATG: 43 (Reverse strand: CAT)

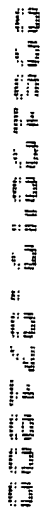
MAANYGISTAALRSQLMGLINFTGTHKDQADKYRQLLKTVLTNTGQELIDGLRLFVEAIVNEHVSLVISRQILNDVGSELSKLPDDLSKMLSHFT
LEKVNPRVISFEEQVAGIRFHLANIYERNQQWRDAATVLVGIPLETGQKQYSVECKLGTYLKIARLYLEDNDSVQAELFINRASLLQAETNSEEL
QVLYKVCYARVLDYRRKFIEAAQRYNELSYRKIVDQGERMTALKKALICTVLASAGQQRSRMLATLFKDERCQHLPAYGILEKMYLERIIRRSEL
QEFEALLQDHQKAATSDGSSILDRAVFEHNLLSASKLYNNITFEELGALLDIPAVKAEKIASQMITEGRMNGHIDQISAIVHFENRELLPQWDRQ
IQSLCYQVNSIIEKISVAEPDWMDNLN*
(SEQ ID NO: 276)

Name: COP9 complex subunit 4
Classification: endopeptidase
Gene Symbol: CH4
FlyBase ID: FBgn0027054

Celera Sequence No. : 142000013384822

Replacement Sheet

TTCCCAATTCCTTCGAGGTGATGGCACCTTCGTTATCCTTATCCAATAAGCTATAGATATTCTTGAGCAGGTCCTGCTCTTCAACAGACAATTCA
TCCATTATGCTTTATATTATGGGAAGGAGAATATTATTATTATGCTAGTAGATATACTTTTTCGATAGGATTGATACTCAGTTGAGGTCTGATAA
GCTTTGAAGGAGTTCTACGATTGAAAATTGTTATTCAAAACATTCAATATAAATATTTTTGAAAAAAGCCAACTAAGAGTTAGCCTTCGGTCTTT
AACAGATATTAAACAATCTGCGTGCTCCATGAAGTTCATAAACTTTTACTGAAGATAAAGGCATTAAAAGAGCATTCTCACGCACAGTTTGGCAA
ACAAATCACGTGCTTTCCTGGACCCAAATGATATCATCTGGCGGAGAAACTCTTTGGCTTTACGCGTATTATTTTATAGTTGAACCAGAAATTGA
TGTCATCGGTGGCGGTAAAAAATGGGCGCCCAATCCGCCCAATGAGGAAATTCCAGGAAGCCGGGCAACTCCAACTGTCGGTGATGACAATTTGC
GTGGCATTTTAATTGAACTTTCTACGTGTTCGAGTGGTGTACTTTGATTTGATCCCCATCCACCGATTTTTCGTCGATTTGAGTCAATGTTAAAG
GCGTTGCCACAAACCGCAAACTGTCGTGTCTAGGAGGTTGGGGAGGGGCTTGGTGGCTGGGGCCTCGAAACGTGCCTGAAGTATTATTACCGCCG
TCTGTGATTGATGGCCTCATGCGAGTGAGTCAGTGGATTTTTATAACTCTACGCAGATCCCTTCCTTTCAATCAAGCGGCAAAAAATCTGGACAT
CGATCTCGCCGATATTAGCTAACTTCATTTCAACTTAACTGCCCGGAGTGCTTTGAATAAAGTGGATTTGAGGCGATGCCTTGGGATTCTTGGCC
AGATTAAGTCGATTTTTTTTTTTTACTTCAATGAAAAAAATGGCACGCAATTGTTTTTCATTATTAATGCATACTTTATTTGAAATCAACTAACT
CGCTATGGTTTGAATAAAATCATTTAAAATTGAAGGAAGACCATGGAATTCTATGGGTTGCTTATATTAACTACTGCAAAACTCTTAAAATTTAA
GCCTAATTACATAAGGTTCTACTGGAATGTTGCTTGTAGTTGGATTTTTGTTTATGCTCTGCTTTACACTAACTTTTACTTTCAACCATTTTTTT
CCCTACAGCAAAATCGATTAACGATTTTGTTTACTCATTAAGATTAGCTTACCGGATAAGGAAACATAAATAAAAAATTGGAATTCACTCAGCAA
ACAGCAACACTTAGTGTTGGGCCACACATTAAAAACTAATCGATAGACTCTCGTACTAAAGGCTTAAACATTTAAATCGGTAGATTTAAGCTAAA
ATCCTAACGCATAAGAGCTCTATAAAATGCAACAACGGAGTTTGTTTCGCTTACAATTATCGCTTAACTGATTTTATTACTTAGTTTAGGTCTAT
TGCCTTGCCTAGACATTGTACTAAAAAGTATTAAATTGTAGATCTAAATTTATTTTAATGTACTTGTGGGTCTAAAACGATAAATCCTCGTTTAA
CCATTGGGAACAATAACTGTTTGTCATTATGATATTCAACTGTTCATAAGACCTTCTAAATGAAATACCAGAAAAAACAACCGAGATATATATTT
ATTAGGAATACTACTACTTTTTGATATTTCAAATTCGTAAGAGCTTTGATAAATAGTTTTCCAAATTGTGTTGTTTTTCTATTCCGATTTTACCT
CCATTAATGGATTGTTTTCTAGTTCTTTCTCGGTTTACTTCTAACGCCTCATTATGTCCTCAATGCTGAACCCTGTTCTTCTCGGTGGTGCAGGC
GGTGGTGCTATGGGCGGTGCTGCCACTGGTGGTCCCTTTTCGGTGGTGGCTCCACTTGTTTCCGTACTCGGTGGTTTTCCCAGAAGCTGTCTGGG
GGGATGTCGCGACATATTCAAAGCATATATGCTGGGACTATCCACAAAGGTCCTTTGACCCAATCCAGGATGGTGGTGCGGATCCATCAAGTCCA
AGGTCGGTGCCGGAAGAATCCTCTTTCGCATGGGTATCGATCCCAGGAAGCTGGGCATAGCTTCATGCGGTGAATGCAAAGGTTGATTGGGTGGT
TTACCCGACTCCGGCTGGGTTATTATAGTGGGTGGTGTATGTGGTGGCGGTGGAACACCAGCCTTCGAAAGGTTCAAGCTCTTGTGGTGCAAGTC
GCGTCGAACGTGCAGAATGGGCAAATAGGGATCCCCGTTGGGTGGGAGTAAGTGTGGATGTCCTGGGTGCTGGTGGGTTGGCGGAGGAGCTCCAG
GTGGTGCAGGCGGCGGTCCAGCTGCCCCAGGTGGTACAGAATATCGCACAAAGGAAGGTGGAACGGGTAGGCTGGCAATGCCAGAGTTCCCGGGT
TCCTCCTGATGTTTCTCGCCATGTGGCCGCATTGTGTAGGTTTCACCACCCTCATGATGACAGTGGGTGACTCCCTGGCGTTCCGGCTTGGTGCC
CACTGACGACGATGATTGCGATGTGGCGGCAGCCTTACTCGCCTGGAAACGCGCCACTAGTGCCACTTCTGCCTGCTCCTCGTCCTCGGGATCAA
AGTCGTCGTCCTCTTCCCTGGGCAAATCGTGTACTCTTGGCAGATCCTGCAGTTCCTCTTCCTCGTCGAAGTCATCGAACTCCTCTTCGCTTTCC
TCATGATCGATGGCTGCCTTGCGCTTGAGTCTCATTCTTTCGGACTCAGATTTCTCACCCGATCCTCCAGACTCGCCCAAATTGTGAACTGGCGA
CTGGCGAGGCGAGTCCACTTCCAGCAACGAATCCTCCTCGTCGCCACTTAAATTTCTGGCCTCATCCTCTTCGCCCACATCCACATAGTCCCCGG
AGTTGACCTCACCCACTGCATGGGTCAAGGCATGGCGTCGTAGATCGCAGTTACGGCGGAAAACTTTGCCGCATGAAGAGCACTCGTAGGGCTTG
TGATCCGTGTGGGTGAGCAGATGGGTCTTCAGGTTGGAGCGCTGATTGAATGATCGACTGCAGACGGGGCACTTGTGGGGTGATTCCTCCATGTG
CAGGATCTTGTGGACAGCCAAGGTTCTCGATTGGCAGAATCCCTTGCCGCATTCCGTGCATTTGAAGGGTTTCTCCTTGGAGTGAATATACCTGG
GCGAATACAAGTGGAGAAACAATTAGACTTTATTGTTATAGCGTGGGCGTTTTCCTGGTAGCTGCAATTGGTAGCCCAGGTTGACAGTTATCTCT
GCTCAAATGCAGCCTTAACTTGAACCGATAAAGCTCACTGATATACAGCTTTACAATACTCTAACTAAGGATATAACTGGCTAGAGCAGACAATA
GAATAAATAATATAATACTATAGCATATAATACCTATCTTTCTCTTTCAAAATGAAACCTAACCTGGATTTGTTTTAACCTTAAACCCAATTCTT
TAAAGTTTTCATTAAAGAAATCCTATGATTTTGTATCCTCTTAACTGATAGGGTATTTAACTTTCGTGTATGCGATCTGGCTGCATTAATTTTT
TATGTTTATGGCGGCCATCTTGGCAATGGCGTCCACTTGCTGTTGGATAGCAGCAGCCACAGTTAAAAGTTAAAGTCCCCATCTTCGACGGAGCC
ACAGATTCAGCATCGCATCGGAGGCAGCAGCTGCTGGTGGAAAAAAAAAAAATAAATGTATAAAAACCCAAAACAGGTTCTGCCTCCGAAGCACCG
AGATTCTTCTCCCATGCTCCGTGCGTTTCTGGTAAAAAAAAAATACAAAAAACTTAAGAAGAATTAGCCCCGCGGCAAAGCAAACAAACGACAAA
TGGACCGATACCGAACGATCAAAAGACAGAACGCTCGGACAGGCCGACACATTGAAGCCGGGATGCTGGACCTGCTGCCTGGCATCGGCATGGGC
ATCGGCACCGGGATACACAGACCCGATATATAGCCCCCAACCCCTTGGCCATCCCTCAATTTTAATGCTGGTGGAGGAGCCCCAAAGGAAAACCA
ACAGAGTTAATTAACTTTGTGTTGTACTCTGCGGCCGAGTTGAAGTTTTACTGGCCGTCAGAGGAGCTCTGATTTTGGGTCCGCTTTATGGGGAC
TTACTTATTTGAGTTGAGGTAGGAAAATTCGTCGTAAAGTTTAAACATTTCCTGGAAAATTCCTTATGGTAAAAGGGGTCTTTTGAAGCGATTGT
CTGATATATCTAAAATCAATAAAACTCCATCTACGAGTAGTGGTCGCCTTTCCCTTTTGGCCGAGATTACTGTCACACCTGTTCAGAATGTGTGT
ATAAACTGCCTAGTAAGCAATAAATTACATTGATCTAATTATCCTTTGCCTTTACAGGGTATTCCATTATTCGCCATTCGTTCACACTTTGAGCA
CAAAGAATAACTCCAGGCCTGATGGCAATTACCCGAGCAGACACTGCCCCCTTTTGTGATTACTTGTACCCCAACCTCGACTCACCTGTGATCCC
TCAGGTGATCCTGTCGCCGGAACGCCTTGCCGCAGATATCACAGGAATAGGGCCGCTCGTCCGTGTGTGTCCTCTCGTGGATGAGCAGATTGTAC
GACTTGGTGAATTGTCGATTGCAGAACTTGCAGATGAACTGTTTTTTAGGCCGCGATGCCCGACCAGGAGCACGTAGCAGGCGCCTATCGAGTCC
GGCATGCATTCCAGGACCCAGGCCAGGTGGAAATAGAGCTGCGGCGGCGGCTCCTGGTGGAAATGGAAAACTTCCGGCTCCCGTGGGCGATGGAC
CCGGTCCGGTGAGATATGGCGGAGGTGGCACGCCAGCTGGTCCGTACAACACTCCAGGCGGTGGCACACCAGGACCGCCGGGTCCTCCAGGACCT
CGTCCTAACATTGCCGCCGCCGCAGCCGCCTCCCTTAGGGCCAACTCCTTTCGCTTGTCCGCCATCATGGCAATGATTTCGTAATTGGAATTACT
ACCCGGGCGCACCTTTCCGGTGGGCAGAACCGGCACAAAGGCAGAGATCTCGCGATGATGCGATGGTGGTGGCGGTGGCGGCGGACCATGCAGTC
CGGCCAAATGCTGCTGATAGGCCAGCTGTGTTTCATACGCTGAGATCCGGCTGGCCGATGAGTTGCGCGAATCGCCGTTGCCATTCTGGGAGCCA
CCATCCGATCCTCCGGATCCGCCGTTCCTATCCGCCGCACCAGGAAGACCGCCACCACCCACCGCCGCCGCTGCCGCCGCCATCGAGTTCATGAA
CTGATCCATCCGGGAAGGTCGCAGCATGGGTATCGCACCGCCTCCTCCGCCGGAGATCTCGCTGGATGAGCTTTCCGTGGGCATTATATTGGAGG
GGCTCTTCACATTCCGTTGGAACTGCCGGAGATAGGGATAGAACAGAAAAAGCCGAAAATAAAATAAGGGTAGTGGTAAATAACAATTAGTACAC
GATTGTGCTGGGTTAATTGGGCTCTCGTTTTTTTTTCGAGGCTTATCTTAATTGCGAACCGAGTGCAATAAACAGATATTTCCACGTTGTATTCT
TTATTGCTCCTAGGGTAGTACTGGGTATGATAAAAACTGACGCAAACTGGTTTAAAATAGATATATTACTATTAACTTAGTTTCTTCTTGGTGGG
AAGTTTCCTTGTAATTGAAATATTCATGATCTTGGTTTGGCAAGGCACAGGAATATATACAATATATACTATAGAATATTTACTCTTTTTATCTC
AACCGGTTGTAACTCACTTTTTAGATGTGAAATTCTTCAAATTTGCTTTTTGCACTTCTTATCACAAAATTAAACAGCTTTATGGGCAATTAACT
TGCAAATAGCCAAGGATTATCACATTAGCTGATCTTTCAGAATTTATCCACGTGAACGTGATTTAGTAGTCACAAAAAAAAAAATAATGAAGAAA
ATATTTTTCTCGAAAATAACCCATACGATTCTGAGAACGTTTTGGTATCACAGTACGTATATTTTCACAGGGTAACTAAGCAGTTTATCACATTA
TGGCCCTCGTCTATGGGTTTGTTGCTGTGTTTTTTCCATAGGAATTTTATTATTATTGTTGGTTTATTATTATCAGCGGCGGACTGCCGACGACG
GCGAGTGAAACTAAACTGAAAACGAGTCGCAGTTTGGCACCGCGATCGGTTGCTTCCAGTGCGCAGGTTAGATAAGATTGTGCGTCTAAAAAAAC
CTGCCTCCGAACCTCTGAGACTGAGTAAGCAGCACAGTAGTAACGATATAAACACACACACACACACAGTTATATTATATATGTGCCTGTGAT
ATATGGCATATCGGCAGATACCCCGGCACACTCAGATACAGATACAAAGATACAGATACAGAGGCAGGCAGCCAAGTTGCCGTCGGTTTTGGTAA
ATGACTCGAACCGAACTCGACCGACTGCTTACTGGATTTACGCAACAGGAGCCTCGACTTCTGAGTGCCTCGAAAGAAGAAGGGGCAGAGGCAGG
GGCAGGGGCAGGGGATCGGGTCCCGGAACGTGATCATCACGATAATAACAAAATAATGCACATAATAATGATCACAATGATGGCCGGACCATAAA
GTTTGTGGCCCCATATTGCAAACGCTTCTGGCTGCCATCTTCCCAACGCCTTGCACAGCAAAAAAAATGGCACCAATTTTGTACCCAATTCTATG



GAATTCTATTTTAAGATCTATCTTTTACGATAAGATTATATTTGTTATAATATTAAAGAATTTATAGTAATATGCTTTAAAATTTGTGGCTCGCA
AAGAGTGCGCCCCAGAGAGCAAAGTTTCCTCAGTAAGTCAACCTTTTTTTTCGGTGTACTATCCTCATTTAAATGTACAACCAGTTGAAAAAAAA
AATGCTTTAAAAATAACCCAGCTGTCGGTGCAATGACAGTTTTGCTTATCATTTTGCTAGAATCGTTCTCGCTGTCTCGGTTGATTTTAATGCAA
AATGCTGCAACGTCATTAAGACCAACATTAACATTCGGCTAACAACAAGTGAAGTGATCGTCATAGTTGGTTAAAAATGAGCTTAGCCAAGTTTT
TTGGAGAGGCGCCCATTGTTGAAGTTACCGTTCTTTCCGTACGGATGACTAGTCATTGTGGTGGTCTCTTATCTATGGAAATTATTTTGGCATTG
TCTGGCTGGAGAGTGCGCTGTCAGATTAGCTCTATAAAGTAGCTGAAATCATGACTTGATCATGAGTGTATCATTGTTATGGGGGAATGACTCTA
CGGACCACGTATAGTTCAAGTGGATGAGATATAAGCAGGTCCCAATTATTAATTCAAATAGCTGTTAGATGTGGGTAGGTCTTATCGTGCTATCA
TATCAGCGAGTCTTTAGTAGACAACGGAGCACGCAGTTAAGATATTAGGCAAATAGATGATCTAATTGTAATATTTACACTAGAAATGCTTACGA
AAGCCATATCGAAGCGTTTTTGTTTCCCTAATACGACTAGCACATGCCAAACTAATCTCCACGTTTATTAGATAGTAATTGGATAATTCTTTCAG
TTCAATACCTTTTAACTCTCACCCATGCGAGTTCTCGTGCCCTCACTGATAATCTGTCGCAGTCTATCTATATTCGATTCAATAAAGAACTTATC
TGATCTAATAAGTCCCCCAACTTAGGGAACCTTTGCTGTAGATGAGCGATGGCCCCGCCATGCCTCATTCGATTACGATCCCGATAATCCCATTC
CAATTTGGGCTCACGTATTTCTGGTAGCCTCGAAAAAAAAAAAAAACTGAAGTGTAACCCGTTTTGGGTATTTATATATATTTTTTTCGATTTCA
GTACTTTTTCTAGGGATTGTTTCCACACTTTTGCATTTACGACCGCTTTGGACCCACGTTTCACCCCATACCCTGTGCACATACAATGTACAATT
CAGCGTTCATTATCTTTTTTGAAACATCGGCACTTTTGAAAACGTCAAGCCAAATAAGAAAAACAAATAAAATTCATGTAAATAATGGACATCAT
CAGCAAAAGCGACGGCACGTAGACTGCCGTAGAAATATTGAGAGAGAGTTGTGCGCACAGATACAGATACAGATGCGGAGATACAAAGATACTCG
TACTCAAAGATCCACAGATACGTTTGCGCAAACGGTTGCCCAGTAAATGAAGCCAAAGGCTTAAAGTTTCCAATATGTGTGCGTCTGAAGGTGCA
CTGGAAAAATTATTGTGCACTCTTGTGAATTATTTAATATTAAAAAAAAGAGTATATCAAATAATTCTGAATATATAGGGAAATGAACAAAAAAT
AATTAGTACGTACTTTTTTATGTAATATTGAAATGTGCATATTTAATTAGAGAGGTAATATTAATATCTTTTCTTTCTCTGTATCGTACATATAA
TAAAAAGAGCCAGAAGACCAACTACTGCTGGGAGGAAAATAAAAGATATCGAGGAGCAATTTGGCTGCCACTTTTTTCCCTCCTCTTCTTTTTGA
GCCGTCTTGCTTCTTTTCCTTGGATTTCTGGGTCCGGGATCGGTTCGTTTGCTGGGTTTTTGTGTGTAAACAACTGAGGCCAGCAGAAACCCAGG
GCCCAGCAGAGTGAAAAGGTTTTAGTTGATAAAAAAAAAAAAACAGAAAAATATACAAACACACACAGACACACACTGAGCAAACGGATTTAGTAT
TTGTATAGAAAACGCAGAGAGCTGAGGAGGCGAGTTTGTCCCTCTGATGATGGCCTACGATGGCTGGAAATGTCCATGCGTCTTACTGCCCAGTG
ATTATGTATTGAAAGGGGTATATCAGGATTTCCCGACCAAGCCATTATATAACCTTTAATATCTTAGAAGGATCTGTGTATTTACAGAAAACAGA
ATGTTGCTCAATGACAAGAAAAAAATAATTTTGAATTAAATTATCATTTAACGTTATATGAATCAGTAAGATCAATCCCATGTTACCTACTAACC
GGAGCTCAACTATTTTAAAGGTTCTTAGCAATGGTTTTTGAAATAGGGACCGTTAGCTAGAAATACCTACCACAATTTTAAGGCCGAGGTACACC
CGCGGTCTATCAGTAAACCTTTTATTTCGGACCTTATCTTCTGGGCCGAGTGCTTACCGGGCCCCCATATGCACTTCAGTTTGCTTACAAAACAC
CGGCCAACAACAACAAACAAGCCAGAAGATGACGACGAAGAAAAGTGGAGTGGTGGGAGGAGTTCCCCGGAGGAGGAGAATGGGTATGGGTATGG
GTATGGGTATTACGGGTGAAGGAATGGAAAAAGGGTCGCCGAGATCCGCTGTGCAGTGCGGAATGCTCTTGGCCAGGCTGTGTGTTTTAATCCCT
TCGGGATACTTTTTCTTCCACCGAGTGTGCATATGTTTGTGTGAAGGTAGCTAATAATCAAGACAGCGATGGAGAGGAGGAAAAACCGACGCAGA
CTTATAATTATAGTCGAAGAGGAGAACCAAAGAGACCTGCACTTCACATGCGTTAATCTGAAAACCCTTTCGGGCCCAAGCAGCATCTGAGATTA
TAGTCAAAGCTATTAAAAATCTAGCATAATCATTGCCCTCGGTGGAAAGCAAGTTGCGTTGTTGTTTTTCTCTTTTTTTTTTTTTTTGCTCCCG
AGGTAGGCAGGCGATCTTCCTGCGCAGCCTTGTCTATAATTTTCTTGATTAATATCCATGAGATTTACACATTTGGAGTGCTGGCCAGAACCCTG
CACCTCAACCCTCCGCCACCCCCCGCGTTCCTGTGTGTGCTGGCCATTAATTTAAAAAGCTTTGCTAATTTCGCGGGGAAATCTGGAAACGAACA
ACTGCTAATGAAGTTTTATGGGTTCGGGAATGCAGCTGCAGCAGGATTGATAATGTCGTTAGCATAAATTGAAAATGCTTTCAAGTTACGACCAA
AGATTTGTTATGATTAAAGTATGGAGCACGCGGAGTGAGCAAGAATATCCACCAATGGATTTTTATTAAATGATAAATGGCGAGCTGCAGATAAC
CAGATTCCTCTGGTTGCTGAAATAAATATTTTTTTTTGAATTGAAACCTTCTTAGGATTAACTGAAGTTCAGACAGTTAGTTCCTAAAATTGAAT
TATTTCGGCTTAACTTTGACTCTTTCTAATCCCTCTTGAAGTAATCCACTTTGAATGCTAAGCCGATCTTCGTATAAATTCTATTGTCATATTGT
GCTGCTCCTTTCATTCGAACTAAATCCATTCAAAAATTTCACCCTTGAATAGAACTCTTAAGATCTTTTGTTGGTCGGATTGCTACTTTTTCAGG
CAATCTATTGTGTTATAATTTCAATGGGTCAATTCTTATTTATTGGAAGAGTTTATGCTAATAAGTGTAGAAGCACTAAGACTATGATTTATTAA
TTCAAATGCAATTGGATTATGCTAATTGCACACAAATCTTGGTACAAATTATTTATATATTTTTTTCTTCGACAACTTTTGGAACCCAGCCCAAA
ACTAAACATGTAAACTGATAATCACCTTTCCGCTGTCTGATTTCATTGATAGCATTAAAAATTCATATTCCCTAGACAACATCTAATTTCCCCAT
CAAAATTGATGAGTTCCCGTTCCAGAACAACAATAAATGAACTGGTCTATCAGGTGAATTATACACACGTGCCAAAACGAGGCGTGTCCATATAG
CCATTTCAATTTAAAACCCGAATATGGCGATCCCTAACGAGCCATTGTTCTGCGGTTTTATGGTAAATCTAAATTCATCAAGTATTTTGTCACGA
TTTTAATTAATTTCGATTTCAATTTTCCTGCCACAAGGCAATTACCAGCAACATTTTCCCCTGCTGCTGGTGCAACCGAAAAATGATAGTTGGTG
GCCCAAGATGGAGAGGAAAACCCACCCAAAGAGGTAAAGCGTAATAAACTTTTATGGTACTCCCTTTCTTATGCTAAAACTCTTTTTGGACACAA
AACCAAATGGCCCATAAAGCAAGACAATGAATATCCAAAATAGATCTCCACTGAGGCGAAACAAAAGCCAATAACTTTATAGAACCGCAACCAAA
AAATACAAAAAAAAAAATAATAATAACTCAGACTGTGAGAGCGCGGGAGGCGTTCTACAAAAAAAAAGCTTAAAAATGAAGGAAAAAGTAAAGCAT
TTAAAAGAAATCAAGAGATGTAGATGACGATGATGATGATGGTCTGAGGTTGAGGCTGAATCCGAATCCGAATCGGTATCTGAACCCAACAGAAG
CTTGCGGCAATTGCGTTTCCTCTTTGGCCACACGTTCTGGACAATTAAAGCCCCAGCCGAGCTCCGAATCTGAATCGAGCCAAGTTAAGACAGCG
ACCACGACCGAAAACCGAAAACAGAAAACCAAAAAAACCGGATTCCAAGCCGAGAAGGAGCGAAAAAGACGGCGAGAGCGACCACTGGCCACTGG
CACTGGCTACAAGTGAACTGGTTTACAAAGAAAAGAAACAGAAATGAAAGAAACATGTGAAAAATCACGATCTATAAAGCCGATGCACTTAATAC
CCTAGGCAAAATAAGTAAATAATACTATAGATCAAACTAGAGTAGACTTGTTGAAAAAAAACACTGGAATAAATAAGAAGCTTATAAACTATCA
GCTTATTAAACTAAGTTTGCCTAAATTTCGTAAAATATATTTTTAAAACCTAACGCGATGCTTTGAAATTCTGTAAAATTAAAGTTTTTCAGAAA
TGTAACGTTATTAACACCGATTAATATTTTTAAATAATATTTTACAAATTGTGTACACCATTTTCAAACGAAGTACCCTTACCAAGAGCACCCAT
AAGAGACCCCCAGAATTCCAAGCGAAGGTTTTTCGAGTCCGGCTCGAACCGACCAACTCGAACTGAGCGCCACAGCAACAACAATGGGGCAAGCG
GGTGGTTCAGGATGGTGGGGAAGTTTGCGGGGGGGATGGGGGACGTACTCCACCGTGGACTGTGCGGCACCACACTGAGTTCAGTGGCAATGACAG
TGGCACATGCAGTTGTAGTGGAAGCCGCTTGTCGGTCGACAGTCCGCCAACCGCCAACGTTGTTGCGCTCTCTTTCCTGTTTTTTCGCCCCGTCT
CATTCTATTTGTGGAGCAGGTTTTGAGATATATCTTGGGTCTTTCTCTCTCTCTCCTTCTCTGTCTGCGTACTCGTTATATTTTTGTACTCGCTG
CCTTTTTGGCCAACGCAAAAAATACCAAAATAAAAAAATAATAAACGTAATTAGCTAGCCCTACGCCACAAACAGAAAACAAAAAAAAAAACAAC
AAAAAATAAAACAAGTAAAAATAAGTGGTGTGGAATTTTTGTGTTCATCTGGGAAGGCAGGGCCTGTTCTCGGCGGAATCTTACCTGTGGGTTAA
ACAGAAGAAAGCCCCAGGCTCTTTGGGCTTTATCTTTGCGTCCTAAAGTATCCAAGTAGTTGTTTCAATATGATTTTGCTGGTTTTTTTGTCAGTT
TGTAAGCTTTGAAATGCTTGGCATTGTTTTTGGTTTTTAAAGTAGTAATTTATATCATTTAAGTGGCACTTGAATTGTATGTTGTTTTTTCTTGT
TGTATTTGTTTGAAGACTTCTGTTAATACGATTCTGTGAATTTAAAAGTAAATAATTTTATTAAAATTTTCAAAATATTTGTCGGAAATTTTTTG
TTATATTTTCAGGTTTGATTTTAATTTTAACAAGTATTTCACCGAATCATTCTCAAGTAAATGTATTTAAAAAAACACGCACACTAAGGGACAAT
TTTGAGATTCAAATCACGGCACGATCGCCCCAGGGGGTGGGGCTGAGGGGGCGGCAGGGGGGCGGTTACGGGAGCAGCAGCAGCATCAACGGCAG
TCAGCTACCACAAACCACGTAGTTTTTTTCCTTCCAAAATCCACGTACAACTCGCGCACAAACACACGATGTATTTGTATCTCACAGATATGAAA
ACCGAACGAAGAAAAACCCGAACCGAAACCTCAACCTCAACGAACTGAAAACCGAACGAGAGATACACGGCAGCTGAAATGTGTTTTTC
TACATTTTGTTTGAAATAGGAGCTGAAGCCAGTGCAGCTACCAATTCGCTCCTCAAGTAGTCCCAAACTCTTCCCACACACAGAGTCAGTTGCAG
TTGAAAAGCGCTTTTCTCGAGGCAACTGGCGATGCAACAAGTTCACTCACACACACACACACACACTAGCGCTCTGGGCCCGCTCAATAAGATACAT
CGGCGGCGAAAGATACAGATAGATATAGAGCGAGAGGCACTCACAATGCAGTTCACTTTTCCAACAGCTATTACCAGCGATCCGCGCGCAGGTGC
GTTGGCCACGATCAACTCTCGAAGACTGAGCCACGAACCCAAGAAACAGGGCCCGAATGGAAAAAGAGAGAATCGAGAGAATCGCGGGCTGAGAA

ATGCGTAGAAAGAGACAAGCGACGAGTAGCGAGCAGTGGCACTAAAACCAGCTTAGTGCACTGTGGAAAAAGTTTTAACAATTCTTAAATATCTG
AAGAGTAAGGCTCTAATTTTCTGTAAATAACAACAGTATAAATCTATCTGCTTAAATATACTAGATAAATAATGGATGCATTTACATATTTTTCT
GAATTAACTAGTAACTTATATTCAGTTTGAATATAGTACGACATTTCTTTCAGTGGAGGAGAGGAATTAAACCGAACTCAACCCAAACCCAACCG
GCCGCCAGTCGCACGCTGCTAAATGGACGGATGGGCCCGTGGACGGACTTATATGGAGACTGGCACTGGCGGAGCGTGGAACGTGCATTCGTACG
ACGAGTTATTGTCAGTTAGAGCGCTACCTGTTTACCGACCGACTACCGACTACCACCGACTGCTTTTTTTTTTTTGGCCCAGTCGAGAGGGTAGG
GTACAATTGGCCCGGGTGTTGCCAGATTGCCGTTGCTGCTGCTGCCCATGGATCGTTATGGTGGCTTCACCCGAAAAGGAGGAGGAGGGTGTAAC
TCTGGTAGTTCCCTGTTTATTGTTATGCCTTTTTAGTGGGGGTGTATTTTGTTCTTCGGCTTTTGTTGCGGTTTCATTTAGGGGAATGACTAATC
AGAAAGCATTTTTAGGGAGGCAAGGTGATAAGGTTTCTTCGAAGAAGGGGTTGCCAAGTCGAAAGTTGGGGTGAAATAAAGTGCATTACTCACAC
GACTATATATCTATATTATGACAAGTTCCAATGTTCTACTGATAAGTAAATATTTATTTGGAATAATTAGTTGGTAGCTTTAGGGAAAAATATTT
ATACATATGTATTTAAATATACACTGATGATTAATCGGCAGCCGAGTTATACAATTCATTTATGGAAATAGGTCGTA
(SEQ ID NO: 277)

Exon: 13422..13345
Exon: 12668..12435
Exon: 5437..4551
Exon: 3226..1001
Start ATG: 5404 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT9648
AGTCTTCGAGAGTTGATCGTGGCCAACGCACCTGCGCGCGGATCGCTGGTAATAGCTGTTGGAAAAGTGAACTGCATTAATCGTATTAACAGAAG
TCTTCAAACAAATACAACAAGAAAAAACAACATACAATTCAAGTGCCACTTAAATGATATAAATTACTACTTTAAAAACCAAAAACAATGCCAAG
CATTTCAAAGCTTACAAACTGACAAAAAACCAGCAAAATCATATTGAAACAACTACTTGGATACTTTAGGACGCAAAGATAAAGCCCAAAGAGCC
TGGGGCTTTCTTCTGTTTAACCCACAGTTCCAACGGAATGTGAAGAGCCCCTCCAATATAATGCCCACGGAAAGCTCATCCAGCGAGATCTCCGG
CGGAGGAGGCGGTGCGATACCCATGCTGCGACCTTCCCGGATGGATCAGTTCATGAACTCGATGGCGGCGGCAGCGGCGGCGGTGGGTGGTGGCG
GTCTTCCTGGTGCGGCGGATAGGAACGGCGGATCCGGAGGATCGGATGGTGGCTCCCAGAATGGCAACGGCGATTCGCGCAACTCATCGGCCAGC
CGGATCTCAGCGTATGAAACACAGCTGGCCTATCAGCAGCATTTGGCCGGACTGCATGGTCCGCCGCCACCGCCACCACCATCGCATCATCGCGA
GATCTCTGCCTTTGTGCCGGTTCTGCCCACCGGAAAGGTGCGCCCGGGTAGTAATTCCAATTACGAAATCATTGCCATGATGGCGGACAAGCGAA
AGGAGTTGGCCCTAAGGGAGGCGGCTGCGGCGGCGGCAATGTTAGGACGAGGTCCTGGAGGACCCGGCGGTCCTGGTGTGCCACCGCCTGGAGTG
TTGTACGGACCAGCTGGCGTGCCACCTCCGCCATATCTCACCGGACCGGGTCCATCGCCCACGGGAGCCGGAAGTTTTCCATTTCCACCAGGAGC
CGCCGCCGCAGCTCTATTTCCACCTGGCCTGGGTCCTGGAATGCATGCCGGACTCGATAGGCGCCTGCTACGTGCTCCTGGTCGGGCATCGCGGC
CTAAAAAACAGTTCATCTGCAAGTTCTGCAATCGACAATTCACCAAGTCGTACAATCTGCTCATCCACGAGAGGACACACACGGACGAGCGGCCC
TATTCCTGTGATATCTGCGGCAAGGCGTTCCGGCGACAGGATCACCTGAGGGATCACAGGTATATTCACTCCAAGGAGAAACCCTTCAAATGCAC
GGAATGCGGCAAGGGATTCTGCCAATCGAGAACCTTGGCTGTCCACAAGATCCTGCACATGGAGGAATCACCCCACAAGTGCCCCGTCTGCAGTC
GATCATTCAATCAGCGCTCCAACCTGAAGACCCATCTGCTCACCCACACGGATCACAAGCCCTACGAGTGCTCTTCATGCGGCAAAGTTTCCGC
CGTAACTGCGATCTACGACGCCATGCCTTGACCCATGCAGTGGGTGAGGTCAACTCCGGGGACTATGTGGATGTGGGCGAAGAGGATGAGGCCAG
AAATTTAAGTGGCGACGAGGAGGATTCGTTGCTGGAAGTGGACTCGCCTCGCCAGTCGCCAGTTCACAATTTGGGCGAGTCTGGAGGATCGGGTG
AGAAATCTGAGTCCGAAAGAATGAGACTCAAGCGCAAGGCAGCCATCGATCATGAGGAAAGCGAAGAGGAGTTCGATGACTTCGACGAGGAAGAG
GAACTGCAGGATCTGCCAAGAGTACACGATTTGCCCAGGGAAGAGGACGACGACTTTGATCCCGAGGACGAGGAGCAGGCAGAAGTGGCACTAGT
GGCGCGTTTCCAGGCGAGTAAGGCTGCCGCCACATCGCAATCATCGTCGTCAGTGGGCACCAAGCCGGAACGCCAGGGAGTCACCCACTGTCATC
ATGAGGGTGGTGAAACCTACACAATGCGGCCACATGGCGAGAAACATCAGGAGGAACCCGGGAACTCTGGCATTGCCAGCCTACCCGTTCCACCT
TCCTTTGTGCGATATTCTGTACCACCTGGGGCAGCTGGACCGCCGCCTGCACCACCTGGAGCTCCTCCGCCAACCCACCAGCACCCAGGACATCC
ACACTTACTCCCACCCAACGGGGATCCCTATTTGCCCATTCTGCACGTTCGACGCGACTTGCACCACAAGAGCTTGAACCTTTCGAAGGCTGGTG
TTCCACCGCCACCACATACACCACCCACTATAATAACCCAGCCGGAGTCGGGTAAACCACCCAATCAACCTTTGCATTCACCGCATGAAGCTATG
CCCAGCTTCCTGGGATCGATACCCATGCGAAAGAGGATTCTTCCGGCACCGACCTTGGACTTGATGGATCCGCACCACCATCCTGGATTGGGTCA
AAGGACCTTTGTGGATAGTCCCAGCATATATGCTTTGAATATGTCGCGACATCCCCCCAGACAGCTTCTGGGAAAACCACCGAGTACGGAAACAA
GTGGAGCCACCACCGAAAAGGGACCACCAGTGGCAGCACCGCCCATAGCACCACCGCCTGCACCACCGAGAAGAACAGGGTTCAGCATTGAGGAC
ATAATGAGGCGTTAGAAGTAAACCGAGAAAGAACTAGAAAACAATCCATTAATGGAGGTAAAATCGGAATAGAAAAACAACACAATTTGGAAAAC
TATTTATCAAAGCTCTTACGAATTTGAAATATCAAAAAGTAGTAGTATTCCTAATAAATATATATCTCGGTTGTTTTTTCTGGTATTTCATTTAG
AAGGTCTTATGAACAGTTGAATATCATAATGACAAACAGTTATTGTTCCCAATGGTTAAACGAGGATTTATCGTTTTAGACCCACAAGTACATTA
AAATAAATTTAGATCTACAATTTAATACTTTTTAGTACAATGTCTAGGCAAGGCAATAGACCTAAACTAAGTAATAAAATCAGTTAAGCGATAAT
TGTAAGCGAAACAAACTCCGTTGTTGCATTTTATAGAGCTCTTATGCGTTAGGATTTTAGCTTAAATCTACCGATTTAAATGTTTAAGCCTTTAG
TACGAGAGTCTATCGATTAGTTTTTAATGTGTGGCCCAACACTAAGTGTTGCTGTTTGCTGAGTGAATTCCAATTTTTTATTTATGTTTCCTTAT
CCGGTAAGCTAATCTTAATGAGTAAACAAAATCGTTAATCGATTTTGCTGTAGGGAAAAAAATGGTTGAAAGTAAAAGTTAGTGTAAAGCAGAGC
ATAAACAAAAATCCAACTACAAGCAACATTCCAGTAGAACCTTATGTAATTAGGCTTAAATTTTAAGAGTTTTGCAGTAGTTAATATAAGCAACC
CATAGAATTCCATGGTCTTCCTTCAATTTTAAATGATTTTATTCAAACCATAGCGAGTTAGTTGATTTCAAATAAAGTATGCATTAATAATGAAA
AACAA
(SEQ ID NO: 278)

Start ATG: 346 (Reverse strand: CAT)

MPTESSSSEISGGGGGAIPMLRPSRMDQFMNSMAAAAAAVGGGGLPGAADRNGGSGGSDGGSQNGNGDSRNSSASRISAYETQLAYQQHLAGLHG
PPPPPPPSHHREISAFVPVLPTGKVRPGSNSNYEIIAMMADKRKELALREAAAAAAMLGRGPGGPGGPGVPPPGVLYGPAGVPPPPYLTGPGPSP
TGAGSFPFPPGAAAAALFPPGLGPGMHAGLDRRLLRAPGRASRPKKQFICKFCNRQFTKSYNLLIHERTHTDERPYSCDICGKAFRRQDHLRDHR
YIHSKEKPFKCTECGKGFCQSRTLAVHKILHMEESPHKCPVCSRSFNQRSNLKTHLLTHTDHKPYECSSCGKVFRRNCDLRRHALTHAVGEVNSG
DYVDVGEEDEARNLSGDEEDSLLEVDSPRQSPVHNLGESGGSGEKSESERMRLKRKAAIDHEESEEEFDDFDEEEELQDLPRVHDLPREEDDDFD
PEDEEQAEVALVARFQASKAAATSQSSSSVGTKPERQGVTHCHHEGGETYTMRPHGEKHQEEPGNSGIASLPVPPSFVRYSVPPGAAGPPPAPPG
APPPTHQHPGHPHLLPPNGDPYLPILHVRRDLHHKSLNLSKAGVPPPPHTPPTIITQPESGKPPNQPLHSPHEAMPSFLGSIPMRKRILPAPTLD
LMDPHHHPGLGQRTFVDSPSIYALNMSRHPPRQLLGKPPSTETSGATTEKGPPVAAPPIAPPPAPPRRTGFSIEDIMRR*
(SEQ ID NO: 279)

Name: brother of odd with entrails limited

Classification: transcription_factor
Gene Symbol: bowl
FlyBase ID: FBgn0004893

Celera Sequence No. : 142000013384719
GCAATTGCTGCCGTAGCTCTTCATTAGATTGGATTGTATTGGATTGATTGAATTGGATTGGATTGGCCGGTTGTGAAAGAGGTCCTGACCCGGTC
CTGGGCCTCATTACTTCAAATAGAGCGCTGACCAAACGATTTAATTATACCGCCGACGCCCGACAGTTGGCCGGCACTCAGGTGGAGACCGGGTT
CGGTTATATTTCAAAACCTGACAACACACCGACCAGAGCGCTCAGTCGGCACGCATCCGCCGTGTGAGCCGCATCAGGATCAGCATTCCTTCGAT
AGCCTTCGAGCACAATTCGAGCACAAGAACTAACCAATATGACCAGAATGATAATACAAAACTCGGGCAGCTGGACACTTTGCGGAGCTGTACTC
CTGTTCGTCCTGCCGCTGATACCCACGCCGGAGGCACTGCAGCACACCGAGGAGGGTCTCGAGATGCTTTTCCGCGAGCGGTGAGTTGTCAACTC
CATTGACATCGAACCGTTCCGATGTCTATGTCTCCATCTTTTAGTTCCCAATCGGACTGGGAGAACGTGTGGCACCAGGAGACGCACTCCCGCTG
CCGTGACAAGCTGGTCCGCCAGCTATATTGGGCCTGCGAGAAGGACATTTACCGACTGACACGGCGCAACAAAAAGAGGACGGGCAATGATGAGG
CTTGGATCAAGAAGACAACCACGGAACGTAAGTTGTTGAATCGAAATCCATTCCAACCAAAGACGATTGGAATTTCAAGCGATGTACACATGTAC
ATCTATGCTATAGATCCATTGATATCGATATGATACCACCTGCTGTCTTTCCAGCTGATGGCTCCACCTGGCTGCACGTGAACTATGCCAACATG
TTTCTGCGAAGTCGTCGATCGGATGGAAACACTCCATCGATATCGAACGAATGCTGCACCAAGGCGGGCTGCACCTGGGAGGAATACGCCGAGTA
TTGTCCATCCAACAAGCGACGCAATCACTACTGATTGGCCATCGACGTTGGATCTGCTTAGATATATATATATATATACGAACAAACAAATATAT
ATTCGCTTTTTTTTTCGTGGTTGTTGTTGTTGATGTTCTTGTTGTGGTCAAATAAAATAAACAAAAGGTTTCGGTTAAATAAAAAGAAACTTTAC
TGGCTTTAACTACAAATTTCGCATAATAAAAGCTAGATTTGCATGATATAACAAATTATATTAATCAATCAATGTTATACAAATTTAACAGTAAA
ATTGTCTTTGCAGATTAGAATAGTATAATTAAAAAAAAAAAAAAAAATTTCACTTTATTCGACTTACAATGATCCTACTTTAAAATGCCCTAAATA
TGTCCTTAAAGTTATCTACAATACATTTTATACCTCTTCAATTTTGGGGGCAGTAACAATCCTGTAGTGCAATATCACCTAGTCAACAATATCGT
CCTTTTCGTCCTTGTCGGTCACATCGATCTCCTTACGACTCTTTGCTGAACCCTCAGCCTTGCTGCAGTTGGGTGATTTTCGTGGCCTCTTCGAG
GCCGAACCCTTTTCATAATGGGTGTCCAGCATCTCGAGCAGGCTCAACTGGCGGCCACCTGAACCCATTGATTTCGTGGCTGTACTGCTCGTTTT
GGACGTTGTGCTGCTGTTGCTTATTTCTACGCTGCTTTTAGCCTCCAGACTAGCGGCCTCCATCATGGCATTGGCCTCCTCATCGTCCGACAGCA
TAAGAAGGGCCTGATCTTCCGAAGAATTTGAGTTATCTTGCGATAATTGCGCGGGCAATAGATCGGTACTTTGTTGCGTTATGGTGATTTGCGGT
CGGGCGGGTTGCTTGTTGAGTTCTGGCGAGGATTTCGCTGATGTTTCTGATTTTCCTTCGCCTAATCCAGCTACTCTAGAGCTTCCAGCTTCGGC
GGATGCTCCCTCTCCGGGCACATCTCTGACCTTCTTAAGTTCCTCTTTAATAAAATCATATAGCTTCTTTTTGGATGCCTTATTCTCACGCGGCT
CCTTGGAGCTCTTCTCCTTAATAAGCCTACTGTACGACCTTAAAATACTCCAAAGCTGCTGCACCGTAGTCCCGTCATTTCGAAACAACAGCCAC
ATTTCATGAAAATCATCCCTAAACTCCACATTTCCAAAGGTATAGTAGGCCAAAGGTCTGCCCAACTGGGCGCAGACCATAAGTTGCAGCAGGGC
TTTCAGATAGGAGTCACCGCCGAATGCGCCGCAACCCCAGTTACCAGTTGCCACACCCGGTGGCGGCGTCACCATCCAGTGAACAAATCCAATGT
ACGCCTTGTTCAGCTCCCTTTCCATGAGATCCTCGCGATATTGATGATGTGACTGGGCAAAATGTAGGGCATCGATTGCCACAATGGCCGTTTGT
CGACGACCTGAGCTATCTCTTGGCGTTGAATCCTCAAAGTTGCCGGACCACTCGAAGCTTCCGGCATATCCCGTATAGTTACTATACCTTTCGGC
GCCCAACATCACCAGGGCCTCGAATGGTCGCAGACACTCCGTAAAGAGTTTACCCACCAATAGCTCCGGACAGATAACAAAGCGTATCTCCTCCT
GAACGCAGCCATGTCCCAAGACACCGCCACCCAAATATTTGTTGGCAAAGTCTACTTGCAGCAGTCCAATGCCCTCATCCTCGATTGTTCCCTCG
GCATCCACGTGCAATGGCACATCACCCAACGGCGCCGCACTTTGGCTCCAGTCGATCAGATGTTCCGGCAATCCGCTCCGACGAACAAAGGTTAC
CACACCGGTGGGCACATTGCTGGCATCCCGCTCTGTGGGACACACGCGACGAAAATAGTGCATAATGCATTTAAGCTTCTCCAGAACTGCCGGTC
CCGTCGATTGGTAAAGCCTTTTGATGGAATCGAATATATTTAACATACTTCGACTGAAGATATACGAATCTGGTGGACGCTCACCTGTTAAAGTT
GATGTCTGGAAAAGTGCTGTACTCGGACTTCCTCTTGAGGGTGTTTCTCCGGGGAAAGGTGCACAGGAAGGCATTGGCCAACAGGCAGGAGATCT
GCTGTTGGCTCAGGCTCAATGAGGCGTTCTTGTGGTGCTTGAGCAGCGGAACTGGCGATTGAATCAAGTCCGGTAGCCGCAATGCCAATCGGATA
ATGCGCGGCAATAGATCCTCGAAGAAAACCCGTGTTTCGCTCTCGTCCAGTTCCTCGTCGAGAAGTTGATGAAGGGCACGAAAGTGCCACTGATC
CCTATAGGTGGTATTATATGATATTATCGCCGCCTGCAGTTCCTCACACGTCTTTATGGGCTGCAGAAGGGCTCGTTCGATCATTTCCCAGCGAA
AATCGATGGTGGTGCTGCCATCCGGATTCTCCCTCGGATATTTCGACTCGGGCGCACAGGGCAGACGCACATGCTCGGAGTCCCACTTTCCCGGT
GATTTGTAGGGGCGTGGCGGTGTTTCACGAATTGGCAGCTGGTACATAACCCGGTGGAGATTGCCGGCAGTCACTGGTGGCAAATTCTCCAATTC
GAAAGGCTGCCGATTACGATGTATAGCCTCCATGGAAACTCCACGCCACGAATCATCTAGGGAGTTCGCCAGATTTTCCGGCTCCTCCTCCGTTT
CTATTTCGGAAATCCCGCCATCCGGCGACTTCCTCTTGAGGGTGTTTCTCCGGGGAAAGGTGCACAGGAAGGCATTGGCCAACAGGCAGGAGATCT
GCTCTGCGGCGATTTGCCGTAGATTGGTAAACCTTTTGGAATATCGGAAAAATCAAGTGTGACCTGAATTCTTGCATACCGGTGTTTTGGGGATG
AGCGATAGCTGTGATGAATATCGCACTTTATAAATACCACACACTTCGATTGAAGCGTAGTGAATTGAAGCGTTTATATATCGAAATATATTCAA
ATATATGTTGGTATTCGTTTGAGAATGAATCAATAACAAATTCAAAATTGCATTGCCTTGAATTCGGCGGGCGAAAGTGTGACCATTACATGTGG
TATTTTACCTCTCATTGTCGCTAGTATTTAAATACCAGCACGAGAAATACCAACACTGTGTCCGTTGCAATGCGAATTGCAAATATAACCGCCGA
AGGAACAACAACAAACAAAAAGAAAAAAAAAAACAAATCTTCCAGCAATTTGTCAACTATTTTCTCTAATTTTTTTTTAAAGTGTAAAACTATCAT
AACGAGCGCCAAGTTTTACGTTAAGTGAAAGGATTTTTTCCTGTCCTTCGTGCGGTAAAAATAATAGTGCATATTACCAAGGAAAATCAAGTTAA
AGGCGTCTGCGAAACTTTTATAAATGTATTTAATACTCAAAAAGGTAAGAAGCGGCGGAAAGTAATTGCTGTTTTATGTTTTTATAATCACGTTT
GGCAAGAAAATGTTATTTCGTTGACGTCAGTGGTCAAATCAAATTTTTTCAGTTTTTAACCCTTAATGTGGCACTGTCACTCGCACCTATGTATA
TATTTATGTGATTGTGGTATTTTGCTCAAGCTTACGTGTTGAAAAGAGGAAGAGAAACCGCTGCATACACGTGCAAAGACTCTGAGAATGGACAC
AAGAGAGCGAGAGAGGGAGAGAGAGAGCGCAGTTGTTTGTTTTGAAAGCGTCGCAAAAACAATACAAAAAAGGTCATACATAATTTGCACACA
CACTTGCATCTGAGGAAAACGCAAAAGCAAATTCACAGCTAGCTAAAAACCAAAATAAATATAATTTATGAAATGTACTTTTGCTAAAGTTCAAC
ACACCTTTATCTCTCCGCGAAATTTGTTTGCACCATCTCTTTCTCTCCTTTTTGCGTAAACAAACGAAAAAGCTTTGCAAGGAGAAGCAAAAAAA
AAAA
(SEQ ID NO: 280)

Exon: 3849..2935
Exon: 2867..1001
Start ATG: 3782 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT9808
TCGAAGTGTGTGGTATTTATAAAGTGCGATATTCATCACAGCTATCGCTCATCCCCAAAACACCGGTATGCAAGAATTCAGGTCACACTTGATTT
TTCCGATATTCCAAAAGGTTTACCAATCTACGGCAAATCGCCGCAGAGCAAGTGCATCCGTGCTGACCAATCGACTCGGCAAGGCTTTGTGCTTA
AACTGCGCCAGGATGTCGAAGTCGCCGGATGGCGGGATTTCCGAAATAGAAACGGAGGAGGAGCCGGAAAATCTGGCGAACTCCCTAGATGATTC
GTGGCGTGGAGTTTCCATGGAGGCTATACATCGTAATCGGCAGCCTTTCGAATTGGAGAATTTGCCACCAGTGACTGCCGGCAATCTCCACCGGG
TTATGTACCAGCTGCCAATTCGTGAAACACCGCCACGCCCCTACAAATCACCGGGAAAGTGGGACTCCGAGCATGTGCGTCTGCCCTGTGCGCCC
GAGTCGAAATATCCGAGGGAGAATCCGGATGGCAGCACCACCATCGATTTTCGCTGGGAAATGATCGAACGAGCCCTTCTGCAGCCCATAAAGAC

Confidential - Subject to Protective Order

GTGTGAGGAACTGCAGGCGGCGATAATATCATATAATACCACCTATAGGGATCAGTGGCACTTTCGTGCCCTTCATCAACTTCTCGACGAGGAAC
TGGACGAGAGCGAAACACGGGTTTTCTTCGAGGATCTATTGCCGCGCATTATCCGATTGGCATTGCGGCTACCGGACTTGATTCAATCGCCAGTT
CCGCTGCTCAAGCACCACAAGAACGCCTCATTGAGCCTGAGCCAACAGCAGATCTCCTGCCTGTTGGCCAATGCCTTCCTGTGCACCTTTCCCCG
GAGAAACACCCTCAAGAGGAAGTCCGAGTACAGCACTTTTCCAGACATCAACTTTAACAGGCTTTACCAATCGACGGGACCGGCAGTTCTGGAGA
AGCTTAAATGCATTATGCACTATTTTCGTCGCGTGTGTCCCACAGAGCGGGATGCCAGCAATGTGCCCACCGGTGTGGTAACCTTTGTTCGTCGG
AGCGGATTGCCGGAACATCTGATCGACTGGAGCCAAAGTGCGGCGCCGTTGGGTGATGTGCCATTGCACGTGGATGCCGAGGGAACAATCGAGGA
TGAGGGCATTGGACTGCTGCAAGTAGACTTTGCCAACAAATATTTGGGTGGCGGTGTCTTGGGACATGGCTGCGTTCAGGAGGAGATACGCTTTG
TTATCTGTCCGGAGCTATTGGTGGGTAAACTCTTTACGGAGTGTCTGCGACCATTCGAGGCCCTGGTGATGTTGGGCGCCGAAAGGTATAGTAAC
TATACGGGATATGCCGGAAGCTTCGAGTGGTCCGGCAACTTTGAGGATTCAACGCCAAGAGATAGCTCAGGTCGTCGACAAACGGCCATTGTGGC
AATCGATGCCCTACATTTTGCCCAGTCACATCATCAATATCGCGAGGATCTCATGGAAAGGGAGCTGAACAAGGCGTACATTGGATTTGTTCACT
GGATGGTGACGCCGCCACCGGGTGTGGCAACTGGTAACTGGGGTTGCGGCGCATTCGGCGGTGACTCCTATCTGAAAGCCCTGCTGCAACTTATG
GTCTGCGCCCAGTTGGGCAGACCTTTGGCCTACTATACCTTTGGAAATGTGGAGTTTAGGGATGATTTTCATGAAATGTGGCTGTTGTTTCGAAA
TGACGGGACTACGGTGCAGCAGCTTTGGAGTATTTTAAGGTCGTACAGTAGGCTTATTAAGGAGAAGAGCTCCAAGGAGCCGCGTGAGAATAAGG
CATCCAAAAAGAAGCTATATGATTTTATTAAAGAGGAACTTAAGAAGGTCAGAGATGTGCCCGGAGAGGGAGCATCCGCCGAAGCTGGAAGCTCT
AGAGTAGCTGGATTAGGCGAAGGAAAATCAGAAACATCAGCGAAATCCTCGCCAGAACTCAACAAGCAACCCGCCCGACCGCAAATCACCATAAC
GCAACAAAGTACCGATCTATTGCCCGCGCAATTATCGCAAGATAACTCAAATTCTTCGGAAGATCAGGCCCTTCTTATGCTGTCGGACGATGAGG
AGGCCAATGCCATGATGGAGGCCGCTAGTCTGGAGGCTAAAAGCAGCGTAGAAATAAGCAACAGCAGCACAACGTCCAAAACGAGCAGTACAGCC
ACGAAATCAATGGGTTCAGGTGGCCGCCAGTTGAGCCTGCTCGAGATGCTGGACACCCATTATGAAAAGGGTTCGGCCTCGAAGAGGCCACGAAA
ATCACCCAACTGCAGCAAGGCTGAGGGTTCAGCAAAGAGTCGTAAGGAGATCGATGTGACCGACAAGGACGAAAAGGACGATATTGTTGACTAGG
TGATATTGCACTACAGGATTGTTACTGCCCCCAAAATTGAAGAGGTATAAAATGTATTGTAGATAACTTTAAGGACATATTTAGGGCATTTTAAA
GTAGGATCATTGTAAGTCGAATAAAGTGAAATTTTTTTTTTTTTTTTAATTATACTATTCTAATCTGCAAAGACAATTTTACTGTTAAATTTGTA
TAACATTGATTGATTAATATAATTTGTTATATCATGCAAATCTAGCTTTTATTATGCGAAATTTGTAGTTAAAGCCAGTAAAGTTTCTTTTTATT
TAACCGAAACCTTTTGTTTATTTTATTTGACCACAACAAGAACATCAACAACAACAACCACGAAAAAAAAAGCGAATATATATTTGTTTGTTCGT
ATATATATATATATATCTAAGCAGATC
(SEQ ID NO: 281)

Start ATG: 68 (Reverse strand: CAT)

MQEFRSHLIFPIFQKVYQSTANRRRASASVLTNRLGKALCLNCARMSKSPDGGISEIETEEEPENLANSLDDSWRGVSMEAIHRNRQPFELENLP
PVTAGNLHRVMYQLPIRETPPRPYKSPGKWDSEHVRLPCAPESKYPRENPDGSTTIDFRWEMIERALLQPIKTCEELQAAIISYNTTYRDQWHFR
ALHQLLDEELDESETRVFFEDLLPRIIRLALRLPDLIQSPVPLLKHHKNASLSLSQQQISCLLANAFLCTFPRRNTLKRKSEYSTFPDINFNRLY
QSTGPAVLEKLKCIMHYFRRVCPTERDASNVPTGVVTFVRRSGLPEHLIDWSQSAAPLGDVPLHVDAEGTIEDEGIGLLQVDFANKYLGGGVLGH
GCVQEEIRFVICPELLVGKLFTECLRPFEALVMLGAERYSNYTGYAGSFEWSGNFEDSTPRDSSGRRQTAIVAIDALHFAQSHHQYREDLMEREL
NKAYIGFVHWMVTPPPGVATGNWGCGAFGGDSYLKALLQLMVCAQLGRPLAYYTFGNVEFRDDFHEMWLLFRNDGTTVQQLWSILRSYSRLIKEK
SSKEPRENKASKKKLYDFIKEELKKVRDVPGEGASAEAGSSRVAGLGEGKSETSAKSSPELNKQPARPQITITQQSTDLLPAQLSQDNSNSSEDQ
ALLMLSDDEEANAMMEAASLEAKSSVEISNSSTTSKTSSTATKSMGSGGRQLSLLEMLDTHYEKGSASKRPRKSPNCSKAEGSAKSRKEIDVTDK
DEKDDIVD*
(SEQ ID NO: 282)

Name: PARG PROTEIN
Classification: enzyme
Gene Symbol: Parg
FlyBase ID: FBgn0023216

Celera Sequence No. : 142000013384721
TTGTATTGCTGCCAAAATACTGCCAATCATTTCGGTCTTAAGTTATGTACATACGTATGAACTTTGTTTGCCCACGGAAAAGCGTTGAAAAAGAA
AGTCATGTAGCTTGTTAATATGCAAGTCATTAGTATTAAACACTGGACGCGTTGCTCTAAAAATTGTTTGGGTACTTTCTTAAAAATTAAATGGC
TGATTAGTTACTTTTCGACCAATATCAGCAAGACATTTGGCTATTTAATAATGATTAATTGCCCGATTAACACACAGTTCAAGCCATTGAAGATT
CTGACTCGATCTCCTTACCCTACAAATTTCCTTGGCCATCATTATCTCTTCTATTTTGGCGTTGATTTTTTTTTATCAGCGTATAGACGTAGTAG
CTCTTTAAATAATTATCTTTAGACCATATACTAAACTACTTTTCGATTCATGACTTACGGTGGGTAAAGTTGGGAAGCTCCCATCCCTCAGACGT
GCAAGTAATGGCCAGAGATAACCGTTTGGTGCGATGAAAATATTTAGTTAATGATGGTGCGCAATCTGCATCGCCCACTATACACAACACAGCAA
CCACCCACCCACTGACTGATGACAGACGGGGCGTGGCAGGTGTGATAAGCGGAGCAATTGTGATGGACAGCGATCTGTAAATTGACAGGCGGCCA
AGGGCGGGGAAGGGTGAAATGTCAAGCAGATATTCCGGTGGGTAGTTGTGGGCCATAAATAACAATCGCGAGAGCTGCGAGCTGCGGCTCCATTC
ATTGTGGGTAAGCGAACACCGGGCCGTAAATACTTCCACTTGCCTGTCGATACGATAACATTGCGATTAGGCTTATCACCACTACTCGCTCGTTC
TAACGCCTTTCGCCATCCTTCGACGTCGAGCAAGCGCGCAGTCGCAGCGGGCAGAGCAGTGCGGCAAAGCGACAAAGCGGCGAGCGGCGAAACCG
TCAACGGCTTCTTAGCTAAGTTCGTTCACAGTCGACTTCAGTCTGAGGCTGTTGATCGCCGCTTGCGGACGTGGTCGCTCAATCCTGCTCGATTC
ATAACCGATTCAAAACCGATCCCATCCGAAACGACGTGCGTTCCAATTTTTTTTTTTTTGCAGTTGTTAAATGTTTTAATGTGAGTTACGAGTGC
GCGAATGCAATGGAACAATAAAAGCAATAACGATCCGAAAGCTTCGCCAGAGACAATAAAAGCAATATCAAAACACTGATGTCTATATTATGAAA
AGATCTTACGAAACAATAAAATCCTTTTAAAGGCCAATGCAGCAAAATAGGATAAAGTTACCAGAGAAAGAGCTTCCTTTTTTTATACAGTTTGA
AAATCAATTTGCAACACAGAAAATCAATTAAAACTATTAATAATCTGAATGAGATATATTTGCGATATTGTTGGTTTAATTAATTATTTCGCAGT
GGCAATTGGAAATTTCCCTTAAATATAGCCAATTTGTGGGCTTATTGAACTCCAGACGAGGATCAGTACTTTTTTGCTTTTATTGTCTCTTTTGT
CTCTTATTGGAAAAAAATAAACAAAATTTACACGTAATATACATATATGTGCATATATTTTTCGTTAAATTAAAAGAAAGTTGAGTTTATGCATC
TTATACATATGCACATTCCTACAACGTAATGATTTTTAAAGTAAATTTAATATTTTTCTTCGATTTCAAGTGACGCGTAACGGATGTGAAGCGAT
CTCCGGGTTCCCAACATGACGGATAAAAAAAAATGGTATTGTTAATTACTAAAAATAACCACAGATGCATAATTATAGTTTTTACAGAGGGGTGGC
GATTATACAGACTACTGAACCGAGATTTATGGCCCATATTTTTGTGAGGCTCGAGTTTTACTCATTGTTTCGATTTCTAGACATGCTATATAAGC
CACACAAAATACACCTCACCATAGATTGCAATAGTGTTCTTATTTAGTTTATTGCACCTATTTACTTCGATACTCCTCACCCTTCAGTTTTAATC
AGTGGCCGTTGGGTAACGTGCAAGTTATAAGAATTGGCGGAATACATCTCCACTTGCCAGTTATGACTCAACGGACGAACGATTTTCAGAACTCC
AGGTTCGCAACTACGATAATCGGTTCTCTTGGCCGCGTGTGCAGTTTGCAAATCTAATCGCTCTGATAAGGGACTTTGAGTGACTGGCCCCGGGT
TTTAGCCACTTGAGCGGCTCCAACACAAGCAACGAGCAGGTCCAAATGTGGATTTACTTTCGACGGTCCCCAAAAAAGAGCTGCCAAACTTGGTC
AATTGGCACGGACCAACCTTGCCTATATACTTGCCTATTCAAATCTCAAAAAATAAATAACTCGACTTGCCTACACCGATGCAAATTTTCCAATT

TGTACAACTGTGTGCGCCTGCATTTCAATGTCAGACGCCGGCTTCATTTGCATATTCGTAGGCAAACTGCCAATGCGGGTGTTTAAAACAAATGC
GGCTAAAATTGCGATTACGATTTCGTTTGGTATACCAAACACACACACACACACCACTTGCTGACAAATCGCTGGGAGAGCCTGTAGTAAATG
CAACCGCTTGCAATTAGTGAGTGAGTAGTTCGCCTGGAATTTGCCATTTCGTATTTGGTTGCTCCATGCGGAGCAGAACCCGGTCGAATTGGATG
GGGCGGTGCCGATATGGGGTCGTAATTGCCGCTTCGAACGGAACAAGACAATCAAAGTTTTGCTCACTACCGAAAACATCGAACTTATCTATCTG
ACAACTTCCATTGAATAATTCTGTTTCTTTGCCGCCGTAAAAAGCAATTGTAATTAAAACTGGGCCAAAGCGCCAGCTCCTGCGGCGCTTATCAT
TTCGCTGGACCAATAAACATCGCGCTCGTTCTAATCGCTTGTAAATCAGTTGGAATGCTTTTAGACCCTCTTCATGGCGATTATGTATGTTATTG
GGTAGGTGTGAAATTTACAACCTATTTGATGGCCAATCGATGAACAAACCGACGATTATGCGATATCAATGCCGATATGCAATGTCATTAAAGAA
TCACTCACTACTATATATAGCCAATCCAATTATGTTCATCCGTTCTCGAATTCCAGAAGAATTTCTCTGCATATCACAGTTAGCGATAGTTCAAC
GCACATCCTAACCACCTATCAATCAATCAATCAATCAATCTATAGGTCCCAGGGCTCTTAGAGCTTAAGTAAAGAAATCTTGAGAAAGTGA
AATTGAGAACACTTTCACAGCACTTTCCCTCCGAAACTTTACAACTGCACTCAGGGCATACCAGGCTTATCTAATTATTTATAGGTAAAGCCCTC
AGTGTACTCATTTTTCAATTAGCTTGTTGAAAATTACGGAGTATCAGCGACTCCGATTGGTCTACGGCTTTTATGGAGCCCAATCGAGTGGATTG
AGTGGAGATCCGTCTGGAGATCAATTTTCCGTCCTTCGGTGACACTTGGCCAGTTCCCTGGCACTAAACACTACGCTATTAGCGGCTGCAAAATG
AATGAATGAATGAGTGGTTTTGAGTGTGAATGTGAGTGGCAGGCCTGGTCTACCAACTTCAAACGGCCACCGAAGCGGGTCAATGCTGTACACGT
CTGGTACTTGTATATTTTGTATATCTCTGTTTCCCTGCGATAAGGCGCTTTATGTTAATGGATGTTTGATGTGAAGTGTAGTGCGTGCAATAGCA
TTGTTTCCACGGTTTATGGAGCCATGTGATGGCTGCTATACATTACTGCCTCAAATAGCGGTCATAAACGCTGATAAAGCATCGATGGATTAGCT
GCGAACCGATTCTGGATCGCAGTTAGATAAGGCCCATTCATTGGTCGCCATTCGGGACTTTCGCAGTTCGCTTCCTGAATCATCAACC
ATCGAACAGATACAGATCCAGTTGTCCGAACATGGCCATGACCATGACTAGCTGCACTAGGCACCAGCTGCAATTACCATTCGATCCACATGGAC
ATGACCATTAAAGCTCCAGCAGACATTTAGACGCAGCATTGTCAGTAATCAGCATGTTGTTTATGGCGTGGAAAGCCATACTCCCAGCCAGTTTG
TCAAAGTGTGGAGGCGATCGCCGAGAGAGCTATCTTCCCTAGCTGGGTTATCTGACGCCCGCCACTGGCGTAAACCTCGTAAAAGCTCGGGGCCT
AAGGCTGGATAATTTATGCCGGGCCACCGAATTCACACGCCCGCCGTTGAAGTAAAGGCCCGTTCAAATATAGAACAGTCCTTATCTGTGGCGGA
GGTGTCAAGCACAAGGCCACAAGTCTCGGTTTCGGTTTCTGATGAAATGTCGCCGATCCTCAGATCACTAACGAATCTCAGTGGCCATATGAAAT
GGAGCTGCCGGCGGAGCAAGTACCCCTGCTGGGTGGGCTCTCCAAGTTTTCGATTATTGCATTTCGAATTACTAACCTGGATCCTTCTTTCGTCC
GCAGAAATACAGCCAGCGGCTGAGCCTGTGGCTGAACCAGAGCCTTCTCCCGCGGCCGAAATAGCTCCTGCAAGTCCCGATGGCTCCGGTCCAAG
TGCTGCCGCTGCAGAAGAAGTCACCCCGAGTGTTGCGACCGTTGAAGACACTACCCCGATTGCAGCCCCTGCAGAGAGTCAACCGTCCGGCGAGA
GCAACGGCACGGCGGAGGCCAAGAAGCTGCCCGAGATCGCTAAAAAGAATGGCAAGGAGCCCGACCAGAATGACAAGGAGCCCGACCAGAATGGC
AAGGAACTGGCAGAGACCAATGACTTCAAGAACGTCTCCGAGACTGAGGGTCAGCAGAAGGTAATCGTCATTGGTGCTCTTTAACAAGTATTGAA
GCAAACACTGTACTTACCTTTTCATTGACACCCACAGAAACTGCCCTACCCCAAGTCCGTGTTCTTCATCATCAGTAACGAATTCTGCGAACGTT
TCAACTATTACGGCATGAGGAGTAAGTTAATCGCAAAGTATCTTACAATGAAATCTCTGCTAATCGCTCGTACTCCATTCAGCTGTTTTGGTTCT
GTATCTGAGTCGAGTTCTGGGCTATTCTGATGATACCGCCACCGTGGTCTTCCATATCTTCACCATGTTCGTGTACTTCCTGTGCGTTTTTGGAG
CCATCATTTCGGACTCTTGGCTGGGAAAATTCAAGACTATCCTGTATTTATCGCTGGTTTATATATGCGGATCGGTGCTGCTGACCCTAGGTGCC
ATTGGACCACTTAACCTGCCCATGGAAACGTTTACGATGTTGGGCCTGGCGTTAATTGCCCTTGGTTCAGGCGGCATTAAGCCGTGTGTGTCGGC
ATTCGGTGGCGATCAGTTTAAGGTGCCGGAGCAGGTGAAGCAGATCACTTCGTTCTTCTCGCTCTTTTACTTTTCGATCAATGCCGGATCGCTGA
TCTCCACCACGGTGACTCCAATATTGCGCGAGGACGTGTCCTGCTTTGACGACATTAACTGCTATCCATTGGCCTTTGGAGTACCGGCCGTACTT
ATGATTGTGTCGGTGATCATCTTCGTTTTGGGACGATCCCTGTACAAGATGAAGCCACCGGCCGGAAATATGGTGGTGCTTGTGAGCAGTACCAT
CTGGACAGCCCTGACCACCAAATGTAAGGAGAAAAAGACCAATCCGCGGGAGCACTGGCTGGACTATGCCGATAAAAAGTACGACCGCCAGTTGA
TTGACGATGTAAAGGTCCTTATGCGAGTCCTCTTCCTCTACCTGCCACTTCCGGTCTTCTGGGCACTGTTTGATCAGCAGGGCTCCCGTTGGACC
TTCCAGGCCACCCGAATGGACGGCGACATGGGCTCCTGGGACATCAAGCCCGACCAGTTGCAAGTGCTCAATCCTCTGCTCATCCTAATCTTTAT
ACCGTTGTACGATGTGGCCCTCTATCCGGCCCTGAAACTAGTGGGTATCCGACGACCGCTGCAGAAACTCACCATGGGCGGCATCCTTGCGGGCA
TTGCTTTCATCATTTCCGGAGTGGTGGAGCTTAGCTTGGAGGTGAGTAATTGTTCGAAAATGCTTGTTGGCTTGGGACTTAAAGCTCTGAAAGTA
TTTAATTGGGAAGTTTTAAAGTATTTTTAACTGCTGTGCTTATATATATTGTATTGTACTGTACCTGCACCTGCACTTTCCGTTTTTCTTTCGTT
GCACGCCTTGCTGTCGTTAGAAAACCTATCCCGACCTGCCCTACAGCCAGAACATCCAACTGCGCATCTTCAACGCGGACAACTGCGACTACTTC
TTCACTTCGAACATTCCGGGAGCGGAAAATGTGACGGTGACCTCGTTGAATGCCTATACCAACAAGGATATTTACGCACCCGGTTCGCTGGACGT
GGAGTTCTCGCTCAGCAGTGCAAGTGAAGCTTGTACCATTAGCGCTGACAAAATACCTAAAGTCCTTACTGATAATACGGCTTGGTCTCTGTTCC
TCAATCCGCTAAATGGTAGTGGATACTACTGGGAGGAGGATTTTGTGGACAAGCCGAGCCAGAGCCATCCGCTGATCCGAAACGTCGCTAATGTG
CCGCAGGAGCTGTCAATTCGTTGGGAAAAGGCTAGCACGGGAGAGGTGGTCTATGACGACCTGGCTAGCAAAACGTTGCTCACGCGTGTGAATTC
GGCGGAGTATGTAGTCATGGTGGGCGAAAGGAACGTCGGAACATTCGATGTTCACACCGGCGGCGTGTACACACTCCTGATTAAAGATAACAACA
ACATTTACGAGGCCAATTTGGAGGAAGTGACGAGCCCCAACTCGGTAAAGATCCTTTGGCTGGTGCCGCAGTACGTGGTGATGACCCTCGGCGAG
GTGATGTTCTCGGTGACGGGACTGGAGTTCTCATACGCCCAGGCACCACCCAGCATGAAGAGTGTCCTGCAGGCCTGTTGGCTGCTAACGGTGGC
CTTCGGCAACGTCATTGTGGTCGTCATCGCCGAGGCCGCCTTATTCGAATCGCAGGCCAGCGAGTTCTTCCTGTTCGCCGGCCTCATGTTCGCCG
ACATGTTGATCTTCATGGTGATGGCCTACTACTATGTGCCCAACGATCCGAACAAGGTGGAGGAGGCCCAGCCCCTGACGGCGGGTGATGCCAAA
ACAGAGATTCCCGCTCTCGAAGGCGGAGTCGAGAACAAGGGCAAGGACATCAACGAGTAGACCTCAAACCGATTCGTCCTGCTTGCTCCCGCGTT
GTGTATTATATATATATATTTGTACTTGTAGATGTGTATATGTATGTAAATCCTTAGTGGCCTTTGTCCATTTCCAAGCTAAGTGTAAGTGAA
GCTGCGACCGGGCATTGTTGCATATGAAAAGACATCCAACTAGTTAATCTAATAAAAGAAAATTAATAATATAATCCGTCGTTGTTACTATTCTT
GTTGTCTCTCTATCTGCTTTAATACTCTTAATTGTTTCTTTTCACCTATGACCTGGATTTTACTCAGTATGATAGTCTTATACGATATCATTCCG
GAGATTTCTGGTATTGCTCCGATCTAATATATTAGTACCAGCTTGCACGTATATCTTCCACCCTTGCAGCACACTTACCCATTGATCCCGAGCAG
TGGTAATACCCAGCTACGCGTCTTCAGCGGTATTCCCGACTGCGATTATCGCTTTAGTACGAACCTCGGAGCCCGGGAGAGCTTCACCTTAAGGG
GGCTGGACTTCTACTATTCGGGTAGCGTGGCCACGAACACCGACGGCATCTTCCAGTTAACATACACCGTGGAAAGTTTAACTGAAGGTATGTTA
CCACGTTATCGCGATCCTCCTATTCAAGAGAACTTGTTGATGTAAGAACTCGTGAATATGTTTAAAGCCCACCATCCTCTTTGGAGCGTTAAGCT
GTCAACACAAATAGAATCACTTCAGTGGTCACAAGGTTTTCGGATGTTTGAGAGTATCTTAGAATGGCTGATAAGCCATTAGTAGTAATTACTAG
TAACTTTTTTGGGTAGTATTTTGAATTGGGTATGGGTAGTATAGTTGAAATGGGTATTCTACCACAATTTGTACTTTATTCTGAATGGTGTACCC
CTTAGGTTGCGCAATCCTGGAGGGCGGAACACAGCAGTTGTATGAGGCCACCGCCCACTCACTGTTCCTGCGACCTTCGCACGCCATCACTAAGT
TTTGGTACGAGGACGAGGTGCAGAAGTCGAATCGCTCGTGGGCTTTTGTGCGAAACTTGGCGAATCTCTTGGCCACCACGCGTGTCGTTTGGCGG
GAGGATTCAGGGGATACGGTGGCCCTGGATTTGCCCGCCCGCAATCATGATCTCTACGAGCTAAGTACGGGCGGTTACAACGTTCAGGTGGCGGA
TCACAATCTTACCAGCATAGAGTTACGCGCTGGGGGCGTTTACGCCCTGCTGATCGGCCAGAGTCACGGAACATTCGTATCGCGAATCATAGAGG
TAACCAGCCCCAATTCGATGCACATGCTCTGGCTGGTGCCGCAGTACGTGGTAATGACCCTCGGTGAGGTGATGTTCTCGGTGACGGGACTGGAG
TTCTCCTATTCCCAGTCGCCGCCCAGCATGAAAAGTGTCCTGCAGGCCTGCTGGCTGCTAACAGTGGCCTTCGGCAACGTTATCGTCGTGGTTGT
GGCGGAACTCAAGTTCTTCGACTCGCAAGCCAGCGAGTTCTTCCTGTTCGCTGGCCTCATGTTTGTCGACATGCTGGTCTTCATGTTCGTGGCCT
ACTACTATAAGCCATATGATGAGGTGGCTGCTCTGGCGGAGAGGGTAAGGGCCAGACGGGAACGGAAATGGCAGGATCTCGACCGATTCAAGAGG
GACTAGGAATACGGATGCCTGATTGTCATTTGAATCTGTCCGCTTATTATATCCTTATGTGCAGTTCTTTTACGATTCGAAATAAATATCCCCCA
AATATGGCAGAACAAAGACTTTTTAATATCCGCCATCATCCTTTGAATTGTTTAATACGCTAAGTTGAGTGTTAAATAAGTTATATTAAATGTT
ACTGACCATTGCCTTTACATTTATCCAGCGCTCAACTTGTTTATTACCGCCAGTGGACTCTGCACTTAGTTTATCATTAAAATATAAGTCCACTG

CACTTAGTATATCAATAAAATATAAGTCTACTGCACTTAGTATATCATTAAAATATAAAATGTAGGTTTATATTAGTATAACTGTAACGAATATT
CAAGCTCGCGCGGAGTTGCCAGATCACAACTTAACAGCGTGCTGTTATGCGCATGTTGTCACCTGACATTCCGCCTTTTTTAGTACCTTTTGCGC
TGACATTTGGTCGAGAAAAATATAAGAAGAGGAAGAGTTGAAAATCATATGACTTGTCGATCGATAGAGAAAAAAGGTTGAATTTTCACCGTCGC
TCCGTATCGAACTGCACGCCCTTCGCCACACAATTCGCGCAACTTTCGGTCGAGCGAGAGCAGTCCCATAGAAAGGAATCCAGCGCAATTCGCCA
CCTCTTCAACTTCCAGTCAGCTCCTCTGCGTGTGTGTGTGTGCGTGTGTCATCAAGATGAACAGCTCGGGCTTTATGTTTAACATCGATAATGGA
TATCTGGAGGGTCTGTGCCGCGGCTTCAAGTGCGGCATCCTGAAGCAGGCTGACTATCTCAACCTGGTGCAGTGCGAGACCTTGGAGGGTAAGTA
GTAGAGCCATCGCAAGCGTAAACCGAAAACCCCATTTTCCCACACGCCCCTGGGTCACATGACCAGCGATAACAGAGTGGTGCGTGTGTGTATAT
ATATACATGTACGGCTGTTAATGTATCTTTGCGCCGGTGTGTGTAAGCTTGTCTTGTGATTTGTTGACGTTTTTCAATT
(SEQ ID NO: 283)

Exon: 1001..1125
Exon: 1686..1744
Exon: 4470..4810
Exon: 4883..4961
Exon: 5023..6026
Exon: 6196..7181
Exon: 7601..7782
Exon: 8081..8864
Start ATG: 1726

Transcript No. : CT9935
GTTGATCGCCGCTTGCGGACGTGGTCGCTCAATCCTGCTCGATTCATAACCGATTCAAAACCGATCCCATCCGAAACGACGTGCGTTCCAATTTT
TTTTTTTTTGCAGTTGTTAAATGTTTTAATTGACGCGTAACGGATGTGAAGCGATCTCCGGGTTCCCAACATGACGGATAAAAAAAATGAAATAC
AGCCAGCGGCTGAGCCTGTGGCTGAACCAGAGCCTTCTCCCGCGGCCGAAATAGCTCCTGCAAGTCCCGATGGCTCCGGTCCAAGTGCTGCCGCT
GCAGAAGAAGTCACCCCGAGTGTTGCGACCGTTGAAGACACTACCCCGATTGCAGCCCCTGCAGAGAGTCAACCGTCCGGCGAGAGCAACGGCAC
GGCGGAGGCCAAGAAGCTGCCCGAGATCGCTAAAAAGAATGGCAAGGAGCCCGACCAGAATGACAAGGAGCCCGACCAGAATGGCAAGGAACTGG
CAGAGACCAATGACTTCAAGAACGTCTCCGAGACTGAGGGTCAGCAGAAGAAACTGCCCTACCCCAAGTCCGTGTTCTTCATCATCAGTAACGAA
TTCTGCGAACGTTTCAACTATTACGGCATGAGGACTGTTTTGGTTCTGTATCTGAGTCGAGTTCTGGGCTATTCTGATGATACCGCCACCGTGGT
CTTCCATATCTTCACCATGTTCGTGTACTTCCTGTGCGTTTTTGGAGCCATCATTTCGGACTCTTGGCTGGGAAAATTCAAGACTATCCTGTATT
TATCGCTGGTTTATATATGCGGATCGGTGCTGCTGACCCTAGGTGCCATTGGACCACTTAACCTGCCCATGGAAACGTTTACGATGTTGGGCCTG
GCGTTAATTGCCCTTGGTTCAGGCGGCATTAAGCCGTGTGTGTCGGCATTCGGTGGCGATCAGTTTAAGGTGCCGGAGCAGGTGAAGCAGATCAC
TTCGTTCTTCTCGCTCTTTTACTTTTCGATCAATGCCGGATCGCTGATCTCCACCACGGTGACTCCAATATTGCGCGAGGACGTGTCCTGCTTTG
ACGACATTAACTGCTATCCATTGGCCTTTGGAGTACCGGCCGTACTTATGATTGTGTCGGTGATCATCTTCGTTTTGGGACGATCCCTGTACAAG
ATGAAGCCACCGGCCGGAAATATGGTGGTGCTTGTGAGCAGTACCATCTGGACAGCCCTGACCACCAAATGTAAGGAGAAAAAGACCAATCCGCG
GGAGCACTGGCTGGACTATGCCGATAAAAAGTACGACCGCCAGTTGATTGACGATGTAAAGGTCCTTATGCGAGTCCTCTTCCTCTACCTGCCAC
TTCCGGTCTTCTGGGCACTGTTTGATCAGCAGGGCTCCCGTTGGACCTTCCAGGCCACCCGAATGGACGGCGACATGGGCTCCTGGGACATCAAG
CCCGACCAGTTGCAAGTGCTCAATCCTCTGCTCATCCTAATCTTTATACCGTTGTACGATGTGGCCCTCTATCCGGCCCTGAAACTAGTGGGTAT
CCGACGACCGCTGCAGAAACTCACCATGGGCGGCATCCTTGCGGGCATTGCTTTCATCATTTCCGGAGTGGTGGAGCTTAGCTTGGAGAAAACCT
ATCCCGACCTGCCCTACAGCCAGAACATCCAACTGCGCATCTTCAACGCGGACAACTGCGACTACTTCTTCACTTCGAACATTCCGGGAGCGGAA
AATGTGACGGTGACCTCGTTGAATGCCTATACCAACAAGGATATTTACGCACCCGGTTCGCTGGACGTGGAGTTCTCGCTCAGCAGTGCAAGTGA
AGCTTGTACCATTAGCGCTGACAAAATACCTAAAGTCCTTACTGATAATACGGCTTGGTCTCTGTTCCTCAATCCGCTAAATGGTAGTGGATACT
ACTGGGAGGAGGATTTTGTGGACAAGCCGAGCCAGAGCCATCCGCTGATCCGAAACGTCGCTAATGTGCCGCAGGAGCTGTCAATTCGTTGGGAA
AAGGCTAGCACGGGAGAGGTGGTCTATGACGACCTGGCTAGCAAAACGTTGCTCACGCGTGTGAATTCGGCGGAGTATGTAGTCATGGTGGGCGA
AAGGAACGTCGGAACATTCGATGTTCACACCGGCGGCGTGTACACACTCCTGATTAAAGATAACAACAACATTTACGAGGCCAATTTGGAGGAAG
TGACGAGCCCCAACTCGGTAAAGATCCTTTGGCTGGTGCCGCAGTACGTGGTGATGACCCTCGGCGAGGTGATGTTCTCGGTGACGGGACTGGAG
TTCTCATACGCCCAGGCACCACCCAGCATGAAGAGTGTCCTGCAGGCCTGTTGGCTGCTAACGGTGGCCTTCGGCAACGTCATTGTGGTCGTCAT
CGCCGAGGCCGCCTTATTCGAATCGCAGGCCAGCGAGTTCTTCCTGTTCGCCGGCCTCATGTTCGCCGACATGTTGATCTTCATGGTGATGGCCT
ACTACTATGTGCCCAACGATCCGAACAAGGTGGAGGAGGCCCAGCCCCTGACGGCGGGTGATGCCAAAACAGAGATTCCCGCTCTCGAAGGCGGA
GTCGAGAACAAGGGCAAGGACATCAACGATGGTAATACCCAGCTACGCGTCTTCAGCGGTATTCCCGACTGCGATTATCGCTTTAGTACGAACCT
CGGAGCCCGGGAGAGCTTCACCTTAAGGGGGCTGGACTTCTACTATTCGGGTAGCGTGGCCACGAACACCGACGGCATCTTCCAGTTAACATACA
CCGTGGAAAGTTTAACTGAAGGTTGCGCAATCCTGGAGGGCGGAACACAGCAGTTGTATGAGGCCACCGCCCACTCACTGTTCCTGCGACCTTCG
CACGCCATCACTAAGTTTTGGTACGAGGACGAGGTGCAGAAGTCGAATCGCTCGTGGGCTTTTGTGCGAAACTTGGCGAATCTCTTGGCCACCAC
GCGTGTCGTTTGGCGGGAGGATTCAGGGGATACGGTGGCCCTGGATTTGCCCGCCCGCAATCATGATCTCTACGAGCTAAGTACGGGCGGTTACA
ACGTTCAGGTGGCGGATCACAATCTTACCAGCATAGAGTTACGCGCTGGGGGCGTTTACGCCCTGCTGATCGGCCAGAGTCACGGAACATTCGTA
TCGCGAATCATAGAGGTAACCAGCCCCAATTCGATGCACATGCTCTGGCTGGTGCCGCAGTACGTGGTAATGACCCTCGGTGAGGTGATGTTCTC
GGTGACGGGACTGGAGTTCTCCTATTCCCAGTCGCCGCCCAGCATGAAAAGTGTCCTGCAGGCCTGCTGGCTGCTAACAGTGGCCTTCGGCAACG
TTATCGTCGTGGTTGTGGCGGAACTCAAGTTCTTCGACTCGCAAGCCAGCGAGTTCTTCCTGTTCGCTGGCCTCATGTTTGTCGACATGCTGGTC
TTCATGTTCGTGGCCTACTACTATAAGCCATATGATGAGGTGGCTGCTCTGGCGGAGAGGGTAAGGGCCAGACGGGAACGGAAATGGCAGGATCT
CGACCGATTCAAGAGGGACTAGGAATACGGATGCCTGATTGTCAT
(SEQ ID NO: 284)

Start ATG: 166

MTDKKNEIQPAAEPVAEPEPSPAAEIAPASPDGSGPSAAAAEEVTPSVATVEDTTPIAAPAESQPSGESNGTAEAKKLPEIAKKNGKEPDQNDKE
PDQNGKELAETNDFKNVSETEGQQKKLPYPKSVFFIISNEFCERFNYYGMRTVLVLYLSRVLGYSDDTATVVFHIFTMFVYFLCVFGAIISDSWL
GKFKTILYLSLVYICGSVLLTLGAIGPLNLPMETFTMLGLALIALGSGGIKPCVSAFGGDQFKVPEQVKQITSFFSLFYFSINAGSLISTTVTPI
LREDVSCFDDINCYPLAFGVPAVLMIVSVIIFVLGRSLYKMKPPAGNMVVLVSSTIWTALTTKCKEKKTNPREHWLDYADKKYDRQLIDDVKVLM
RVLFLYLPLPVFWALFDQQGSRWTFQATRMDGDMGSWDIKPDQLQVLNPLLILIFIPLYDVALYPALKLVGIRRPLQKLTMGGILAGIAFIISGV
VELSLEKTYPDLPYSQNIQLRIFNADNCDYFFTSNIPGAENVTVTSLNAYTNKDIYAPGSLDVEFSLSSASEACTISADKIPKVLTDNTAWSLFL
NPLNGSGYYWEEDFVDKPSQSHPLIRNVANVPQELSIRWEKASTGEVVYDDLASKTLLTRVNSAEYVVMVGERNVGTFDVHTGGVYTLLIKDNNN
IYEANLEEVTSPNSVKILWLVPQYVVMTLGEVMFSVTGLEFSYAQAPPSMKSVLQACWLLTVAFGNVIVVVIAEAALFESQASEFFLFAGLMFAD

MLIFMVMAYYYVPNDPNKVEEAQPLTAGDAKTEIPALEGGVENKGKDINDGNTQLRVFSGIPDCDYRFSTNLGARESFTLRGLDFYYSGSVATNT
DGIFQLTYTVESLTEGCAILEGGTQQLYEATAHSLFLRPSHAITKFWYEDEVQKSNRSWAFVRNLANLLATTRVVWREDSGDTVALDLPARNHDL
YELSTGGYNVQVADHNLTSIELRAGGVYALLIGQSHGTFVSRIIEVTSPNSMHMLWLVPQYVVMTLGEVMFSVTGLEFSYSQSPPSMKSVLQACW
LLTVAFGNVIVVVVAELKFFDSQASEFFLFAGLMFVDMLVFMFVAYYYKPYDEVAALAERVRARRERKWQDLDRFKRD*
(SEQ ID NO: 285)

Name: oligopeptide transporter
Classification: transporter
Gene Symbol: BcDNA:GH06717
FlyBase ID: FBgn0028491

Celera Sequence No. : 142000013384832
CCAAGATAACGAATGACTCTTCGTCCGACATGTCTCCGTTGTCGCGGTAGCAATGGCGGGTATTAATAATCAGATTTTACGACTGTGAACGCAGG
TGAGGGAATTCCCCTCTTTCGAAAACTAGACGGCAAAGTATTAGCCAAATCGATTAATTTGATATCGGCAATAGTAAGGATAAATGTATAATAAA
TGAGTTTTAGGGCAATGATTCATTAGGCGTGGGAATTACATCGACGCGTCACAATGGAATAAGCAATTGTCATGTTTATTGCATATATACCTTAT
ATACTACTGCGTTCCTTATCTCGTTTTGCTTTGCTGACAAGCTTTAAGGAAATAAAATTGTTTTCGGAGTAATATTTACTTTTAACTAATTTACC
AAACAACTTAGACCAGTGTGACCGCAATCGTTTCAAATGTGCCTTTTTTTGTGTCATTGATTGTCATATTGTCATAATCGGAAATGTTATCGACA
ATCGGCGAGCTCGTCTATCTAAATTTAAAAGCAGCTAATTTCAATAAAACTGATTACACGCCCAAAACTCGTGCATATGAAGTGCAGTTTGCACT
GCAAGGGCGGTGGAAAGTCCCGGCATCATTTATTCAAGCCCAGTGACGTGCATCCCAATTTACCTTCCTTTGTTGCTCAGCTGAGATTAATGGGC
GCGTCCTAAAGGCCTGAGCCTGACAAACCAGTTGCCAGCGAAATTACACCGAAATGTAATTGCCAAAACTCGCAAATTCTAATGGACGGCGCAGT
GCGTTCTGAACCCGCCAAACCGGATTCAGTACCTCCATTGTTCGGCTCAACTCTGTAGATGTGGGTTAATAAGGCTTTCGCGTGTTAAATATAGG
TGTGAGTGGAGCTCGCGACAAGGAACTGGTGGCTGGCCGAGATGCGACTTTCGTATTACCATAACCAACCGGTTCCTGGCTATGTGCACAGACCG
CATCCCCATCCTCATTTCCATCCCAATCCACACATTTTAGAATTAATACGTTCGTAACAATGATAATCATCATGCGGTTTATTACTCAAGAATCT
CTATGTGATCTTACGACTAATGCACGCGAATAAATAAAATTAAAAAAACTTAAACGAATACGATACGAAATTCCATTAAAGCTCAAGTGCATTCA
AGAAAACTCCTCAAACGGCTACAACTAGAAGACTCACACGTTCACTCTCGCACTCTATGATGCAGGATCTCCTCATCTGCTCTATCACATTCACA
CAAGGACTTAGGTCTAGGCCTGCGGATCCTCTGACCGCGATCTTACGCCTGTTGCTGGCGGAACAGACGCCTCTGCGTCTGGTGGGGTGGCTGGA
GGTCGCTCTGCAGGATAGAGGCGAAGTGCTGCTGCTTTAAGGAGCTGATTGTGGCGATCTTGCGGTGCCTGTTGGGCTGAGCGGCGGCCAGACCA
AGATGAAAGTAGGGCAGGTCTTCGTCCCGCGGCAGTGGCATCATCTTGTCCTCCTCCACCGGGGAGCCATCGGGTCGCACCCGGATCACCAAAGG
TCCGGTGAGGAATCTTTTGGACGGTTCTGAAGTCAGTGCGGCGGCCATTGGGAGCTCACTGCTGGACTGCGGCCCGTAGCCGTAGGCCTTGTCCA
TGTCCATGGCGTATTTGTGCTTCTGCTCGCCGCTCTCGAAGATTGGATTGGTGGCGGAGCCGGAGCTCTGGATGGGGTGGGCATGGGATGCTCCG
TGCGGAAGTTGCTGGCGCGTTAGGATGATCAGAGAGGACGCAGGAGGAGTTGGCAGGGGCTGTTGGAGCGGCTGCCTCGTTGTCACCAGGCTGGC
TCCGCTCGGATGGTCCCCCATAATCGATGACCAGACTGCGGAAGAAAAGAGCGATTAGATCGACACCGAGATTTAGAGCTCACGTCGAGCACGTC
GCGACTGCGCACTGCGGAAGTTCTGACGCGGAAATCAATCATTCTCCCACGCAGATAGAGGCACTTACTCAGCTCGTTGGCATCGCGCTGATACG
GATCTAGTGCCTCCAGCTGTACGTCGGAGAGCGTCTGCAGCTTGGCGGACCCGTAACCGAGCAGGTTGTGCTTGCACTGGTTCACTGGGAGGCCT
CCGACGGCGGCTGTTGACTTGCAGTGCACGCTTACCAATTGAGCGAATGTTGAGTAGAGGTGGGACATCTGCAAAGTAACAAAATTGGTGGTTAT
TTTAATGGCGTCTTGTGTTTAAGAATCAAGTTATAGAAATTAGAAAGCAGATCATCGCTTCTCTGTTCACCAGCCGAATATGGTATTGATTTGTC
ATAAACGAAAATCGGAGAACATATGTCGGTGATATTAGAAAAAAAAAGAAAAAAGAAAGTTCGAAGCAATCATACTTCGACCAGGTCTCTTGGGT
AACGCAGGGCAGAGGTGGAGCTGAAGCCTGGTGCTCTCAATGGGGGGATTTCGCAAGGTGCGTGTGTGTCAGCCGGGAGATGATTGCACTTTCGT
TGCACAAACGAAATGCATTTCGACAGCGCGGCCCGCGGGTTGAGCAACTGCCTCCCAGGGCGAGATTGGATGGCTGCCATCTGGTTCATGTGCCC
CAGTTCGGATGGGCTGGGTATGAGTATGGGTTTACGGTTCAGCGGCCAAAGCAACAGCTCATTGTCTATTCTCCGTGGCCAGCGAAGCGTCGAAT
GGACTTTTAATTAGCGCCGAATGTTCTACTGCGGTGACACATCTGCATCTGAGATTTGTGGGATTTCTCTGGTCGTCGGTGACGTCAAGTGGATC
GCTTCAGCTCCGATGCTAATTTAGTGGTGGTGATACAGAGCAGAAGCTCCCTGAAATTTCCGAATCCGGCATTGGTCACGACTTAGCACCTCTCC
CGACAGACAGCCAAACAATCGAAGAGTCGACGAGCAAACAGCAGAACAAAGAAATAAAAAGAAATGGGGAACTGGGTTACTTCACTAGGGGATCC
AGTATCGAGTCTGTAGCCTCCTTCTAGATATATGTATATATATATATATATGTATTTGTATACACCCTTGATCTGCTTCAAAATCTAGCAAGAGC
TTCATTTGCATTGGCTCTGCTTTGGGTTTTACAATTTTACGCCGTTTGCATAATGCATTGGATATATCGGATCGGCGGACTCGGAGGGGCCAAAG
TTGGAGAGTTGGGTTGTTGGCGGGTTGGCTCACATTACCAATTACCGTTACCCACTCAGTGGGGCCACACAAACGTGTGCAAACTGCGAATTGCA
GTGGATACCATCGCACCACCTCAGCACCCCCCTGGGTGTGCATTTGCTCAGATGTGTACTTGAGTGGGGCAGCGATTAATTGAACGAATCGGTTC
CTTTGTGCCCACCCCTCCGCCAGTGGAAGCCACTCTGCGTCAGGAGCACGTTATCTGATTCGAATAACTCGGTCGGGATTTTATGGTCCAGGCCC
TGGCACAATTAAATATATAACCCAGTCAAAATTGCAAATTCAGCAAAACAGCAATTTATTTATGGCTTAGTGCGCAAATATTCCAAAAAGCCTTT
GCGGGAGTTGTCAAAGTCACGTACTTAATTCGCTTATATAATATACGCTCGTTTTTATAAAAAATATGTTTACTCGAGATCGTCGCGGACAGGTTG
TAACTCATTAGCCTTCCAGCGAAGTGAGCTAAGCTAAGTTGAGCTGAGCTGGCATCGCCTGGTTTGTCCACAAGTCTAGCCTATAGACAGACTGA
TCTTGGCCCGAGCCATCTGTATCTGTATCTCAAACTTCCTTGTGGCTATGCGAGATACTCAGTCGACGCACAACCCCCGAGAAGCGAGACCCAGA
GATGGCCAAAAGCGGTCTCGTGGGTCTGCAGACGCGACTGCTTCCCGGGCCGCAAGTGGTGGTGGTAAACCCCTGGCCCATACCACATGCCATCC
CCAGCGGATTGGCGGTCAATAACCTGTTGATATGCGCAGGTTACATTATGAAACATCGAAATGGCCAACCACAGAGACCAACGCACAGACAGCCA
CGAAAATGAAAAATTTCATAACAGACAAAATAAAAAGCTAAAAGACGAAGTAATGATCGAAGTTCGATCGGGTATCGGATGGGAAAAGGGTTCCA
TTACTACACACATGCTTGTGTATCCCAGCATATTTTACGTAAAAACAAAACGGTAATGCGAACATAACTTATTTATTGGGGCCCGGACCGCAAAC
CGGCCAAACGCGTTTGCACCCATAAAAACATAAGGGCAACAAAAAAATTGTTAAGCTGTTGTTTATTTTTGCAATCGAAAATCGAAAGCGCTCAA
ATAGCTGCGATCACTCGGGAGCAGGGTAAAGTCGCCTCGAAACAGGAAGCTGAAGCATCTTCTATAAATACACTCAAAGCGATCATTCCGAGGCG
AGTCTGGTTAGAAATTTACATGGACTGCAAAAAGGTATAGCCCCACAAACTGCGTCTCCACATCGCTGCGTTTCGGCAGCTAATTGCCTTTTAGA
AATTATTTTCCCATTTCGAGAAACTCGTGTGGGATGCCGGATGCGGCTTTCAATCACTTCTGGCCCGGGATCGGATTGGGTCACATTGTCTGCGG
GCTCTATTGTCTCGATCCGCGGATTTAAGGCGCAGTTCGCGTGCTTAGCGGTCAGAAAGGCAGAGATTCGGTTCGGATTGATGCGCTGGCAGCAG
GGCACAAAGATCTAATGACTGGCAAATCGCTACAAATAAATTAAAGTCCGGCGGCTAATTAATGAGCGGACTGAAGCCACTTTGGCGGAGTTCAT
TAACCAAAAAACAGCAGATAAACAAAAACGGCAAAGAAAATTGCCACAGAGTTGTCACGCTTTGTTGCACAAACATTTGTGCAGAAAAGTGAAAA
GCTTTTAGCCATTATTAAGTTTTTCCTCAGCTCGCTGGCAGCACTTGCGAATGTAAATTGAAACTGATGTTCCTCATAAATGAAAATTAATGTTT
GCTCTACGCTCCACCGAACTCGCTTGTTTGGGGGATTGGCTGGCTAATCGCGGCTAGATCCCAGGCGGTATAACCTTTTCGCTTCATTCCGAGTTGTG
AAACCAGATGGCTGGTGTTTTGGCAACGACAGCCAGCGGACTCCCCTCGAACGCTCTCGAAATCAAGTGGCTTTCCAGCCGGCCCGCTGGGCCGC
TCGCCCACTGGACCGGTATTCCCAGGCCAGGCCACACTGTACCGCACCGCATAATCCTCGCCAGACTCGGCGCTGATAAGGCCCAATGTCAAGAC
CGCACTCCGCAGGCGTCTATTTATGCCAAGGACCGTTCTTCTTCAGCTTTCGGCTCGAGTATTTGTTGTGCCATGTTGGTTACGATGCCAATCGC
GGTACAGTTATGCAAATGAGCAGCGAATACCGCTCACTGACAATGAACGGCGTCTTGTCAACCATTCATATTCATGCTGACATTCATATTCATTC
CTTTGGTTTTTTGTCTTCGACGGACTGAAAAGTGCGGAGAGAAACCCAAAAACAGAAGCGCGCAAAGCGCCGTTAATATGCGAACTCAGCGAACT

Sequence Listing Page 157

CATTGAAGTTATCACAACACCATATCCATAACCATACCCATATCCATATCAATATCAATATCGCTATTATTAACGATCATGCTCTGCTGATCAAG
TATTCAGCGCTGCGCTAGATTCGACAGATTGAATCGAGCTCAATAGACTCAACAGACTCCACTCGACAGATGCGCAATGCCAAGGACAATTGCCG
TGTGTAAGTGGAGTAAACGAGGCGTATGCGCAACCTGCACCTGGCGGACGCGGCGTATGCGCAATGTGCAATTCGCTTACCTTCTCGTTGCGGGT
CAGGAACTCCCAGATGGGAATGGCCGATGACGAGCTGATCTGAATGTGGAAGGCGCCCAGCAGGCAGCAGGCCAAGATTACTTTCGCCGCAGTCG
TCATGGTGTCGTTGCTGCTTTTATGTTGCGTACTCCGCACTACACGGAGAGTTCAGGGGATTCGTGCTCCGTGATCTGTGATCCGTGTTCCGTGG
GTCAATTGCACGGTTCGGTTGTGTAACCTTCGTGTGGCGACTTTCTTTTTTTTTAGGGCCCAATAAAAGCGCTTTTGTGGCGGCTTGATAGATTA
TCACTTGGTTTCGGTGGCTAGCCAAGTGGCTTTCTTCTGTCCGACGCACTTAATTGAATTAACCAAACAACGAGCGTGGCCAATTCGTATTATCG
CTGTTTTCGGGTGTACGTGTGTCTCAGCTTGAAACGCAAAAGCTTGTTTCACACATCGGTTTCTCGGCAAGATGGGGGAGTCAGTCGGTCTAGGG
AGAGGGGCGCCCACCAGTCGATCACGAAAACGGCGAATTCCAAGCGAAACGGAAACGGAGCGAGCACTATAATCTTGCAGTACTATGTCGAACAA
CCGATCGCGGCGATGTCAGTGAGTCGTCTTCGGACAGCGCTGGCGCTCCACACGTATTTAAGCTCTGAGATCGGCTTTGGGAGAGCGCAGAGAGC
GCCATCGCACGGCAGAGCGAAAGCGGCAGTGAGCGAAAGCGAGAGGGAGAGCGGCAGCGGGTGGGGGATCGGGAGCCCCCCGAAAAAAACAGAGG
CGCACGTCGATGCCATCGGGGAATTGGAACCTCAATGTGTGGGAATGTTTAAATATTCTGTGTTAGGTAGTGTAGTTTCATAGACTATAGATTCT
CATACAGATTGTATCTGAGAGTCCTTCGAGCCGATTATACACGACAGCAAAATATTTCAGTCGCGCTTGGGCAAAAGGCTTAAGCACGACTCCCA
GTCCCCCCTTACATTTGTCTTCCTAAGCCCCTGGAGCCACTATCAAACTTGTTCTACGCTTGCACTGAAAATAGAAATTAAAAACCAAAGTAAAC
AATCAAAAAGACCAAAAACAATAACAACCAGCACCGAGTCGAACATCAGTGAGGCATTGCAAAAATTTCAAAGTCAAGTTTGCGTCGTCATCGCG
TCTGAGTCCGATCAAGCCGGGCTTGTAATTGAAGTTGTTGATGAGCCGCGGGATTACTGGATTGTGGCGAATTCTGGTCAGCATACTTAACAGCA
GCCCGCTAATTAAGCAAAATAAACATATCAAATTCCAGAATGCGACGGCGCCATCATCCTGTTTGGGAATTCAATTCGCGGGCAGATCGTTTAAT
TCAATTAAAAGGTAGAAGTCGGTAAAAGGGAGCAGAAGAATGCGATCGCTGGAATTTCCTAACATCACGGACCCCATAAATTTGATAAGCCCGAG
CTCGCTGCGTTGAGTCAGCCACCCCACATCCCCAAATCCCCGCCAAAAGAAGACAGCTGGGTTGTTGACTCGCCAGATTGAGGTGCGGATTGCAG
TGGAGTGGACCTGGTCAAAGAAGCACCGTTAATGTGCTGATTCCATTCGATTCCATCCGGGAATGCGATAAAGAAAGGCTC
(SEQ ID NO: 286)

Exon: 6396..5781
Exon: 2158..1969
Exon: 1840..1001
Start ATG: 5894 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT9939
GAAGACGACTCACTGACATCGCCGCGATCGGTTGTTCGACATAGTACTGCAAGATTATAGTGCTCGCTCCGTTTCCGTTTCGCTTGGAATTCGCC
GTTTTCGTGATCGACTGGTGGGCGCCCCTCTCCCTAGACCGACTGACTCCCCCATCTTGCCGAGAAACCGATGTGTGAAACAAGCTTTTGCGTTT
CAAGCTGAGACACACGTACACCCGAAAACAGCGATAATACGAATTGGCCACGCTCGTTGTTTGGTTAATTCAATTAAGTGCGTCGGACAGAAGAA
AGCCACTTGGCTAGCCACCGAAACCAAGTGATAATCTATCAAGCCGCCACAAAAGCGCTTTTATTGGGCCCTAAAAAAAAAGAAAGTCGCCACAC
GAAGGTTACACAACCGAACCGTGCAATTGACCCACGGAACACGGATCACAGATCACGGAGCACGAATCCCCTGAACTCTCCGTGTAGTGCGGAGT
ACGCAACATAAAAGCAGCAACGACACCATGACGACTGCGGCGAAAGTAATCTTGGCCTGCTGCCTGCTGGGCGCCTTCCACATTCAGATCAGCTC
GTCATCGGCCATTCCCATCTGGGAGTTCCTGACCCGCAACGAGAAGATGTCCCACCTCTACTCAACATTCGCTCAATTGGTAAGCGTGCACTGCA
AGTCAACAGCCGCCGTCGGAGGCCTCCCAGTGAACCAGTGCAAGCACAACCTGCTCGGTTACGGGTCCGCCAAGCTGCAGACGCTCTCCGACGTA
CAGCTGGAGGCACTAGATCCGTATCAGCGCGATGCCAACGAGCTGATCTGGTCATCGATTATGGGGGACCATCCGAGCGGAGCCAGCCTGGTGAC
AACGAGGCAGCCGCTCCAACAGCCCCTGCCAACTCCTCCTGCGTCCTCTCTGATCATCCTAACGCGCCAGCAACTTCCGCACGGAGCATCCCATG
CCCACCCCATCCAGAGCTCCGGCTCCGCCACCAATCCAATCTTCGAGAGCGGCGAGCAGAAGCACAAATACGCCATGGACATGGACAAGGCCTAC
GGCTACGGGCCGCAGTCCAGCAGTGAGCTCCCAATGGCCGCCGCACTGACTTCAGAACCGTCCAAAAGATTCCTCACCGGACCTTTGGTGATCCG
GGTGCGACCCGATGGCTCCCCGGTGGAGGAGGACAAGATGATGCCACTGCCGCGGGACGAAGACCTGCCCTACTTTCATCTTGGTCTGGCCGCCG
CTCAGCCCAACAGGCACCGCAAGATCGCCACAATCAGCTCCTTAAAGCAGCAGCACTTCGCCTCTATCCTGCAGAGCGACCTCCAGCCACCCCAC
CAGACGCAGAGGCGTCTGTTCCGCCAGCAACAGGCGTAAGATCGCGGTCAGAGGATCCGCAGGCCTAGACCTAAGTCCTTGTGTGAATGTGATAG
AGCAGATGAGGAGATCCTGCATCATAGAGTGCGAGAGTGAACGTGTGAGTCTTCTAGTTGTAGCCGTTTGAGGAGTTTTCTTGAATGCACTTGAG
CTTTAATGGAATTTCGTATCGTATTCGTTTAAGTTTTTTTAATTTTATTTATTCGCGTGCATTAGTCGTAAGATCACATAGAGATTCTTGAGTAA
TAAACCGCATGATGATTATCATTGTTACGAA
(SEQ ID NO: 287)

Start ATG: 503 (Reverse strand: CAT)

MTTAAKVILACCLLGAFHIQISSSSAIPIWEFLTRNEKMSHLYSTFAQLVSVHCKSTAAVGGLPVNQCKHNLLGYGSAKLQTLSDVQLEALDPYQ
RDANELIWSSIMGDHPSGASLVTTRQPLQQPLPTPPASSLIILTRQQLPHGASHAHPIQSSGSATNPIFESGEQKHKYAMDMDKAYGYGPQSSSE
LPMAAALTSEPSKRFLTGPLVIRVRPDGSPVEEDKMMPLPRDEDLPYFHLGLAAAQPNRHRKIATISSLKQQHFASILQSDLQPPHQTQRRLFRQ
QQA*
(SEQ ID NO: 288)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: Reg-5
FlyBase ID: FBgn0015801

Celera Sequence No. : 142000013385196
GGAAAATACGGCGAAAAGTAAGGGGATTATTATGCTTTTGTTTGGGGTGCACATGAATGTACATACGTACATGCATATGTACATTAGTACGTAAT
GCTCTATAAGGTAAGGAACTACTCACCATGTACTGTTTGCGAAAATATGCTAGTTACGAAGTCTGCCTAATACTGTCCAAGTTGCTGTGGCGTCC
GTGTGGAAATGGTTATGCTATTGCATCACATTTATATATTCTTGTAACTGAGCAAGTTGCTTAACAATTTGTTGCCTCTTTGTTGTTCTTTGTCA
CATATTTTAAAGGACGCGCAGTTTCCGTTTCCAATTGGATTCCGTTTTCGTTATGTTGTTGTGGTACCAACCGACTGCTTGTACCCTAAACTACT
ACAACTACAACAGCACCGTCACATTTGGCCCCCAGGAATGGGTAAATGGTTGTTATGCCTCGCAAATTTAATATATATATAACTTTTTTTCGTTT
CGCGACGCGATGAAAATCACTCGAGCTCTGAACTTGCAGTGTGACCGCGTTTGCTGAACTAGAGATGGCCAAGCATCGATTGCACTATCGATTAC
CTATGCATTCTCAAAAATTCGCATCCACAAAGTAGGAACTATCTGTTTCGACTAACGGTCATACTATGCAATAAATTCAAAATTTGTTTATACTT
TTTGCGGACGAAGAGTTATATATTTCATATTCTGTTTTGACAAAGGATTGCTGTTTGTTTATAATCGTAATACAAAGCATATGCTATTTTGGATA
TAGAACACTAGAATTCCCATAGGCGAACTTATTCAAATATCAAATTAATTGGTTCCTGAAAGCACCCGTAAATTCTTAGTGGCTGAAAAGTCTTA

TTGGAAGTCAGAATAATTACTCCACACACTAAGCATCTTAGTTATGCTTTGCTTTGAGCTAATCCTGGTTCTAACTGCCACCGAAAAATGATTCC
ATTGTTTATGCCAGAAGTAAATAAAACAATTTCGAACGTTATACGTTAAATTACAAAGGGAAATCGCTTTATTACCAAATCAAAATCTAGCTATG
GGTACGCCACGCTTAGAAGTTCCTGCAAGGCGAAAAATGCGCGATTAGTGGATGTCCATCCCGGGGATTCTAGCACAAACTCACTTGGTAATGAT
GCCGTCCTTCTTGGCCAGACGCACGATGCAGTCGTCGGACTCGCCCATGCGACGGATCTCGCCGCAGATGGCGTAGGTCTTGGAACCGTCGGTCT
GGCGACCGGTCTCGGGGTCCACATCCACGATGCTCAGCTGCACGGAGGCGTGATCCTTGGCGTGGATGATCCTGTTGGACGCCGAGCTGCAGGGA
AGGGTATCGGCTGGTCAGTAATCCATTCGGCAAATTGTGCGGGGAACACGTGTTTCACTTACCATTTGCGGGGCACGTACAGATCAACATTCTCA
CCGGCGTCGTTCTCCATTTTATTGGGCTGAAAGGTAAGGGACACAATTAGCTTGCTTTTTATTCAGTTTTAGTGGCGGCCACTGCTGGTTTACTC
ACTTTTTTGTAGAAATTTACAAATCTAGCGACCGCAACTCGTCGGTGAAGGCGAAAAAGAGAAAGAAATGACAGCTGGACGTGAAGTTGGCTGCG
CTGCGCGTGGCGCCCCCTGTCGGAAGTTTTGCGTACCAGCTGGTTTTGGGGTGACCAGCTGGCAAAGGTTTTGGTATTTATTTAATTGTACATTT
TTGCAAGATATTTCCATTCCCCTTTAATGAATAGGCATGTTTCAATTTTGGTTATGCACCAAAATGTATTTTAAAATTAAATGATAATTAAAAAA
AAATTTCACTTGGTTTTGTAAGTAAATATCAATAGATTTAAATATATATTTTCCCGCATTAGTGGAAAATACCAAAATCTAATGAATGACATATT
AGATACATGTTCCAGCAGCGACTGGTCACACTTTCGAAGGCCTGAGCGAAGGCTGCAGATTTCGCGTCGGGAAAATTCTATTGCATATTTAGGGG
CGCATCAAGTAAATGGCTCCCATTAGAGTGGCTCAATATATATTATTCGCAAGCTCCCAACTGCACGGACTTACTTATTTAGCATGTGAGTATTG
ATTTTGCAACAGCCAGTCAGTCAGTCTGTGATTTTGTTTTCGCTGGATGGGCGTTCAGCGCGACTGCCCTTTGACCTCGCTCGATGTCAGCAGCG
ATTTTCGTCAATGGATGCGGACCCCCACTTTTTATTGCCACTTCGCGTGTGTTTGTGCGGCTGTTGGGGCGCCCCAAGTGGGCGGCATTGTTTTC
ATCGCGCGCCATGTCGCGGAATTCGCAGTCCACGTTGCCTATTTATAGGCGTCGCTCACTCAATGAACTCTCTGATCGCATTTCATTGTGAGTTC
GGACTTAGCTTTTTCAGTTGGACGCCAACTTTGGAAGCAATCGGTTCGCTTCGCGTCGCTCGATTTCAAAAATCCCAAACGGCGTGACTTTTGCC
TTATTGTTGTTAGTTGTGTTTTTTCGACTGAAACTTCTTGAGGTGAGATTTCACAAGTGGTTATGCTGCTTGTTGACCTTTTGTGTGTGCAAAT
(SEQ ID NO: 289)

Exon: 1564..1523
Exon: 1451..1393
Exon: 1321..1130
Exon: 1067..1001
Start ATG: 1442 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT10101
CGACGAGTTGCGGTCGCTAGATTTGTAAATTTCTACAAAAAACCCAATAAAATGGAGAACGACGCCGGTGAGAATGTTGATCTGTACGTGCCCCG
CAAATGCTCGGCGTCCAACAGGATCATCCACGCCAAGGATCACGCCTCCGTGCAGCTGAGCATCGTGGATGTGGACCCCGAGACCGGTCGCCAGA
CCGACGGTTCCAAGACCTACGCCATCTGCGGCGAGATCCGTCGCATGGGCGAGTCCGACGACTGCATCGTGCGTCTGGCCAAGAAGGACGGCATC
ATTACCAAGAACTTCTAAGCGTGGCGTACCCATAGCTAGATTTTGATTTGGTAATAAAGCGATTTCCCTTTGTAA
(SEQ ID NO: 290)

Start ATG: 52 (Reverse strand: CAT)

MENDAGENVDLYVPRKCSASNRIIHAKDHASVQLSIVDVDPETGRQTDGSKTYAICGEIRRMGESDDCIVRLAKKDGIITKNF*
(SEQ ID NO: 291)

Name: ribosomal protein S21
Classification: ribosomal_protein
Gene Symbol: oho23B
FlyBase ID: FBgn0015521

Celera Sequence No. : 142000013384819
TGAAGCAGCTGCAGTTGCTCTACAAAATGGCCACCAGTTCGAGCACCACAACCACCACAACAGTGCCTCCTGTCTTTACAGGAGGATCCCTTAAT
TTGGGTGGTCCAAGTGGCTTTAAGCTGCCACCTCCTGCTCTTAGCCAGGATACCAATACGCTGAGCAATCCTGATCCTCTCAAGAGCAAATCTGA
GATCACCAAGGAGCTTATGGATGTCAGTCTGGAGACGGACACTTAGGTTGTGCGCTTATCTAGTTACTAATTAACCTCTATATACAAATACTTGT
GTATTTGGGTGCTTAGCAAATCTGTGTGTAGTATGGCTTAGCTATCTTTTGTAAATAATATTATAAATAAAACTTAATTTAGTGAATCGCTTTAT
TGAACAGCCTGAATGTAGGCAATAGAAATTTTATGTCAAATCGAGGTCATGTAAAACTCATGTAGAATTGTATAAATGTAAACTAAAATTTACAT
TGGTTAAATATATTAAAAACTGGTTATAAATTAAACATTTAAAGTTTCTGACGTCATTCGTATTTTTTTATTTACAAATATAAACAACTTTATTC
TTTCTTTCTGAGTTACGCTTTATTATGAACTTAGAAATGTTTAAATTAATTACATAAATAGTCAAGTATATTACAAAGTTACATGCTGTATCAAC
GTAGCTACATTATCGGCATATCTTCATGTATTTCCCTACTTGCATAAGTATTTTGTTCATCTAAGCTAGACAGTAGTTATGGGCTATATTATAAA
TTAAACGAAACATATGGGACACAGCAGCTGATCGTGGATCGAAAATAGGATGAGGTCCTTCCACCAAGCCAACTGTGCGCTCTGTGGACATACAG
AATACTATAAATCATTTAGGCTACATACATATCGCCTACAGTTACATATGTAGGCGTACTAAAGTAAATATTACTTATAAATATAGTCAATTTCC
ATTTAGCAGACGAGTGCATCGGTGTACAGTGGTTTTTGGGTTTTTTTTTTATGGGTATGAGATGTTTGTGTGTGTTGTGTTTGTGCGAAAAAAAA
CCATGCAGTGTCTATAAAAATAATGTCTTTCATATCATGTTTTTCTCTGTGTACTGAGTGTCCGGTGCCTTTCGGTCTGGAGTTCTCTGATTAAG
GGATTGCCAAATGAAAGCCCCGTAATCTCAATGTGGGAGTAACAACTACTTTAACTTGTGCGGATGATGATACCCGGTGGGTTGATATCTTCCTC
TTGGCTCTCATTTCCTTCCGCTCATCACGAACAGCAGTGGCACCGAATGAGTCTCACTGGCGATGTGCAATCACTTCTCGTTCTTGAGGGGCACA
CCCTCCTCCTGGGTGACGTCGCTGATTCTGACACGTTCTGGAGGATTGTTCCACGGCTGCAGTTCACCGCTGCCAAGGATGGCGAACACCACAGC
TGCCGAGATATAGGTGGCGGCCAGGATCCAGAACACAATTTGCCACGAATGGAAGGATTGCTATTGGTTTTAAAATAAAATATATAAGTAATATA
GTCTCTCTGATATTTTCAGCTAGATTTACTCACATCCTTGTAGGTGAGGGCTCCCACCATCGACGTGGAAAGGAAGCCACCAAAGGAAGACAGCG
TGTTGGCCAATCCGAAAATGGTTCCTCCAAAGTTCGGTGCAATATCCAAGCCATTGCCGAGATAACCAGCGGTGACTGCACCATGGGCAAACAGG
GCCAGCGAGAAGATCGTGACAGACCAGGTGGCATCGTAGCCCAGAAACACTTGCACTATCATCAAAAGACCGGGAATCACAAGAGCTGAAAATAA
GAGAAGATTGTTTATGTTATTCCTGCAATACCTTGAAATGATATTTTTGAATTTACTTACCAAAAGTAGTGAATAGTTTCCTGGTGGCCGTCGTG
CTCAAAGTACCCTTCTTGCGCAGGTAATCAGCCAGGTAGGATGAAGCCACAGCCATAACGTATTTACCCAGATAAGGCAGCGACGAGAACAAACC
ATTCTGTAGAAGAACAAATCTATTAGTAAATATAAGATACCCAGATAAGCCGTGTCCAACAAACCCACCTGTTTGATATCGAAGTGCAGAATCTT
GGACATGAAAGTGGGCAACTGATTGACCACAGTGAAGAATCCAAAGACGGCCAGTCCGTGACAGATGATGATTGCCCACACAGCTGGAGAGCAGA
GCAGCTGACCCCAGGGCACATGGCTCGGACGCTTCTTAGAGGTAGTGGTGCCAATGGCCTCCTCAATCTCCCGCCGCTCCTCGGCTGAAATCCTG
GGATGAGTGGCGGGTGTCTCATAGACAAAAGTGAACCAGGCCAAGGACCACAGCAGACCCACGGCTCCCGTCAAATAGAAAACACTGGCCCAGCC
AGCGACGGAGATCAGGTAGCCGCAGATGGGCATGGTGATTGCAGCACCAAGCGAAGAAGCTTTCGGGTCAAGAAAAAATATACGTTAGGGATAGG

Sub Spec Sub Spec Sub Spec Sub Spec

ACATTTTTATAATACAGGTATGCAGCCTCTATTAGGCTTTGTTCCTACGGACAAAGAACTGCTTGACTTACCCATCATGTTGGACATAAACTTGG
AGCGCTCCATGGGCGGAATCCAGACAGCGGCCACCGGGTGAATGGCTGGCCAGGATGCGCCCAGCATGAAGCCAAGAACAACTCGCACCACGATG
AGCACCACGTAGTTGATATGCGCCGCCAGCGGCGTGATCAGGGTGAGCAGACTGGCCCACAGCATGGAATGTCCAAAGACGCGGCGTCCACCGAT
CAGCTCGGCAAGACGACCGCCCGGCAGTTCGGTGAGGATGTAGCCCCAGAAGAAGCAGCCCAGCACGAAGTTGGTCTGGTAGCTGTCCCAGGGAA
AGCGCTCCTCGTACACATCCACTCCATCAGGCGATGCGGTGCTATTGGCCGCCGTACTATTCCCCACTAGAGTGGCATTCACCGCTGATGTGACA
TTGGGTCGGACCATGTCCACGATGGCAATGGTGAGGTTCACTCGCAGGGCGTAGTTCAGCATGAAGCCGAGCATGGTCAGCAGGTTCAGAACTTG
GCGGCATGACAGAAAGTCTGGAAGGGAAGGGAAGAGCGGTGTCCAATTAATAATAGAATCCAAGGCATTGGATTGGATTGGATTCATTGATACTG
TAGTACATGGCGAATAAGTCGGTGCTTCGTCGTCTGGGTCGTCGAAAGGTTAGGCACTTAAAATTCAGCTCTGGAATATTCCCAAGCTGCCGAAA
ATCAGGCGACCAGCGGCCAAAGCAAAAACCCACCCAAGAAGCGCCCCAATTTGTGATAAGAAAACTATACTACATTTAAATTGAACAGAATAACC
TTTTAATCGAAATTTAAAAAAAAAAAATCCACCTGGATTATGATCGCCTGTAATTGCATTCAAAGCTAATACACGTTTTGTTTACAATCATTTTAA
CTGATTTGTTATCAACTCACTACATCCACTACGCCCACACTACACACTTATTAACTGATGTAATCTGTTGTTTTCATTACACGATGCAGCCCAGA
TAAAAGCATTAATTACCCATATTAATGAGCCAATAAAATCGCAATCGCACAAAACTTAACAGTCGTTGTCAGGTGACCTCAATAGCATATCGAAT
GGGCCATGAATTTGATTTGAGGATCGCCGGTTTGTGGGTGCAGCTGGATTTCAAAAGGAGAAGAAAACCAATCAAACGGAATCAGCTTCATTCGA
AGCCAAAGACATGAAGGCGAAGATCATTAAGTGGTGTCCACAATCAACACAAACTGGGCCTGTCACTTTGTTTTTTTTTTTTTTTTTGGGACG
CTTATTAAGTGGCAAAGTGCATTGTACGGATTGGGTTGCATTTTTCGCAAATCACATTAATAAATTTCAAGTGGCATTGAACCGCAGTTATAACC
CGCTCTTCAATTTCAGGGAAATGCTCACAAGTGTCGGTGTAAATTTATAAGCCACCAACCCGATTGTAATAAATAATAAACTGGCTTCCAGCGAC
TTTCCCATGCAAAAAAAAACAAAAAAAAAAAACAACGCTATCAGCTGGGCGAAGCGACTATCGGGGCCAGTCTATCGCCTGTCTGGCCGGGACACG
CCCACTTCGCTGATTATTGCCCCAATATCATGTTAATGTCATGCAAAAAAAATACGAAAATAACGCCACTCGGCCGCTTGTCTAGACATCGGTGA
GCATCATCAAACGAGCGCGAAGCAACAATAAAACGAGACACTCAACTTGTATTCAAATTAGCACTCGAAAATAACCAAAATTCGAAACATCAAAA
AAGCGTTAAAAAAAAAATATACAAAATCTCTAGTCATGTTTGCTATAAATTCTTGATTCCATATAAAACCGATAACCAGAAAAACGTGCCCAAAA
TACACAAAATTATAAGTAATTCCACAGAATATCGGCAAGGTTTCGACTTAGACCAGTTTCTTCGCTCAAATCGCATAGAATTGGATCGAAGCAGA
ACTATATCCAAATTTTTGGGCGATCTATTGTGAACTCAGGAGGTGTTTGGAAAGTTTGGATCATTAACAAAGTAGCGCTCTGTTAATTTGTGGGC
CATGTCTGGACACCTGACACCTCATCATCAGCTCAAATCAATGCTAAATAAGCGTGTGCCGCAAATTACCGCCACTCCATATCGATAAGGATTGA
TTTATACGACTTCCACTTGCACGGGGGAAATAAATTATAATAATAAACTAATGTCATAAACCGGCAAGGACTATGAACTTAAAGTGGTAAATTCT
CTTATCTCAAATAGTAGCTAAAAATAATTCTCAATGTGTGTGGGAATTTCTAACTATAAATCAGGTTCGAAAACTTGCACTTAGATTGGTAAACA
AGTTTTAAGGGCCTCTATTTTCTATAATGAATCAATCCAGTTATTCAACTTATAAAATTCTATATCCATTAAGCACATATTTCGGATGATAATTA
AATTGAATAGAATTCGAGACAGAGCTCTAATTTGTCGGAATGAACTCATCAAGGGTTTTCTCTAACCGATCTTACTCATCAAACGAATTCTGAAG
TCTGTGACTCCTTCCGAGAATCTTAATGATTGAAACTCAACTCAGACTTCTTGATTAATTGTCGCCTCGAACGGTTCATTTGTTTAAAGCTTTGT
TTACGGACAAACTATTGCTTCGCATTTTCTTTTGTTGTTATCTTTTTGGCAATAAATTAAGTGAAGGCCAGACTTGATGTTTACAACCGAGAGGC
AGAAAAAACCGGCTAAAATCGTTCGAAATTATTTGGACCGACTGGATTTGGACAAACTTTTCTCAAAATTCTCAGAATTTCGCCTGTCTCGTGCA
TAAACTTATTTGATTTGGCTGCGTTTCATCTCGTTTCCTTATTTTATTTAATTTTATTTCGCTTTTTGGCAGCAATCTTTAGCCTTTATTGGCTT
TCGTTGATGCTCTACTTGAGTTTAAACAAGTTCGCCGCAGTCTGCGCCAACATAAAAATCCCATCAGAGAAAGGCAAAAACTTTATAAATAGCCG
GCAAGTAAATAAAACGAAATGAATACGGGCAAAACGTGATACTTAAATTACCGCTTTTTACGATCGAGCAACAAGTGAATCTGAGTTCGTTACTG
GGTTCATTGATTTCTCGGAAAATTCTTAAAATTTATTCGCCAAAACTGCGAATCAATTAAGTGGCACTTGAAGTTCAGATCAGCACGAAATCGAT
TATTTGCTTTGCCTTCAAATAATCATTTTTAATATTTTCGAAAAGACGCATATCCGGCACTTTTTGGGGGGTTGACGCAAAAGTATTTTCGAAAA
TGTCTTGTACGATTCTAAGTACATTCCGTCTGTTATTCTTTTTAATCTATTTCACTGGTTTATGTATATTTTGTTTTCCTTTACACTTTCGAATC
TATTTATACAGACGCTCTATCGTTCGAATGCGGGCACTGGGTACACACCCACCGATGATTATCTTCTATGTCCGTCCACTCTCGATTCTCTCTGG
CCATTCCTGACCTTCAAAATCGGAATGGGCTACATAGACTATACATTGTGTTGGTGAAAGTTAGCCACCGATATCGTCATCAGCTTCGATCAACT
GATATATATTTTCTCCTCGAATGGATGGAACGCATGTGATCGGCTTTCGGATTTTCTGGTGGAATGTCCTCAGCATTTGCGTGGGCACTATTGGT
CTGGCCCGAAAATTTTCCATTCATTCGACATACGAAAGAAAGGCCCGCAACCGACGTCACACAAATGCGCACTTTTCCGTCAAGGTGCCAAGTCA
TTTTCCTGTCACGGGATCGAAGCGGCGGGCGCAACGTGGCGTATGAGTTATGGCGAAGGCGCGCCAGCCACGAGCCCACTTTTCAGATTCGATTT
GCAGCGATTACAACAACTCCCACACAGCCCAAGATTTTCAATCGTATGTAGTCACAAACGATTTGTGCCCATGCCGGGGGAAATGCAAAACACTG
TTTTGCATTTTGAGATCAATCGATTGTTTCCGAACTTTTCCATGTGATCATTTCTACAGTAGATTGTCCTCGGCATTGTGTATTTGTGGGAATTA
ATCAATCAGAACTTCATAAGCATAACTTTACACTTTCAAATCACTGAAATAAATCATTTGCATATCTGTCGGTAATATGTTTCATTGCTTTCAAA
CGCCAAAAACGCACTGTATCGAATATTGTATCTGTCGGATGGCATGACATTGCCGCGTCGCCTTCTAGCGGCAATTATTGGCTTTGTTG
TGCTGGCCAACTGCATTTCCGTTTGTAACTGATTTACGGAACTGGCCTCGTTGAAAGCGAGTGAATTGTAATGCCACGACGCCGACGACGACATT
GTTTGTTTTCGAGTTTCTGTTTCTGTGGAACTGGTTCTACTTCAACACAATAAGCAATAAGCTAATTAATTGCTGAATTATTGTGCCAATTTGCT
GTTTGTTGAGGGGCACACACAGCAGCCTCACTTATCACTTTTGTTGGACAATCGACCATTGTGATTAACTGGCCATCTCTCGAGGAACTCTCCCA
TCGCCATTGTCCTAGATTCGTGCCTTTGATTCGCACTGGGAAATCTTCCATGGAAATTTACAATTGGAACCCTGCACTTGTGGCGTTTGCCGTTC
AAAGTGCAATCGGTCTTAAGAAGGAGCAACTTGTATACATCGATTTACAGCACCAGCCCCCAGACTGATAAGTTTATTGTACGGAATGTCTGATG
TCTGAAGCTCAGGAAAGTCAAAACTTTTATTGACTTGGCTGCATTTGGCCATAAAGTGGCCCACGAAGTGGCCAGTTCGCGAATCACTTTAATCC
AGCATAAGATATGACCGGTATGAGCTGTTCTACACATGAATGTATCTTCAAGTTGTCATTTCCTTCGACCGTATCTCATAGATGCACGTGCCGGC
TAATGAAGAGCTACAGGTTGTAAACAACTTGTCAGGGGTCTCAGGCCCCGTGCTATGTAAACATTTATAGCTGGCAATAAACAATACACATATAC
GTATATATGTATAAAAAGGGGGCTCGTCGCCAAGTGTCAATTATTTTCTGGACCCATCAAAATTATCAGCAACTATTTTGCAAATAGTCGAAAAC
TACCGACGAACTTTGGCACTTGATAGCGCGACACGCGTTGCCTTGACTATGGAGAGTCTTATAAATATATATGTAGATTGGAATGGAAATACATA
CATGCTAATTTATAAATATGATTTCAGAACCATCAATGGAGGCTTGCCTCAGCACATTTGAATGATTAAAGGGTCTTGCGGGTCAAAGCCAGCAT
TCTTTTTTTTTTTTGTACTGTCTGGGACTTGTAGATTTGATTAGCGTTGAAACTTTTAATTGTAGAAATACTTGAAATTTCTGGTTATAAATTCA
ATAATAATTAAGTGTGCCATGTGCAACGGAAGTACAACGCAAGACATGAGATTATAATCAAATACGGCGTAAACCACTTTGAAAATTCCAAGAAA
TGGTTTCAGCTCAATTGAAAGCAATCTCGTTATTACACAAAAACCAGAAAACTAGACTTGACTTAATGCATATTAAGCCGACGGCTAGAACAATT
GAACCGTGTTGCGGAGCTTCAACAATGGAGTGCCAATTATGAGAATCATTAATAAAAGAACTAAAGGATCGAGTAAACACAAATCGATGTAAAGT
GACAAAAGTTTAATAACAATTTATCGTAAGCGAAATGAGCCGAACACATGCTCATTATTCATTACTTGGCTGTTTGATTAATTCCAGACGACGAC
CCACAGTCAGTCTGCCAAGGGTGAATACCCGACGGATTCAAATGTGGATTCAAATGAGAATCGAAAGCGGTTGCTCTGGGGAATTTACAAACGCA
AATGAATGTGATTGGCCAAGCTAAATACCAATTAAATTGAAAGCTTTTTTTAGAAGTAGTTTATAATAAATTATGGGTTTTATGTCAAATTACAA
TTGAAGTGTAATTTCTCTCTGAAAGTAACACTCATTTATAAGCCAATTTAATATTTAATATTTGACTATATACGCGTTCATCAATTTGTAAATTC
CCACTTTTTGTGATACCTTTAAATAGCTTAAGCACCTTGAATTTTGTTTATACAAAGCACAATGTCAAAAAACAATAAAAACCTTTAAAAACCAG
ACATGAATCACACCTTCCTGTATTATTTGCAATTGACTGAGTGACTGAGTGGGTGTGAATTACACGAGCTTGTAATGAATAACCATACTATAAGC
TGTCTAATCGATATGAATTTCAGTTTGTTTTAGTGTTAATTGAATTTGTAATTGTCTCGTGCGACAACGTATCTAATTAGCACACTCAAAGTGAG
TTTTAATACCAACTCCCCCTAATTAGAGGCTATAAACGAGTGCATTTCGGAATCTTGGAATCTTGAGACGTATTTCTTACAATTTTTTAATATTT
TCCTGCTAATTGAACAATTTGCTCTTTGGTTAGAGCTCGCCGCTTCACTATCATTCATGATTGCTCACGGGATCGACGAAATGTGCACTCAAACA
TGCGATCAACCCACCCGCCACCACTTCATCCTCACCTCACCTGTCTGATTCCACGATTGTCTGGCTCTAAAGTGCTAAACATTTTCAAAAGTACG
AATTAAATAGTAAACAGTCGAATGACCGTCGTTGGTGGGCTATTAAAAATTCACAACACAACAACCACACACAAAAAGTGGTTCAATTAATTGCG

AAATTTTACTCGAAATTTAGTCCATGAACTAAGCTTTCCATACGCAAAAACGGAACTTGAATTGTTCAAAGACTTCAGGGGGGGGGGGATGTGTG
GTAGACTAGACCAACTAACGTGCTTAGTTAGCGTGACTGTGCTAATTTGTTTGCATAGTCTAATGCGTGGTACTACGTGGAAATGTCATAACCAT
GGCGTCATGAGGTCGCCCAACTGCGCACTCCAGCTGTCCCACGGCGTGGGCGTGTCCTTGTCCGTATCGATGACATCGCGAGGATTCGAGGAGTG
CCTGTCCTATGGTATAAGTTCCACCAGGTGTCAATGATCGAGAAGTTGTCAAGGTGTCGCGAGGTTGATACAATTAAATATTTATCACATTTTCA
TTGAAACAACTGGGTCAGGTTGTCATAGCGAAAAAATAAAACCCATTAGATACTTTCGATTATGTTATCTGTTATCAATATCTACATATTAGGAT
TTCTCTAACAAAATTGGTATATGGCCATTGAGAATAATCTGTAAATCGAACAGCTGACGAACCAAATGAATATTATAAGCTGATATATAAACTGA
AACAGTTTTTGATAATCTTGCTGAGCTTTAAGCATCTTATATCATATATCTTATATATTTTTTACTGCACACAAAAATCTCGAATATTCGAATTG
AAAATTGACATTAGAACGATGAACATTTGCAATTGACCGATGGAGGAACCGGAAAGTCAATCAGCATTCAATTGAATCACAGTGCCCAATTGATT
TGTAACCTCAATACAAGTTGTCTCGTTGACACCAATCAAAGTGGAGGCAGGAGGAGTCAAATCGATTTGTTTACGTTAACCGAGTTGCAATTCAA
TTGGCCATCAAACATGGGCAATTCTGCTCGACTTTCGAGCCCACTGACCCTGGCGCTCCCTCATTTTCCAGTGGCGTCATGCGGTTTCTGGCCGC
CTTATCGAGGAAAAAGAGGGGCTCGGCTGTTAAAAAAAAAAGGCGCTGCGGTTCACTGGGGGAGGCACATTGTTCTGGCATTTTCGACTGGCCAA
ACAGCAGGTGCAAACTGGAAACTCAATACAGTAACCATAGATGATCTCTAGCTATTTCGTATAAATATTAAATTTCAACTCGAAAGTTCTCAAAT
CATTATTTACTAATATTCAAATAATCAGTGTGCTGGCTATGATATAAGCAGGATGTTGGGTGGGCACCTATCATATCACATATGATATCATATCA
CGTTATCTACTTACTTCGCACTCTTTGCAGACCTCCTTTCTCCGTGTTGGACATGACGCCTCTAAGTGCCGGCTCTGCAAGTGGAAATATACCAG
AGGTTAGACGAATTTTATAAATTGGAAACGAAATATGGCAGGCGATGTGATAGACATCTAGAAAATGCGATATAAATAGTCTGCAGAGTTAATGA
AACTTTTTACGAAGTAACCAAAATCATGGTTATACCTTCTTTTTTTTTTTTTGGCTATCTTATCTTATCGCCGCCGGTGTCTCGTGTTTGTACCT
GAACGGTTAAACCGATATGCATATATATCATTTTCAGACGTTCTTTGATAACCACAATTGCACTGGCCTGTCATTATCTTTCTTTTGTTCAGTTG
TGCTGGCGCCGCTATAAATTATTGAAACACTGTTGCAGCAATGGTGGTGCAAAGGGAAATTCGTTGACTATATATGCGATTTGTTGCATGCTAAT
TGCCGCTAGACACGTGCATGTGCGGCACAGACAGGATCTTGGCCCTGGCAACATGTGTAACTTGGCGCAATCAATTAACTGCGAGTGCTTAGATG
GCGTTTGGTCAATTTGGACTGCAAATATTTGCTGGCGGCGTCCTGGCAACAACAAAAATGGCAACAAAACTATGCCCGCATGTGTGAGGAAAGGA
TATATGTATAAATATACATATATACAGACGAAATTATTGTCCTTGCCTGTGTGGCATGTTGCCTTGTTATTAGGCCCGATGAAAAAGCGGCATCT
GCCAGCCAGTCGTGTGGGCATTGACTATATACGACTTCTATATGGTCACATGTCGTCATACGTCATCTTCCTACAAGTCCGTATATGCGGGAAAA
ATAACTCAATTCGCCACTTTTATCGCGGGAAAGCAATTATGTTTACAGCATTAGTCATCAATAAGCCCAAATATATAAAGTACTTAAATATACTT
AAGTGGCTTGCATTGATTTCATATAAAATGCTCAAAATGTTTTGCTCATGAATGAAACTTTTAATTACAGTAATTATAAATGGCAAAATTGGTCA
GATATCAGTTTACAATTTTAGCCGCAGAATTAATTTGTATATCACGTTTATCTTAACTAACAAAGCACGATTAAATCACAATTTAATTTATGTCA
ACATGGCTATAGTTAGCCCTCGTTTAATTAGTAGTTTAAACGTTTTGCGCCTTGAAAAACCAATTAATCACATTAATAGCTGTAGGAAACTAAGC
AATTATGACACCACTAGCAGGTAAACGATCTATTTTAATTAGTTACTTACTGACCTAAAAAAACGGAAATAACACCTTTAATAAATATGCATCTT
AAAACTAAACTTTAAGTAATTGTAATAGAATCAGATTGTAAGCAACATTTGCATTGCACGAACTGGAAACCCACCTTGCACTCGACAATAACTAA
CAAATGTTAGTTGTTTATGGCAAATTATATAATTTGTTTGGCACCAACCGATTTGCAAACGGTTTTCGTATGATTAACTTTAGCTCCGATTTCCA
TAAAACAAAACACAGTGAACGAACGAACGAAAACCGCCAAGAAACCGCACGTGTTTTGTGTTTATTTTTATCTGTTCTTCTCGTTCTGTGTAATA
TCTCAGATATTGAAGTATTGAGATATTGAAAGATCGGTAGATTGGGGGGTGAAACACACTCGCACTCCCGAACAAGAAACGGTTTCAACAATGCC
GGATGGGACAGCTGTTGATTATTTTTGAAAACGTCAAGCGACGAGTTTTCTAGCGCAAGCGCAGGCAATTCTAGAACTGTTTCGAAATCGAAACT
CAAAACGCTGTTGCTGCCGTGGACAGTTGCTGCTGTTGTTGCTCTGCTGTTGCTGCGTGCTCGTTGGAAGAGCGTTGAAACTGAACTGAAAATGC
GGCCGCTCGTCTGCGGCTTTTTCTATACTCCGCCGCAGTCGCAGTCGCCGTCACCGTCGATGTTGCTGTTGCTGTTGTCGCAGCGACTGCTGTTG
TTGCTGCTGTTATTAATGTTGTTGCTGCTGCCGTCGTTCTCGTTGCTGCTGCTGCTTCTGTTATGCTGATATAAGTGTTGTTGCTGTTATTAGCG
TTGTTGTCGCTGCTGCTGCTTCTGTTATTGCTGCTGTGCTCGTGTTGTTGCTGTCGCTGCTGCTGCTGTTATTTCTGTTGTTATTTCTTTTGCTG
CTTCTGCTGACGTCTGTTTTGCTCAGCAGCATTACCATCTTTGATGAGAATAGTGTTAGTTCAAAATTGAGTTAAATTCGAATAACAATCTTACT
CCATTCGCCGACCTTCATTCAGATTCAGATGACAGGAGCTTATTTCGGTGATGAAGATTCGCGTGCAGCGCGGATTGGATAAACCCAACCCAAAG
GACACAGGATTCCTGAAGATGATGCGATCTGTATTCAAGTGCTGGTCATCTAAAGATCGTCACTCCGTGGATTTGCCCGCTTCCATTTCCAGCTG
GGATCGCGTCGAATCGCAGCGGATAGTTGATACCCATTTGCCATGCGTAGCCAAAAGTGCTTATCAGCACACGATTCGGCACAAAAAACTGCTGC
CGATACAGCAAAACGGTACCAAGTGCTCAATTTACGCGGCAATTTTGAAACATCAGTGGTTTTTTGTTTTGACAGATTTTTTTTTTTATTAATAG
CTTATTTGGACGAGAAGCTAAGATGCCAAGAGCAGATCAGTCTGCAAGCATGATGAAATTCCACAAATTTTCGCATTCAGAACTTGTCTTTGTGA
TATAAACTGTGATCTTTACATAGCTTAAATATAGAATACCATATCTATGAAATAAAAAGTACCGCATCAAATGGAGAATCGCGTCCAGCGCTCCA
CGAGACTGGGTCGCGGCGAGGCCCTGT
(SEQ ID NO: 292)

Exon: 12327..11855
Exon: 10524..10465
Exon: 3057..2542
Exon: 2434..2064
Exon: 1998..1866
Exon: 1795..1554
Exon: 1485..1001
Start ATG: 10504 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT10168
CTCTTCCAACGAGCACGCAGCAACAGCAGAGCAACAACAGCAGCAACTGTCCACGGCAGCAACAGCGTTTTGAGTTTCGATTTCGAAACAGTTCT
AGAATTGCCTGCGCTTGCGCTAGAAAACTCGTCGCTTGACGTTTTCAAAAATAATCAACAGCTGTCCCATCCGGCATTGTTGAAACCGTTTCTTG
TTCGGGAGTGCGAGTGTGTTTCACCCCCCAATCTACCGATCTTTCAATATCTCAATACTTCAATATCTGAGATATTACACAGAACGAGAAGAACA
GATAAAAATAAACACAAAACACGTGCGGTTTCTTGGCGGTTTTCGTTCGTTCGTTCACTGTGTTTTGTTTTATGGAAATCGGAGCTAAAGTTAAT
CATACGAAAACCGTTTGCAAATCGGTTGGTGCCAAACAAATTATATAATTTGCCATAAACAACTAACATTTGTTAGTTATTGTCGAGTGCAAGAG
CCGGCACTTAGAGGCGTCATGTCCAACACGGAGAAAGGAGGTCTGCAAAGAGTGCGAAACTTTCTGTCATGCCGCCAAGTTCTGAACCTGCTGAC
CATGCTCGGCTTCATGCTGAACTACGCCCTGCGAGTGAACCTCACCATTGCCATCGTGGACATGGTCCGACCCAATGTCACATCAGCGGTGAATG
CCACTCTAGTGGGGAATAGTACGGCGGCCAATAGCACCGCATCGCCTGATGGAGTGGATGTGTACGAGGAGCGCTTTCCCTGGGACAGCTACCAG
ACCAACTTCGTGCTGGGCTGCTTCTTCTGGGGCTACATCCTCACCGAACTGCCGGGCGGTCGTCTTGCCGAGCTGATCGGTGGACGCCGCGTCTT
TGGACATTCCATGCTGTGGGCCAGTCTGCTCACCCTGATCACGCCGCTGGCGGCGCATATCAACTACGTGGTGCTCATCGTGGTGCGAGTTGTTC
TTGGCTTCATGCTGGGCGCATCCTGGCCAGCCATTCACCCGGTGGCCGCTGTCTGGATTCCGCCCATGGAGCGCTCCAAGTTTATGTCCAACATG
ATGGCTTCTTCGCTTGGTGCTGCAATCACCATGCCCATCTGCGGCTACCTGATCTCCGTCGCTGGCTGGGCCAGTGTTTTCTATTTGACGGGAGC
CGTGGGTCTGCTGTGGTCCTTGGCCTGGTTCACTTTTGTCTATGAGACACCCGCCACTCATCCCAGGATTTCAGCCGAGGAGCGGCGGGAGATTG
AGGAGGCCATTGGCACCACTACCTCTAAGAAGCGTCCGAGCCATGTGCCCTGGGGTCAGCTGCTCTGCTCTCCAGCTGTGTGGGCAATCATCATC
TGTCACGGACTGGCCGTCTTTGGATTCTTCACTGTGGTCAATCAGTTGCCCACTTTCATGTCCAAGATTCTGCACTTCGATATCAAACAGAATGG

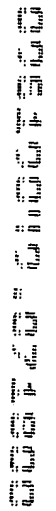
TTTGTTCTCGTCGCTGCCTTATCTGGGTAAATACGTTATGGCTGTGGCTTCATCCTACCTGGCTGATTACCTGCGCAAGAAGGGTACTTTGAGCA
CGACGGCCACCAGGAAACTATTCACTACTTTTGCTCTTGTGATTCCCGGTCTTTTGATGATAGTGCAAGTGTTTCTGGGCTACGATGCCACCTGG
TCTGTCACGATCTTCTCGCTGGCCCTGTTTGCCCATGGTGCAGTCACCGCTGGTTATCTCGGCAATGGCTTGGATATTGCACCGAACTTTGGAGG
AACCATTTTCGGATTGGCCAACACGCTGTCTTCCTTTGGTGGCTTCCTTTCCACGTCGATGGTGGGAGCCCTCACCTACAAGGATCAATCCTTCC
ATTCGTGGCAAATTGTGTTCTGGATCCTGGCCGCCACCTATATCTCGGCAGCTGTGGTGTTCGCCATCCTTGGCAGCGGTGAACTGCAGCCGTGG
AACAATCCTCCAGAACGTGTCAGAATCAGCGACGTCACCCAGGAGGAGGGTGTGCCCCTCAAGAACGAGAAGTGATTGCACATCGCCAGTGAGAC
TCATTCGGTGCCACTGCTGTTCGTGATGAGCGGAAGGAAATGAGAGCCAAGAGGAAGATATCAACCCACCGGGTATCATCATCCGCACAAGTTAA
AGTAGTTGTTACTCCCACATTGAGATTACGGGGCTTTCATTTGGCAATCCCTTAATCAGAGAACTCCAGACCGAAAGGCACCGGACACTCAGTAC
ACAGAGAAAAACATGATATGAAAGACATTATTTTTATAGACACTGCATGGTTTTTTTTCGCACAAACACAACACACACAAACATCTCATACCCAT
(SEQ ID NO: 293)

Start ATG: 494 (Reverse strand: CAT)

MSNTEKGGLQRVRNFLSCRQVLNLLTMLGFMLNYALRVNLTIAIVDMVRPNVTSAVNATLVGNSTAANSTASPDGVDVYEERFPWDSYQTNFVLG
CFFWGYILTELPGGRLAELIGGRRVFGHSMLWASLLTLITPLAAHINYVVLIVVRVVLGFMLGASWPAIHPVAAVWIPPMERSKFMSNMMASSLG
AAITMPICGYLISVAGWASVFYLTGAVGLLWSLAWFTFVYETPATHPRISAEERREIEEAIGTTTSKKRPSHVPWGQLLCSPAVWAIIICHGLAV
FGFFTVVNQLPTFMSKILHFDIKQNGLFSSLPYLGKYVMAVASSYLADYLRKKGTLSTTATRKLFTTFALVIPGLLMIVQVFLGYDATWSVTIFS
LALFAHGAVTAGYLGNGLDIAPNFGGTIFGLANTLSSFGGFLSTSMVGALTYKDQSFHSWQIVFWILAATYISAAVVFAILGSGELQPWNNPPER
VRISDVTQEEGVPLKNEK*
(SEQ ID NO: 294)

Name: Na+-dependent inorganic phosphate cotransporter
Classification: transporter

Celera Sequence No. : 142000013384407
AATTATTAAATTTTTGAAATTTTTTGAAAAATATAATCAGTTTTCTTTTGGATAGCAACAAAGAGAGTTGAACAATATTAGAATGCCATGCCCCA
CTAAACTCAAAATTAAATTTCCCATTTAACTATATTTAAACATGGAAACGGTAATTTTATCGAAAATTTCGATGACTTACACCCTTATCGAAAAT
GCGAACATTTTTATTTCGAATTTAAATAGTCATATGTGTTTATTGGCCGTACAATAAGGAAAAATCCTATTTCGACAATTGTTTTTATTTCAATG
ACTTCTGGAAAGCAACGTAGCCCATGTTCCTTTTCCCCAATAAAAATGCGTTTTGCAGATAAAGGAAAAATACATTGATTGTGGTAGCTATTTTC
ATTCTTATGAATACACACATAACATTTAAATACAAATACATTTACAATTGAAAATTTTCTCTACATATACAAAATATTTAATTTAAAAATAGGTG
AAAAAAAAAAACAAGAATAAATTGTTGTCCCTAGGTTCGTTAGCTTAGTAAACACAATTGATGCGCCAGCGGCAGCGGAAGCAGCAGCAAAAAGA
AGATCGAATTCACTCAACACAAATTAAAAAAAAAAATTGACTTTTCTTTTTGTTTATTAAAATGGCTATGGTGATCGGGAATTAAATTCTTCAAG
TAAGCAGCCTTTTTTTCTGTTTCCCATTTCTAAATAAGAAGACATTATTCTCAGACGAGACAGAGTATTGCTTAGTAAAAACAACTTGAGGTCGA
TTTCATTCAGTTTTAACTCTGCTTTCAGATTTCTTCTCATGATTAATATTTTTACACGCAATATCAATAAATTTATTCCTCACAGAATTGAAAGG
AGAAGTCAAAGCGTTATTTAGAACTATTATTACATGCCCATAAATATTTTTAATGTTAGTCGTACATTTAAAAGCAAATTGAATTTAGTTAATCT
CTTCCACAGGTTCCTCGCCTTTTTTGTTTTTTTTTTTTTTTTTGGATTTTTTGTATTTTGTTTTGTTTTGTAACTTTAAAAGTTTCTTCAATTAA
TTGAGTCGCAAAATGAATTTTTGATTGATTTCATTGATTGATTGATTTGATCGATAGATACCGCCTTCTGTTTTCTGTTTCGTGCACTCTGAAAT
CTCTGATTTTGATTTTGAGTTCAATTTCAATTTGAATAACTTCTAACACACATACACACACACGGGTATTTAATATTGGTTGTTTGGAGAGAGAA
TTGCATATAACGCGCTTTGTGCTAGGGTTCGCTTGGTGTTCTGCTCGTGGATTGCATCGATTTATAGTCCGAGATATCGCTACATATATCGTCGA
ATATAGTTTGTCGGTTGGCCTCTACGTTCACGTAGCTTGCTTTCAAAATTCGTTGTGTTCTTGTGTAAAAAAGAGATCTCAAAACAAAAGCGAAA
ATTGCTGATTTCTTGATTGGTTGTCTCTGGTGGTAAGTAAGTTAGTTAGTTAGTTTGGTGTTCTAGTGCTGGCAAAAGTCCGGGAAAAAGTTTTT
GGGACTCGCAGACAGGGATTCGGATTCGAATATTGGTGGGGAGTTAGCTGAGGTTAGGTCCATCGACCCAATGACTCATAGAGCTTAATAGTTAA
ACTACAGATCGGCTCGTTATTTGTACGCGGCTACATGTATCCGTATCCGTATCTGAATCGCTACATCTTAAGTAAGTATGTATATGTATTTCCGA
TTCGGCATCGGCTGGTAATTACAGCTAAATATCTTGTATAATTGTATATATAGACAGAGAATAGCGAACATTATTGCTCAGACCCATTAGAAT
AGTTGTTGGCTGCTCCCGATGCTGATCCTCCTCCTAGACGTGGCAACCGTTTTGAACTGTTTAATTAATACGGTGTATATACTTTATCATATATA
ATATTGGTGTTTTGCTGTTGCTGCTTGAAGACTAATAGTTAACGGGGCGGCGTCCACGCGGCTTGATCTTCTCCGATATCTGCCACATCTCCTCC
TCGCCCATAAAGTCCTTGAAGTTATCAAAGAAGCGTATAATGCGCTCGTTGCGTCGAAATGGATAGGCACTGCAGCAGAAAAAGAAAATTGCGTG
AAGTGAAGTGAAAGAAGTGATTATAATTGAATGAAAATTGATAATTACCATTTCTTAAAACGTTTCATGTTGTCAATTATGTTGTACTGCTGCCA
GCGCTTGGAGAAGTTTATGACGCCCTTGGACAAGTAGTCCTGGTTGCCCACATGCACAAACGTTAGATCCTGCAGAATTAGGCCGCTGGAACGAA
CGAATTGATAATTAGCTTTGGCTTTCGTGATTCTAACAAAAAAAGAAACATCAGATCAGATCCTTACATGTAGGGTATGCAGGGCGGATTAGTTT
CGGCCAGCGCCTGTCGATAGGCGCGAAAACTGGAGCTGGAATCGATGAGGGCGCAGAATGATCGCACCTCCTCGGTGATGCCTTTTTGCCACTCC
AATCTGCAGGACATGGTATATCAACATATCAATGGTATATCAATAGCTTCAGTGGGCCAGTAGAACCTACCTTCTTATGGGACCCGAATCGAGGG
CCGACAACAACGCCAGATACGAGTTGTAGTTGTTCATCTTGCGTAGATGCTTCATGATTTTGATAAACTTGTTCACATGCTTCTCCCGCTCCTTG
GCATCCTGCAGGCGCAGGATTTTGGAGCGCGCCCAGTAGGACATCTTGTTGAAGTGCTCGGTGAACTTGTTTAGGTTGGGCGACTTCTCCTCGCA
CTGATCTTTGGCAAATAGTAATACTTCGGGTATCTCGATCTTCGTGAACAGCTCCGCATCCAGCAGCGTCATCTGTTCGGCAATCTCCAGCGACT
TGAGGTCGAGCAGACTAGGCTGGTTTCCACCACCAGCTGTACCACTGCATCCACCACTGCCGGCGATTCCTGCTCCGCCGACACTACCGGCTCCG
CCCAACTCCCCAACAAAGCCGTACACCTTGGGCTCCTTGTACAGCGTCACCTTCTCCACGAACTTGTTGCGCAGCAACTTGGCCAAGTACAATTG
CCCAGAGCAAACCAACTGATAGACGAACTCCACCAGCAGGCTCAACAGCTGGCTGGTTAGATCCGTCGACCTGCATGGTGAACAATGAATGATAA
GCGGGTATGTACCAACTTAGTTTATTCCAAAAATGGTGGTTAGGCAACTCACGTTAGATCGTTGACGACTCGGACCAGCAGCGCAAAGGTCTCCT
TAGCGGCCTTCTGCTTGTTGTCCTGCACTTGACAGAAGAAGTATGTGTAGCGATGGGTCAGCTTCTCGATCACGTCGATCGGCTGGATGAAGGTG
CGAAAGGTGGTGATGAAGGCCTCGCAGAATGCTGCACGAACGGAATGAAAATGGACAGAGACAACAGAGGAGTTGGGTAAATGACCATGCGAACG
ATATTTGGTATGTTTTTGCTGCTTCTGCTTGCGCTGCGAATGCCTACCATTGTCGGCGACCTTTTGGACACGGCTGGCGTGCACGATGAGGGCAT
CGATGTAGCCGCCCTTCACCTCGGGCCCGTCCTCCTCTCTCTTCTTGAGTATCAGGTACCGTGTGATGTTGACCTCTTCCAGCATGTTGATCAGC
ATATCCGCTCGCTCCGCCTCCTCATCCTCGTCGACGTTCGCTGGCTTAACCGACTCGTGCACAGCGACCAGTGGTCGGGACTCCGCCGTTGGCTC
CTCCTGCTCCTCGAGCACTTGGGGCGTGGTTATTGGCTGGTTGTCGGCACTGCTCGCATCCTCGCTCATCTCCATTTCGGCGGCGGGCAACTGAT
GTGAGTGACAGTAGAAAGTCTGTCCATCATCGACGGCGCTCACATTCTCATTGCTGTCCAGCACGGGCGAACGGGGCTCCGGCATCGCATCCTCG
CTGGCCACTGCATCGTTCAGCTCCTCGCATACGGTGGCCATCCGGCTGTCCGGCCTGCCCGTCGACCCATTCTCGCCCAGCGTCGGCTTCGGACT
CGGCGGTGGCGTGGTCACAATGACGGGCTGCAGCGTGGGTGATGCTACCATGCTTGTCGCCTTGCGCTGCTTGTAGTTCTTTGGCGGCAGGGCAG
GTGGCATCTCGAGCTCCGGCGACAGTTCCTTGCTCATGGGCATAATGCTGTAAAGGTAACAAAAAAATAAGGTTAGTACCGCCTAGTAACTACTA
GCTACACACAACTTTACTCACTTCATGGTCTGGCTGTGCGAGATGTTGCGACTTATGTTGCAGGCGTGCATTGTGTGACGATGCTGCTCAATGGA



TCGCGTGGACGCCGAACAGATTTCCATGTACGCCAGAACTGTGTGCGGTAGGGTAGGGAAGATGAAATCGTTAGCAACTCTTACGCTTCAGTGGC
GGGGGACAGAAACGAAAACTAAGCCGATCGATCGATCCTTGGACCCACATCCCGAAGGTCTTTGTCTGTTCACCAGATCTACAGGAATCGCAACA
TACAACACAGCACAACGAGTAACAGGACTGGATAGTAACACAGAGCAGGAGCTTTCGGGGCTTTGGACTGGAGATACTAGCTCTGGACGGACACA
GCGGGTTAGGCGGAGCGAAATGGAAGCCACAGAACTGTTGCTCAGTCCATGTACTTGGGACTAGAAACGGAAACTGCAAACAGGTGGCTGTTCGG
GCGTCAAGTCAATACGAATGCGGCGCAGCAGCAAAGTTATTAGCAGAGCAAGAAGCCAATAGCGAACTCGAAATGCTCTTTCCATCATGGTTATT
AACTGGATAGCAAAGGGTATTCACCTTATGTAAAGTATTATAAAAACGAAAGAGGATAGTTTAATAGCTATCTTTGTGTTTACACACTAGATTCC
CATTCGGTTGGACCATGGAAATCTCTGCTCAATGGTGAAATGAAGCCAAATTTAATCGAAAGGAGTGTCATTCAGTACTGAGGTAGGGAATAGAG
CATTGCGAGCTTTCCAAGGGCGCCGTGCAAAAAAAGTTTGTTTCGTGGGTGATTTTGTTTTATTTCGTTTTTGTTTGGCATTTGGCAGCAAAAGT
TGGCTTAGTGTTTTTGTTTCGTGTTGGTCCTCTAGTAACACACACAGACTTACCCGAAAAGGCCACACTTTGAAACACTAGATGTTGGTTGGAAC
GATAATTTAGATGGGTTAGACTCTTGCGTACAACAATTTGGCAAACTTTCTTGTCGCCAGCATTTCTAAGGGGTTTGCGATAATGCGGGTATGTG
CTATAAATAAAATGGTCTTAAAGAAACAAACAAATCTCGAAAAACGGACTGCTCTGCCTGGCTACCCATATAAAAGGTGATGACTGATTGACTGA
TTGCCTGGTTGACTGATTGATTTGTTTAACTAACTAATTGGAGGTCTGATTGTTGTGGTGTTTCTGTTTCGTCTGATTTTTGTTTGGGTTTAACA
ATGGAGTAGCCTATCAAATGGATCTGATGGAATGGATACTGCTGCAACAGGAGGACAGTGATGCAGGAAACCCTGAAAATGCGCTCAACAAAACA
CCCATTGACTCACCGCTCGGCCTGGCCTGGGCGGTTCCGAAAATGACAAAAAAAAAAAAAAATGATATAAAAGTAATTTACACAATATACACAACA
ACAAAAAACACACACACGGTACGAGATGCAGAACCAAACCAAATCGAAAAAAAAAACGGAAAAAAATAAGAAAGAAAAATAGGAAGAATCGATGTA
AATAAAGTGTGCATCGTGGGCAAACTGACTTACTGTGCTTCTTTTTTATTGGCAGCGGCGGTGGCTCCTGATCCAAGTGTCGCTGATCGAACGCA
CTGCAGCTGCCACTCCCCGCCAGCTGGAGGCGGGGTCCCTCGATCAGGCTGTGGTGCTTGGAGTGCCACTGCTGCAGTTGACCGGCGGACGCAGT
ATGCGGATGGTGATTGAGGTGATGGAGCGGCGACAGCTGACGCAGCTCGGCCACCTCCGACTGGCTGCTCCGATGGCTGGCCCAGCCGGAGGAGG
ACTGCACCTCGTCCAGCTCATCGCCAACTCCGGGCGAGTCGTGGCGGGTTAGGCTGCTCCGTTGGATGCTCTTTGGCGGCAAGGCGGGCGCCAGA
TCGGCCGGCGTCGTCGTCGTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCAGCTGCTCCACTTCGCTGCTGCCATAGCCGGTGGTTGTGCTGCTGCTGGTGGT
CGTGGTGGTGCAGCTGCTACTGCTCGAGGATATATGACGCTGGCTGTGCGACACCAACTGGCTAATCTGCTGGTACTCGCTACTGCTGCCGACCG
CCGTCGACTCACTGATGCTGAACGCAATCTCCGAATTGCTGCTGGACGACTTCGTGGAGGACTGGACACTGTAGTCCGTCGTCTGTGTGGAAGTG
CGAAACTCACGCATCGACACGAAACCTGGCGATGGAAGGAGAGTGGTGTTAGAAATGGTCAAAAATGCAGTTCTCGTTGTGGGGAACGGGTAGCC
AAAACCAAGCGGAAATTATATAATAAGCCGGAGGAAATCTGTGGAAAGGATCATTACGGAGGCGGGAGAATAAAGCCAACTATTTACAGCATCTA
GGACAAACATGTATACAATACGCCTAACGAAAAATTTGGAAGGGAATTCATTGGGCGCGTGCAACAGATACAAAATAATAAGCGGGATTTTAAGT
ACGATGATAGATGTTCTGGGTACCCGATTCGTTTGAGTGGCGATTGCTGTTAGTTTCCCCGTCACCAGACGCTGCAGCAGCTACACCTTCGCCTG
CTCCTCCAGTTCCACCAGCAACACCAGCTATACCACCACCAGTCGAAAGTGGTGTCTGCGTTTTGTCGTCGATTGCGGCGCCTGCGTAACCGGTG
GATTCTGTACGGGATTCGTTGATTGGGGGGGCCACCACTCGAGTTGAGCTGAGTGAGGGGAGTGGCGAAGCCTTGCGGCAATACTCACTGTAGCT
GACCATCTTGTCCATGTCTTCGTCCATCATCGCAGCCAACTTTGGAAATGACCTCAGATGCTGATGTTGCTGTTGCTGGTCCTCCTCCTCGCGTG
AGTGATTCAACGCCGAGTCAAAGGAGCACTGACTATTCTCATCCGGTGACCGTGAACGCACGGATAGGCTGTGGAATGTGGGTGCACCAATTATT
GTAGTGATTGCTAGTGATTGCTTTAATCTGCAAGCCACTTACCGATCCACGCCATAATTCAGCAGCGAGATATTGGAACTGCAGTCCAGGTCCGA
GTTCAGACTAATATTATGGGACTGGGCGTAGGGCAGTGGACTGGCCTGATTGGAGGTGGATGTCGACGATGAGCAGCCTACGCCCACTGTACCAG
CTGATGCGCTCGGCTGGCTGCGTCGCTTTGGTGGCAACGGCGGCGGATTACTGGCCCTATTGGGTAGCGGTGGCTTCGGCGGTGGACTCGTGTCG
CGCAGGATACTTTCGGTGCTGTGGGAGCCGCGCATCGGGTTCACATTGTGCTGCTCCAGTATGTCGCGCTCCTTGGGCGTGAGCGCTATGTCCGG
CAACGAAGTACGCTGGGCAGCTGATTCGGCGGCCGAAACGCGCATGACTCCAGTACCGGGAACACTCGCTCCCGGCGAGGCGGTGACCGCACCCA
TGATCTCCGCCGCCGCTCCAATGCCGCCCAAGCCAGATCCACTGTAGCGAAAGGCGCACTGATCCTGCTCCTTCAGCTTGCCCTGCGCCAGCGTA
ACGAGATTCTGTGCACGATCATGAAACATCATCGTATTTATTATAGCAATACACTGTGTACTAGGTTAGTGTTAATTGGACTTACCCGCACAGCA
TCCTCGAGAAGATCAATGACTTCCCGCACATTCTCGTTGCTCAGGGAGGCGCACTCGCCGCTGTCCTCGGAGAGCATCACCTCGTCGCAGAGCTT
GATGAGCTTGCCCAGGCTCTGGTAAACCTGCAGCGTGGCGCTGCTCATGATGGCACTGTTTTCATTCAGGGTATAGGTTTGGATCACTGCGGCAG
CAAAGGAAAGCAACTGGATTAATTACAAAACGAGGAAATTGGGGTAGTAGATACTCACCGGAGTACATGCTGGCTATGGTTTCCAGAATGACCGT
TCCGTTGCCCGGCAACACCTCCAGCTTCTTCTTGAGTATAACATCCCGGAAGTGCTTCAGGGCATTCGAAATGTCCTTGACGTGCGTCTCCAGGG
TTTGGGTGGACCGTAGCACCTCCTCGGTGGTGGGCGGTGCCTTTGTGCCGTGCTTGGTGCGCGGACTGTGCGGCGAGTGGGAGCGACCCAGTGTA
TTGTTGGTGGTTCGCATCAGGGAAATCTTCTCGATGAGGTCGTCCTTAAAGGAACGCGCCCGGCGCGCTAGCTTGGTGCCCTTGAGACTGTTCTT
GTGGCCCGAGGATCCGGCACTGGGTGGTGCCGGTGGTACACCACCACCTCCGCCTGCTCCTGCTCCCCCTACCCGACTAGATCCTCCCGGCGTGC
CCTGCAGCTGCTGGTGCTGCGAGTGATGCTGATGCGTGGGTGGTGGCGGAGTGCAGGCGGTGGAGTAGCTGCCGCTGTTGATGCTATTGTTGCTG
CTGCTGCTGCAGCCGCCACCGCCCACTCCGATGCCACTGGAACAGGTGCCGGGCGTGGATGGAGAACTGATGCTGCCGTCTGCAAAAAGAGCAAG
AAATCGGGGATTATTAATCTAAGGTAGGTACACTTAATCAATTCATAGGCATTAGATAACAATATACGTTTTTGGGTAACAATAATAAGAGACTA
AGACTGGAATCTAGATCCTATATATATACACATATCATGGGCTTAGAGTCTTTCCTGTTCGAGCCGCATTCTTGAATGCCAATTTGAAAATCAAA
AGTTGCTCCATATAAAACCACAATCTTTTGCAATATATGGCAATGTTGGTATCGTTTCGTTTCTTACTTTTCTTCATTTGGTTAGGTAAGATGAA
TATCTTAAGGTCATCGTATACATCATTCTAAAGTGGCTAAGCCAGCAGCGAAAATGAAAATCTTTCAGAGTTAGCCAAACAGCTTGAGGAATCTT
GAAAAGATTCATCATTACCCCTTCACAACACAATATATGTACATATGTACTCATTCGAATCTTGAAACGTGTCTACTTAAATGTGAAATAATTGC
AATTGAAATCAACATATGTAATACGGAATTCCTAGCATTCCCCATTTCGGGAATCGTTCATGCGAGCCCAAACATTTTAGTTTCGGAACTTTTTT
AAAGATCCAAAACAGCGAGAAACCGATGAGCACCACCCACCAAGCGAAAAGACCGGCGAGTAGCTTTCACTTACGGCACACCGCATTCTTGAGCG
GCACAGGTGTGTCCATCTCCATATCGAACTCCCTATCCACGGTCACATTCACATCGACATCCACATCCATCTGCAGTGGAATCGCTGGCGTTGAT
AGCGCCAATCGTGCCAGCTTTTTGTATTTGCGACGTCTGTGGAATTTGATGCTATGCAACGTGTTGCCGGTGGCACTGATGCTGTTGCAGGTGTT
ACTGCTGTTGCAGTTGCAGTTGTTGCTTGTGAGGCTATGATTGTTGTTGGTGTCGCGCGGCGACCACGACTGCCGCTGAGTCTTCCAAAGACGAT
GATGATTGTGATGGTGCTGTTGATGATGATGATGGAGTTGGTGCTGATGGTCATCGTGGCTGGCACCGCTGGGATACGGATTCCGATTCCGA
TTCGGTTTCGGACTCGGATGTGGCGGCAATTGCTTGACCGTGTACGAATAGAAATGCCAGCGGTCGGCGAGCGCACAGTCGCTCAAAAAAGATTC
ATCAAACTGCGGCATAATGTTGCATAATGACAGCAGCAGCAGCAGCAATAACAACAGCAGCGACAGCAACACGCATAACAACAATT
TGTTGTGGCTTAAATATGCTTGGCCAAAAGACACACACGTTGGCCTAACTGATTTCTCCAAATAGCGATAAGCGATAGCAGCAACATCGTTTTCG
TATAAGATTGTTGATTTAAGCGATTGCCGTCGCGATTACAACATCAATTCATTTTTCTGTTTCGGCATGTTTTACATTGATTATTTCACTTTCAG
TTTTCGGTTGTTTCAGTGTTTTCGGAAAAAGTTTTAAGCACTGATAAAAGCTATATCCGATGTGCTCTGCCAGCAGGAAGTAGATTTCAATTGCT
TTCTCATCATGTTCGTTCACTTTTGCAATTCGTTCGATAGTCCGATAGGCAATTCAAGCGATTACCGATTCAAGCTTCCTGTGGCAACCGCAAGA
ATTGTTCTGGACACTCTTTGTTTGACTGAAATACAAGTATGCCAGCTTAGAGATCACTTCAATTGGCCATAGTGATTTCCGTATATTATTTTCTT
TAATGTTTAAAAGCCATCAAGCCCTAATTTCCGTTTCTTACTGCCTGCCCGATTGTGGTAAATTGAAGGTAATCAACTCCAAAGCCACTTGTCTT
TTGCTTTACTTATATTTCAAGTGCGATTTCCGCAATTTTCCCCAATAGCTTTCCATTCGCCGCACAGTCACTTTTGCATTTCTGAACTTGAAATT
TCAACAGGCTTCGGCTGATTGATTCAATCGCCGATAAGCGATAAGCTAACACTTTTGGCCTGCCACTCTCAGTGCAATTTCTTTCACTTTTCAAG
TGCAATTTGGCGCTCTTTTCTTTGATTTTTCATCATCCATCCATCCATCCATCTCGTTGGCGCACCGCCCCCGCAGTGGGCTATCTATCTGGTTG
GCCTCTGGGTGAGGAGATGTTGATTAAATAAATCACAAATAAAGATGATTATATTTAGACACTGGCGCTCTGCTGCTGCTGCTGCGGCGGCTGTC
GTCGTAGTCCGTTCGCGATGTTGTCGTTGTCGACTGGAAAGCGCACTGAACTATGAAAATCCGCAAAACGGGCAAAGCCAAAGACGACCGACCGA
CTGAAAGACCGACCAGGCGGCAAAAGCGAGTGTCCGAGTCTTGGAGACCCGCTAACCGGCCAACGGCAATGGCAACACATTAGCAATATAGCAAT

ACAGCAATAGCAGCAACAACAGACGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACACGAGAGCCGCCGAGGGGGCAAAAAAAAAAAAAGAGCCCCAAATGGCAC
TTGCCCACCTGGCAATCGCCCTCTCACCATCTCTCCTGATCTCTCCTGCTGCTCTCGCCACATCGCTCTTTCTCTTTCCGAGATTCATCAAACAA
ATCATACATGTTCACATCACTGATGGACCAAACGGGTGCTACAAACGTATCCATTCAATGTGGCTCGGAAATCGTGCAAATATTCAGTATATATT
TACGATAATATTTCTATTTTAAAATGACAAGTTACTTTACTGTTTATACTTGCAGGTACACCCCCCTTTCTCGCAGTGCAGTCCGCGGTTTGCGG
CTCTTTTCACCCGGGAGGCTGCTCTCCAACCGTCGGCCTCTCCGCCCAATTATCAATCAGCTGGCGCACCTGAGAAAGAGCCCGTGGCGAAGGGT
GAGGGGGCGGTAATTGGGGGCGACAAGGGAGTGGTAAAGGGGGGGGGGTGAGGTGGATGCGGGGCAAGAGACAAGAAGACGCCGGGCGGATTTCT
TCAATTTGCAAGTGCCGCTCGTG
(SEQ ID NO: 295)

Exon: 10613..9290
Exon: 8629..8039
Exon: 7971..7781
Exon: 7703..7168
Exon: 7098..6929
Exon: 6390..5734
Exon: 4313..4202
Exon: 4132..3468
Exon: 3356..3188
Exon: 3110..2541
Exon: 2473..2348
Exon: 2270..2139
Exon: 2064..1001
Start ATG: 9380 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT10408
GAGTGGCAGGCCAAAAGTGTTAGCTTATCGCTTATCGGCGATTGAATCAATCAGCCGAAGCCTGTTGAAATTTCAAGTTCAGAAATGCAAAAGTG
ACTGTGCGGCGAATGGAAAGCTATTGGGGAAAATTGCGGAAATCGCACTTGAAATATAAGTAAAGCAAAAGACAAGTGGCTTTGGAGTTGATTAC
CTTCAATTTACCACAATCGGGCAGGCAGTAAGAAACGGAAATTAGGGCTTGATGGCTTTTAAACATTAAAGAAAATAATATACGGAAATCACTAT
GGCCAATTGAAGTGATCTCTAAGCTGGCATACTTGTATTTCAGTCAAACAAAGAGTGTCCAGAACAATTCTTGCGGTTGCCACAGGAAGCTTGAA
TCGGTAATCGCTTGAATTGCCTATCGGACTATCGAACGAATTGCAAAAGTGAACGAACATGATGAGAAAGCAATTGAAATCTACTTCCTGCTGGC
AGAGCACATCGGATATAGCTTTTATCAGTGCTTAAAACTTTTTCCGAAAACACTGAAACAACCGAAAACTGAAAGTGAAATAATCAATGTAAAAC
ATGCCGAAACAGAAAAATGAATTGATGTTGTAATCGCGACGGCAATCGCTTAAATCAACAATCTTATACGAAAACGATGTTGCTGCTATCGCTTA
TCGCTATTTGGAGAAATCAGTTAGGCCAACGTGTGTGTCTTTTGGCCAAGCATATTTAAGCCACAACAAATTGTTGTTATGCGTGTTGCTGTCGC
TGTTGCTGCTGTTGTTATTGCTGCTGCTGCTGCTGTCATTATGCAACATTATGCCGCAGTTTGATGAATCTTTTTTGAGCGACTGTGCGCTC
GCCGACCGCTGGCATTTCTATTCGTACACGGTCAAGCAATTGCCGCCACATCCGAGTCCGAAACCGAATCGGAATCGGAATCCGTATCCCAGCGG
TGCCAGCCACGATGACCATCAGCACCAACTCCATCATCATCATCATCAACAGCACCATCACAATCATCATCGTCTTTGGAAGACTCAGCGGCAGT
CGTGGTCGCCGCGCGACACCAACAACAATCATAGCCTCACAAGCAACAACTGCAACTGCAACAGCAGTAACACCTGCAACAGCATCAGTGCCACC
GGCAACACGTTGCATAGCATCAAATTCCACAGACGTCGCAAATACAAAAAGCTGGCACGATTGGCGCTATCAACGCCAGCGATTCCACTGCAGAT
GGATGTGGATGTCGATGTGAATGTGACCGTGGATAGGGAGTTCGATATGGAGATGGACACACCTGTGCCGCTCAAGAATGCGGTGTGCCACGGCA
GCATCAGTTCTCCATCCACGCCCGGCACCTGTTCCAGTGGCATCGGAGTGGGCGGTGGCGGCTGCAGCAGCAGCAGCAACAATAGCATCAACAGC
GGCAGCTACTCCACCGCCTGCACTCCGCCACCACCCACGCATCAGCATCACTCGCAGCACCAGCAGCTGCAGGGCACGCCGGGAGGATCTAGTCG
GGTAGGGGGAGCAGGAGCAGGCGGAGGTGGTGGTGTACCACCGGCACCACCCAGTGCCGGATCCTCGGGCCACAAGAACAGTCTCAAGGGCACCA
AGCTAGCGCGCCGGGCGCGTTCCTTTAAGGACGACCTCATCGAGAAGATTTCCCTGATGCGAACCACCAACAATACACTGGGTCGCTCCCACTCG
CCGCACAGTCCGCGCACCAAGCACGGCACAAAGGCACCGCCCACCACCGAGGAGGTGCTACGGTCCACCCAAACCCTGGAGACGCACGTCAAGGA
CATTTCGAATGCCCTGAAGCACTTCCGGGATGTTATACTCAAGAAGAAGCTGGAGGTGTTGCCGGGCAACGGAACGGTCATTCTGGAAACCATAG
CCAGCATGTACTCCGTGATCCAAACCTATACCCTGAATGAAAACAGTGCCATCATGAGCAGCGCCACGCTGCAGGTTTACCAGAGCCTGGGCAAG
CTCATCAAGCTCTGCGACGAGGTGATGCTCTCCGAGGACAGCGGCGAGTGCGCCTCCCTGAGCAACGAGAATGTGCGGGAAGTCATTGATCTTCT
CGAGGATGCTGTGCGGAATCTCGTTACGCTGGCGCAGGGCAAGCTGAAGGAGCAGGATCAGTGCGCCTTTCGCTACAGTGGATCTGGCTTGGGCG
GCATTGGAGCGGCGGCGGAGATCATGGGTGCGGTCACCGCCTCGCCGGGAGCGAGTGTTCCCGGTACTGGAGTCATGCGCGTTTCGGCCGCCGAA
TCAGCTGCCCAGCGTACTTCGTTGCCGGACATAGCGCTCACGCCCAAGGAGCGCGACATACTGGAGCAGCACAATGTGAACCCGATGCGCGGCTC
CCACAGCACCGAAAGTATCCTGCGCGACACGAGTCCACCGCCGAAGCCACCGCTACCCAATAGGGCCAGTAATCCGCCGCCGTTGCCACCAAAGC
GACGCAGCCAGCCGAGCGCATCAGCTGGTACAGTGGGCGTAGGCTGCTCATCGTCGACATCCACCTCCAATCAGGCCAGTCCACTGCCCTACGCC
CAGTCCCATAATATTAGTCTGAACTCGGACCTGGACTGCAGTTCCAATATCTCGCTGCTGAATTATGGCGTGGATCGCCTATCCGTGCGTTCACG
GTCACCGGATGAGAATAGTCAGTGCTCCTTTGACTCGGCGTTGAATCACTCACGCGAGGAGGAGGACCAGCAACAGCAACATCAGCATCTGAGGT
CATTTCCAAAGTTGGCTGCGATGATGGACGAAGACATGGACAAGATGGTCAGCTACAGTTTCGTGTCGATGCGTGAGTTTCGCACTTCCACACAG
ACGACGGACTACAGTGTCCAGTCCTCCACGAAGTCGTCCAGCAGCAATTCGGAGATTGCGTTCAGCATCAGTGAGTCGACGGCGGTCGGCAGCAG
TAGCGAGTACCAGCAGATTAGCCAGTTGGTGTCGCACAGCCAGCGTCATATATCCTCGAGCAGTAGCAGCTGCACCACCACGACCACCAGCAGCA
GCACAACCACCGGCTATGGCAGCAGCGAAGTGGAGCAGCTGCAGCAGCAGCAGCAGCAGACGACGACGACGCCGGCCGATCTGGCGCCCGCC
TTGCCGCCAAAGAGCATCCAACGGAGCAGCCTAACCCGCCACGACTCGCCCGGAGTTGGCGATGAGCTGGACGAGGTGCAGTCCTCCTCCGGCTG
GGCCAGCCATCGGAGCAGCCAGTCGGAGGTGGCCGAGCTGCGTCAGCTGTCGCCGCTCCATCACCTCAATCACCATCCGCATACTGCGTCCGCCG
GTCAACTGCAGCAGTGGCACTCCAAGCACCACAGCCTGATCGAGGGACCCCGCCTCCAGCTGGCGGGGAGTGGCAGCTGCAGTGCGTTCGATCAG
CGACACTTGGATCAGGAGCCACCGCCGCTGCCAATAAAAAAGAAGCACATTCTGGCGTACATGGAAATCTGTTCGGCGTCCACGCGATCCATTGA
GCAGCATCGTCACACAATGCACGCCTGCAACATAAGTCGCAACATCTCGCACAGCCAGACCATGAACATTATGCCCATGAGCAAGGAACTGTCGC
CGGAGCTCGAGATGCCACCTGCCCTGCCGCCAAAGAACTACAAGCAGCGCAAGGCGACAAGCATGGTAGCATCACCCACGCTGCAGCCCGTCATT
GTGACCACGCCACCGCCGAGTCCGAAGCCGACGCTGGGCGAGAATGGGTCGACGGGCAGGCCGGACAGCCGGATGGCCACCGTATGCGAGGAGCT
GAACGATGCAGTGGCCAGCGAGGATGCGATGCCGGAGCCCCGTTCGCCCGTGCTGGACAGCAATGAGAATGTGAGCGCCGTCGATGATGGACAGA
CTTTCTACTGTCACTCACATCAGTTGCCCGCCGCCGAAATGGAGATGAGCGAGGATGCGAGCAGTGCCGACAACCAGCCAATAACCACGCCCCAA
GTGCTCGAGGAGCAGGAGGAGCCAACGGCGGAGTCCCGACCACTGGTCGCTGTGCACGAGTCGGTTAAGCCAGCGAACGTCGACGAGGATGAGGA
GGCGGAGCGAGCGGATATGCTGATCAACATGCTGGAAGAGGTCAACATCACACGGTACCTGATACTCAAGAAGAGAGAGGAGGACGGGCCCGAGG
TGAAGGGCGGCTACATCGATGCCCTCATCGTGCACGCCAGCCGTGTCCAAAAGGTCGCCGACAATGCATTCTGCGAGGCCTTCATCACCACCTTT
CGCACCTTCATCCAGCCGATCGACGTGATCGAGAAGCTGACCCATCGCTACACATACTTCTTCTGTCAAGTGCAGGACAACAAGCAGAAGGCCGC

TAAGGAGACCTTTGCGCTGCTGGTCCGAGTCGTCAACGATCTAACGTCGACGGATCTAACCAGCCAGCTGTTGAGCCTGCTGGTGGAGTTCGTCT
ATCAGTTGGTTTGCTCTGGGCAATTGTACTTGGCCAAGTTGCTGCGCAACAAGTTCGTGGAGAAGGTGACGCTGTACAAGGAGCCCAAGGTGTAC
GGCTTTGTTGGGGAGTTGGGCGGAGCCGGTAGTGTCGGCGGAGCAGGAATCGCCGGCAGTGGTGGATGCAGTGGTACAGCTGGTGGTGGAAACCA
GCCTAGTCTGCTCGACCTCAAGTCGCTGGAGATTGCCGAACAGATGACGCTGCTGGATGCGGAGCTGTTCACGAAGATCGAGATACCCGAAGTAT
TACTATTTGCCAAAGATCAGTGCGAGGAGAAGTCGCCCAACCTAAACAAGTTCACCGAGCACTTCAACAAGATGTCCTACTGGGCGCGCTCCAAA
ATCCTGCGCCTGCAGGATGCCAAGGAGCGGGAGAAGCATGTGAACAAGTTTATCAAAATCATGAAGCATCTACGCAAGATGAACAACTACAACTC
GTATCTGGCGTTGTTGTCGGCCCTCGATTCGGGTCCCATAAGAAGATTGGAGTGGCAAAAAGGCATCACCGAGGAGGTGCGATCATTCTGCGCCC
TCATCGATTCCAGCTCCAGTTTTCGCGCCTATCGACAGGCGCTGGCCGAAACTAATCCGCCCTGCATACCCTACATCGGCCTAATTCTGCAGGAT
CTAACGTTTGTGCATGTGGGCAACCAGGACTACTTGTCCAAGGGCGTCATAAACTTCTCCAAGCGCTGGCAGCAGTACAACATAATTGACAACAT
GAAACGTTTTAAGAAATGTGCCTATCCATTTCGACGCAACGAGCGCATTATACGCTTCTTTGATAACTTCAAGGACTTTATGGGCGAGGAGGAGA
TGTGGCAGATATCGGAGAAGATCAAGCCGCGTGGACGCCGCCCCGTTAACTATTAGTCTTCAAGCAGCAACAGCAAAACACCAATATTATATATG
ATAAAGTATATACACCGTATTAATTAAACAGTTCAAAACGGTTGCCACGTCTAGGAGGAGGATCAGCATCGGGAGCAGCCAACAACTATTCTAAT
GGGTCTGAGCAATAATGTTCGCTATTCTCTGTCTATATATATACAATTATACAAGATATTTAGCTGTAATTACCAGCCGATGCCGAATCGGAAAT
ACATATACATACTTACTTAAGATGTAGCGATTCAGATACGGATACGGATACATGTAGCCGCGTACAAATAACGAGCCGATCTGTAGTTTAACTAT
TAAGCTCTATGAGTCATTGGGTCGATGGACCTAACCTCAGCTAACTCCCCACCAATATTCGAATCCGAATCCCTGTCTGCGAGTCCCAAAAACTT
TTTCCCGGACTTTTGCCAGCACTAGAACACCAAACTAACTAACTAACTTACTTACCACCAGAGACAACCAATCAAGAAATCAGCAATTTTCGCTT
TTGTTTTGAGATCTCTTTTTTACACAAGAACACAACGAATTTTGAAAGCAAGCTACGTGAACGTAGAGGCCAACCGACAAACTATATTCGACGAT
ATATGTAGCGATATCTCGGACTATAAATCGATGCAATCCACGAGCAGAACACCAAGCGAACCCTAGCACAAAGCGCGTTATATGCAATTCTCTCT
CCAAACAACCAATATTAAATACCCGTGTGTGTGTATGTGTGTTAGAAGTTATTCAAATTGAAATTGAACTCAAAATCAAAATCAGAGATTTCAGA
GTGCACGAAACAGAAAACAGAAGGCGGTATCTATCGATCAAATCAATCAATCAATGAAATCAATCAAAAATTCATTTTGCGACTCAATTAATTGA
AGAAACTTTTAAAGTTACAAAACAAAACAAAATACAA
(SEQ ID NO: 296)

Start ATG: 1234 (Reverse strand: CAT)

MDVDVDVNVTVDREFDMEMDTPVPLKNAVCHGSISSPSTPGTCSSGIGVGGGGCSSSSNNSINSGSYSTACTPPPPTHQHHSQHQQLQGTPGGSS
RVGGAGAGGGGGVPPAPPSAGSSGHKNSLKGTKLARRARSFKDDLIEKISLMRTTNNTLGRSHSPHSPRTKHGTKAPPTTEEVLRSTQTLETHVK
DISNALKHFRDVILKKKLEVLPGNGTVILETIASMYSVIQTYTLNENSAIMSSATLQVYQSLGKLIKLCDEVMLSEDSGECASLSNENVREVIDL
LEDAVRNLVTLAQGKLKEQDQCAFRYSGSGLGGIGAAAEIMGAVTASPGASVPGTGVMRVSAAESAAQRTSLPDIALTPKERDILEQHNVNPMRG
SHSTESILRDTSPPPKPPLPNRASNPPPLPPKRRSQPSASAGTVGVGCSSSTSTSNQASPLPYAQSHNISLNSDLDCSSNISLLNYGVDRLSVRS
RSPDENSQCSFDSALNHSREEEDQQQQHQHLRSFPKLAAMMDEDMDKMVSYSFVSMREFRTSTQTTDYSVQSSTKSSSSNSEIAFSISESTAVGS
SSEYQQISQLVSHSQRHISSSSSSCTTTTTSSSTTTGYGSSEVEQLQQQQQQQTTTTPADLAPALPPKSIQRSSLTRHDSPGVGDELDEVQSSSG
WASHRSSQSEVAELRQLSPLHHLNHHPHTASAGQLQQWHSKHHSLIEGPRLQLAGSGSCSAFDQRHLDQEPPPLPIKKKHILAYMEICSASTRSI
EQHRHTMHACNISRNISHSQTMNIMPMSKELSPELEMPPALPPKNYKQRKATSMVASPTLQPVIVTTPPPSPKPTLGENGSTGRPDSRMATVCEE
LNDAVASEDAMPEPRSPVLDSNENVSAVDDGQTFYCHSHQLPAAEMEMSEDASSADNQPITTPQVLEEQEEPTAESRPLVAVHESVKPANVDEDE
EAERADMLINMLEEVNITRYLILKKREEDGPEVKGGYIDALIVHASRVQKVADNAFCEAFITTFRTFIQPIDVIEKLTHRYTYFFCQVQDNKQKA
AKETFALLVRVVNDLTSTDLTSQLLSLLVEFVYQLVCSGQLYLAKLLRNKFVEKVTLYKEPKVYGFVGELGGAGSVGGAGIAGSGGCSGTAGGGN
QPSLLDLKSLEIAEQMTLLDAELFTKIEIPEVLLFAKDQCEEKSPNLNKFTEHFNKMSYWARSKILRLQDAKEREKHVNKFIKIMKHLRKMNNYN
SYLALLSALDSGPIRRLEWQKGITEEVRSFCALIDSSSSFRAYRQALAETNPPCIPYIGLILQDLTFVHVGNQDYLSKGVINFSKRWQQYNIIDN
MKRFKKCAYPFRRNERIIRFFDNFKDFMGEEEMWQISEKIKPRGRRPVNY*
(SEQ ID NO: 297)

Name: GUANINE NUCLEOTIDE EXCHANGE FACTOR DC3G
Classification: signal_transduction
Gene Symbol: C3G
FlyBase ID: FBgn0026145

Celera Sequence No. : 142000013384832
CAGCGACAGATCAGGCGGTTCCGGCGGACGGTCATATACACCATATACGACGTGAAGGTCTGCTCCAGCATCATACAAGACATAGCCGCCAAGTT
GTCCCCGTACTTCAGCTCAACCCCGAACTCGTACTACAGCGACTCCCTCTTTTTCCTGTCCCTCGGCCTTCACAGGATCGCCGACAGGAGCCTAA
ACAGAGCCATTCTGCTAGATTGTGATATAGTCTTCCGATCCGATGTCCGACTGCTGTTCAATGAGTTCGACAACTTTCTGCCGCACCAGCTGTAC
GGACTGGCACCGGAACTGACCCCCGTCTACCGCCACATCCTCTACCGCTATCGCGTGCGCTATCCGAAGACCAGTTTCGGGAATCCCTACTATCC
GATCAACAACGAAGGGGGCAACCAACATAGCCGTGTCCACCACGGCTATCCAGGCCTGAACTCCGGCGTGGTCCTGCTGCTCCTAAACCGCATCC
GTAACTCAAAGTCCTACCTGGAGAAGCTGACCCACTCGGAGGTGCACACCCTGGTCGCCAAGTACTCCTTCAAGGGCCACCTCGGCGACCAGGAC
TTCTTCACCCTGCTGGGATACGAGTACCCGAACTTAATCTACAGACTGGACTGCATTTGGAACCGCCAGCTGTGCACCTGGTGGAAGGATCACGG
ATACTCACAGATATTCGACGCTTATTTCCGGTGCGAGGGCAATATTAAAATGTACCATGGCAACTGTAATACGCGAATTCCAGAATAAATAAAAT
TGTTATAGGAATATTAAATTAATTAAATGCAGGGTATTTTTATTTGGTATAACTATTGTAATGGAACGTTATGTAATATACGGTGAATTTAATCT
TAGTTTATAGACCATTATAAATGGTGATATATAAAAATGAAATTTAAAGATAAAAGACAGCCCACACCTATCACCATTTAAAATATCAAAACGAT
GTAAGAATGTTATCGATAGGCGAGAAGCAACAGAGTGGGAATATGCCGCACAGGGTGTTTCGTGTGAATGATTTCGCCTCTTGTTTCTTATCTTT
AACCTTCATTTCTGGCTCCGTTTGGCTATGAATTAGGAGCAGTCCCGAATAATCAGTCGAGCATACGTAGTTAACGATGGCGCCGAATGCAGCAG
TACCAGTGGAGCGATATGAGCCTGAGAACATCGGGATCAACGCCATTCTCCTGGGGCCGCCGGGTTCCGGCAAAGGAACGCAGGTGGGTCAAAAT
TACATAATGATGTGTTTTTTGTGACACGGACGCCATGTAGTCTATAAATAAATACAACGTGTTCAAGTGCGCGGTTTTTGTTTGCAAATAATCGG
TGAAGCTCGTTAATTCTCTTGGAAGAGAATTAAAACTGGTGAAGTTATATAAGACGATGTGTACATGGAAATGTATATGTATGTATCTACGTGCC
AAGTATGTACATATGCGTCAAGCAGTGTCTTTCTCTTGACCCTGAATCAAATCAAAGCCTTGGCGAGATGTGGCGAATTAAGTGGAACACCTTTA
GGCAATCGATTGGGTATTATGCAGACCATCTATTAAAAGGCTACCAGAACATTCCTGGCCTCAAGAAATGCATCTTATCTAGCCGATTGGTTACC
TTGCTTACCTTCCGATATGGTGCTAAATTGATTAATTGATTAGCTCTAACTGAAACTTATCAATGTTTTTAATTATGCCCATTTCAGGCTCCCCT
GCTGAAGGAGAAGTTCTGCGTGTGCCACCTGTCGACCGGCGACATGCTGCGGGCGGAGATTTCATCCGGTTCGAAGCTGGGAGCCGAGTTGAAGA
AGGTCATGGATGCCGGCAAACTGGTCTCCGACGACCTGGTCGTGGACATGATCGACTCCAACCTGGACAAGCCCGAGTGCAAGAATGGATTCCTC
CTGGACGGATTCCCCAGGACTGTCGTTCAAGCTGAGAAGGTAGCCACACGTGTGAAGCACTTTGGACTTTAGGTTATAATCCGTTCGAAACGCAC
TTTGCAGCTCGACACATTGCTGGACAAGAGGAAAACCAACTTGGATGCTGTCATCGAGTTTGCCATCGACGACAGTCTGTTGGTGAGGCGCATCA

CTGGCCGCTTGATCCACCAGGCCAGCGGGCGTTCGTATCACGAAGAGTTTGCCCCTCCAAAGAAGCCAATGACGGACGATGTAAGTATCTCTATA
GGACGCTATCCAAGAACTCTAAATGAAAGCAGACCTTGTGTACTTGCAGGTCACTGGAGAGCCCCTAATCCGTCGCAGCGATGACAACGCCGAGG
CTCTGAAGAAGCGACTGGAAGCATATCACAAGCAGACAAAGCCGCTGGTCGACTACTACGGCCTGAGGGGTCTGCACTTCAAGGTGGACGCCGCC
AAGAAGTCCAGCGACGTCTTCTCCACCATCGACTCTATATTCCAACGCAAGCGTCCTGCCCAGATCCAGTTATGATTTGTTCCTGCGCAATGATC
AACTACTGATAACTGCCTCCTGACAATTTATTTCGAGACACACACAACGTTTAAGCCTAAAGTTATAGTTGCATCCGGAAATCCTGAACAAACGA
AATTACCTTTGCAGGTCGACTACTTTCCTTGTACAGATTTCTAAAGTGTATGTGTTTGTTACTTTTTACATTTCACTATTTGTAACTACAATACA
ATTTAATAAAAAAATCGAAGGAAACAAGTACATTTTACGAGACATGACTGCTTTAAACTGGGCTGCGTTCGAATGAGGGATGGACGACGCCAAGT
TCAAACTTCCACACAATTGTTTTCCGGAAAGCTTCTGGAATATGATGCGGCTGACTCAGTTTCGAATCGAGGTTTTTAGCGTTTGATGGATAGCT
ACTAATTGTTCCGAGAACTATTTATTATTGCAATCAACTTTAAAGCGACTATTAAAGGGTCATGTTGCACGGGTCTCAAGTGTAACAAATGAGAA
ATTGCTAATGGAAATCGCTAATGAGATCGTTAAATCTGGTAAACAAATAACATATCGCCAAGTTAGCCCGTCCATCGTGGCTGCGAATCTCTCGC
AGAGCGACTTTCGATCGCCGTTTAGTACTCAGACGTCACCTGCCTAATGTTAATGTCAATTTAAGTGTGTATAACTATCGCACATATATTATATA
AATTTATAACGACGATTGACTAATCACTGGGTTGACTTTTCAGCAATAGCGATTTTCGCTTCAAAGTCTAAAGTGTGTGCAATCCCGTATGGATA
CGAGCCGAGCTCGAACACAGGCTCACAGCGCGCGGTTTGTGTTGTGTATTACACTTGAAGTTCAATCCCAGGTAAAAAGTGGGCCCAGGTATAAA
AGCCCACTTCATAGAAACATTTCTCAGTTAGTTCCAGCAGCTGAATTGCTTCACATCTATTCGCTCCGAGTCGCCCCACAAGTCGAGCCCCATTG
TAAGACCACCGCACCGTTTATAGTTTTTGGAGCCGATCGGCTCGGCTGGTCGACTGGTGGCTGGTAGTAGTCCACACACTCATGGACGCAGCCAG
ACGGGCAACCAGTTTCATTGTGTATAAACAGTGACATCTTTTCAGACAGCGAATGTGTTTCAGATACGCATACAAAGTGGCCTGCCTGGCTGTGC
ATTAATTTGCATACAAATCCCATAAGTCCACAGATACATTTTGCGAATGCAGTCGCGCTCGATGGCTAGTAAAAATA
(SEQ ID NO: 298)

Exon: 1001..1223
Exon: 1724..1951
Exon: 2003..2170
Exon: 2235..2687
Start ATG: 1122

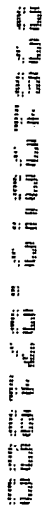
Transcript No. : CT10496
CAGGGTGTTTCGTGTGAATGATTTCGCCTCTTGTTTCTTATCTTTAACCTTCATTTCTGGCTCCGTTTGGCTATGAATTAGGAGCAGTCCCGAAT
AATCAGTCGAGCATACGTAGTTAACGATGGCGCCGAATGCAGCAGTACCAGTGGAGCGATATGAGCCTGAGAACATCGGGATCAACGCCATTCTC
CTGGGGCCGCCGGGTTCCGGCAAAGGAACGCAGTTCTGCGTGTGCCACCTGTCGACCGGCGACATGCTGCGGGCGGAGATTTCATCCGGTTCGAA
GCTGGGAGCCGAGTTGAAGAAGGTCATGGATGCCGGCAAACTGGTCTCCGACGACCTGGTCGTGGACATGATCGACTCCAACCTGGACAAGCCCG
AGTGCAAGAATGGATTCCTCCTGGACGGATTCCCCAGGACTGTCGTTCAAGCTGAGAAGGTAGCCACACGTCTCGACACATTGCTGGACAAGAGG
AAAACCAACTTGGATGCTGTCATCGAGTTTGCCATCGACGACAGTCTGTTGGTGAGGCGCATCACTGGCCGCTTGATCCACCAGGCCAGCGGGCG
TTCGTATCACGAAGAGTTTGCCCCTCCAAAGAAGCCAATGACGGACGATGTCACTGGAGAGCCCCTAATCCGTCGCAGCGATGACAACGCCGAGG
CTCTGAAGAAGCGACTGGAAGCATATCACAAGCAGACAAAGCCGCTGGTCGACTACTACGGCCTGAGGGGTCTGCACTTCAAGGTGGACGCCGCC
AAGAAGTCCAGCGACGTCTTCTCCACCATCGACTCTATATTCCAACGCAAGCGTCCTGCCCAGATCCAGTTATGATTTGTTCCTGCGCAATGATC
AACTACTGATAACTGCCTCCTGACAATTTATTTCGAGACACACACAACGTTTAAGCCTAAAGTTATAGTTGCATCCGGAAATCCTGAACAAACGA
AATTACCTTTGCAGGTCGACTACTTTCCTTGTACAGATTTCTAAAGTGTATGTGTTTGTTACTTTTTACATTTCACTATTTGTAACTACAATACA
ATTTAATAAAAAAATCGAAGGAAACAA
(SEQ ID NO: 299)

Start ATG: 122

MAPNAAVPVERYEPENIGINAILLGPPGSGKGTQFCVCHLSTGDMLRAEISSGSKLGAELKKVMDAGKLVSDDLVVDMIDSNLDKPECKNGFLLD
GFPRTVVQAEKVATRLDTLLDKRKTNLDAVIEFAIDDSLLVRRITGRLIHQASGRSYHEEFAPPKKPMTDDVTGEPLIRRSDDNAEALKKRLEAY
HKQTKPLVDYYGLRGLHFKVDAAKKSSDVFSTIDSIFQRKRPAQIQL*
(SEQ ID NO: 300)

Name: Mitochondrial adenylate kinase isoenzyme 2,
Classification: enzyme
Gene Symbol: anon-Dak2
FlyBase ID: FBgn0024906

Celera Sequence No. : 142000013384074
TGCAAGTTCAAAGTCAGAAAATGACAAATAACCGAAAGGCACACAAAAAACAATCCTAAACATGTTTGCTTGCATGCCGAGACACGCACATACAT
CAATATTCATGTATAAACAAGCTTACAGTGTAGGAAATATAAAAAATTACAAAACTAGAACTGTGATTACCCACACACATGCACAACAAGATCTG
CCTACTACCTTAAATTTACTCGCTGCGATATGTGTAGCACATGAGCACACAACATATATGTTTTATAGCACTTTTAGGCGCTTTTTATTCGTTTA
TGCGTAAATAGAAAACGTGAACGACGTGACCAAGTGTGACCGTTGCTTATTTTCGTCGCAAATCTCGCGTGTGGTCAATTTGAACCGTTGTCAGA
AACTATAGGGTCTCGAAACATGTGCAAATAATTCATTTATATCATTCAACTTATGCTGCAAATAATTGCTATTATTATTATTTTAATTAATTATC
CACACTGCTTATGTTCTTCGCTCAAACAGGAGGTAATTAAATCATTGAAGGGATTTCAAAAATCTATGTATGCATTCACTACTAACTAGCTTGGT
CTTTTTTTTATTTTGCGCCGCTTTATAAATTTAAAAAAATATCATTTGGAATTACACACATCACTGTGTTAAATTAAAAAGAAGATTTTTAGTGA
TTGTTTTCTTTGAGATATTGAAGTCGCTATCTGCTCCTATATAAATATTATTTCGAAATTATCGATTTATAGTGCGCTATACTGACAAAAAATAG
GCTGAAATTCGCATGAACAAGCATATTGTGGTAAGACAAAATGAAATCAGAACTTCCCAAGAACTACGTTGGAAAATTACAAATGCCCAAAAGTA
TTGCTCCACAAAATATCGTAACGAAATATCGCGAAATTTGCAACACTTTTGTGCACATTCGGTGGCAACGCCGCCTAAGAAAATACCTATTGCCC
CAATCGATACCTATCGATGAGCGTGGGCAGCCCTGTTTGTGCATGTGCTGCCATTCGATTTGATAACCAGCACTCCGTGCACACGTTTTTCGGCT
TTCTAGAAATAATTGGGCTGCGATTCAAACTGTGAAGTGATTTTTTCTATATTTTTTTTTTGTGTGCACAAAGGCTCTTGTAATTCGAGGATTTG
GCCATCGCGAGTGCGGGTGATTAAGCAGGCAGCTCCGATTGCCAGAGTTTTGCGGATGCATGGCAACACTGCCGCACGCCGGCCATGTTATTGTG
ATTTGTAAAAGGTGGAACGTAGACACGTGTTTAATTCGTGCAGCACTTTAGCGTTGAGAAAACGACAGTAAATCGCCAGCAAATAAGCAAAAACA
ATACACAACTCGCGTGTGCAGTAGATAGCTTTGAAAGCACCCAAAGATAGTGAGCAAAATAAGTTACCCAAGCGGTTCACAAAGGTAAGAAATCG
CAGCACGCGGAACATAACCTAGTACAAAAAAAGTGCGTGTGTGTGTTTGCCAAAACAGAGAGATGTGACGGAAAATGGTGTCATGTTCTGTTCTG
TGTGGATTTGTTCCAATGTCCGTGTCTTGAGCTCTATTCGCACCTCTTTCCCGGTACCATAGCCAACGTTTTAACTACCTTTTTTTTGTCAACTT



TTTGTTAAGTGTATGACTCTGCCTTGCCGCTGTTGTTGTTGTTCCGGCAAAGTGACAGTAAGTGGTTATGGAAAAAATTTGGAGTTCAATTCGGC
GATTACACAATGACAGCACTCACACACACACACCCACAATCGCACGCATACACATGCCGAGCATAAGTGCGTCTGTGTGTGTTACAGCTTTCA
CCGTTAATGTTCGGTTTTTTTACGCCTGAAAGAGAACAAAGGCGAAAAGGAGCTGCCACTCCCACAAAGAAAACATTGCGTCTATGCATACATAC
ATATGTATACACATATAAAGTAGTATATCCCCCGATTATACAATCCCCGCCCATTTTTGGCCACCATATGATCGGAAACCACGTTGCCAAGATTA
TAACAATGTGGACTTTTTCGGCTAGCTGGCAATGTTGTTGCACCTGATTTGTTGTTGTTTTGGTGCTCTCTTCTGGCTTGCCTCTCTGTGTCGCT
CATTCTCGCTTGTTCGGGGGAATTTCAAATTTTTAGGCTGTTGCTTCACCTCCCCGTTCGACGGCTTCCTCTTCTTTTGGCCGCACTGGTATTCG
AGTTTGGAGCAACAACAATGTGCAAGTTCAAAGTCAGAAAATAACAAATAACCGAAAGGCACACAAAAAACATGCCTAAACATGTTTGTTTGCAT
GCCGAGACACGCAGACACATCAATATTCATGTATAAACAAGCTTACAGTGTAGGAAATACAAAAAAAAAATAACAAAAACTAGAAGACCATTGCG
AAGTTGTTGTGCCCTTATCTTACATTTTGTCGTTTTAATTCAAGAGTTGATACGAATACGTGTAAAACTACACTTCTCCCTGCTCTTATGCATAT
CCATTTATTAAGAATTTTAGGCAAAATGTGGCAAGCTTTGTCAACAAGTTTTAATACTCTAAGCAAAGGGTATAAAACGTAATCTGAAAAATTCC
CGTCACCCGGTTTCGACGATTAGGAAATGCCACAGCTGTCTGGCCAGTTGCCCTTCCATGGCCATTTTATAGCACCCCACTAGGCCCCTTATCCC
CCACCCCCTGCATGCTCCCATCAACCGTTGATCTGTCGCTATATGTACATTTATACATATACATATGCATATACATATACATATGTACATACATA
CAATGTATGTTTGTGTTTCAGTTGCTTGTCGATTGAGCTTATCATCTGACCACTGTGTAACAGGAGGACCTTTGGGCCCTAACAAAGTGACGATA
TTGTGGATGGGGGGAAGCGGGAGTATAGTGGGTAAATCGGTTCTATAGTGAGTAACTTAAAAGTACTAAAGATCTCATGGCTTTAAACTACTGTT
CGGCATGACTTGCACTTTTCGGGCCCCGGAAATTTTGACCAAATTCGAAGGAGCGTCTTACAATCCATTTGAATGGATTTTGATTAACGGTTTTC
GGATTTCTTTGTTCTAATGAGCTCGCCACTCTCTTTTCTTCTCTCCGGCTTTCTGTCTCGTTTCCGCTTGGTGGGATGAGTGTGTGTGGGTGG
AAAGGGGCGCTAAATAAAAACTTGCCACCACGCATCCTCTCTTTTTTCGCGGGTTGGTGGGGGTATGCCGATGCGGAAGAGCGGATGGAGTGAAG
AGCGGAGAATCGGTGCCGAAATAAAAAAAATAATACAAATAAAAAGCCAGAGGAATTGGCAATTAGAAGGCGTGCAAAGTAGTTTCCCTTCATAT
ATCGAGCAGTCGATATCTCGAATCTCTCGAACAATTTCGCCGGCATATCGAAACCCAACAAAAAAAGAAAGAAAATAAACAAAAGCATAGAAGAA
ACTCCAAAAAATAAGCCGAAGCGAATTGATGCCATAAAACGACATAAAATACAAACGAAACCGGAAGAAGCAACGAATTCAGTTTTATCCTAGTG
GTAATACAAAAACACACATTTATTTTGTGAATAGGTGATGAATTTCTGGCAAAGCTGTTGTTTTCGTAACTTTTAGTTTTGTTTTGTAATGATTT
CGTAACATTTGCCATTGCCATACGTAAACGTAACGGTTTCTTCTTGCGCCTCTCTTCCGTTCTTCGCCGACGCTCTTTTGCGTTCTTGCGCACGC
GCTCTTTGCATGCGATCTATCGCTCCATCTCTCTCGCTCTCTCCCGTTGCGTTTTTCCCTTCCGCGTGGCATTCAAAAATCGCTTTGCACCTTTT
TCGTCGTTCTCTCTCGTTGTCTCTCTCTCTCTCGGCATTTGTGTTGTTGTCTATATTTACGTATTTATTTGTTGCTATTAATACGCAAAAGTTCA
GAAAGGAAAAAACCAAAATCAAACACACTGGCAAACACACACACACACGCACACTTATGCAGACGAGCACATGCAGGCGGGTCTCGTGACTTG
CAAAACCAATTCGAAACCTTTAAATAGGTTTTTTCAAATATAACAACATGCATATGTCGTTATTTAAAAAACAACGTTCATGTGGATGGTGTTGA
CAAATTAGCCCTTTAATCTCACACTTTTCTTCAAAATTGATTTCATATTTGAAATTCTCGCTTAAATTTAAACGCAAATTCAAAGCTCTTTACTT
TGTTTTCAAAGTTATTCTACACAAAATTGCATATTGTGTACCGTTTCTTATCTTGAGCCATGACAAGCTTTTTAAAGTAATTATATACGACGCTA
CTTGATTTGTAAATTGTTGCCCTGATAAGAGGTGTTCACACATTATTTCCAATTGTAAATTAAACAACAAACCATAACTTTTCCAAATATTGCAC
AAACAAAAGCTACTTCATTTTTATTTCAGTATTAGTGTGATCAAAATAATCCTATTTGTGTGACAGTACACAAGTATATTTTCAAATCGCACAGA
CTAATATAACTTCTTCTCCCTTTCAGATCTTTCAATATTCAGCGAAAATGGTATCCGGTCGTCCTCTACTCTACCTCTCACTGCCCGGTGTAGCA
TTTATACTCGGCGTCTTTTGGTTTCGGCGTAGATATAAAAATTGTTTAGACAAGCCCGACGACGAGGACTCATCGGCCATCAATGACTCGTCGAT
TGAACCAACTGTGCAGGCGCGCAAGGCCAACGGAGTCCTGCAGAATGGCAAGCTGCCACAGCAGTCGGCCAGCAAGTCGATGAACATCAACGGAA
CTTTAGTTAACGGTAGCGGAAGCGGTAGCGGAAGTAGCAGTGATGAGAAGGACAGCCCCACTACCATGTTGTATGGTAAATCAGCACCAATCAAA
ATCCAGAGCAATGGACGCACTTCAAATGGCAAGCATCAGCAGCAGATCGATTCCGAAATACTGAAGTCAAAGATACAGGATGCCGAACACAAGAC
ACTCTGCTCCATAGACGAGGATTTCGAGAATCTATCGTCGCCACGTGATTTACCCGATTCGGTAAATACACGCGTATCCTTCTACAATCGTAAGG
CTACCCAAAAGACGGTGGAACCGGTGGTGATTAAGGCCACGCGCACACCCAAAATATCGCCAGAGAACTCCTTCCTGGATACCAACTACACCAAC
AAGGAGTGCGAGCAGAACAACAACTGTGAGCCCAAGGAGGAGCCCTCCAAGAAGGAGGCCGATCAGGAGGAGCTCGAGCAGGATCAGGAGCAGAC
GGTGCTGAAGGAGGAAGTGGTGGATAGCAATGGTAATCAGAAGCGCAATGTGGATGCGGCCAGTCCATCGCTGAGCATTTGCAGTGTGCAATCGG
GCGATTCTGGCAAGGGATCCAGCTTGCCGCGCTCGGAGGCGACACGCGTGAAAACCACCTACGAGTTCCTCTTCCCGATCAGCTTGATTGGTCAC
CTGTACGGCCGCAAGCGGGCGTTTATTAACCAAATCAAGGCCAAGACCCTGGCCAGCGTGTCTGTAGGCAAGAATCCCTACTCGGGCAAGGTGCG
CATCTGTACCATTGAGGGAACGGAGAGCGAGATTGATGCCGCCCTGGCCATGATCCGTCAACGTTTGCCGGCCAAGCGCTATCCGAACTTCACCA
TGCAACGCATCCACTTTGCGCTTCCCCAGACCATAGTTCCTCTTTCGACCGAAAGCCTCTACAATCTACAAGTGAGTGGTGATGGTGTGACGATG
ACAATGGTAACGATGCCGCCGACACGACATGGCTATAGCTGATTAGCTGGCTAATTAGCTGACTTGATTTGATGATTTTATGGTAGTATTCCTCC
CGTTGAATACGCAGAGACTATTTCAAATTCTCTAAGTGGTTAACACTGCTGTTCCTGTCGTGTCGGCGCAATCGGAAAGGCTTCGATTTCGAGTC
CCCATCCATCCATTCATCCATATATCTCTAATGCCTTGGCTAACTCCTCCTTCGCAGCTGAAACTGATTGAGGGCATCAACAACGATGTGGTAGT
GAGTGCGGTGCTATCTGGGTCGCATATTTTCATCCAGCACCCGCTGCATCCCTCGCATCCATCGTTGCCTTTGCTGCAGAAGCAGCTGTACGATA
GCTACTCCACCATGGAGGCGCCATTGCTGCCCAGTTTGGAGCTTAGTGCCGTGTGCGTGATACCCATCAATGATGTGTGGTATCGCGTCCAGATT
GTCGACACAGATCCCGAGGACGAGGAGCGTTGCGTAATCAAGTTTCTTGACTTTGGTGGCTACATGAATGTCGGCTTCAACACACTGCGACAGAT
TCGCACCGATTTCATGAATGTGCCCTTCCAGTCCACCGAATGCATCCTGTCCAACATTGAGCCCATCGGTGAGTGTGTGTGTGTGTGTGCGCGCA
TTATGCCCTTATACTTATTCCTTGATTCTCACTTTTTCCACGCAGGTGGCACCTGGTCCATTGAGGCGGCCGAAATCCTCAACAAACTTACCAAA
GGCATTGTCTTGCAAGCACAAGTCGCCGGCTATAATAGTCACAACCTACCAGAAATCTTTTTATTCGCATCCCTAGGTCCCAATGTGAGTATAAA
TTTCCGATTAGAGAGAGACGGAGTGATTATGAAGAGCGAGAGAGCAGACTACAGTGCGTGACATAATAGCAAAACGGTTACGAGCAGAAACTTGC
ATCTTACTTTAAACAAGCTAACTAAGCCATTTGATTTGTTATGCAACTAAACTTAAACTTGTACACACATATGTTACCTTTTTAAAAACAAGCGG
ATGCGCTATCGTCTGTTTTTAAAAAGGGGACAAACCCTTGTTGGAACAGAAAGTTTCTAACTCTTGTTTCTAATTGCAGAATGTAATCTTTATCA
ATAAGGAGCTGGTCGGCAGAAAGCTCGCCAAATGGGTGGAGATGAGTGACTAACAGCCTTAGTGAACAACTCAACTAGCAACCAAGAACTATATG
AAAACTTAAAAGCAAACTTAAACAACAATCACTCAAACCCAAATCAAGCAACTTGGCGGTGCAACAAAAAAGGAATGCTTGAGTATTGCGCAACA
GGCTCCAAGATGCGGATTCGGATTAAGGATTTCGTTAGCAGCTTTTGCAGTTAGCATGTAGCATGTAGCACACAGCAAATAGCAATTGCCCGATT
CCAAAAGAACTGGCAAGTGCAGAGGCCTCAAAACAAAGAAAATGAAACGTTTGTTACGTTGTTTAGATTGCGACTGAGCCCAGAGAGAGCCCCTT
AATCATTACATAACAAACAACACACACTCGCCAAATACACACACACACACACACACACACACACGCATATATGAGTAAGAGCACCTAACACCACA
CTAACCCATACACATTACACAACAAGACAAACGTTTGTTTGTTGACTGTCCAGAATTGGATACCAAAATGGAGGGGGAAGTTAGGGATCAGCTGG
GTTATGCGTTTTGTGACCACATGGCAACACATGGGCGGGCGGGCATGCAACGGATCGACTGGAGCTGCAGATATTACTATACTCAGTTTATAAGT
AGGCATTACTAAATAATGTACATAGATTTTATAACGAGAACGAGATGCGAAAAAAAAACAAAGAACATACTAAATAGACCCAACTAAAATACCAT
GCGTTCATCAGATATACAGAAAAACAGAAACACAGAAACATAGAAACTCTGGATAAGAATGGAGAAAAACCTGACAAAACTTTAGTTTTATGCTG
CTATTTGCTGAGATCTGTAAATATTATATTAGGCCTTTTTAAACAACTGATAATATCTAATCGACGAGTTCATACATTTACATGCATTATACATT
TTTTTTTTTTTGTTAATTTGTATTCAAACTGTAATCAGAAAATGTATTCAAAATTCCCAACCCAAAAATAACTCACACCCGCACTAAAGCCACAG
AATGCCTAACAAAGAAAGAAACCATTTAAAAGCAGAGACAGAGTGACGTTACGAATTCTTCATAATTATATATGCGTGTGTGCCATTGTTAGACA
ACAAACCAACATTAAACATAACCAACATAACAAGCAAAACAACAAACACAATAATTAACAAAAAAAAAAGAAAAAAAAACAGAAATGGCTACTTT
TTCCCCAAAACAAACCCATTGTAAATAAAATCCATTTCGACAGACAAAGAAATGCAAAAACAAATGAGAAACAATGATTGTTGCTACCAAAACTA
GCCTATTGAAAAGAAGGAGTGAAAACCTCAAAATGCCTTTCTTTCAAACTTCTTTTGTATATGGAAGAGGAAACTTCTTGAAGCGACAAGAAGAA
GCAAGCAAGCGAATTGTTGCAAACTTATCGCTTAAGCTACCAATTCTGGGTGTCTAGCCTAGCAGCAATATTAGCTAGAATTGTTCTAAGTGTAG

CACAGCCACAACAGCATCAACAACACATCGATAACACAATATAACACACAAACACACACTAATAAATCAACAAAGAAATTAATCATATTTATTTT
GTTGAGATTGAAAATAGAGTTTTATTTCACTGTATCATTCATTGTATTTTACATTGACATTTTACATTGATCGGCAGCAACGGAATTACTATATA
AACATTTATAAATCGTTTCAAAAAAAGATTTCAGGCTCAATCACAATTCAGCTTAATAAGTCGTCGTCATCGTTCTCATGTCGTCATCGTCATAA
TTAAATTACTTAGATAATATAATGTACAAGTGATGATCCACACAATATCCATCTATTTGGTCAACATGAAAGACTTTGGAGGTGTTTTTTCTTCT
TCAACGGTAGTCTACAAATATTCTAGTTAACGCTATCATTATACCGTTATTATTATTATTATTATAACTATTATTATTATTACCTCTTTTTTTGC
TGTTTGTTTTTAGATCCTTCTTGATAATTAAAGCAAATTCATTCTAATTGTTATCCTAAACTAAAACAACTTTTGGAGGGGCTGCCCTCCACACA
CTGTAGTGCAAATTCGTTTAATGGTTCCTCGTTTTAATAATGTCGTTTAATGCCTTTGGAAATTCGAACTACATTTTAGTCTATGGAACACTAAA
TACATATTATTGGTTACTTTTAAATGAAGCATTCAACTAGATGAAGGGAGTAGGATTTCAATTTTTGCATGCACCAGAGTTGTCAACGTTCTCGG
TGTTCTATCGAATTCATTGTAGATTTGTCACTTGTACAATTGTTGATAAACTGATTAACTGATAACTGATTAACTGACATAGAGATAATGCAAAC
ACGACAGACATGATGTAGAGCACATATTGAAACTAATCTTAGTCGATAGCGAGAAGAGAAGAAGAGACGTGAAGTGAAGAGTCCTCCCTCAAAGA
TCATCGTAAGTGTGTGGTACTTCTATTTTTTTTTCTTATCTAGTAATGCTGAGAGACGAGAGTTACGAATAAGATTTAATTTATAGACGCATTCA
AGTGAGAATAATTTACAAATCTAGTTATTAACTAAATATAATGCAAGTACATTAAAATAAAATATTATTGAAAAGTAAAAAAAACGGTGTTTCAT
CTGGATCGTTGTGGGGGGGGGGGGGTGGTTCGTTATCCCAGGAAGTGATATCGCCACTTTTATGGATCCGCCCGGCTAAACGTGCCAACTAATTT
TATAATTCATGTACTTACCCGTGTCAGGGTAAGGTTCTTATCCGAAAAGCTGAATTGACGTGATGGCCGCGATAAGGAAGTTGCTAGCTTCATAT
TGTTTGCGATCCCCCCAATAATGTCCAATATCCGATTCCCATGATTCCCTCCATGCAATCGATCAAAGAAAGCCTTGATTGCCGCACTAATGTAC
TATTCGATGATCGTCTGGTTGGCTCGTTGGCTGCACGACGATCTCTTGGATATAAAACGATTGCGATATCGAACTTGCAGCTGGAGGTGGAGAAC
TCTGCGTCAGAGTTGGTGGCCAGAGATTTGCTTGTGAAACTGTGAAACTGGTCAGAAGCGGTCTTTGGATCGTAAAACTTTCATTGACCATTGAG
TGGAATTCTTCCGAATCTATATGTACCAGCCAGCCTAATTACCCCAGCGATTATCGACTCCTAATTGGTTTTGTCTACGGTTCTGTTTTCGTTTC
CTTTTCAATTGATTGGTCACTTCGTGGTGGTTTCACCTAATCAGTGTGGAAAATGTCCAGTCACGGCCGGTTCGGATAAGTTCATAAAGTGCTTT
TACTGTGTCTGGGTCTGGCGGGTCCGTCTATCTGAAGTTATTTACTACTGCTGACCATTTTGGCCTGCCGGTTTTTATCGAAGTACCAAGTGTTT
CACTCACCGCGTCGTACAGTGGACCCCGCCTATGTTGGCCGCAATGATCGATTTGGGTTGATAAGATCCTGGCATCCCCATATATAGTTATATCT
ATGTTCCCCTATCGCCGTATCTGCTCTCTATGTTCTATCAACGATCTTCGTGAGTTAATCAGCAAAAAAGAGCTCACGTTCGGGATTTCCTTACC
TACACGCAGAGAAAAAGATCACTTCATAAATTTATCCAGCGGCAGCTCATCAAGTAACGTGGAATTCCCAGCTTATCGCATTGGGTAATTTGAAT
GGAGCGCTGGTAGATAATTCACAAATGGAAAACATTTACCCAATGACTTATTTACTCGTTTTATAACATCTTGCAGCATTTTCTCTTCGAGTGCA
GACTATATTTTTGGGTAAACGCCGTGCTGATGTCTTCAGCTTCTCGGCGGATACTTCCTTATCCGAGCGCTGGAATCTCCGATATCATCAACGAT
CGCCCAACGAAGAGCAACCGAAGTTTGTTTTCCCCATTCCTAATCGAGCACTGGGGGGCTGGGGATTGGGGATTGGGTACTGCGTACTGGGTACT
GGGTACTGGGTACTAGGTACTGGGCACTTAGGTACCAGCCAGTCAGGTACTACCGCTGATTTTCTCTACAAAGCACGGCTATACGGCTATATGTG
TGTGAATAATTTCACGCTTATTACCTGCTGAGCGCTGGCAAAACGCTGCTTGACTTTGGCGGTTCTTAAAGCGGCCGGCACTCGCAATATTCTCA
GTTCCAGCCGCGGCATTCACGGCACCACAAGCGCGCCTCCAGCACCGCCAAGTAGCCAAAATCCACAGCCCAAATTACGAAAATATTACAGAAAA
CTAAACCCTGAAACTGCAGTTGGACGCTAACCCAACCAACCGTAACCAAGGGCTGGCCAAATGCAATGTGCTAATTACTATTAACAAAAAAAAAA
AAAATAAATAATTAGTAATTAAATAAGCAAAACGCGAGTAGCCGTCAACTGTTTTCATTAACCGGGAAAATTAACAAGTGGCTAGAAAAATGGAA
TTGAAAGGAGTTCAGCCATCGAATGGCAGCTCAAATGGAAGTGGAAATGGAGCCACCAATGCTGCATCAACGGAAGTAAGTGTTAGACCATGAAA
TCAGGCAATTAATAGTATCCCTAATGGAATTGCTTTCGAGTGGCACTTGAAGAACTCAAGTGGCCAGCGATTCAGATTAGAAGAAGGCAGTGTTC
AACAGTTGGAACATTAAGTATACGCCGTGTGGTGCATGAAAGTTTCACAATGTACACTGTGAAGAAACATTTCCCATGCAATAAACTTTATAAAA
CTTCAATGGACTTTTACCCCGAAATTATGCTTTGATTGGCCCTTCTTCACAACCGTCCTTGCAATTCGCTCAGTGTTTCTGGCTTTACAATCGCC
AAATGACTTTATGATCATTAAGGCTGTTAGACCTTAATTGCAGGCCAATCGACCGACAAACGAATATGCGATTTACGGTCCACCCCAATGTGGGG
TGAAAGACTTTGTCAGCCGGTTACTCCATGCATATCTTATACGCTTTACGATACCCAGCGACACATAAATGTATCTTAGAGCTATTTTCAGCCGA
AGAATGAACCGAAAACGTTAGTTATCTGGCCATAACTTAGCGTACGGCTCGAGATCAGCGAAAGCTATACTATAATAGGCT
(SEQ ID NO: 301)

Exon: 1001..1414
Exon: 4492..5676
Exon: 5948..6338
Exon: 6411..6608
Exon: 10622..10956
Start ATG: 4513

Transcript No. : CT10921
CCATTCGATTTGATAACCAGCACTCCGTGCACACGTTTTTCGGCTTTCTAGAAATAATTGGGCTGCGATTCAAACTGTGAAGTGATTTTTTCTAT
ATTTTTTTTTTGTGTGCACAAAGGCTCTTGTAATTCGAGGATTTGGCCATCGCGAGTGCGGGTGATTAAGCAGGCAGCTCCGATTGCCAGAGTTT
TGCGGATGCATGGCAACACTGCCGCACGCCGGCCATGTTATTGTGATTTGTAAAAGGTGGAACGTAGACACGTGTTTAATTCGTGCAGCACTTTA
GCGTTGAGAAAACGACAGTAAATCGCCAGCAAATAAGCAAAAACAATACACAACTCGCGTGTGCAGTAGATAGCTTTGAAAGCACCCAAAGATAG
TGAGCAAAATAAGTTACCCAAGCGGTTCACAAAGATCTTTCAATATTCAGCGAAAATGGTATCCGGTCGTCCTCTACTCTACCTCTCACTGCCCG
GTGTAGCATTTATACTCGGCGTCTTTTGGTTTCGGCGTAGATATAAAAATTGTTTAGACAAGCCCGACGACGAGGACTCATCGGCCATCAATGAC
TCGTCGATTGAACCAACTGTGCAGGCGCGCAAGGCCAACGGAGTCCTGCAGAATGGCAAGCTGCCACAGCAGTCGGCCAGCAAGTCGATGAACAT
CAACGGAACTTTAGTTAACGGTAGCGGAAGCGGTAGCGGAAGTAGCAGTGATGAGAAGGACAGCCCCACTACCATGTTGTATGGTAAATCAGCAC
CAATCAAAATCCAGAGCAATGGACGCACTTCAAATGGCAAGCATCAGCAGCAGATCGATTCCGAAATACTGAAGTCAAAGATACAGGATGCCGAA
CACAAGACACTCTGCTCCATAGACGAGGATTTCGAGAATCTATCGTCGCCACGTGATTTACCCGATTCGGTAAATACACGCGTATCCTTCTACAA
TCGTAAGGCTACCCAAAAGACGGTGGAACCGGTGGTGATTAAGGCCACGCGCACACCCAAAATATCGCCAGAGAACTCCTTCCTGGATACCAACT
ACACCAACAAGGAGTGCGAGCAGAACAACAACTGTGAGCCCAAGGAGGAGCCCTCCAAGAAGGAGGCCGATCAGGAGGAGCTCGAGCAGGATCAG
GAGCAGACGGTGCTGAAGGAGGAAGTGGTGGATAGCAATGGTAATCAGAAGCGCAATGTGGATGCGGCCAGTCCATCGCTGAGCATTTGCAGTGT
GCAATCGGGCGATTCTGGCAAGGGATCCAGCTTGCCGCGCTCGGAGGCGACACGCGTGAAAACCACCTACGAGTTCCTCTTCCCGATCAGCTTGA
TTGGTCACCTGTACGGCCGCAAGCGGGCGTTTATTAACCAAATCAAGGCCAAGACCCTGGCCAGCGTGTCTGTAGGCAAGAATCCCTACTCGGGC
AAGGTGCGCATCTGTACCATTGAGGGAACGGAGAGCGAGATTGATGCCGCCCTGGCCATGATCCGTCAACGTTTGCCGGCCAAGCGCTATCCGAA
CTTCACCATGCAACGCATCCACTTTGCGCTTCCCCAGACCATAGTTCCTCTTTCGACCGAAAGCCTCTACAATCTACAACTGAAACTGATTGAGG
GCATCAACAACGATGTGGTAGTGAGTGCGGTGCTATCTGGGTCGCATATTTTCATCCAGCACCCGCTGCATCCCTCGCATCCATCGTTGCCTTTG
CTGCAGAAGCAGCTGTACGATAGCTACTCCACCATGGAGGCGCCATTGCTGCCCAGTTTGGAGCTTAGTGCCGTGTGCGTGATACCCATCAATGA
TGTGTGGTATCGCGTCCAGATTGTCGACACAGATCCCGAGGACGAGGAGCGTTGCGTAATCAAGTTTCTTGACTTTGGTGGCTACATGAATGTCG
GCTTCAACACACTGCGACAGATTCGCACCGATTTCATGAATGTGCCCTTCCAGTCCACCGAATGCATCCTGTCCAACATTGAGCCCATCGGTGGC
ACCTGGTCCATTGAGGCGGCCGAAATCCTCAACAAACTTACCAAAGGCATTGTCTTGCAAGCACAAGTCGCCGGCTATAATAGTCACAACCTACC
AGAAATCTTTTTATTCGCATCCCTAGGTCCCAATGTGAGTATAAATTTCCGATTAGAGAGAGACGGAGTGATTATGAAGAGCGAGAGAGCAGACT

ACACATTTTCTCTTCGAGTGCAGACTATATTTTTGGGTAAACGCCGTGCTGATGTCTTCAGCTTCTCGGCGGATACTTCCTTATCCGAGCGCTGG
AATCTCCGATATCATCAACGATCGCCCAACGAAGAGCAACCGAAGTTTGTTTTCCCCATTCCTAATCGAGCACTGGGGGGCTGGGGATTGGGGAT
TGGGTACTGCGTACTGGGTACTGGGTACTGGGTACTAGGTACTGGGCACTTAGGTACCAGCCAGTCAGGTACTACCGCTGATTTTCTCTACAAAG
CACGGCTATACGGCTATATGTGTGTGAATAATTTCACGCTTATTACCTGCTGA
(SEQ ID NO: 302)

Start ATG: 436

MVSGRPLLYLSLPGVAFILGVFWFRRRYKNCLDKPDDEDSSAINDSSIEPTVQARKANGVLQNGKLPQQSASKSMNINGTLVNGSGSGSGSSSDE
KDSPTTMLYGKSAPIKIQSNGRTSNGKHQQQIDSEILKSKIQDAEHKTLCSIDEDFENLSSPRDLPDSVNTRVSFYNRKATQKTVEPVVIKATRT
PKISPENSFLDTNYTNKECEQNNNCEPKEEPSKKEADQEELEQDQEQTVLKEEVVDSNGNQKRNVDAASPSLSICSVQSGDSGKGSSLPRSEATR
VKTTYEFLFPISLIGHLYGRKRAFINQIKAKTLASVSVGKNPYSGKVRICTIEGTESEIDAALAMIRQRLPAKRYPNFTMQRIHFALPQTIVPLS
TESLYNLQLKLIEGINNDVVVSAVLSGSHIFIQHPLHPSHPSLPLLQKQLYDSYSTMEAPLLPSLELSAVCVIPINDVWYRVQIVDTDPEDEERC
VIKFLDFGGYMNVGFNTLRQIRTDFMNVPFQSTECILSNIEPIGGTWSIEAAEILNKLTKGIVLQAQVAGYNSHNLPEIFLFASLGPNVSINFRL
ERDGVIMKSERADYTFSLRVQTIFLGKRRADVFSFSADTSLSERWNLRYHQRSPNEEQPKFVFPIPNRALGGWGLGIGYCVLGTGYWVLGTGHLG
TSQSGTTADFLYKARLYGYMCVNNFTLITC*
(SEQ ID NO: 303)

Name: A-kinase anchor protein
Classification: enzyme_activator

Celera Sequence No. : 142000013384832
CCAGTGGTCCGCTGGTGGCTCGGCTCTCATTTTTGCATTTTTCTTCGGAAAAGTCCGCGCGCTGGAAAAGTCAACACAAGTTCACCTCTCCAAAT
TCGTGCGTGGGTGTGGGCGGAAGGTGGTGGTAGGTGGATGGTGGGCGGGAGTGGGTGGTTGGCGATTCGAGAGGGGGCGGTGCGTGGGTGGGTTT
ATTTTTAGCGCTGCTGCGACGGAAACGCGACAAGTCGGAGATTCTGCTTCCGCAATGTTGTTGTTTTTGCAGCCGTTATTATTAACAAATATTAC
GCTATCCACGGGCTCTTCTTCTTGCTTGTTTGCGTTGACAAATCTCGTTGCGCTTTCACAATCACATCAAATCGTGGGAAAACTGGTTTTCCCCC
CGTTTCTGAGCGGTTCACTCTTCGGTTCGTGATCGTTTGTGTCCGCGGGCAATGGAAAGTCTTTGTTTTTCACACGCGTTTATCACAACAGTAAA
TAAAATATCACTTTAGCCAGTTTAATCAACTCGGAGAGCAGAACTTTTAACCGTGAGAAATAACCGCATACTGAAGTGGCCAAAATCTGGGAAAT
CGCCATGGAGGAACTCGCGGAAAATACCAAATCCATGGCATGCAAGCTTTATTATCAGTGGCGTAGAAGAGGGGCCTTATCTGATTAATCCTCGC
TCTATAATTTTGAACCGCTTGCCATTTTTAAGGGCTCAGGATAATGAGATTTGTTATTCTTCCAGATTAATGTCATTAAATTAAAATCTTATGTT
TCCCCCTTATGTTTATAAGAGTAATCGCAAATATTCAATGAAGAAAAGAATATTTTATTTTATTGAACTGCCGAAATCAACAAATTAAACGAATG
TAATTAATTTAAATTTTAAATTATAACACCCAAAAAGTGTGATTCCCCGAAAATATCAGTTATTATACAACGTTATTTCGGAATTTGTAGAGGTA
TTTTCTGGCGCTCCCGCTGCGGTCACACTGAACACGAGTTTCGTTTCGGAGATTGAAAGAAATGGAGATTGACTTGGGATTTGCGGAAAAGAGCG
ACAATGGCGCCTGGCTGAGCAACCGCTACTTTCCCAGCAAGCTGGGAGGCCAGCCCGCATGGCTGGAACTGGAGGCCTTGCCGCCCACGTCGCAG
CTGCAGTGCAGCAAGTGCAGGGCACCCAAATCCTTCCTGGCTCAGCTATACGCTCCCTTCGAAGACGAGTACAACTTTCATCGGTCCATCTATGT
GTTCCTGTGCCGGAATTCCGACTGCCAGGAGGCCCAAAATGCAAGGTAATCCCTTCTAGCTCTGAAAACCAACTTGCAACCTAATCTTACCCATC
TTTCCAGCAATTTCACAGTCCTCAGGTCACAGTTGCCGCGAAAAAATAAGTTCTTTTCGGAGGAGGAGCCGAGCGACGTGGGTCAACCCCTGGTA
GGAACAGCAGCCATATTTTCAGAACATACTCATCATAATATGTTTTCTTAGCCCGCCGTTCCCTGCCTAAAGAAACTATGCGCCGCCTGCGGTTG
CCATGCTCCTCACGCCTGCAGCAAATGCAAGGCAATCCACTACTGCTCACCAGAGCATCAAAGGGCCCACTGGCCACAACACAAGCCAAACTGCG
GAGCACCAGAAGTAGCCACTGAGAAGCCCTTAACACAAATCGTTTTCCCAGAATTTGAGATTGTAATGGACAGCAACCCCGTGGAGTCTGGCGAG
GAGGACAAGGACGATGAGGCTCGCTTGGCGGAGTTCCAGGAGCTGGAGTCCAGCGGGAAGACGGGCGACTTGAGCAATGTTTCCGAGGCGGAGAT
GGACAAGTACTTCGGAAACTCGGCGGCCGCCGATGACAAGACCTTTCGTCAGTTCAAAAAGCAAACAGCAGCCGAACCCGATCAGATCGTGCGCT
ACAAACGTGGAGGCCAGCCCCTCTGGATCACGAATACCGTCAAAACGGTGGAGGACCAACTTAACAAGCTGCCCAATTGCATTGCTTGCGGAGGA
GAGCGTCAGTTCGAATTTCAGATTATGCCGCAAGCGCTGACTCTTCTGGAGGACGAAAACCTCGACTGGGGCGTCCTGGCCGTCTACACTTGCGC
CAAAAGCTGCCCCATCGACGGCTACGTGGAGGAGCTTCTCATCAAGCAGGACATTGTGGCGGAGGATCAGAGTTGACATTAAAATGCGTACATTT
AAATTTTATTCTTGTCAATTACGAAACACGTGAACATTTACTTCAGCTTGATGATGGGGAAGTAGCTGTGTTTGGAGAAGTCGAACTCTGGCTGC
CGCTTGACTTCCTTCTGGTGACCGCGAGCCAGCACATTCATCACCACAAAGTTAGTCCGTGCGATTTGCAGGAGGTCCAGCATCTGAAATTAAAC
GAAACGCATTTTAATCCAGGAAAACCAATTCAGAACTACCATTGACTTACCTCCTGATCTGGGTTTTGAATGCTTTCGAGAACATTGCGGGCCTG
GTCAAAGTGCTTGGCCGCATAGGTATATAGATCCTCGACGCTATGTCGCATCATGTGCTCCCGGACGTTTTTGAACTCTGCGTACGAAACTGGCG
GAGGACTGGTGAGTGTGGCGAAGGGCAGGAAGCGTCGGTTGTAGCGGATCTCCTCGTTGTCGAACTTGGACAGCGGCAGTCGCACGCGTCCGTCT
TTGGTCAGGGCGCCCATTGCTTTATACATTCCGCCGCAGAGGCTGAGTAGCGCGTGGTAGAAGACGATCTCGGCGCGGTACGGCCTTTGAGTCTT
TTTGTTCTTTTTCGGCTTGGCCGCCTTGCGGTTTTTAGCCGCTCCGCTGCCGCCCGACTGGGTCTTACTTTGGTGCTCGGCGTACTCCTCCTGGG
CCAGGAGGATGTTCTCCGTGCGCGTCAGCGCGGAGACCAGGAAGCCAATGAGGAACTCGTATGGATACCAGTAGATGTAGAGGAACTCATGCACA
GCATATAGTTCCAGCTCAAAGCCGGACATCAGGAAGATCAGCATCGCACGGAAACAGTTGTACAGCACCCATGTGGAGAAGTGGGTGCTGTGCTT
CAGAGCGGTGGCCATGGGCTCGTTGCCCTCCATGGCTCGTTCGTTGGCCAGTTGGTTCATCATAGAGTCCAATCGCGCTGCATCCACTTGGATGG
TGTCGAAGTTCTCTATCAGACGCGCCAGCTTATCCCGCTGTCTGGCGCGATTGAAGCCGCAGATGCGAATGAACTGCGTGAAGGTGTTCATGTTA
ATGCAGTAACGGAAGAAGTTCTCCAGGTGCTGCTGCACCTTGGGATCGGCAGCCACCGGATGCTTGGCATTCAATACGGGTGGCGAGTTGAAGAC
CTGAACCGAGTGGCGCAGGAACTGCTTCATGGGAAGCTTTCCGTGCGCCATACGCATGTTGGCGCTGAACAGGGTT
(SEQ ID NO: 304)

Exon: 1001..1280
Exon: 1338..1422
Exon: 1477..2401
Start ATG: 1012

Transcript No. : CT10985
GATTGAAAGAAATGGAGATTGACTTGGGATTTGCGGAAAAGAGCGACAATGGCGCCTGGCTGAGCAACCGCTACTTTCCCAGCAAGCTGGGAGGC
CAGCCCGCATGGCTGGAACTGGAGGCCTTGCCGCCCACGTCGCAGCTGCAGTGCAGCAAGTGCAGGGCACCCAAATCCTTCCTGGCTCAGCTATA
CGCTCCCTTCGAAGACGAGTACAACTTTCATCGGTCCATCTATGTGTTCCTGTGCCGGAATTCCGACTGCCAGGAGGCCCAAAATGCAAGCAATT
TCACAGTCCTCAGGTCACAGTTGCCGCGAAAAAATAAGTTCTTTTCGGAGGAGGAGCCGAGCGACGTGGGTCAACCCCTGCCCGCCGTTCCCTGC

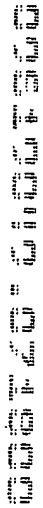
CTAAAGAAACTATGCGCCGCCTGCGGTTGCCATGCTCCTCACGCCTGCAGCAAATGCAAGGCAATCCACTACTGCTCACCAGAGCATCAAAGGGC
CCACTGGCCACAACACAAGCCAAACTGCGGAGCACCAGAAGTAGCCACTGAGAAGCCCTTAACACAAATCGTTTTCCCAGAATTTGAGATTGTAA
TGGACAGCAACCCCGTGGAGTCTGGCGAGGAGGACAAGGACGATGAGGCTCGCTTGGCGGAGTTCCAGGAGCTGGAGTCCAGCGGGAAGACGGGC
GACTTGAGCAATGTTTCCGAGGCGGAGATGGACAAGTACTTCGGAAACTCGGCGGCCGCCGATGACAAGACCTTTCGTCAGTTCAAAAAGCAAAC
AGCAGCCGAACCCGATCAGATCGTGCGCTACAAACGTGGAGGCCAGCCCCTCTGGATCACGAATACCGTCAAAACGGTGGAGGACCAACTTAACA
AGCTGCCCAATTGCATTGCTTGCGGAGGAGAGCGTCAGTTCGAATTTCAGATTATGCCGCAAGCGCTGACTCTTCTGGAGGACGAAAACCTCGAC
TGGGGCGTCCTGGCCGTCTACACTTGCGCCAAAAGCTGCCCCATCGACGGCTACGTGGAGGAGCTTCTCATCAAGCAGGACATTGTGGCGGAGGA
TCAGAGTTGACATTAAAATGCGTACATTTAAATTTTATTCTTGTCAATTACGAAACACGTGAACATTTACTTCAGCTTGATGATGGGGAAGTAGC
TGTGTTTGGAGAAGTCGAACTCTGGCTGCCGCTTGACTTCCTTCTGGTGACCGCGAGCCAGCACATTCATCACCACAAAGTTAGTCCGTGCGATT
TGCAGGAGGTCCAGCATCTGAAATTAAACGAAACGCATTTTAATCCAGGAAAACC
(SEQ ID NO: 305)

Start ATG: 12

MEIDLGFAEKSDNGAWLSNRYFPSKLGGQPAWLELEALPPTSQLQCSKCRAPKSFLAQLYAPFEDEYNFHRSIYVFLCRNSDCQEAQNASNFTVL
RSQLPRKNKFFSEEEPSDVGQPLPAVPCLKKLCAACGCHAPHACSKCKAIHYCSPEHQRAHWPQHKPNCGAPEVATEKPLTQIVFPEFEIVMDSN
PVESGEEDKDDEARLAEFQELESSGKTGDLSNVSEAEMDKYFGNSAAADDKTFRQFKKQTAAEPDQIVRYKRGGQPLWITNTVKTVEDQLNKLPN
CIACGGERQFEFQIMPQALTLLEDENLDWGVLAVYTCAKSCPIDGYVEELLIKQDIVAEDQS*
(SEQ ID NO: 306)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384832
TGTATGTTTCCCCGTGGGTGAAGTCCTTGGTTCCCTCCAGGCGACCGCGGGGCGGTGCCTTCTCGTAGTCGAAGGCCTTCTCTGACTTGCCGAAC
AGCTGGTTGGCCATCTCGATGTCCTCGCGGTAATTGCCCACGACCACCTTCTTGCCAGTGAGCGGGTCCGTTATGTCACCCAGCGGATAGACCAC
TTTTTCCACGTTGTGCGTGATGAGGCGGGTGAGGCGCTCTGGCAGTTCCCGTATCAGGACCACGTCCCCGGTCTTGCACACCTTCTGCGGATCGT
GGGCGAAGTAGAACTCGTCCTTCTTAAAGTACTGCGAGCAGAAGGGAAATTGTGTGAAATCTCCTGAGGCGAGATCTAATGTATATTATGCACAC
CATATTCAGGTTCTTGTCCAGCTCCATTCGGCGAATGCGGATCTTGGAGGCGTTCTGCTTGATGCAGGGCATGCACTGGCCCATTAGTAGGAGTC
CTCGCCTCGACATTACTTTAATTTAATTTAAGAGTTTAGAAAAATAAACAACCGGTTGGGAAACACAGCTGGTAGATCACTGGCGATAGTATCGA
TTGGGCCTGGAACTATCAATATTTCGATATTTTTTACTCAGCAGTTTCTGATTTTCAAAATCCCGCCAAATGCAATCAGCTTGCACGCGTCAGTT
AAAAAGTAGGGTAGTATGACTTTTCATCGCAAAAACAAGTGGATTCTAAGGACATAACATTTTCACCGTACTATAAACAGTGTATCAGTTTTACA
TAACATATCTTTTCAATTAAATAATGCTTTAATGGATTAAAAATGTTTACGTCAAAGTAAATACCTTTAAATTCATTTTGTTTATGAATAATACA
TATTTTTAATTCAAAATTGTAATAAGGAATTCGGCTCACGATGACATATCGCAAGATTTCCATTTATGTATCGATGTCTTCATGAAATACATTTC
TGTGTAGTCACACTTATCGATAGACCGCGCACTCCACGTGTTTTTCGTCCATTTTCTCGCAGCGCGCAACACGTGCGGAGGTTTCTCTCCGTCTA
TTAGTTGATTTAGCAGAAAACGTAGATAAAATGGCCGACGTGGGTAAGTCTGGCAAGTGATGAATTAAAAGAGTGCCCAAATAAACGGACTATGC
GCCCGCAGAAGTACGCAAGGAGAAGAAAAAGAAGAAGATCAAGGAGGAGCCCTTGGACGGCGATGACATTGGCACGCTGCAGAAGCAGGGCAACT
TCCAAATCAAGCCCTCCTCCAAGATCGCCGAGCTGGACACCTCGCAATGGCCGCTGCTCCTGAAGAACTTCGACAAGTTGAACATCCGTTCCAAC
CACTACACTCCGCTGGCGCACGGATCGTCGCCCCTGAACCGCGACATCAAAGAGTACATGAAGACTGGCTTCATCAACCTGGACAAGCCGTCGAA
CCCCAGCTCCCACGAGGTGGTGGCCTGGATCAAGAAAATCCTCAAGGTGGAGAAGACAGGCCACTCCGGCACGCTGGATCCCAAAGTCACGGGTA
AGTGAAGCGCGTGCTCGCCTACCGCCATACAAACCTAACCTCATTGTGTGCCGCGTGTTTTTTTTTCCTACAGGTTGCCTGATTGTTTGTATTGA
CAGGGCCACCCGTCTGGTGAAGTCCCAGCAGAGCGCCGGCAAGGAGTACGTGGCCATCTTCAAGCTGCACGGAGCCGTGGAGTCGGTGGCCAAGG
TGCGTCAGGGCCTGGAGAAGCTGCGTGGTGCCCTCTTCCAGAGACCTCCACTCATCTCCGCCGTAAAGCGTCAGTTGCGCGTTCGTACTGTCTAC
GACAGCAAGCTGTTGGACTACGATGAAACCCGAAATATGGGTAAGTCAGAAGTTTTGTTTATCCATTCTCGCTCAGAGTTGGTGCGTCGCTGCTG
GATTAGTTTATCCTGCAGAGGTGCAGCCTGCTTCAGCCAGTGAAACACCAGTATTTGCCTAACACAGCAAATGCACAATGTAATTGTTAAAACCT
CGTCTTTTTCTCTCCTCCAATTCTGCCCACTCACGTGCTCAGGTGTTTTTTGGGTTAGTTGCGAGGCCGGCTCCTACATCCGTACCATGTGCGTC
CATCTTGGTCTCGTACTGGGTGTCGGTGGCCAGATGCTGGAGCTCCGCCGTGTCCGCTCGGGCATTCAGTCTGAGCGCGATGGTATGGTGACCAT
GCACGATGTTTTGGACGCCATGTGGCTGTACGAAAACCACAAGGACGAGTCTATGCTGCGACGTGTGATCAAGCCGCTAGAAGGTCTGCTGGTCA
ACCACAAGCGCATTATTATGAAGGACAGTTCGGTAAGTTTGACATCCAGTTGCCGTTTGCGAAGTAGTACCCCATGATATTAAGCCGGCAGGTGC
CTGCAATCCCCACGGGCACCTGTGACTATGATTGGGAACAGCAAAGCTGCTGATGTGTGTATGTTGGGCAGCGCTCTTATCCTGCGCGCTCGACA
AAGAATATTCGGTCGACATTTCCTCTAGCAAAGGACCCCCTTATGATATCAACTAACAACCATCAATCTTTCTCCAGGTCAACGCCGTTTGCTAT
GGTGCCAAGATTACATTGCCCGGTGTCCTGCGCTACGAGGATGGCATTGAAATCGATCAGGAGATCGTCATTTGCACCACCAAGGGTGAGGCCAT
TTGCCTGGCCATCGCCCTCATGACCACAGCCACTATGGCCTCTTGTGACCATGGTGTGGTGGCCAAGATCAAGCGAGTGATCATGGAGCGAGACA
CATACCCGCGCAAGTGGGGATTGGGACCAAAGGCGTCGGCCAAGAAGGCGCTCATTGCCGCCGGCAAGCTAGACAAGTTCGGAAGGCCCAATGAA
AACACACCTAAGGAGTGGCTGACCGGTTATGTCGACTACAATGCCAAGAAGCCAGCAGCTCAAGAAGTCTCCCCCACAAATGGCTCCAGTGAACC
CAGCAAAGTATGTTATTGAAAATGAGTTTAACATGGTATTCACTTGCTAAATAATTGTGTTCCTTTAGCGCAAGTTAAGCACCTCCAGCGTTGAG
GAAACTGCTGCGGCGGCGGTATCCGAGGAGACTCCTTCCAAGGACAAAAAGAAGAAGAAAAAGAAGCACAAGGGCGACGAGGAAGCCCCAGAAGC
CGCTGAGGAGGAGGCAGAGCCAGTAGAAAAGGAGAAGAAAAAGAAGAAGAAGGACAAGGATAGGGACAGAGACGAAGCTCAGGAATAGGAAT
CAGAAGTTTCTATAGGATTAGGTTTTAAAGAGAATTCTACGCTTTTTTGTAGAGGCACCTACCGATTGCTAGCTGTTAGGTTTAAGGAGTGTTTT
TATGTGTAGAAGTGCATACAAATTACAAATGCATTTAAGTGACATTCGCAATGCAATAAATTGAACATTTTATTGTGGAACTCTATTGTAATGAT
GAACTCCAATTAAGAACACAAGTCCGTTTTAAGTTGAAGGCAGCCGTCGGGCTGACATATATTTATTCAATTTCTTCTTTTGATTTTAGAGTAGG
CAGAAATGGTTCTGTCAGCTCAACGTCTACTGAGTCTCTCTGATTTTACAGTTTTTTATATATTTGGACTTAGGCTAATCCGCGTAGCTGCGCTG
CCGGGTACGCCAGCAGCGGAGCGGCGTTCTTATGTATATCTTATATATCTAGGCTTATCGGGAGAGCGAGATATGTATGTACGTATGTAATATGT
ATTTGGTCGGCGTGTGAATGCTGACCATGCACTTATACTTTTTGCCTTCGAGTGGGTGATCATGTTACATCCGCCCTGGCCTAACTGCGTGCATA
AACATAAACATAAACATAGCAACAAAGTGCTGCCATAAGTTAATATGCTATTTTATTTAATTGTTCTTAATATTGCATAGGCACATACTACATCT
CCCTCCTTTTTGAAAAATAACGTAACCTAGTGAAGTTATTTTGATTATTAAATGCAAATTATTTTATTTTTATTTTATTTTGTTTGTGTTTTTG
TTTGAACAACAATAGTTGATTTTATAATGCAAAGATAAAAATATACGTAGTGTATGGAAAATTTGTATAAATGATTAAGGAAAATATAAGTTTAA
ATTCAATCATGAATGAAATTTCTTTAATCTATCTTTATGAACTATTTGTTTTTTGTTTTTATTAGTAAGTAGCGTAATATTGTTATTATCTCCTA
TGCTTTCTATCTTATAGGGCCCCGTATATTTAAAGTCTAATTTATGACCTACCTCATTTCTTAGTAAAACTTTATCTCCTACTTCTAATTCTATG
TCTTTTATTTTTAAGTCATAATTTTCTTTATTTTTTTCTTTGTGTGCTTCAAGAAGTTTTCTTGCTCGAGCATATGCTACCTCTAACCTATATTT
ACTCTCCTTAGCGTAATCATCTATGTTATATATTGGTTCTATGCTATGTAGTTTATTAAAATGTTTTGGTAAATTACTTGTTCTACCGAAAACTA



ATTCATATGGACAATAATTATGTACCATAGATTGGGTCGTGTTGAAGCAGTATACGAAATATTGAAGCCATACGTCCCAATCGGTTTTGTCCGTC
GATATGTAGGATCGTATATACTCGTTTAAAGTTCTATGACTTCTTTCTACTACTCCAACTGTCTGGTGGTGATGAGCTGTTGATGTTATATTTTT
TATTTTCAAATATTTACACAGGTCAGTAATTATTGAATTCTTATACTCTGTTCCCATGTCCGTTATGAACGTCTTCATTGGACCGTACTTTAGAA
TAAAAGATTCAAATATAGCTTCTGCGACTGTTTTTGCGCTTTTATTTGCTATTGGTATGGCAACTAAGTACTTGGTTAAATCACATATGAGAGTG
ACTGCGTACTCGTTACCATTTTCTGACTTGGGTAGTGGACCAATTGTGTCCACAAACAACTCTATCGAAAGCATGTTCTGGTGTTTCAGTTATCG
GTCATTGGAGTCTTTGTGTGCTTTGTTGTTTTTGCTTTTTGGCATTTTTGACATTTCCTTACGGTACTCTTTTATGTATTTACTCATATTTTTCC
AGTAATAATGTCTTTTGACCTTGGCCAAGGTTTTTGTAATGCCTGTATGCCCTCCTTGTATTGGATCATCATGTAATGTAGACAATATAGCTTCT
TTTTCTTTTTCATTATTTATTTGGGTCACCGGGTTAAGTAGCGCTACTTTTAAATTCTTTAATATTTTATTGCCCATATTTTTAAATTTATCTAT
TGAAACGTGTTCAAAGATTTTTTTCCACGGTGCCATTTTGATTTGGCTGATATCATATATACCGGCCTGCAATTCAAGCCTTTGGAGAAATTGAT
CTAAATCAAGAATTCCATTAGTATAAAGATCACCAACATCATATCTTGCAATAATTTTCTTTCCATGTTTAAATAAACATATCGAGTCATTCAAT
TGCAATGTCACTACTTTTCGTACCTCGTCATTTGTTATGACTTCGTATACCGTTGGGCTCTGAAGCTATTTCTTTGGTTTGCTTTTGCAAATCCA
ATTGTTCTTTTCCTGCGCAGGATTTTTGTCTACTTTGAAATCTTGTAGTGACTTTTAATATATTTCCAGTTATATCTTTTAGCTCTTTGATGGTT
ATTCTTGATAACGCATCTGCTACATGATTGTCCTTGCCCTTTAGATACTCTACTGTAAAATTATATTCCTCTAGTTCAAGCCTTATTCTAGTTAA
TTTAGAGCTGGGGTTCACCATCGAGAATAAATATGTCAATGGTCTATGGGTCTGTTTTCACAGTGAAATGTTTTCCGTAAATGTATGGTCTGAAA
TGTATTATTGCCCAATGAATTGCTGCTAACTCTTGGTCTGTTGTACTCTTATTGCTTTCACCTTTCGTAAAAGCTCTGGATGCATAAGCAACTGG
GGAGTTGGTGGCCATTATGGTTTTGAGTTAAAACTGCGCCACACGCTTGCTTGCTTGCATCTGTTGTTATGCAAAATTCTTTGCTGAAGTCTGGG
TACTGCAAGAGTGTTGGGTTAATTAGCTGAGATTTTAAATGTATGAATGCTTTTTGACATTCATCTGGCCACTCGAATGGAACATTCTTTTTACA
TAATCTTGTTATGTGCCGCGAATAGTCGGCGAAATTTTTGATAAAACGTCTGTAGTAATTGCAAAATGCTACAAAACGTCTAGCGCTGTCCGCAT
CATGTGGAACTGGGTAGTTCTGAATGACATCATATTTTTTGGCATCCGGCAAAATTCCTTTGTCTGTGCATTTGTGTCCCAAAAATGTGACTTCA
TGCATGAAAAATGAACATTTTTCAGGATGTAACTTTAGGTTGTATTCCCTGCATTTACCAAAAACTTCAGTGAGGTTTTTAAGCATATGTTTTTC
GGAACAACCTATGACTATTAAGTCATCCATATAAAGGAATGCTTGAGACGGTTCTATTCCGGAGAATGCTATAGTCATCATTCTTTGGAATGAAT
TAGGCGCTATTTTTAAGCCAAATGGCAATCGCGTGAAACGATATGAGCCATTGCTGGTTGAGAAAGATGTTATATCTCTCGAGCCTTCATCCAGT
TCGATTTGATGAAAACCTGACATTAAATCAAGGCAGGAGAAATATTTTGCTCGACCCAAGTTGGTCCAAAATATCATCTATTCTCGGTAGTGGAA
ATTTGTCAGCTAAAAGTTTCTTATTAATTTGGCGATAGTCTATTACTAATCTCCATTTCTTTTTATCAGAATTCGGGCTTGACTTTTTGGGTACT
AATAGCAAAGGGCTATTGTACTGTGAAACTGATGGTTCAACTATTTTATCTTTTATTAATTTCTGAACTTGGGCTTGTATTTCTTCCACTTGACT
ATGAGGACTTCTATAATTTTTCGTGTATACTGGCTCATCATCTTTTAATCTCAACTGTTGGTTATAAAAATTATTAACTGGTATAGGTTCTGATT
CTAATGCAAATATATCTATATATTCGCTGCATATATTTTCTAATTGTGATTTAAACAATTCGGGGAAATTTTTCTTTAATTGAGATAAGACAGTT
TTATTTCTGTGTTCACTATTTGCCTGAACTACATTGTAGTTCGAAAGTGGCTCATATTTTAGAGTGTCCATATTGACTAATTGGTCGGAATCGGT
TGTATTTAAAATTCGGACAAATGTATTACTTGATGTTGCGATTGGATTTGCAACATAAATACCAGTTTGAATTTCCTGGTTTGGAATTAAAATGT
TATCATCTTTTGATGATACTATTAATCTTCGGACAACTTGGGATCTTGCTGGTAATAACCGTTGTGTTAATACCAGAGCTGTATGCTATGGGAAT
ATATATTGGAAATTTCAAATTGTTTGGTCTAATTATAAACCAATCTTCTTCTTGGGTTTAAATCGATTTGGCAATTATATTTTTTTATGAAATCT
ATTCCGATTATTCCATCACACGGTATTGGAAAGTTTTTATCTACTAAATGAAAATCGTGTGGGATAACGTATTTACCTGTCTGTATCTCAATAAA
AGTCTGTCCTCGAGACTGAATTTTCTGTTGGCCTATGCCCTTGAATGTTTATTTTATTGGTTATTTGAATATTAGAAAATTTGTCAGAGTTCTCT
TTGAGAATAGAGATATCTGCACCTGTATCAAGTAGAAAAACTAGTTTTACGCCTGTTTTGGCATGAATGAATGTAGAAAATATGTTGAGATTATA
ATTGATGGTGTATACTCTACGATCTTCTTCTACTGAGTACCTAAAGGCTGTTGCGAGTTTCCCTGTTCTTGGATTACTCGTACATTGGCATTGTT
TCTGTTGTAGTTGTTCTGACTGTTGTTACGGCCTCTGTTTCCATTATAACGGCCTCTGTTATAGCCATTATAACGGTTATTATTTCCATTATAGC
GGTTTTGATAACCGTTATTCTGGTAACCGTTATTTTGGTAACCGTTATTTTGGTAACCGTTATGGTAGTTGCCTCTAATACTATTGTTATTAAAG
CCTCTACCGCGGTTACTACCTCTATTGGCATTTCCGTATCCTCTATTGGGTCTGTTACCTCTAAAGTACATCACTTTATTGATGTCACCGGTAAC
TCTTGTACTCGTTCTTATGTATGCGCTTATCGCTGCATCCATAGTGGTGCAAGTCCCTGCTTCCAGTACTGTTTTGATACTTTCGTGCTCAGCAC
GATGTATCATGGTTTCAATTGCCTCTTTGGTGCTTAGACCAGTGGCATGTTCTAGAGGTATACCCTCATCGATATAGGAAGCTTCTAAAAGTTTT
CTCAGGCTATCAACTTCAGCGGTAAATTGCGTTGCAGTTTTACCTCTCTGCTGAACTGTTGCTAGCTTTGCTTTGACATTACTGGATGTCTCACC
GACAACTACTTTCTGCAATTTGTTTATAATTGCTGGAATTGTCGTTTCATTGTCAACTGAGTTCAAAATTGTGCCAACTATTTTTGACTTAATGA
CCTCAACTGCAATGTCTTCAAATGGTCCCTTAGCTAGGTCTACCAATTTGATTGCCTTAATGAATCTTTGTAAATGGATCTTTTGCCCATCAAAT
TCTGGCACTGTGCAGGCGACTTCCCTAATGTAAGACCTAATGGCAGCTGCTTCTTCTGCCATGGTTAAGTTATTTTCGGAGTCGGGCTGCGTTAT
TTGTTTTATCGTCGTTCTTCAGCCATTAATTTTGCTGGTATAGTTAGATCGGGAAGATCTTCCTCTTTAATGTCTTCCTTGACTATAGTCCTATC
TTCCTCGTCAGAGTTAGTGCTGTCTTCATTCAAATTTATTCTTAGGGGGGTGTTTACTATGGGTGGAATTTCTATCTGGAGACTGAATTTATTTT
TTATAAATATTAATTTTTCTCTTAATGTCACCAGTAGGTTCAAAGCCTTAGCACACTGTTTGCGTTCCAAATTCTTTCTATTTTGTTGGATCAAC
TCTCTGATTTCATTATAACTATTTACCAAGACTTGGGCATTCCTATTGATTGGTACAGCTTGGGTTGATCTGTTTTGCGTTAAGCACTTATAGGA
TTTTCTGAAATTTTCATTTTGATCTTTTATCTGATCAACAAGCTTTTCCCAGTCCATGCTGTGGTATACTCATAACTTCAAATTTATTCATTTGT
ATATATTTTTTTTTTAATGTAGATAAATTCAATATTACGGTTTTATATTTTTTTTTTTATTTATTATTTTTTTTTTCATATAATTTTTCTCATAT
TTTCATTCATAATTGACTTTATTAAAGATCTTCCTTAAATATTATCTATACCGTTAGCAGTGCTACGGTATCGTTTCTTAAGACACTTGTTATGC
AGTTTGTATATTTTTATTAATGCATTGGATACCATAATTAATGCAATTACAATTAGTATTATGGTTATCCAGAACAAGTCTGCATTTTGGACTTC
TACTTTATTTATTACATTGGCTGGAGAGTCCACAGTTTTAGTGTCTATTAGACCCATTTTGGGTATACTAATTTTATATTTTGGAGAATAGAATA
GAAAATTTCCTTTGGATATACTTTTATTTTCAGGTTTACTTATTTCATTTGTCTCTATAGACATTTATGTTTGGAATTATCTATTTATAAAATCT
TTCAATGTTCGCAAGAGTAAAAAAAAATTGTATTTTACATTGTTGCCTGCCTGATTCTAGCTATGGCTTCACGGGCCATATTGGGTTAACAGGGC
ATAATAGTATATGCTCCGTTTTACAATATTTCTTACAATTTTTCTTATCTATATATATTTTATATTTACTTTATATTTATATATATTTATTATTA
TATTCTGCTGTTGATGATGCTCATCAGGTGTCAGCTGGGCGTCGCCGGGGGTGGCACGCTGACACTCCCTCGCTGCTGTCTATTTCTTCGCCGCT
GAAGACGTCGATGGTCGCTCACAAGTCCCCAGGCAGTGGGGACTCCAGATTCCTTCGCAGCCAGGGGGGCAGGACTTCTTTGGTTTTGTTAATGC
TGGTGCTGGTGCTGGACATGCCTGGTATTTTGGAACTTCATTAATTGTGGGTATATTTTTAATATTATCTGAGTGAGTTTTCTCGAGCTTATGGG
TCTTTAATTCTTGCTGATATTGCAACAAGTGGTCTAGCTCTGCATGTAGCTTTAGAGCTTTCGACCAAACCGGTGGCGTTTGCTGACCGTATATT
AGCCACCTTACGTGGGCTATACGTTTATTCAGCTTAGTTTTCAAACCGCCACGGTGTTTGCCCATACTCAATAGAACTCTACTCACTCAGATTTT
TCCTTGGTTTTTGCAGTTCCATTTAATTAGTCCAGTCTTCTTCCAGTCCAGTGTTCCTTTGTTCCTTTGTTTTCACCAGCTTTGGTCAATTCGTC
CAGCGTTGGACGACTGTCACGGTCGCCATGTAATGATGAACTCCAATTAAGAACACAAGTCCGTTTTAAGTTGAAGGCAGCCGTCGGGCTGACAT
ATATTTATTCAATTTCTTCTTTTGATTTTAGAGTAGGCAGAAATGGTTCTGTCAGCTCAACGTCTACTGAGTCTCTCTGATTTTACAGTTTTTTA
ATATATTTGGACTTAGGCTAATCCGCGTAGCTGCGCTGCCGGGTACGCCAGCAGCGGAGCGGCGTTCTTATGTATATCTTATATATCTAGGCTTA
TCGGGAGAGCGAGATATGTATGTACGTATGTAATATGTATTTGGTCGGCGTGTGAATGCTGACCATGCACTTATACTTTTTGCCTTCGAGTGGGT
GATCATGTTACATCCGCCCTGGCCTAACTGCGTGCATAAACATAAACATAAACATAGCAACAAAGTGCTGCCATAAGTTAATATGCTATTTTATT
TAATTGTTCTTAATATTGCATAGGCACATACTACACTATCGCTAGTTTCTTAGGTCTTAGCTTTTCCTTAGGTTTTTCAGATAGAAAGGCAGGGA
ATACAGACAGCAAAGGTGAGTTAACATATTACTACGTTCCTTCAAGAGTGGCTTTCGTTTGCGTTATCTGATGAGCAATAACTTTCGCCCCTAGC
TGAAAAATGATACTTCTCATGTTGAATGCGAGATTGGTCTTACTGAAAATAACGGAAAATAGAAAAGCTCATTTGAGTTTCTAAAAACGTTGACC
TGGCCTCTTATTAACTTAATTTATATTTCTATTGTAGCTTGGAATACTGCTCAGAGGACAAAGCGGGAGTGACGGAAGATACGGTTAGTATCTAT

FIGURE SHEET 171

TTGATGACCATCTTTACGTTATATTAGTTCTGATGAGCATTAACTTTCGCCCCTATCTGAAATTGAAACTTCTCTTGTTGAATGCGAGATTGGTC
TTACTGAAAAACTAAAAAACTATAAGCACATGTGGGCTATCTATATCCAATATATTTTAAAACCCAATATATATTTACAGATCGGCGGAACGAAA
ACTAAAAACGTGCTTCGAATAAACATAGGAATTAAGGTAAGAATGCCTTAATTTATAGTTGAATTTCTTATTATCATGATGAGCATTAACTTTCG
CCCCTATCTGAAATTGAAACTTCTCATGTTGAATGCGAGATTGGTCTTACTGAAAAGAATTTCGATTTAAAAACACGAAAACAATTTTCTAAGCA
CTTTCTAACCAAATTTTGCCCATTCTCTTTACAGATTTGTTGATTAGGTTATGCAATATATGGACTATAACTTTAATAAAATAGGTAAATATTGA
ATAACTAAAAGTTATTAAAATGTTTTTAAGTGATGAGCTTTAACTTTCGCCCCTATCTGAAATTGAAACTTCTCCTGTTGAATGCGAGATTGGTC
TTACTGAAATGACTCACAATTAAAAACAAGCCTCAATCTTTTCGATTGCCTTTCTAATAAAATGCTACTTTTTCTTTACAGATAAGTTCAAAAAT
TTTTTTGAAAATCATTGAATGCCACAGGAATCTTAAAAGGTAAATGTATTCAAAATGAATTATTTCTTTGCGAGAATAACTAACTTCTTTGAAAA
TTAACTGATGTAAAAAAAAAACTGAATTATGTGGCATGATTTTCACATTAACCGCAACAAATCCTACTCCAATAGGTCCTACTGACAATTCTCAC
AAAAATAATGCATTTAGGCCAATACAATAACAACGATGCCTAACAATTGACTCTCCTTTGCCTTTTCAGTTCGCATGACACTTTATTGCGTTGAG
TAAACAAGGTAAAAATAAATTTAAAAAAACTCGTTTGCCCAGTTTCTAGTGAAAATGTTGAAATAAAAATACTGATTTATGTGGCATGATTTTCA
CATTAACCGCAACAAATCCTACTCCAATAGGTCCTACTGAATATATTCACAAGAAACTTAAGGTGTGTTTTAACCAGATGTGGTTCTAAGTGAAT
TTTTTCTTATATTTGCAGATGTGCTTTTGGCGACTTTCCACTGACTGTTCCAATTGAGTTCCATTTTATGCCCTTTTTTAGGTACAACACTGCCC
AAGACATCATATAATACTTTATAAGCAAATAAAAGAAACATACACAAAAAGCACAACTTCTTTTTAATTAGACAAGGCCATGTGTGCTCTTAACC
TAAAACACAGCTGAAATCTATAGACCGCTTGTTTTGGGCGGGCAATCGTGGGTCAGGGGTGCAAAAAAGCGCGAAAGAAGAGTGCCGACCTTCGG
ATGGATAACTTGTGCGTGTGCAAAATGAAGCT
(SEQ ID NO: 307)

Exon: 1001..1088
Exon: 1149..1517
Exon: 1594..1845
Exon: 2038..2312
Exon: 2548..2952
Exon: 3014..3407
Exon: 10866..10940
Exon: 11153..11198
Exon: 11386..11436
Exon: 11625..11667
Start ATG: 1076

Transcript No. : CT11195
ATTTTCTCGCAGCGCGCAACACGTGCGGAGGTTTCTCTCCGTCTATTAGTTGATTTAGCAGAAAACGTAGATAAAATGGCCGACGTGGAAGTACG
CAAGGAGAAGAAAAAGAAGAAGATCAAGGAGGAGCCCTTGGACGGCGATGACATTGGCACGCTGCAGAAGCAGGGCAACTTCCAAATCAAGCCCT
CCTCCAAGATCGCCGAGCTGGACACCTCGCAATGGCCGCTGCTCCTGAAGAACTTCGACAAGTTGAACATCCGTTCCAACCACTACACTCCGCTG
GCGCACGGATCGTCGCCCCTGAACCGCGACATCAAAGAGTACATGAAGACTGGCTTCATCAACCTGGACAAGCCGTCGAACCCCAGCTCCCACGA
GGTGGTGGCCTGGATCAAGAAAATCCTCAAGGTGGAGAAGACAGGCCACTCCGGCACGCTGGATCCCAAAGTCACGGGTTGCCTGATTGTTTGTA
TTGACAGGGCCACCCGTCTGGTGAAGTCCCAGCAGAGCGCCGGCAAGGAGTACGTGGCCATCTTCAAGCTGCACGGAGCCGTGGAGTCGGTGGCC
AAGGTGCGTCAGGGCCTGGAGAAGCTGCGTGGTGCCCTCTTCCAGAGACCTCCACTCATCTCCGCCGTAAAGCGTCAGTTGCGCGTTCGTACTGT
CTACGACAGCAAGCTGTTGGACTACGATGAAACCCGAAATATGGGTGTTTTTTGGGTTAGTTGCGAGGCCGGCTCCTACATCCGTACCATGTGCG
TCCATCTTGGTCTCGTACTGGGTGTCGGTGGCCAGATGCTGGAGCTCCGCCGTGTCCGCTCGGGCATTCAGTCTGAGCGCGATGGTATGGTGACC
ATGCACGATGTTTTGGACGCCATGTGGCTGTACGAAAACCACAAGGACGAGTCTATGCTGCGACGTGTGATCAAGCCGCTAGAAGGTCTGCTGGT
CAACCACAAGCGCATTATTATGAAGGACAGTTCGGTCAACGCCGTTTGCTATGGTGCCAAGATTACATTGCCCGGTGTCCTGCGCTACGAGGATG
GCATTGAAATCGATCAGGAGATCGTCATTTGCACCACCAAGGGTGAGGCCATTTGCCTGGCCATCGCCCTCATGACCACAGCCACTATGGCCTCT
TGTGACCATGGTGTGGTGGCCAAGATCAAGCGAGTGATCATGGAGCGAGACACATACCCGCGCAAGTGGGGATTGGGACCAAAGGCGTCGGCCAA
GAAGGCGCTCATTGCCGCCGGCAAGCTAGACAAGTTCGGAAGGCCCAATGAAAACACACCTAAGGAGTGGCTGACCGGTTATGTCGACTACAATG
CCAAGAAGCCAGCAGCTCAAGAAGTCTCCCCCACAAATGGCTCCAGTGAACCCAGCAAACGCAAGTTAAGCACCTCCAGCGTTGAGGAAACTGCT
GCGGCGGCGGTATCCGAGGAGACTCCTTCCAAGGACAAAAAGAAGAAGAAAAAGAAGCACAAGGGCGACGAGGAAGCCCCAGAAGCCGCTGAGGA
GGAGGCAGAGCCAGTAGAAAAGGAGAAGAAAAAGAAGAAGAAGAAGGACAAGGATAGGGACAGAGACGAAGCTCAGGAATAGGAATCAGAAGTTT
CTATAGGATTAGGTTTTAAAGAGAATTCTACGCTTTTTTGTAGAGGCACCTACCGATTGCTAGCTGTTAGGTTTAAGGAGTGTTTTTATGTGTAG
AAGTGCATACAAATTACAAATGCATTTAAGTGACATTCGCAATGCAATAAATTGAACATTTTATTGTGGAACTCTATCGCTAGTTTCTTAGGTCT
TAGCTTTTCCTTAGGTTTTTCAGATAGAAAGGCAGGGAATACAGACAGCAAAGCTTGGAATACTGCTCAGAGGACAAAGCGGGAGTGACGGAAGA
TACGATCGGCGGAACGAAAACTAAAAACGTGCTTCGAATAAACATAGGAATTAAGATTTGTTGATTAGGTTATGCAATATATGGACTATAACTTT
AAT
(SEQ ID NO: 308)

Start ATG: 76

MADVEVRKEKKKKKIKEEPLDGDDIGTLQKQGNFQIKPSSKIAELDTSQWPLLLKNFDKLNIRSNHYTPLAHGSSPLNRDIKEYMKTGFINLDKP
SNPSSHEVVAWIKKILKVEKTGHSGTLDPKVTGCLIVCIDRATRLVKSQQSAGKEYVAIFKLHGAVESVAKVRQGLEKLRGALFQRPPLISAVKR
QLRVRTVYDSKLLDYDETRNMGVFWVSCEAGSYIRTMCVHLGLVLGVGGQMLELRRVRSGIQSERDGMVTMHDVLDAMWLYENHKDESMLRRVIK
PLEGLLVNHKRIIMKDSSVNAVCYGAKITLPGVLRYEDGIEIDQEIVICTTKGEAICLAIALMTTATMASCDHGVVAKIKRVIMERDTYPRKWGL
GPKASAKKALIAAGKLDKFGRPNENTPKEWLTGYVDYNAKKPAAQEVSPTNGSSEPSKRKLSTSSVEETAAAAVSEETPSKDKKKKKKKHKGDEE
APEAAEEEAEPVEKEKKKKKKKDKDRDRDEAQE*
(SEQ ID NO: 309)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: Nop60B
FlyBase ID: FBgn0023184

Celera Sequence No. : 142000013384809

TGTATAGAAGGTGAACATATAATAGTGACTGCTACTCACGCTAAATTCTTGCCCAGTTCACTGCACCCTTGCAGTTTTGATAGTTTTGGCAGATT
AGGAGAGACGGCAAATGTGCAATCTAATATCTATTGACAATTGCTGCATCACACATATTGAAAATATTATCGATAAGCCTTATTAGTTTTTGCAG
TTTTGCAAGCAATACAGTGCGGATCCTGAGAGGTCTCACTGTGTCTTCAAGGTTCGCCTTTAGAAGTCAAATGGCTCGAAGAAGTCTAAGCGGAA
TGTAGAATGTAGCCAAATATAGAACACCTACCACAGATCGCATTAGTTTCTTTCTTTCCTACGATATTTACTCCTTCAAAATCGATGCGCAAATG
GTTTTTAAGGACCAGCGCCTGCGCAGCACTTGACCAAATTCAGGTAACGGCGAATCTTATTTTATCCACTTCAACCACATACGATAGAAAATATT
AGGGGAGAGATGTGTGCGTGACAATTAGATAGTGGATTGTACATCCGATAGCTCAGGTAAACAACAACCAAACATACCTAAAACTTAAACAACTC
TTTAATTTAACGTAAAAATAATCGATGACATTTTATGAGCGAGTTCCGAGAAAACGTTTAATAAATTATTACCCCATTGGGTGTTCGTGTTCGCA
CAACATAAGACTCTCATCTCTACATTTTATGAGTGAAACATTCGTTTGAGTGAAAGTCGATTTCCAACCCTGTTATGATTTGGCGGGAAACTTAA
ATACTTGGATGAAATTTTTTGTATAAAGAGACATTTCATATTTTGTATTTGTAGTACTTAAATTCTAGTTTTCTAGTTTGCAATGCCTCGTTCAT
CGTTATTATGGCCTGAGTGATTTCGAACTTTCTTTAGAGCCGTATGCTTAGTTCTGTTTTTTTGAAGACTTCAATGAGATGTTCATTAAATCGTA
GAGTGACAAATGCAGGAATATCAAATGACGTAATAGTAGAAGTCAAGGGTTTAGAAATGATTTGCCACGGTGCTCTGTTGTTCGCCGCGGTTTAC
TCGCAGGTTGCCCATGCATCCCTCAAACAGGATGTCTGCGATGGCCTTTCGTGCCAGAATCCGTTGCGTGGGGGACATTTCCTCGTACTGGATAG
CCCAGGATCTGGCCAGAACTTCGGAGGACTCGCTGAGTTGCATGGGTGCAGTTCCTCGTTCGTTCTCGGGATCTGTTTGAATCGAGGATGTGGGT
TCTTTCGTTTCCAATGAATTTCCCAAACTATTTTCCTCTTTGACTTCACACTGCCCTTCTTCCGGCTCTATGATCTCCAATTTTGGACTGAGCAG
GGAACCCTCTTCGGATTGCGGGGCGGTCGGTTCGGACTGGTAGTTGAAAGCGTTATCATCCTTGATCGGCCAATCACAAACGCTTTCCGTGTTGA
GATCTGGATTTTTCAAGGGGTATTTGTCCTATGAGGTACACAATTTATTTATTTTTAAGTATCATTCAATCATTGAGAATGTAATCTTACATCCT
TTTCCCTGCGAAAATCTTGCTTCTGTCTGCCGCCCCGACCTTTTCTGGTCCTGTGCTGGAAGGTCTCCTGGGTGAGGAGAAATCCCATGTAGTCG
TAGAACCAGAGCGTCGGCTTACAGAGATCGGAGTGCAGCCCCAGCTCCTTCTGCTTGAGGATTCGCATCTGCTCCCGCCTGTAATTGGTGCGAAA
TATGTTGATGCGCCTGCCGACTTCTGTGCGCGTAGCGTTCGGCTGTATCTCCCGTAGTTTCCTCTCCAGCAACTCATACGCCCGGTTTCGCAGCT
CCTTGTTCCGGTAATTGAGGTGGTGGACGTCCCACAGCTCCGGCATTCCCTGATAAAGGGCCAGAAACTCGCGCCAGAACTGCCGTTTGCCCGCA
CTAAACCGATCTGGCAGTGCAGCTGCCATCTGCCAGCACAGCATTCAGAAAGATACATTTAATTACCATATCCATTGGCATATAAACATAAATAT
TTACTTTTTCTGTTGTTCAAGCCAATCAGCTGTTGTTGATTACAGTTGGCCAGAGTTGCCACTTCTAGCGTCTAGTGTTGGTAAACACCTCACAT
ACTCCCACTGATTGTTGTAGTTGCTCTGGATCTGGATGCTCATATATGTATAAACTTATTTCCACCACCTGACGACCGGCGTTATGCTCTCCTCA
AGCGACAATCACAAACTGAATTGATGTAGAGCCGAAACGGGCGGGTGTGTGTGCATGTGTCTCGATTGAGTGATTGATTAGCCGACTGACCCGAT
GGGCATGTGCATGTGTGCGTGTGGAAATGCACAATAAATCATTTGATTCCCACATACTGCTTGAAAACAAAAACGTAGCTGAATCCGATTTTCTT
ATTGTATTAGTTTTAATTATATGGATTAAACAATGACTTACAGCTCCCCCGCAATTTAGGTGCACGTGTGTGCGGGAGAGGAAAGCAGCAAATAT
TCAGACTTTAACTAAGGGCAGACCTGCGCACTTACCCATCTTAGCCCCAATCAAGATTGTCGGCATAAGGAAATCATCAGCAAAGTATGAATTTA
TTTTAACTCGCTCTCCAAAATTTCACACTGATCAGGGAAAATTTTAAAATACACTCTGAATCAGGGAAATTCTCTCTTTAACAAGATAGAATTCA
ATGATTGACCTCTTTGTTCCGTTATTTTCATTTACATGCGCTTTGTCTCTTTCTCTCTTCTGGCTCGCCTGTGTGTGTGTGTGTGGGTGACCTCC
CGCCCGGCAAAAAAAGAAGAAGAAGCCCAACTAAGGGCAGACATGCGCACTTCGAAAAAAAAACAATTAGCGCGTATATTTAGCCGACTTTTGT
TCTGGCGAGAATGTGTGGAAGGAAATGTAGCTGTTATAACATACAACACAGGTCAAAATAATAGGGTTACAGTCGGGAGCATAGTATAAAATAGT
TCCAACAGACCAATTGACAATTGACATTAGCTCATTCATCACAATATTTTATAACCACATCAAATTTACTCACTAGAAACTTGGTTTGATTGCGT
TTATTTGGTTCGAATACAAATTATGTTCACCTTAGATCTAATGATTGATTGCATCCGACCGATGTGCATCTTCTAGATGCATCAGTTTGCAAAGA
TTACACTCTTTGGCTGCAGCTATTCCTCCTCCTCTTCGTTCTCCTT
(SEQ ID NO: 310)

Exon: 2181..2000
Exon: 1929..1516
Exon: 1453..1001
Start ATG: 1929 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT11349
GAGAGCATAACGCCGGTCGTCAGGTGGTGGAAATAAGTTTATACATATATGAGCATCCAGATCCAGAGCAACTACAACAATCAGTGGGAGTATGT
GAGGTGTTTACCAACACTAGACGCTAGAAGTGGCAACTCTGGCCAACTGTAATCAACAACAGCTGATTGGCTTGAACAACAGAAAAAATGGCAGC
TGCACTGCCAGATCGGTTTAGTGCGGGCAAACGGCAGTTCTGGCGCGAGTTTCTGGCCCTTTATCAGGGAATGCCGGAGCTGTGGGACGTCCACC
ACCTCAATTACCGGAACAAGGAGCTGCGAAACCGGGCGTATGAGTTGCTGGAGAGGAAACTACGGGAGATACAGCCGAACGCTACGCGCACAGAA
GTCGGCAGGCGCATCAACATATTTCGCACCAATTACAGGCGGGAGCAGATGCGAATCCTCAAGCAGAAGGAGCTGGGGCTGCACTCCGATCTCTG
TAAGCCGACGCTCTGGTTCTACGACTACATGGGATTTCTCCTCACCCAGGAGACCTTCCAGCACAGGACCAGAAAAGGTCGGGGCGGCAGACAGA
AGCAAGATTTTCGCAGGGAAAAGGATGACAAATACCCCTTGAAAAATCCAGATCTCAACACGGAAAGCGTTTGTGATTGGCCGATCAAGGATGAT
AACGCTTTCAACTACCAGTCCGAACCGACCGCCCCGCAATCCGAAGAGGGTTCCCTGCTCAGTCCAAAATTGGAGATCATAGAGCCGGAAGAAGG
GCAGTGTGAAGTCAAAGAGGAAAATAGTTTGGGAAATTCATTGGAAACGAAAGAACCCACATCCTCGATTCAAACAGATCCCGAGAACGAACGAG
GAACTGCACCCATGCAACTCAGCGAGTCCTCCGAAGTTCTGGCCAGATCCTGGGCTATCCAGTACGAGGAAATGTCCCCCACGCAACGGATTCTG
GCACGAAAGGCCATCGCAGACATCCTGTTTGAGGGATGCATGGGCAACCTGCGAGTAAACCGCGGCGAACAACAGAGCACCGTGGCAAATCATTT
CTAA
(SEQ ID NO: 311)

Start ATG: 183 (Reverse strand: CAT)

MAAALPDRFSAGKRQFWREFLALYQGMPELWDVHHLNYRNKELRNRAYELLERKLREIQPNATRTEVGRRINIFRTNYRREQMRILKQKELGLHS
DLCKPTLWFYDYMGFLLTQETFQHRTRKGRGGRQKQDFRREKDDKYPLKNPDLNTESVCDWPIKDDNAFNYQSEPTAPQSEEGSLLSPKLEIIEP
EEGQCEVKEENSLGNSLETKEPTSSIQTDPENERGTAPMQLSESSEVLARSWAIQYEEMSPTQRILARKAIADILFEGCMGNLRVNRGEQQSTVA
NHF*
(SEQ ID NO: 312)

Celera Sequence No. : 142000013384832
CAGTTTGCGTGTCTGCGAGCCTGCATTTGAAGGCTGTGCAGCAAAGGCATCTGACATGGAGGCACGAAGGAAGCCCTGTGTGTGTGTGGGTGTGT
GTTTTCGGCGGCGCCATTGTCGATAATAACGATGGACTGAGCCCCGGGTCGCAGGCTCTTTTGTGCGCGTAACATGTGTCAATTACAGGCGCCCA
CACCCACACACTCGCACACTGGCACACACGCACACACACAGAGAGCGAGCGGGAGGAACAGGAGCAGCCGGCACGTCCAGCACACACCCACACAC
GCATATGCGCTCACTTAGTTTCGCTCTCACACCGTCGATAACTCAAAAAGCTGCCAAAAAGTGTGCGCACATTTTTTATATGCGCCGTCCGAAAG

TATGCACATATTTTTTATATTTGTGCTGCCGGCATTTGACAGCTAAGCGACGCTGCCCTATGTTAATTTATTTTCACACAGCATTTGCTTTTTGT
TTGCATGTGCGTCGGGAAGGGGGGAAATTACTTTCCGCCTCTGTTTTTGTTGGCGAATAAAAAATCTTAATTAAAAAATTTCGAATCGCTGTAAC
AGGTGGAAAGGCCAGCTGCTAAGTAGAACGGCCAAACTTTGCCTCTCCGAGAGATTTGGATTGCCGGGTGCTATAAATTAGCAGTTTCCACTTGT
TACGTAGAAAGCTATTATCAACTTATTATTTGAATTACTTCTTTCTGTATATAGTTGCGATGAAATGGGGTTTGTCATTAATTATTCCATCAGAT
TGATTGTGAAAGCTAACAGCGATCTGTAAACTTAACAGCCGTTAAGCGATCTCCTATAATGATCATCATCATCATCATCATCAAGTTCTTCACTG
AGTTTTGGAGGCTGTTCGTACATAGCTCTCCTCTCATTTTCCTCACTCTTTTGTGGTTCTATTGCTCTCTGCCGCTCTCCAACGCGAATGTCTGT
GGCTATAAAAACCGGGTCCCCACCGCAGCAGCAGTTATTTCTCCGATCCGACGTCGGGTGAACAGATCAGTCGTGCCGCAACTGCAGCTATATCT
TTACCTATGTGTTCTAATTTTCCGTGCCAGTAACCGTTCTGATCGTGCGAATAAAAAGTATGTCACTTGGGGGCGCTGCACTGGCATTGAAAAGT
GAATTACATTGATCGTGACATGGGAATGGAAAATGTCGCCGAGCCATGTAAATCGTTTGGCCTACCCGTCTACCAGCCAACCAACCAATCAACCA
ACCAACCAAAACCTGTGCCAAGAACTGCGTGTGCGCAGAAGCGTTTGGGAAAACTCTGTGACTGGCATACGAAATAAGTCAAGGTCTTCAGCATA
AGAAGACGCCAGAACATAAGTCATACTGGCGACTTATAGAGATAGCGCCCATTTCCCATCCATAATCGCGGGTAGCAATGAACTTTGAAGCCGGC
ACGTCACTTGATAGCTTCCTTAACCCATGTGGGCCCCATGGGCTCCGATTACATTACCTCGCCAATTATTCCCCTGTGCAAAACGTAACTGCATT
ATTAACAAGTGTTCCGACCACCTTTCCATTGTTGGCGCTTCGCGATAAGCCGGCACAACAAAGAGCAACAGACGCCGCGATATCAGTTGAGTTCA
GTTCTGCTGCTCGCACCAGGGCAGGTTCAATGTCTGGCGCGGTTTTATCGACCGATTGCCCACTCAGAGGGGTCCACTTAGCGAGCCGACCAATC
TATGAAATCGCACAGTTTAATGAAAGATTATTCACCTAGAGACTCGAAAAATTTCCATGCGCAAAGGTTTAAGGCTGCACTTTCTGTTGATATAT
ATAATGTCGCCGTAATAAAAACATTCACTTGGGTCGTAGATGTTTGTTGAAATAATTAGCCGTTTTCCCACATAAAACGCTTTAATAATGATGTA
AAAGTAATTAGCCGTTTTTCCCTAACGAGATCACTAGATAATATTTTTTATGCCCCTTTTTATATTGGCTTAAATAAGCTGTAGTCATCATCATA
GACAGAGGGTAGTGTAATGACTACAATAGGTGGGGACATCTGGCTTTCCATGCCAGTTTTTAAAATAAAATTTAGACCCCGTACTCAATTGCCAC
TGCTCCACTTGGGTCCGAATAAATGTTTTGAGTGCATGAAGGGGATTTTCACAGCCTAAGCACTTGTCACTCCCCCACAGCCCCTCCTAAACCAC
ACCATCCAACTGCTCATGGCGGCTGATAAGAACTTGCGGCCCACAAGCCATGTAGTAAATCGGTATCAGACAGCACTATGGTGCGCTTATCACTC
AGTTACTCGCAGGCGGTTGCCCTAGGCACAAGTGGAACTGAAATCGGAAGGGTGGCATCCACAAAGTGCTCTATTTGGCCATTCCCTAGCTGTCA
CTAATCATATCCGTACGATTGAGCAATATCTGACTAACTGTTTCGATCATGTTTGCTTTCACCCCCTGCCCTTTGAAGTGAGCGAGAACGAGAAG
CGTCCCGATCTGGAGGATCAGGATCAGGATCAGAATCAGGAGCAGGCTGGCGGCAGGAAAATGGAGATCCTGCTGGAACTAAACCTAAAGCAGAA
GCTGGCCACCCGACTAGGCACCATCCTGCTGGCCACAGTGATCTTCGGCGCCTTTTGCTGGGACAACGCGTTGGCCAGTCTAACACTGGGAGCAG
TGGTGGCTCTCCTGCTCAGAAATCCCACCTTCGTCTTTGCCTTGGTAATGACCGCGTCCAGGGACCTAAAGTGGGTATTTGAGTGGCTAATTTCG
CGGAGAAACCCCCCAACTTCCGTTCTCTTTTAGGGCTTTCCAGCGATTCGTGGCCCTCAACATCTACCTGCTAAGAAAGGATCGCGGCGGATTCA
CTGTGGCCCGCTGTTTCCAGGACCAGGCCAGACGCCGCCCCAAAAAGACATGCTTCGTGATGGACGATCGCCATTTAAGCTTTGCAGAGGCTCTG
GAGTTTAGCCAAAAGATAGCTGGATATTTTAGCGATCGCGGCCTGGAGAGGGGCGACTGTGTGGCCCTACTAATGGAAACGCGTCTGGAGTATCC
CTGCATTTGGTTGGGTCTCTCCCAGCTCGGGGTAATCACAGCCCTTATTAACTCCAATCTGCGCGGGGAGTCTCTGCTGCACTCCATCAAAGTGG
CCAATGCCAAGGCCCTAATTGTGGGCAGTGAACTCCTGGATGTGCTGGTATCACTTAGGGAGAAGGAGCAGTTGGACGAGGTGCCCATCTATCAG
TACACAGATGACGAGGTTCGCGGGGTGGCTGGACATGATCTTTTGCCAGGAGCTGTGGACTTGGTTACTGCTCTAAAGACCCAAAAGAAACTGGA
GCTACCGAGTGCTGTCTGTCCTGGAGAAGCTCGTTCCAAATTGCTCTACGTTTACACCTCTGGAACTACGGGCTTGCCCAAAGCAGCTGTGATCA
CCAACCTGCGGTTCCTCTTCATGTCTGCAGGATCCTACTACATGCTCAAGATGTCCAGCGACGATGTGGTGTACGATCCCCTTCCCCTCTACCAC
ACCGCTGGTGGAATTGTGGGAGTGGGCAATGCCATCCTCAATGGATCCACGGTGGTGCTGCGCAAAAAGTTCTCGGCCAGGAACTTCTGGCTTGA
CTGCGATCGCCACAACTGCACTGTGGCCCAGTATATCGGGGAGCTGTGTCGCTATCTTCTGGCCACCTCCTACTCCCCCGATCAGCAGAAGCACA
ACCTGCGTCTGATGTACGGAAATGGACTGAGGCCACAGATCTGGTCGCAGTTCGTCCGTCGCTTCGGTATTCCGCACATAGGAGAAATTTACGGC
GCCACCGAGGGAAACTCCAACCTGATCAACATCACCAACCGAGTGGGGGCCATCGGATTTGTTCCCGTCTACGGATCGAGCCTCTACCCTGTTCA
AGTCCTGCGGTGCGACGAGTACACGGGTGAGCTGCTCAAGGACTCCAAGGGTCACTGCATCAGGTGTCAGCCTGGGCAAGCGGGTCTCCTGGTGG
GCAAGGTGGACGCTCGGCGGGCCGTGAGTGCCTTCCATGGATACGCCGATAAGGGAGCCTCGGAGCAGAAGCTCCTTCGAAATGTCTTCACATCC
GGAGACGTCTTCTTTAACTCGGGCGACATGGTGGTGCGAGACATACTCGGTTACTTTTACTTCAAGGATCGCACGGGAGACACCTTCCGCTGGCG
GGGTGAAAACGTCGCCACCCAGGAAGTGGAGGCCATTATCACGAACTGTGTTGGCTTGGAGGACTGCGTGGTCTATGGCGTGCAGGTGAGTTTCA
GATATTTCCGATTTCTTTTTATTTAAGTTTGCATCATAAATAATTGATACCTTATCATCAAATGGTGGTCAGCAAGAAAGAATGGAATCTGGCTT
TAATTACCGTTTAATAGCAATCTGAAATGTGTTTATAGATCGCATATATAACTATTGTTTCAGTGTAGCTGAGGGAACTACCCATGTCGCTCTTA
GTCACTGGGTTTCTGGGTTGTGCCATGTAGATAACAAACCACCTGAAACCACAAGCCGCAAACCTTGATTTTCACTATCGGCCCGCATATCTTTG
CAGATCCCCCATGTGGAGGGCAAGGCGGGAATGGCGGCGATTGTGGATCCGGAGCGCAAGGTGGACATGGATTACCTGTCCGTGGTGCTGCGGGG
CAGTTTGCCTCCGTACGCTCGCCCCCTGTTCATCCGACTGCTGGACGAGATTCCGCGCACCGCCACCTTCAAGCTGAAGAAACGGGAGTTGGCCA
AAGAGGCGTATGACATCGGCCAGCTCTCAGATCCCATATACTACCTGAATCGGGACGGTATCTACAGACCACTCAGTCAGGAGCAGCACGAGTTG
CTGCGATCGGGAAAGGCGGGACTCTGAGGATAGAGGTCCCTTTTGCGCCCACAATTGTATTCCAGCCAATCCTCTGTGTATATTGCAAAACGCTT
GTCTGTCCCAATGTATTTTTAACGCTTAAACAACGACTGATTCCGAAAGACCAAAATACCTAAATGCCGAAATAGTGATAAAGTTCTTTCGCTGC
TGGCCCAAAATGCCGGGCGCGTTTCTTGGCCATAAAATGGCAGCTTAACCGATAATGGGAGCCAATACGTTTTACGGCCAGAAGATGCTGCTACC
GCCACAAGATATATCGAAAGTGTTAAATCCCCAAGATTAAGTTCTCGCTCATTGGCAGCTGCTGCAGTTGCTGCTGCTGTTGCTGCTGCTACTTT
TACAGTTGCTGCTGTGCTGTTGCAACATTAACGCCATTTCCGCTCGCTTGCGGCAGCTGCGACTTCGTTGGCCGTCGCCTAAGATAAACGATGTG
CAAAATCCATACAAAACAATGGCAGGAGCAGGAAGGCAAGGTCTTGCAACCGCAGCAGCGCAACATCGTCGACGGCCACCAATATCGATGTCGAT
GTCGATGGCGAAAAAGTTGTGGCAGGCAATCATAAAAAACGAAGAAATGGCAAACAAAGCTGGGCGCCATTTTTAAGGGAGCGAAAATGGCGATG
GCGCGCTGCTTCTGGGATGCCAAAGGTTCTTGGATGGCTAAAAGTTGTTGCATTCAGTTCAAAGTGAGTCCTTTTCGATTTCGCTGGATCGTAAT
TGGTATGATATTTCACTTGGAATATATGCAAGCTTTTTAGGGTCCTGGAATGTGCTTTTAAGATAATGCTATAATGCCTGATTAAGATTACTTGG
GCCGCCATACAAGGCAAACGACAAAGGTTTAGAAAGACACAAGCACTTGTTTCGGCACTGGGGGAAACTTCAGTTTTGCAGGGATCCCGGGATTC
CAATACACAATGTAAAAGCCGGATGCCCAAAATACACATAAAGTTGCAGCTGCAGCAGCTGCCGAACTCCCCGGCCA
(SEQ ID NO: 313)

Exon: 1001..1102
Exon: 2454..2730
Exon: 2789..4265
Exon: 4564..4872
Start ATG: 2531

Transcript No. : CT11417
ACGTCGGGTGAACAGATCAGTCGTGCCGCAACTGCAGCTATATCTTTACCTATGTGTTCTAATTTTCCGTGCCAGTAACCGTTCTGATCGTGCGA
ATAAAAATGAGCGAGAACGAGAAGCGTCCCGATCTGGAGGATCAGGATCAGGATCAGAATCAGGAGCAGGCTGGCGGCAGGAAAATGGAGATCCT
GCTGGAACTAAACCTAAAGCAGAAGCTGGCCACCCGACTAGGCACCATCCTGCTGGCCACAGTGATCTTCGGCGCCTTTTGCTGGGACAACGCGT
TGGCCAGTCTAACACTGGGAGCAGTGGTGGCTCTCCTGCTCAGAAATCCCACCTTCGTCTTTGCCTTGGTAATGACCGCGTCCAGGGACCTAAAG

GCTTTCCAGCGATTCGTGGCCCTCAACATCTACCTGCTAAGAAAGGATCGCGGCGGATTCACTGTGGCCCGCTGTTTCCAGGACCAGGCCAGACG
CCGCCCCAAAAAGACATGCTTCGTGATGGACGATCGCCATTTAAGCTTTGCAGAGGCTCTGGAGTTTAGCCAAAAGATAGCTGGATATTTTAGCG
ATCGCGGCCTGGAGAGGGGCGACTGTGTGGCCCTACTAATGGAAACGCGTCTGGAGTATCCCTGCATTTGGTTGGGTCTCTCCCAGCTCGGGGTA
ATCACAGCCCTTATTAACTCCAATCTGCGCGGGGAGTCTCTGCTGCACTCCATCAAAGTGGCCAATGCCAAGGCCCTAATTGTGGGCAGTGAACT
CCTGGATGTGCTGGTATCACTTAGGGAGAAGGAGCAGTTGGACGAGGTGCCCATCTATCAGTACACAGATGACGAGGTTCGCGGGGTGGCTGGAC
ATGATCTTTTGCCAGGAGCTGTGGACTTGGTTACTGCTCTAAAGACCCAAAAGAAACTGGAGCTACCGAGTGCTGTCTGTCCTGGAGAAGCTCGT
TCCAAATTGCTCTACGTTTACACCTCTGGAACTACGGGCTTGCCCAAAGCAGCTGTGATCACCAACCTGCGGTTCCTCTTCATGTCTGCAGGATC
CTACTACATGCTCAAGATGTCCAGCGACGATGTGGTGTACGATCCCCTTCCCCTCTACCACACCGCTGGTGGAATTGTGGGAGTGGGCAATGCCA
TCCTCAATGGATCCACGGTGGTGCTGCGCAAAAAGTTCTCGGCCAGGAACTTCTGGCTTGACTGCGATCGCCACAACTGCACTGTGGCCCAGTAT
ATCGGGGAGCTGTGTCGCTATCTTCTGGCCACCTCCTACTCCCCCGATCAGCAGAAGCACAACCTGCGTCTGATGTACGGAAATGGACTGAGGCC
ACAGATCTGGTCGCAGTTCGTCCGTCGCTTCGGTATTCCGCACATAGGAGAAATTTACGGCGCCACCGAGGGAAACTCCAACCTGATCAACATCA
CCAACCGAGTGGGGGCCATCGGATTTGTTCCCGTCTACGGATCGAGCCTCTACCCTGTTCAAGTCCTGCGGTGCGACGAGTACACGGGTGAGCTG
CTCAAGGACTCCAAGGGTCACTGCATCAGGTGTCAGCCTGGGCAAGCGGGTCTCCTGGTGGGCAAGGTGGACGCTCGGCGGGCCGTGAGTGCCTT
CCATGGATACGCCGATAAGGGAGCCTCGGAGCAGAAGCTCCTTCGAAATGTCTTCACATCCGGAGACGTCTTCTTTAACTCGGGCGACATGGTGG
TGCGAGACATACTCGGTTACTTTTACTTCAAGGATCGCACGGGAGACACCTTCCGCTGGCGGGGTGAAAACGTCGCCACCCAGGAAGTGGAGGCC
ATTATCACGAACTGTGTTGGCTTGGAGGACTGCGTGGTCTATGGCGTGCAGATCCCCCATGTGGAGGGCAAGGCGGGAATGGCGGCGATTGTGGA
TCCGGAGCGCAAGGTGGACATGGATTACCTGTCCGTGGTGCTGCGGGGCAGTTTGCCTCCGTACGCTCGCCCCCTGTTCATCCGACTGCTGGACG
AGATTCCGCGCACCGCCACCTTCAAGCTGAAGAAACGGGAGTTGGCCAAAGAGGCGTATGACATCGGCCAGCTCTCAGATCCCATATACTACCTG
AATCGGGACGGTATCTACAGACCACTCAGTCAGGAGCAGCACGAGTTGCTGCGATCGGGAAAGGCGGGACTCTGA
(SEQ ID NO: 314)

Start ATG: 180

MEILLELNLKQKLATRLGTILLATVIFGAFCWDNALASLTLGAVVALLLRNPTFVFALVMTASRDLKAFQRFVALNIYLLRKDRGGFTVARCFQD
QARRRPKKTCFVMDDRHLSFAEALEFSQKIAGYFSDRGLERGDCVALLMETRLEYPCIWLGLSQLGVITALINSNLRGESLLHSIKVANAKALIV
GSELLDVLVSLREKEQLDEVPIYQYTDDEVRGVAGHDLLPGAVDLVTALKTQKKLELPSAVCPGEARSKLLYVYTSGTTGLPKAAVITNLRFLFM
SAGSYYMLKMSSDDVVYDPLPLYHTAGGIVGVGNAILNGSTVVLRKKFSARNFWLDCDRHNCTVAQYIGELCRYLLATSYSPDQQKHNLRLMYGN
GLRPQIWSQFVRRFGIPHIGEIYGATEGNSNLINITNRVGAIGFVPVYGSSLYPVQVLRCDEYTGELLKDSKGHCIRCQPGQAGLLVGKVDARRA
VSAFHGYADKGASEQKLLRNVFTSGDVFFNSGDMVVRDILGYFYFKDRTGDTFRWRGENVATQEVEAIITNCVGLEDCVVYGVQIPHVEGKAGMA
AIVDPERKVDMDYLSVVLRGSLPPYARPLFIRLLDEIPRTATFKLKKRELAKEAYDIGQLSDPIYYLNRDGIYRPLSQEQHELLRSGKAGL*
(SEQ ID NO: 315)

Name: fatty acid transporter-like
Classification: transporter

Celera Sequence No. : 142000013384832
GAAATTGCAGCGAAACCCGGGATTTACGGATGCCAAAGCTGACTAATTCGTAGAGGCGCCTTCAATTCGCACTGCTCAGCTCGTAATTCGTGAAA
TTTGTAAACAACACGCGCACTTTTAACTAAATTCAACATCCCATTGATGATTACGGAGCAAGTATAGCGGCGAATGGGCGTGAAACTTGAGGACG
CACGCAAACGGAATGGGGTATTACCTCATTCGTACACAGTCACTTTCACGGTTTTCGGCTTTATCTATCACTGCACTATCGCTATTTTGACTGTT
TTTGCCGCACACTAAGCCATTTGAAGCGTATTTTACCCCGAAAATGCTTGGAAATTTCTCTCGCGCAAACGCTTCGTGTTGCCACTGAGCTGCAA
TTGCACCCTGTTTGGCGATCTGGCAGCGCCGGCGAAAAATGGCCGTTTAGGTCATCTGTGCCAGAAGAGAGCAGCACTATTTGCCTTCGCCAAGG
GCAAAAACAGAAACAACACACACTTATGCAAACACACACGCAGAGGGGGAAATAATAAGTTAAGTCGGCTGCTGCTTAGTTACTTTGCTTTACAG
CTGGTTTTCGGCAGGTGCAGCCTCAGCAAACGTTCTTTTCCGCACTTCCGCTGTCCGATTGCGCACTTTCTAACTGTTTGCACGGCGCTTTTCCT
CTCATGATTTTTCCACCAGCATTGTGTGGCCGTTCAACAAAACTCCAAAAATACCAAGGATGGGTGATTTTATACACCAGCAATCCGGTCCTCCT
ATACCCTTCCCTTTATAACATATAGAACTATTAGGTTTTCTTAACAGCTGTAGAAAATCGATATCAATTCACTACTTTCCAGAACACGACAACTT
TATTGTTCTAAAATGTAAGTGTAGGAAAATAATGAATATGTTATATTTAATATGCTGTATTCCGAGTCCGAGTGTGACCAGTTAATCATTTTTAG
AAAAGCATGCTTTTGCTTGCCTTGAAATAAATTCAGAAAGCGAGGCGTCGGCCACACTGTAAATCGTTTCTGCTTGTCATTTTGGCCTGAGTTTT
TTGCCGCAAATTGCAGGTAATTTAGCGAAAAACAGGAGTCGCAGGAAGCCAAACCCGTCGAAAACAAATCAGTCCGGTACCTATCAATCGGCGCA
GAGGTCATAGTAAGCCCCCGAACCGAAAACCCAGAAAAAGCACAAACATGCCGTCGCAGGAGGTGAGCGTAAACAAAGTGATAGTGCATCCATTG
GTTCTGCTGTCCGTGGTGGATCACTTCAACCGGATGGGAAAGATTGGCAACCAGAAGCGCGTAGTGGGAGTCCTTCTGGGCTGCTGGCGATCCAA
GGGAGTGCTCGATGTGTCCAACAGCTTCGCAGGTTAGTACTGCCTTTGAATATCCAAAGTCGTGGCCATAAAACAAAAGAATTCCCTCCCGACTT
CCAGTGCCCTTCGACGAGGATGACAAGGACAAGTCGGTGTGGTTCCTGGACCACGACTACCTGGAGAATATGTACGGCATGTTCAAAAAGGTGAA
CGCCAGGGAACGGGTTGTGGGATGGTATCACACAGGTCCCAAGCTCCACCAAAACGACATAGCCATCAACGAGCTGGTCCGGCGCTATTGTCCCA
ACTCCGTGCTGGTCATCATCGACGCCAAGCCCAAGGATTTGGGCCTGCCCACAGAGGCGTACATATCGGTGGAGGAAGTCCATGACGACGGCTCT
CCGACCAGCAAAACTTTCGAGCATGTGCCCAGCGAGATTGGCGCCGAGGAGGCGGAGGAGGTGGGCGTGGAGCATCTGCTGCGTGACATCAAGGA
CACAACCGTGGGCAGCCTGTCGCAAAAGATCACCAACCAGCTCATGGGTCTGAAAGGCCTGAATGCCCAGCTGCGGGACATAAAGCAGTATCTGC
AGCGCGTCGGCGACAGCAAGATGCCAATCAACCACCAGATTGTCTACCAGCTGCAGGACATCTTCAACCTGCTGCCCGATATAACCAATGACCAG
TTCACGGGCACAATGTATGTGAAGACCAACGACCAAATGCTAGTCGTCTACCTGGCCTCCATGGTGCGCTCGATCATTGCCCTGCACAACCTGAT
CAACAACAAGCTGGCCAACCGCGACGCCGAGGAGGGCAAGAGCGACAGCAAGGAGGCCAAGGAGAAGAATAAGGATAGCAAGGATAAGGACAACA
AGGAGACCAAGGACAAGGACGGCAAGAAGGCGGAGGAGAAGGCCGACAAGGGCAAGGACGAAGGCGGCAAGGGTTCGCGCAAATAGGAGCGGAAG
AAAAAGCGCAAACCCCGTCGCAAACGAAAGAAGCAGCGGGCGCAGGACTAGCTGCTGCTTCTTCTGTTCTCCAGGAAGTGGAACTCATCTGCAGA
CCATACGGCGAGGGTGTGCAGTGGCCTCAGAAATCAAGCATTGCTACCATTCATCGTTCATTTTCCACACGAAATTAAGCTCCCTCTTATTATTT
CGCGTAACTAACTAATGGCAAGTTTATGTAATTAAAAATTAAATAATTTAAATACTCCTATTGTTTGCTTTCCTCTAATATTGCTAGAAGCAGCA
TACCTAGTATTAAAACCGCTCAGGCTTGTGTTTTTGTATTTCGTAAAACCGAAATTATATTTTAAAACAAACTAAACTCGCTGGAGAGGCAACGT
AAATGGCTGACTTACGATTGCCTTTCCCCGAGCACAAAAACGGTTGAGTAATGCATTGTACAGGGCGTTCTCTATCTTAGAGCAGTTATTACTTA
GAAAGCATTTTACCAAATTTCACTTGACTTACAGCTGAGCTAGTTAACGCTTACGAACTAAGGCTAAGGGTTCCATTGCTAACACCATCGATGAC
CCAACAACTAGAATACTTAGGTTCACTATGTGCTTGCAAAGCAATCAGAAACTAGATCAAACATTGAGTTCCTGGCACCTCCTTTCCGAATTGTA
GCACTATGCACGGGAGTCCTGCAAAATGGCTGATTTGCAGGACTCCGGTGTAGACTGGAGGCTCACTTAGACCAGCCACTCGCTGGCCAGCGGGA
ACTTAAGCGGCTGGCAGCTGCTGAGTCGCAGCGAGCAGTTATTGTCCTCGGCAGCAAGTGGGATCCTGGTGGTCGCCATGGGATTGCTCTGCACC
GAGCAGAGGCTTAAACTATGGCTGTGCGACTGCCTAAGACTAGAGCTAATGATATCGCTGCTGATCCGATGCTGATGCTGATGGTGATGATGATG

ATGATGCTGTTGCTGTTGCTGTTGGTGGTTCCGGCTCCGATACTGATCTTCCGACGGGCAGGAATGGTTGCAGTTGAGATTAGTTGAGTAGCAGC
TCCTTCCCTCGGCCCCTGAGGTTGTTGGTGACAAGCTGTTGCTGTTGCTGCTGCAGTTGAGGTTGTAGATCTTGATGCTCGTGCAGCTGGTGCGG
ATGTTGACGTGAACCTGGGCGTGGTCATGTCACACCGAGGTGCCCTGTTGGCCGGGCACCACCGATCCGCAGTTGTCCT
(SEQ ID NO: 316)

Exon: 1001..1362
Exon: 1430..2499
Start ATG: 1188

Transcript No. : CT11503
GCCACACTGTAAATCGTTTCTGCTTGTCATTTTGGCCTGAGTTTTTTGCCGCAAATTGCAGGTAATTTAGCGAAAAACAGGAGTCGCAGGAAGCC
AAACCCGTCGAAAACAAATCAGTCCGGTACCTATCAATCGGCGCAGAGGTCATAGTAAGCCCCCGAACCGAAAACCCAGAAAAAGCACAAACATG
CCGTCGCAGGAGGTGAGCGTAAACAAAGTGATAGTGCATCCATTGGTTCTGCTGTCCGTGGTGGATCACTTCAACCGGATGGGAAAGATTGGCAA
CCAGAAGCGCGTAGTGGGAGTCCTTCTGGGCTGCTGGCGATCCAAGGGAGTGCTCGATGTGTCCAACAGCTTCGCAGTGCCCTTCGACGAGGATG
ACAAGGACAAGTCGGTGTGGTTCCTGGACCACGACTACCTGGAGAATATGTACGGCATGTTCAAAAAGGTGAACGCCAGGGAACGGGTTGTGGGA
TGGTATCACACAGGTCCCAAGCTCCACCAAAACGACATAGCCATCAACGAGCTGGTCCGGCGCTATTGTCCCAACTCCGTGCTGGTCATCATCGA
CGCCAAGCCCAAGGATTTGGGCCTGCCCACAGAGGCGTACATATCGGTGGAGGAAGTCCATGACGACGGCTCTCCGACCAGCAAAACTTTCGAGC
ATGTGCCCAGCGAGATTGGCGCCGAGGAGGCGGAGGAGGTGGGCGTGGAGCATCTGCTGCGTGACATCAAGGACACAACCGTGGGCAGCCTGTCG
CAAAAGATCACCAACCAGCTCATGGGTCTGAAAGGCCTGAATGCCCAGCTGCGGGACATAAAGCAGTATCTGCAGCGCGTCGGCGACAGCAAGAT
GCCAATCAACCACCAGATTGTCTACCAGCTGCAGGACATCTTCAACCTGCTGCCCGATATAACCAATGACCAGTTCACGGGCACAATGTATGTGA
AGACCAACGACCAAATGCTAGTCGTCTACCTGGCCTCCATGGTGCGCTCGATCATTGCCCTGCACAACCTGATCAACAACAAGCTGGCCAACCGC
GACGCCGAGGAGGGCAAGAGCGACAGCAAGGAGGCCAAGGAGAAGAATAAGGATAGCAAGGATAAGGACAACAAGGAGACCAAGGACAAGGACGG
CAAGAAGGCGGAGGAGAAGGCCGACAAGGGCAAGGACGAAGGCGGCAAGGGTTCGCGCAAATAGGAGCGGAAGAAAAAGCGCAAACCCCGTCGCA
AACGAAAGAAGCAGCGGGCGCAGGACTAGCTGCTGCTTCTTCTGTTCTCCAGGAAGTGGAACTCATCTGCAGACCATACGGCGAGGGTGTGCAGT
GGCCTCAGAAATCAAGCATTGCTACCATTCATCGTTCATTTTCCACACGAAATTAAGCTCCCTCTTATTATTTCGCGTAACTAACTAATGGCAAG
TTTATGT
(SEQ ID NO: 317)

Start ATG: 188

MPSQEVSVNKVIVHPLVLLSVVDHFNRMGKIGNQKRVVGVLLGCWRSKGVLDVSNSFAVPFDEDDKDKSVWFLDHDYLENMYGMFKKVNARERVV
GWYHTGPKLHQNDIAINELVRRYCPNSVLVIIDAKPKDLGLPTEAYISVEEVHDDGSPTSKTFEHVPSEIGAEEAEEVGVEHLLRDIKDTTVGSL
SQKITNQLMGLKGLNAQLRDIKQYLQRVGDSKMPINHQIVYQLQDIFNLLPDITNDQFTGTMYVKTNDQMLVVYLASMVRSIIALHNLINNKLAN
RDAEEGKSDSKEAKEKNKDSKDKDNKETKDKDGKKAEEKADKGKDEGGKGSRK*
(SEQ ID NO: 318)

Name: 26S proteasome regulatory subunit S12
Classification: endopeptidase
Gene Symbol: Mov34
FlyBase ID: FBgn0002787

Celera Sequence No. : 142000013384496
AAGCCGTTCCGGAATTTGAGGGCCGTGACCGATGGAAACTCCTTGACGCCCGGCAACTTCATGGCTACATCCAAAGTTGAACATCGTTGCTTGGT
ACGTGGATCCCAGGCTTCTACGGTGCCTTCTTTGGTACCGGCTACCAGAAGATGGTGCTCTGGATTCACTTCACAGGCGTTCAGGCAGCTGCCAT
CCGTTTCAAAGGGTTGCAGGAACTGACCGCGCTCCAAATTGAGTCGGAAAATGTCCTGAAATCAAATCTTTAGAATAAACTAGACATTAGATAGA
CCTCAGTTCTTACCCTGCCCACTCCCACGATGAACATGTCGCAGCTGGGCTTGTGGTACTTCATGTCGCGTCCAAAGCGCGGTATCCTTAGTCTG
TAGTGCCGCCCGTGGGCCGCATGGATCTCCACATAGCGATCGCATTGCAGGAACACCATCTTGCTGTAGTCGTCGCTAATCACCTCAAAGGTGGT
CACCTCGGCGTCGAAGCAGCGCTCGAATTTGATAGACAGGTTGGACACCTCGAAGCACTTGACGCGCGGCTTGTAAGTGCCGGTGGCCAGGATGT
ACTGTTGGTCGGGACTCATGCGGATGCTGGTGCAGACGCCGGGCATATCGAAGTCCTGGATGAGCTCGATCTGTCTCCGGGAGTCCACTTTTTTC
ATGAGCTGTGACCGCTTTCGCCGATCCGTCAGCCACTGTGAAGGAGATACTCATGAGTTAACTGCTTGGCAACGGGTTTATCTTGCTACTCACAT
CTGGCACCGACTTGCCGGCGCTCAGGTTGTAGATCTTCACATCGTTAACTTCGTTTACGAACATCTTGAGGGACGATTTTTGCTCAAAATTAAAA
CATAAACAAACGAAGTCCGCAACACGTGCGCCCTCTATCGATAGACACGATTGTCGATAGCATCTGGCTGCGATAAGCACCTATCGCGGCAGTGT
GACCCTTGGCTTGCCAATTGCTCAGTGTGACCGCAGGAAACCAAGCAAAACAAGAGAACGCAAAAGCAGTGAAAAAAGACTACTGATTTGCATCG
ACCTACCAATTGAAAATAATCGCAATAATTGCCTCTCGGTGCAGCCCCGCAACCCCGCGAAGCCAGTGTGCGTGCTAGCACGAAAGTGAACTGCA
TTTTGCATCGCCAAATTGCCCAAAAATTGCAATCGAATTCCGCACAGCCAAACAACAATACGCACACATACACACAGTACCCCCCGCTCTGCGTA
ACCGCCCTACGTTACACATTCCGTTCGCTCCCTAAGGTGGACTAAAACTAAAGTGATCTAAAACGGTGAGTAATATTCGTTGTTTTTCCTTAAGC
CAATTAAACACTGATTAAATTATGCGAAATGGAAAACCGTCTGCGAAGGGGTGACGCAGTGCAGCTGTGGGTGCTCCGCAACTTTCCCTTGTGCT
CTCGCTCTCTCTTGTTTTTGTCGTTAGGCAGCAGCACTCCATTGTTGTTGTATACACCCCCTGATTGCTTTGATACCCTGCAATGGGGAGTTACT
GTTTTGTGACCAAGTTAAGAAAATAAATATGATTTACAAAAATCGATTAATTCTGGGGATGTTTCAGGTTTTTATGGTGTATAATTTATTTTTTG
AATTTTTAGGGGATGGTGGGGCAAAAACGGCCGCCACTCTACTTAAAAATCGGTAGGTGAGGAGTTTGTTTAGTATACGCTATAAATAAATACTC
TAAATTAGTTTTTATAAGATGGATTATTATATGAGTGTATGAGTTATCATAGAAATATTTACCTGTGCTTATATATTAATTTATTATATGAATTA
TGCAAACAAGGTTTTTTCAAAATGTAGGCGAGCATGAATAAAAAATTATAATAAATCAGAAGTTTTCTTAGTAGTTGTTATCAGTTATTAATATA
TTTCTTTTTCATTTTGTTGTGTCTTATTGCGTTGTTGTCTTCAATGCGGGCTTATTTTATTAGTTTGAATGGATGTGCGCTTATTTGTAGATACT
CAAATATCAAATCGTATTCAGTTATATCTTAGAAATGGAATATAAAGCGCACATTTATAAAAGTATATTTATATTTAAGATTTTTTGCCAAAGGG
TATACATACTTCGTCTGTGTATAAATATATATTTCTCATACTCCTTTCGTTATTTTCCCTGTTATGGGTGCGCCGCTGTGTTCCTTTTATGAGGG
GCAATGATGATCCACTTCCATTCAACACATTTTGCAAATAAGTACATATGTACTTCGCCTCCATTGATTGCTCCACTGATGTTTGGCCTTTGGCG
CTTGACTGATAAGACTCGAGACCGAGACCTACTACTTAGTTAGTCTAAACTGCCCGTCATAGAGCCTATTAAACTGATATGCACTTGTCACTTTG
ACAAGCAATGATAAGCGATTATAACTGTATTTGATGATTTAAGTATGAGCAATTAAGAATCCATAATTGATACTCATCTTTTCACACTATATGCT
GCTAAGTCACATTCTTTTGTATGAAATTCATTCATATGAAGTAAGGCAGGATGATTACCCTAAATACAAACTAACTTGATGAATAACTTCGCGCG
TACTGCTCTTAATAATTGAATTCCCACGATTGCTTGCTCGGCGACCTTGATCCAAATCGCTTTCAGCTTGGGCGAAGGGTTCAATTCACTCTCTT

CAGCGCCCCTTAACTGCGGACAAATCAAAGGCTTTCGAACGACACGGATACTGCGAATGGACAAAGTCAAGTGGCATGAAGTGGATATACCCGCC
GCTCTTGAAGCTTGCCTCTTTCTTATTTTTTTTTTTTTTGGCTTCAGTTGGCAGGCAAACAAACCCGGTCGGCTGTTCAAACACAAGCAGGCCT
TAAAAAGAAATATCGGGGCCAGTTCGAGAAAGGGGAACAAAATGTGGTGTCGACGCAGAACAAATTAATGCAGCGCCTCGGTTTGTTGATAAGCA
GCGACTACGGTTGGACATTCAAATGAGGAGCTGATAGTAGTAGTTAACACTGTTTGATTGGGTCAGAGTTCATTTCTGCCGGTGTCAAGATGAGC
AAAGTGCGCAGCGTGGTGAACAAACTGCACGAACGCATAGACTACTTTATTGAAAAATGTGTGAAATATTCTATATACTCAATGACTCTGCAATG
TAATAATAATAATAATTTCGCTTGCTTTTTAGGTCCCAACATGACTGCAGCGCCATACAACTACAACTATATCTTTAAATACATCATCATTGGTG
ACATGGGCGTGGGCAAGTCCTGCCTGCTCCACCAGTTCACCGAGAAGAAATGTGAGTAGACTGTGCTGAGTAATAATGTATGTAATAAGAACTAA
TCTCTACTTGCCGTCCTGCAGTCATGGCCAATTGTCCTCACACCATTGGCGTGGAGTTCGGCACACGCATCATTGAGGTGGACGACAAAAAGATC
AAGCTACAGATCTGGGACACAGCGGGTCAGGAGCGATTCAGGGCAGTGACACGCTCCTATTACCGTGGAGCAGCTGGTGCGCTGATGGTCTACGA
TATTACCAGGCGGTAAGCGAAGCAAGCTACTATTTGAGAAATTGCTTTACAACTTGACCATTCCAGCTCCACGTACAATCACCTGAGCAGCTGGC
TTACCGACACTCGCAATCTCACCAATCCCAGCACTGTGATCTTTCTCATTGGCAACAAATCGGATCTGGAGAGCACTCGGGAGGTTACCTACGAG
GAGGCCAAGGAGTTTGCCGACGAGAACGGCCTAATGTTTCTCGAAGCGAGCGCTATGACGTGAGTTTCAACTGGAAGCATAGTGTTTGAGCATAT
ACTGATTATCTTTTTTTTTATCGCCCAAACAGTGGCCAGAATGTGGAGGAGGCTTTTCTGGAGACCGCACGCAAGATTTACCAGAACATCCAGGA
GGGTCGGCTCGATCTGAACGCCTCCGAGTCCGGAGTTCAGCACAGGCCATCGCAGCCGTCGCGAACTTCGCTGAGTAGCGAGGCTACGGGCGCCA
AGGATCAGTGCTCGTGCTAAATGAATGATGGAACCTAACTTTACGCAAAACCTAGTTATACAAATCAACTTTTATTTTTAGCCGACTCGTAATCT
ACCGATGCCCAAGCAAAAACCAATGTATGTAGTTAAATAATTCGATTAAGCATCAATGTGTGAGCCAACAACAGCGACAGCAACCACAAAAAAAA
AAAAAAACAGAAAAAGAAAATATAAAGTCCTTTCGCTTAATAAGACGCAAGCATTGCAACATTTATTGTATCGGTTAAGCATAAATACTAGAAAA
TTAAACATGTTTGTTGGCGCAAACTAAAGTTTTGACCATGAAATTTCGAAAAGTTTATCGCACTAACACCATCCTTCGGTCTCAATTTATAGATG
AATTCGTTTGAGATATAGATCATGTTTTTGTTGGCTGATGAATCCCTGTATATAATATATATATGTATGAATTTTTGTATCTCCCTAATTTTTTG
TTGAGTATTTGTTGTTGTCGCGTGCAAGAATTGGAGGAAACGATCAATGTTATATGAATATTTACGATGTATTAATGGCATAATGCAATAGGAAA
TAAATAAAATGGTATTTATAAAACCCCTACCAATAGAAATGAATTTCTCTTTCAAATAATTTAAATTTTAATTTGCATATTTAACCATTCGTTTA
TATTTAATTCTACACCAAATCGCTGGATAATTTTATAATTTACCGGATTTCCATTTAATAGATTTAAATTTTATAAATATTTGGGTACTTACGAT
TTACTTAAATATTTTGTAAAAAGCTTTTTTAATCCATTTAGTGGAATACCCTCAACTTTGACTTGCGCATAACTTCATTCTTGTTTTATTTAGTG
ATGCTAACGTTGGGTTGGAAATCAGCTGATTATGACTATGAACAATAAAGTTTGTAAGTCAAACAACGATTTTTCGTATACTGTTCTTTTGTTTG
TTGCTGGTTGTCTAATTAATCATTTTAACTGGTTATCAGTCCAATTTTTGTTTTCTACACTACACTATTCTACACTATTTTCGATTTCCTTGAAA
TTTAGCGGGAAAAACTCTGAGCTAGCATCTTCGGTGGCATCGCTGTGTGCGCGCTTTTGTGCGAATGCCATGGTATGCAAATTAAATTTAATTTA
TTCCGATCATCATGAAAGTGACAAAGTAGCTGCTTAAGTAGCCAGGGAAGCGCACAACGTAATCTAATCTCGATCCATGATGCAAATCAAGCGCC
TCCTGTGCAAATCCTGCGGCCTGGGCACCCTTCTGGTGGCGGTCGTCTGGCTGCTGGCGCTGCTTTTCTACTCGCACAGCCTGCGCAGCTCCATC
CGCTCGGCAGGATGGAGGATCGACGAAGGGAACGCAACGCCACGGGCCGAGCTGAGCTACCAGGCCAGGGTCACCGTCGGATGCACTCCAAATGC
CAGCATTACCACTGGCGAATCGCCGGCGGCACCCAAGCCGCCCAGTGATCCGGAGCAATTGGAACTGTTGGGTGTGGTGCGCAACAAGCAGGACA
AGTACATACGCGACATTGGCTACAAGCATCACGCCTTCAACGCGCTGGTGTCCAATAACATAGGACTCTTCCGGGCGATCCCAGACACTCGGC
(SEQ ID NO: 319)

Exon: 1001..1300
Exon: 3168..3281
Exon: 3347..3527
Exon: 3582..3764
Exon: 3833..4603
Start ATG: 3176

Transcript No. : CT11521
CAAGAGAACGCAAAAGCAGTGAAAAAAGACTACTGATTTGCATCGACCTACCAATTGAAAATAATCGCAATAATTGCCTCTCGGTGCAGCCCCGC
AACCCCGCGAAGCCAGTGTGCGTGCTAGCACGAAAGTGAACTGCATTTTGCATCGCCAAATTGCCCAAAAATTGCAATCGAATTCCGCACAGCCA
AACAACAATACGCACACATACACACAGTACCCCCCGCTCTGCGTAACCGCCCTACGTTACACATTCCGTTCGCTCCCTAAGGTGGACTAAAACTA
AAGTGATCTAAAACGGTCCCAACATGACTGCAGCGCCATACAACTACAACTATATCTTTAAATACATCATCATTGGTGACATGGGCGTGGGCAAG
TCCTGCCTGCTCCACCAGTTCACCGAGAAGAAATTCATGGCCAATTGTCCTCACACCATTGGCGTGGAGTTCGGCACACGCATCATTGAGGTGGA
CGACAAAAAGATCAAGCTACAGATCTGGGACACAGCGGGTCAGGAGCGATTCAGGGCAGTGACACGCTCCTATTACCGTGGAGCAGCTGGTGCGC
TGATGGTCTACGATATTACCAGGCGCTCCACGTACAATCACCTGAGCAGCTGGCTTACCGACACTCGCAATCTCACCAATCCCAGCACTGTGATC
TTTCTCATTGGCAACAAATCGGATCTGGAGAGCACTCGGGAGGTTACCTACGAGGAGGCCAAGGAGTTTGCCGACGAGAACGGCCTAATGTTTCT
CGAAGCGAGCGCTATGACTGGCCAGAATGTGGAGGAGGCTTTTCTGGAGACCGCACGCAAGATTTACCAGAACATCCAGGAGGGTCGGCTCGATC
TGAACGCCTCCGAGTCCGGAGTTCAGCACAGGCCATCGCAGCCGTCGCGAACTTCGCTGAGTAGCGAGGCTACGGGCGCCAAGGATCAGTGCTCG
TGCTAAATGAATGATGGAACCTAACTTTACGCAAAACCTAGTTATACAAATCAACTTTTATTTTTAGCCGACTCGTAATCTACCGATGCCCAAGC
AAAAACCAATGTATGTAGTTAAATAATTCGATTAAGCATCAATGTGTGAGCCAACAACAGCGACAGCAACCACAAAAAAAAAAAAAAAACAGAAAA
AGAAAATATAAAGTCCTTTCGCTTAATAAGACGCAAGCATTGCAACATTTATTGTATCGGTTAAGCATAAATACTAGAAAATTAAACATGTTTGT
TGGCGCAAACTAAAGTTTTGACCATGAAATTTCGAAAAGTTTATCGCACTAACACCATCCTTCGGTCTCAATTTATAGATGAATTCGTTTGAGAT
ATAGATCATGTTTTTGTTGGCTGATGAATCCCTGTATATAATATATATATGTATGAATTTTTGTATCTCCCTAATTTTTTGTTGAGTATTTGTTG
TTGTCGCGTGCAAGAATTGGAGGAAACGATCAATGTTATATGAATATTTACGATGTATTAATGGCATAATGCAATAGGAAATAAATAAAATGGTA
TTTATAAAACCCCTACCAATAGAAATGAA
(SEQ ID NO: 320)

Start ATG: 309

MTAAPYNYNYIFKYIIIGDMGVGKSCLLHQFTEKKFMANCPHTIGVEFGTRIIEVDDKKIKLQIWDTAGQERFRAVTRSYYRGAAGALMVYDITR
RSTYNHLSSWLTDTRNLTNPSTVIFLIGNKSDLESTREVTYEEAKEFADENGLMFLEASAMTGQNVEEAFLETARKIYQNIQEGRLDLNASESGV
QHRPSQPSRTSLSSEATGAKDQCSC*
(SEQ ID NO: 321)

Classification: enzyme
Gene Symbol: Rab14
FlyBase ID: FBgn0015791

Celera Sequence No. : 142000013383801

TAGTCCTACCGTATTGGTTGAATCCGGAGAGATTGTAGGCCCATCTGCCCAGATTTGCTGTGGGGAAAAATTCGCATTACATATTTACGTAATCA
TAATATTCCGGCGTACTGCACTACGAAATTTGTTGCATGCAACGTGAGTCCGATTGTTGCCCGTTCGTATTACTTACAGAGAACTGCGGGTCCCT
TTCTGGCAATATAGTTCGACATGGTTTACGTAAAATCAGAAGTCGGGAAAGAGATATTCCTCCAGCCTTTTTATTTTAGGTATGAGAACGTTGGA
GATGGGTCTCTCGATAGCTATCGCACCCCGTTATCGATCAACGAGCACTACGGTTGCGTTTGTACAAATCGATTTCCGAAATGTAATACAGACAC
ACTGCACCTATCGATATATCGCACTCAAGAAAATTCGTTATTCTTTAGTTTTAGAGCTATTAAATATATTATCTTTTAACATTTTACCCTTTTGT
ATTTGTATTTAGATTGTTCAAAAACTTGGTGGAGACGGCAACCGAACTACAGTATAATTACATCTCCAAAGTTGGTCATTTTGCAATAACTTTTT
GTATAAAGTAAATAAAATCAATTCAAATTCTTGTAAACCCATTTAAGCCCATGTAAAAATCCGCCTTCATAAACAAAATACTTGTAGTTTATCAA
ACCGAATGATTGTGGCTTTCTCCTTTTGTAATTTGTTATGGGAAACACTCAAAAAAGGTTTTTAATTTGGGTTAAGTTATAATTTATGTTAACCA
ATAACCTCGATTAAATTAATTATAAAAATGATGCCTGAAGATATACAACTTTCACTTAACTTGCAACACGGGTATTGTATATTAAACAGCAAACA
AAAAAGGCAAAAATGTTGGTAATTAGCGGAGTGCTTCGACAAGCGGAAATCCCTACTTCTCATTTAAATAATATTTCCCCAATTTTTTGCGATAA
GCCCCCGCCAACGGTAAACCCTTCATTAAAATGATTGATAGCGTTTTTATTTTAAAGTACATACCTTCGCTTTATTATGACTACAAAATATCAAT
TTATACAAATTAAAGAACATATACAAATTCTTTATATATACAGTGCCCTCCCTTAAGAGTGAACACTCGAATATGTGAACTTTTTAGTAAAAGTG
AACGATTAATTTATGAAATTTTAGAAACTTTCGCTTAACTTAGTAAAAAAATTAAATTTTTTCAAACGTGGTGTTTTTGAAAAATATATTAAATT
GTTTATTTTTTCTGTGATTCGTTATAGTGAACAAATTCGATTCAGTGCACACCCTTGGTTCTCAATAGTCCACTGTTTCGAGTGAGCACTGTACA
TACACTAAGGCTGGCACGAACACGACACTAATTTAAGTTTGTTTCGGTTTTTGTTTCTGATTTCTGAACACACGTTATATATATACATATGTATA
ACATTGAGACCCGTTCCAGCCTTAGTTTATACATATATCACTGGGCACATAATGTAGTAACTCCCAATGCGCTGAGTGGCCGGGAGAGAGAAATC
ACTTATTGTTCTTAGCTGCAGTCAATGACAAAAACTCCACCTTTCGAGCCAAGTACTCATTATAACGAAGAAATGCATAGCTAAATGGGGCGAAT
AAAAAATTGGTCATTAGTATCGATTGGTTGTAAGGGTCGTAATTGGGGGAAAAAAGGAATTGCAGGGTGCACAATAATATAATAAATCCATTATA
ATGGCCGTCTAATGGTTGTTGATGGATCTTATCAAACAAAACTGATATATATACTGATGATATATATCTATATATCTAAAGGATTTATCATCTAA
TTGCATCGTGCATTCCCAACTCAAAGTTACAGTCCATATACTATGCAACACGCACCCTACGTAGTCGAAATCGATAGTGGAATGCTCGGCTTGCA
ACAGGGACCACACCGTCCAAAAGATATGCGATGCCAGCGCAAACTGATTGACCTGGACATAGAGCAGTTCGACTTCGTCGTTTTGAATGTTGCTG
CGCTGTAGGTACTCCTCAAGGTAGACCCTCAGCCACTGGAGCTGGAACTCGCGCTTCGGATAGCGCGAATAGTCGACCTCATCCACGCCGCACAT
CTCCGCAAAGTGGTTGCCAATGTCGAAGGCCTGGAAATTGTAATCGGCATACTCGTAGTCGATGAAGTTCACCGTATTCAGGCTCTGCGTATAGA
TCACATTTCCCAGCAGAAGATCGTTGTGGGAGAAGACAATCGGACTGTCCAGAGCCTCGAGGTATTCATATAGCTTGTTGAACTCCTCGCGCAGG
CGGCCGATAGGTAGAAACGTTTCTTTCACTCTGCAAATTGCAAATCAAACAATGAGCGAATGAACAAAGGACCGAAGATGCAAAGGATGTCTGGT
GTCGTTACCTTTTGTGTTTTTCAGCATCACTAAAACGTTCAGGTACTAAATCAAGAAAGCTCTGCGTCTTCTTCCAAATCATCGGCATGGGTTTG
GTCGCCGAACTATCCCCGTGCTTTCTCACCTTGCGATGCATCTCGGCCATGCGACGGGCGACCAAGGGCCAAATTTCTGGACAGAGCACACTGTC
CGTATTCAGGGTGGTTCCAGGTACGTATTCGTAGACGAGACCGTTCTTGAACGTGGCATACAGCGATGGCGCTAGCCCATACGTATGCAGTAGAA
GAAAGTTTTGCGTCTCCGCCTTGCGATCTATCAGTAGGTCCGTTTTGTTACCGTATATCCTGACGAGCACTACGTTATCGGAGTACTGTACAGGT
GACCCGTCGTCCGCTGCCCGATCGTCTGTGAACTCATCATCGTCCTCCTTCTCAATGATGACTGGATCCTCGGACTGAACGGGCGACAAACCCTG
CGTCTTGATAGGTAAATACGATCCGCCGTTCTCATCGTTCAGTTTGGAGATCTCCTTATGAAAACATCCGACCAGTTTGTTTGTGATGCCATCGG
TAAAACTCTAAAATAAGCACACAGAGAACAGCACCATTAAATCGTATACATAAAAACATAATACTCATCGATGTAGATCCAGTGAATGGGTTAGG
ATGGATTAATTAGTAGAGTAGCTACATGATTTGTGTGCTTTGTTTATTGTAAGTGAAGTTATTGCATCATCACCTAATACCAATTGCTATACGGT
AAGGTTCATTAGTAGCATTCAATGGAACGGTTTCGGGAATTCGCCTTTTAAGCCACAGCTCAAGAGCTACAGTAAAGGGCTTATGGCCACTTCCT
TATCGACTCCACATGCTTCTTATGTACATATGTATGTACATATATAAAAGAGTGAAGCACATGGGTGATAAACTTTGTGACACCAGCTATTTGCG
TGCTAAGCGTCTCAGAAAGACCACCTTCGTCTTGAATTATATACGCATACGGTGCTTTTTATAATGAAAACACAGAAACAGATAAGATAATGAAT
TGCTAAACAATTTAAATTCATATAATTCAAAGCGAAAAAGCCCAGAATGTGTGAAAGGTGAATGAAATAAAAGTGCGAAAATAGTAATTAGTTCA
TTTCAATCACTTCGATCTGCCCTGGTTTTATTCATTCACTGAGAAAAGTTTATTTATTGCATTTAATCAATATTTCCCAGTTATTTTCCCTTTGC
TCAGTGTTCAATGCACTTAAGATTAAAGTAGTGCTGTACAAACACGTGTGTTTCAGATCGCTGGCGATATAGTAAATTTTCCACTTCATATATAG
AACGACGTCTCTAGCGGCTATAAAAATGTCAATAGTTAACCCATTACTCGCATGACAGTTGTGAGGCATAAATAACCGTGAAACTTGAAGTAAAA
CTTAAACATTTGGTTTATGGTTGAGAAACGCTGCCTATGACGCCATGGTCCATGAATCAACTCAGATTTGTGCAAGTATTCATAGTATTCATAGT
AGTCATATTGTAGCATTTATTATCACAATTTCGCCTGACTGGCGCCAAAGATTTGTGACTCCCCATAAGGATGCCTCCCCTCCACTTGAATCCTG
AATCACGCGACAAATTATCTATAGCTTAGAAAACGGACATGACACGATTTAGACTGTGTACCATGTACCCATGTACTATGTACACCACTCGCTGA
TCAAGGGATGAACCACGTTTTATTGCCCACCAGCGATTTGGCAAGACTCAGCACTTGGCAATTCCGACTGGAGCTGCCATAAAGCTGATAAGTGA
GTTACGGACAAGCTGTGTACACCAATTAGACGTCATGCCTATGGTGCGGCATATACAGATAGCGAGGTCAAGGCGTACAAGTGGCTTCCGATAAG
GCAAAAACGCCCCATTTCAAAAAAACCGGAGTGATTAAAGGCAGCCTCAGGCATTTGTACATACATACATCAATCATACTCCTCTAACTCGACAG
CGTGAAATTATCAAATCGGGCCAAACGAAATCAAGCCCCTAAAAAGCGAGGGAAAAAACGTTTTTTTTTCGGATCATCCGTAAATTACGGACGGA
CGGACGGATGGACGGTGTGTCGGTAATGGTTATCTGTAAAAACACTCGAGTCAATGCACCTGCTGTCAACACCTTCTATGTCAGGCATTTAAAGT
ATTGTGGTAATTAGAGAACGTGCGATTTCATTAGAACTAAGGCGACTAATTGGCACGAAGGCCTATTTCTTGGCTCACACCCGTTTCCAACCCGC
TCCGTTTGGTAGGGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGGGCACTTATTATTATTTTCCCCCCCGGAGTCGAGGGCTAGATTAGCAGCAAACTGGT
TTCTACTGCGACGCGGGGTCTGAAGTCTCCATAGTTCGCTTGGCGACTCGGAAACTCAGAAACGCTGTCCTAATACACCAACACCAGCGTAGTGA
ATAATGTTAATTTCGAATAACAATCCTATGCGTCTCTCTCTTCATTGATATAACAAAGTCTATTTACAATTATCATGGCGGCGCAGCAGCGAATA
TATATATATAATTACTATTTGAAGGTTGGCTGTTGTGCAATAACCCTGTTTCAAACAATGTTAGCAACTACTACGACTCTATATCTCTATATATA
TGTATATGAATGTATATAGTAAAGTATATATCCCACGTTCCGCACACCAGTTAGTGATCGTAATAAATGATAAGGAAACATACAGCGTCATCATC
ACCATCGCATTTTGGGCCGGATAACGATCTTCGATCTGCGGAACTACCCTGATCTGATGGAGAATGTAGAGAATATGACATTGATGGTTTCGTTT
TTTTGCATTGTATAGTGTGTTGTTTGGCTGGTGATTTAATTTGATTTGCTTTGATTTGATTGTTGGTATAATGATATTGTAGGGGGGTTATAATT
TTGAATGTTTTGATGAGGTTTACGTTACCTTAAACTCGACGTGGCTGAGGTCCCAGGTCGGTCGTATAACCTTCAACAGTTCCTTGGCCCCTTGA
ATTACGTCGGCCTCCTCAACAAATATGGGTACAAATGGTACAATTGCCTCTTTTCTGGATTTATCCTCCGGTTTGGCTCGAATATCGCGCGAATT
TTGTTCGTTTTCGTTTTTGTTTTCGCTCCCGCTTGGATTTGGATACGAATTGGAATTCGAATGTGAATTCAATTGGTTCTGGACCTGGTTCGATT
GCGATAGCGATAGCGTTTGCTGATTGACCGTCTGACGAACTAAGGATAAAGAATCTTTCATCACTTTGGGGTTGCCGCCACTTGTTGAAATCTGT
CCTGTGTAACTGTTGCTCTTGGTTTCTGTGCCCATTCTATTGTATTATATATGTGAAATACGAAAGTGTCAGGTCGGGTCATACATATAGAACGA
CAATAACATCAGCATGTAAAATGAGTAGGTAGGTAGGCGGTAGTTAAAAGCTAATCATCCGAATGCAAAACCAACCGAGAACCCAACCAAACCAG
CAAAGATATCCTCTCACCCCCCCACGCAACGAACCGCAGCCAAATGAAAAATTAAAAAACCCAGTAAGTATACTACGTCCATGTCCTCTCACTCA
TGCGCACCGAAACCAGAGTTTTGGATGGAGATGACCGCACCCAGTTAGTAGGATCTGCGTACCATGTGGGAAATAGCCCAAACACATCCACTTCA
CCACCACACGAATGAAACATTATTGTATCGTTCATACTAAATTTAATCTCAGTTTAAGGTTTATTTGTTTATATATCAGATATAGAAGATTGTGC
CAAAGTAAAGCAAAATCTACCTCCTAAACAAAAACTTATCTACATAATGATCAACACTTTTAGAGTCCCAAATGTGTAATTAACAATTATACGAG
AAAATATTCGCTAATTTGACAAGCAAATAATATATATGTACGTATATTCCATAAAAAATGATTACGGAAAATAAACCTTGAAATTGTGATAGTCA
ATTCGTTAACTGGTTTTCGCTTGATACAGGAAGTTCCTAATTTCAGTTATAGATAAACATGCTCTTTTACCCTCATTAAACACCAAAATTCGCAA
TATAGATAAAAGCTGCCTCAATGATACTTATTAATCATTAATCACGATGTAATGAATGATACAATTTGCAAACTAACAACTTGTTAATAGTTAAT

Celera Confidential - For Internal Use Only

FIGURE SHEET 178

AATAATACATAATGCAGCTCTAACTACACAAATTCATGCATGTGTGTGTATGTATGATGGACGCTTTTTGATTACCATTCTTCTTAGACCTTATC
GTTGACATTATCTACTGACTAGATCCATCATCTTGTCTTCATTTTCGACTATATCACGAAAAGCTGATTTAAAAATAAACTTTTTATTCGTTTAT
GATAAGCAAACATCTCGAATATTATAGAATCAAGTTGGTAATACTGACAACGGCTATTAGGTGCTATTATGTTACCCCGTGCTGTATTATGTCTT
CGAATGCGGCACAGCCGGGCGGAAAGTACACGTAGCCGTGTGTACTCGAATTATACGAAGGTGCGTAAGGCGATGACTATAAATCGGAGAAGGTA
ACGAGACAACATACGTATATGTATATGCATGGGATAAGGTAAGGGGGTCAAAATAAGTCAATAAGATCGCCGTGTTAAGCCAATGTCTTAAAATA
CAGGGCCGGAGCGAGAGGGTGGCTAAGTTTTTAATTTGATCAAAGGCAATTTTAAATCGGAATTATGCTGTATCCACTAAATTTTATTACAATTG
AAACTGTTTTGGGGGGTGACGCCCCAAAATGACCCCGCCGACTCCGCTCCTGGAGCCAGGGAATGCACCCACACTCGCGCACAAATAAATAGGGC
GTAAAATGCTAATCTTGTGAATACGTGAATGTACATACATGTGTATGTACATACTCCACGCAAATCAAGTGTACATTATGTACATGCGAACGTAT
GTAAGATCGGAAATCAGGTGAAAAGCCCAGGGCCCAATAGCACAGGTGGGGGCGGGCGCGTTAGCACGGGACATTTGCTTTAATATTAACATGTT
TTCTGTTTCGCACTTTCTTCATTTTTTCATCTTTATTTTGGTTTTTTAGCCAGGCCAAAAGTTTACGCATACAGTGGCAATGTGTGTAGTACGTG
CAAGGGTACAACTGCATGTGTGTGCATAGTAGGTGGGATTAGGGCTCATCTGCACGGGCTAAGTTTCCCTTATATCCCGTTATACTACTCGAATT
CTGTAAACTTAAATGTTGTGAATGAAACTAAAATATAAATAAGCTACATTACTTTGCCAGTCACATTATAGACCTCTTTTAAGCCTCAAAAGCGG
CGATTCCATGCGGAATTTAGGTCGTGCGAAGGGGCCTTAAGCGCGTTCTGGGTTAAGAACCCCCGCCCACGACCCCCTTACCACAACGACCCATC
CCACAATCCGAGCATCCTTTTTCCTGAACCCGGTGCGATATTTGTTGGTTGATTCGAAGGATTCCCATACCAGATTTTGATTCCGATTCGGTGGT
TCTGAATTCAGATAGTGATTCGATTGGATTCGATTTCATTCGACTGGATTTGATTCGTGTTTCGCATGCAATTTGAGTTTTGAAAACGACAAACA
AGGTAAAATAATAATAAAATGTGTACCAATATGTCAAGCGTCAACGAATGCAAACGCACACTGAGGTGAATTGTTAGTTGTCTACACACGTTACC
TTCGGGTATTGATTGTTTTTTAAAAGAAAACACAAAAAAAAAGCCGCGAAAATCACACAACCAGATTATCGATTTTGGCCCCCGCTGAAATTGGC
GCACACAACACACAAATTTGACTGGGGAACGAACAGCGGGCGATGCAAACGATTCGGTTCCGACTTGGAATATATAGCTGCCGAACTATCGGTGC
AACAATCGGATCGCTCAACCGGTCGCTCCATCTGCAGGGAATACCAAAACGCCTCAGTTAAGTGGCGCGCGAATGAAGGTACTTGCGCTTAGCCA
CCAGCTGGGCACACTGCACGAGCCTGCATAGAGTTTTTTACGAAATTATCACAATTTAGGAGTTTTCCAATTAGAATTGGAATAAGTTCGTACTC
TTAACTTGCTAACAAGTTGATTTTTAATGCAAAACTTTTCGCAGACAACTTTTCGACAAGAACAGTGCTGCCAGACTGTCAGACCGGCACCTTAC
TGGCGTGTTTTTATCACATTTTCTAATATTTCCAAGCTATTGAAATATTCCAAAGCTTTCTATCTGCACATTCTTTTTATATAGGTGTTCCCAGA
AAATCGCCTTAGCATGGAGAGTCGTGCTAATACGGCGTTGCCAGACTGTCATTGCATTTCTTGTTGCTCTTTGCAAGAGCCCGCCAAATGAAATT
TTTATTTGAATACAATTTATTTTTTTCTTCCCCCGTTCTTTTGCTTGTATAATATCCCAACTGGAAAATGTGTACTTTTCAATTACGAAACATGT
ACAATATATAGCAATAAAGTCCAGTAAAATCGTGGTATGTTTACAATTACTTTTTTGGGCCTGATGATACGTTGCCATTAAAGTGCAATGTCATA
CCACTAATGTAAGTTTTTTAACCCTTTATACCCCCCAATAGCTTGCCCATAATCCTCCCGTGAACAATCTTGAATCCCAAATGCAAGAACAAAGT
TCGAATATTCAACAGGAGCTCCGCCTAATGTATGATGACGCATGTATTTTATACAGATCAAATATTTTCATACCGTTTTACAGGGTTCCGAAGAA
TAGAAAGTGGTAATTAAAAAAAGTATGCATTCGGTTCACCGAATTCAATTTGAATCGTTTTCCAAGTCAAATCAGGTTGGCTACAATGAGCAGAC
AGAATGTGGGCGGCGACACCAGATAGTGTCGCCGAATGCATGGAAAGCGATTCAATGCAACGGCCTTCCATCGAAGAAGT
(SEQ ID NO: 322)

Exon: 8295..5349
Exon: 5183..5119
Exon: 2952..2384
Exon: 2310..1861
Exon: 1600..1001
Start ATG: 5735 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT11537
TGGAGCGACCGGTTGAGCGATCCGATTGTTGCACCGATAGTTCGGCAGCTATATATTCCAAGTCGGAACCGAATCGTTTGCATCGCCCGCTGTTC
GTTCCCCAGTCAAATTTGTGTGTTGTGTGCGCCAATTTCAGCGGGGGCCAAAATCGATAATCTGGTTGTGTGATTTTCGCGGCTTTTTTTTTGTG
TTTTCTTTTAAAAAACAATCAATACCCGAAGGTAACGTGTGTAGACAACTAACAATTCACCTCAGTGTGCGTTTGCATTCGTTGACGCTTGACAT
ATTGGTACACATTTTATTATTATTTTACCTTGTTTGTCGTTTTCAAAACTCAAATTGCATGCGAAACACGAATCAAATCCAGTCGAATGAAATCG
AATCCAATCGAATCACTATCTGAATTCAGAACCACCGAATCGGAATCAAAATCTGGTATGGGAATCCTTCGAATCAACCAACAAATATCGCACCG
GGTTCAGGAAAAAGGATGCTCGGATTGTGGGATGGGTCGTTGTGGTAAGGGGGTCGTGGGCGGGGGTTCTTAACCCAGAACGCGCTTAAGGCCCC
TTCGCACGACCTAAATTCCGCATGGAATCGCCGCTTTTGAGGCTTAAAAGAGGTCTATAATGTGACTGGCAAAGTAATGTAGCTTATTTATATTT
TAGTTTCATTCACAACATTTAAGTTTACAGAATTCGAGTAGTATAACGGGATATAAGGGAAACTTAGCCCGTGCAGATGAGCCCTAATCCCACCT
ACTATGCACACACATGCAGTTGTACCCTTGCACGTACTACACACATTGCCACTGTATGCGTAAACTTTTGGCCTGGCTAAAAAACCAAAATAAAG
ATGAAAAAATGAAGAAAGTGCGAAACAGAAAACATGTTAATATTAAAGCAAATGTCCCGTGCTAACGCGCCCGCCCCCACCTGTGCTATTGGGCC
CTGGGCTTTTCACCTGATTTCCGATCTTACATACGTTCGCATGTACATAATGTACACTTGATTTGCGTGGAGTATGTACATACACATGTATGTAC
ATTCACGTATTCACAAGATTAGCATTTTACGCCCTATTTATTTGTGCGCGAGTGTGGGTGCATTCCCTGGCTCCAGGAGCGGAGTCGGCGGGGTC
ATTTTGGGGCGTCACCCCCCAAAACAGTTTCAATTGTAATAAAATTTAGTGGATACAGCATAATTCCGATTTAAAATTGCCTTTGATCAAATTAA
AAACTTAGCCACCCTCTCGCTCCGGCCCTGTATTTTAAGACATTGGCTTAACACGGCGATCTTATTGACTTATTTTGACCCCCTTACCTTATCCC
ATGCATATACATATACGTATGTTGTCTCGTTACCTTCTCCGATTTATAGTCATCGCCTTACGCACCTTCGTATAATTCGAGTACACACGGCTACG
TGTACTTTCCGCCCGGCTGTGCCGCATTCGAAGACATAATACAGCACGGGGTAACATAATAGCACCTAATAGCCGTTGTCAGTATTACCAACTTG
ATTCTATAATATTCGAGATGTTTGCTTATCATAAACGAATAAAAAGTTTATTTTTAAATCAGCTTTTCGTGATATAGTCGAAAATGAAGACAAGA
TGATGGATCTAGTCAGTAGATAATGTCAACGATAAGGTCTAAGAAGAATGGTAATCAAAAAGCGTCCATCATACATACACACACATGCATGAATT
TGTGTAGTTAGAGCTGCATTATGTATTATTATTAACTATTAACAAGTTGTTAGTTTGCAAATTGTATCATTCATTACATCGTGATTAATGATTAA
TAAGTATCATTGAGGCAGCTTTTATCTATATTGCGAATTTTGGTGTTTAATGAGGGTAAAAGAGCATGTTTATCTATAACTGAAATTAGGAACTT
CCTGTATCAAGCGAAAACCAGTTAACGAATTGACTATCACAATTTCAAGGTTTATTTTCCGTAATCATTTTTTATGGAATATACGTACATATATA
TTATTTGCTTGTCAAATTAGCGAATATTTTCTCGTATAATTGTTAATTACACATTTGGGACTCTAAAAGTGTTGATCATTATGTAGATAAGTTTT
TGTTTAGGAGGTAGATTTTGCTTTACTTTGGCACAATCTTCTATATCTGATATATAAACAAATAAACCTTAAACTGAGATTAAATTTAGTATGAA
CGATACAATAATGTTTCATTCGTGTGGTGGTGAAGTGGATGTGTTTGGGCTATTTCCCACATGGTACGCAGATCCTACTAACTGGGTGCGGTCAT
CTCCATCCAAAACTCTGGTTTCGGTGCGCATGAGTGAGAGGACATGGACGTAGTATACTTACTGGGTTTTTTAATTTTTCATTTGGCTGCGGTTC
GTTGCGTGGGGGGGTGAGAGGATATCTTTGCTGGTTTGGTTGGGTTCTCGGTTGGTTTTGCATTCGGATGATTAGCTTTTAACTACCGCCTACCT
ACCTACTCATTTTACATGCTGATGTTATTGTCGTTCTATATGTATGACCCGACCTGACACTTTCGTATTTCACATATATAATACAATAGAATGGG
CACAGAAACCAAGAGCAACAGTTACACAGGACAGATTTCAACAAGTGGCGGCAACCCCAAAGTGATGAAAGATTCTTTATCCTTAGTTCGTCAGA
CGGTCAATCAGCAAACGCTATCGCTATCGCAATCGAACCAGGTCCAGAACCAATTGAATTCACATTCGAATTCCAATTCGTATCCAAATCCAAGC
GGGAGCGAAAACAAAAACGAAAACGAACAAAATTCGCGCGATATTCGAGCCAAACCGGAGGATAAATCCAGAAAAGAGGCAATTGTACCATTTGT
ACCCATATTTGTTGAGGAGGCCGACGTAATTCAAGGGGCCAAGGAACTGTTGAAGGTTATACGACCGACCTGGGACCTCAGCCACGTCGAGTTTA
AGATCAGGGTAGTTCCGCAGATCGAAGATCGTTATCCGGCCCAAAATGCGATGGTGATGATGACGCTAGTTTTACCGATGGCATCACAAACAAAC

TGGTCGGATGTTTTCATAAGGAGATCTCCAAACTGAACGATGAGAACGGCGGATCGTATTTACCTATCAAGACGCAGGGTTTGTCGCCCGTTCAG
TCCGAGGATCCAGTCATCATTGAGAAGGAGGACGATGATGAGTTCACAGACGATCGGGCAGCGGACGACGGGTCACCTGTACAGTACTCCGATAA
CGTAGTGCTCGTCAGGATATACGGTAACAAAACGGACCTACTGATAGATCGCAAGGCGGAGACGCAAAACTTTCTTCTACTGCATACGTATGGGC
TAGCGCCATCGCTGTATGCCACGTTCAAGAACGGTCTCGTCTACGAATACGTACCTGGAACCACCCTGAATACGGACAGTGTGCTCTGTCCAGAA
ATTTGGCCCTTGGTCGCCCGTCGCATGGCCGAGATGCATCGCAAGGTGAGAAAGCACGGGGATAGTTCGGCGACCAAACCCATGCCGATGATTTG
GAAGAAGACGCAGAGCTTTCTTGATTTAGTACCTGAACGTTTTAGTGATGCTGAAAAACACAAAAGAGTGAAAGAAACGTTTCTACCTATCGGCC
GCCTGCGCGAGGAGTTCAACAAGCTATATGAATACCTCGAGGCTCTGGACAGTCCGATTGTCTTCTCCCACAACGATCTTCTGCTGGGAAATGTG
ATCTATACGCAGAGCCTGAATACGGTGAACTTCATCGACTACGAGTATGCCGATTACAATTTCCAGGCCTTCGACATTGGCAACCACTTTGCGGA
GATGTGCGGCGTGGATGAGGTCGACTATTCGCGCTATCCGAAGCGCGAGTTCCAGCTCCAGTGGCTGAGGGTCTACCTTGAGGAGTACCTACAGC
GCAGCAACATTCAAAACGACGAAGTCGAACTGCTCTATGTCCAGGTCAATCAGTTTGCGCTGGCATCGCATATCTTTTGGACGGTGTGGTCCCTG
TTGCAAGCCGAGCATTCCACTATCGATTTCGACTACGTAGGCTATGCATTTCTTCGTTATAATGAGTACTTGGCTCGAAAGGTGGAGTTTTTGTC
ATTGACTGCAGCTAAGAACAATAAGTGATTTCTCTCTCCCGGCCACTCAGCGCATTGGGAGTTACTACATTATGTGCCCAGTGATATATGTATAA
ACTAAGGCTGGAACGGGTCTCAATGTTATACATATGTATATATATAACGTGTGTTCAGAAATCAGAAACAAAAACCGAAACAAACTTAAATTAGT
GTCGTGTTCGTGCCAGCCTTAGTGTATGTACAGTGCTCACTCGAAACAGTGGACTATTGAGAACCAAGGGTGTGCACTGAATCGAATTTGTTCAC
TATAACGAATCACAGAAAAAATAAACAATTTAATATATTTTTCAAAAACACCACGTTTGAAAAAATTTAATTTTTTTACTAAGTTAAGCGAAAGT
TTCTAAAATTTCATAAATTAATCGTTCACTTTTACTAAAAAGTTCACATATTCGAGTGTTCACTCTTAAGGGAGGGCACTGTATATATAAAGAAT
TTGTATATGTTCTTTAATTTGTATAAATTGATATTTTGTAGTCATAATAAAGCGAAGGTATGTACTTTAAA
(SEQ ID NO: 323)

Start ATG: 2561 (Reverse strand: CAT)

MGTETKSNSYTGQISTSGGNPKVMKDSLSLVRQTVNQQTLSLSQSNQVQNQLNSHSNSNSYPNPSGSENKNENEQNSRDIRAKPEDKSRKEAIVP
FVPIFVEEADVIQGAKELLKVIRPTWDLSHVEFKIRVVPQIEDRYPAQNAMVMMTLVLPMASQTNWSDVFIRRSPN*
(SEQ ID NO: 324)

Classification: enzyme
Gene Symbol: eas
FlyBase ID: FBgn0000536

Celera Sequence No. : 142000013384645
ATATTCGATCGATTGAGGGCGGTGCGTCGGGAGATCGTGATCCAGATGTACGATGCCAGTCAGAAGATTTGCCTGTTAGAGCCCATTGTGATGTT
TCTGGCATATAGTCGCTATCGCTTGTGTGAGGAGCCCATCGAGAAGTTCGATCTCAAGATATGCAATCAGCATTTGCAAGAGTGCCTCACGGGAG
TGCTTTGCTGTTACGAAGAACTGGAGGACTTGGAATCATCTAGAGAACCCACCGTTCGTGAGCTTGAGCGGCGCTGCTTCATAGAGAGCCTGTAT
CAATTGTTTAATCTGGGTTCTCCCGAGTCCTTTACACGCGCCCTCACCTTACCGGACTATGTGCGTCGGGATGCGACGTTTAAGCTTTGTTTTGG
GATCTGTTTGGCCTTCCAACAGGGCAATTTGTATAGAGTGCTCATGGGTGTGCCACAATTGCCGCATATTCTGTGCGCGGTAGCTGCCGCCAAGT
TGCAGGTGATAAGGAGGTACAGTATAACTTTTTCTATTGGATCTCTTATTGACATGATGCATTTTTAATGTAAATACATATGTATGTATGTATAT
TTGCAGGAGTTTGTTGCAGATTTTCACGCATGCCTACAACAACAAACAGCTTACGGTGCCGGTTCCTTACTTGTTGCGTTTACTGTTGTTCGATG
GGCCAACAGGATTGCAGGACCAATGTCGGCATTATAATATATCCTTAACAGCGGATAGGAAGGCGGTGCAATTTAATAAGACTGATTTTAACCAC
AATGCAGAGGTATTTACACCCCAACACGAGCGCTTTGTGGAGTCGAAGCTGAAGCGTATTTATATTCCAGAAGTTCTATTGCTAAAGAAATTTAA
CTAGTTATTTATGAGCAACAATTGTAAATAGCTCGAAATAATAGTAAAGCCATGGAGATTAATTTATTGTTATTGCGCATTTGTTTTCTTGTCGG
GTGGCAACCCTGGTGGCAGAACAACAAACCTATCGCTTATCGAAAGACAGAACGCCGCGGTATTTACAGCTAATAAATGGTTTGCCAGTTGGAGG
TTAATAAAATGCAATTTTTGAATAGTAGTTAAGATTACATTTGTGCTGTTTTGCGAAGTAATGCGAAGAGAATAACCAATCTCCGCTGAATAAAC
CGCTTAAGATATACACAAAGCGCGCGCAGGGTTGCATTGTGGCGCCTGTCGCTGCACACTACACACACACACACCCCACACACGCAACGCGAGAG
AAAGTACCGAGCCGTTTCTGGAAAATACAATTCCGCCATATTAACCGGCAAAATTCAAAATATTTACACTGCCCGAGGTGAGCGGGATCGAGGTG
GTCATCCAAAGCGAGAATTAACCCGCCATTGGGCAGCAGGAGAGTGGCGGGCGGAGCGGAGCGAGCGGTACGCATCATTCGCCGTCTGCCGCCGC
CGTCGCACAATAAACGATAGGCATTGGCCACAAAAAAGTGGAAAAAGAGGTGGAGGGAAAGGCCAGTTCAGTGCAGCAATACCGACGAAAACACG
TACGTTTGTCCACTTTGGAAGTCTGGCGAATATATAGAGATATATACATAATACGGATTTTTGGCCAGATACTAATTGCCCACTTTTTCCGCAGC
GCGCTCGCACACACAACACTAACACTCACGCACGAAGCAAGAGCGCCCACAAATACAAGCATACAGATACAGGCACACAGACAGGCAGACGGAGC
AGCCGCGATGACAAGTCATCATCATCACGTCGGCGTCGGAGGGAACTTCCAGCCTCAACTGCATCAGATACGAGCGCCCATCGTGAAGAATCTAT
CGCTGGCCGCTGCGGCGGTACCGTTGCCCCTGCACTCCGCCCCGTCGTCGGCATACTTCACTCATGCACACCAGCCTACGGCGGCTACCATAGTC
GAGCAAGATCCGTACACCGTTTTGGCGGGCGATCCGATGGGCGAGGAAAGCGAGAGCTTCCTGATCGAGGAGATCATCGACGACTATGATGATGA
GGCTAATATCGTCGTAGACTCAGGCGAATTCTTTGAGCACTATGAATACTATCCGGTGGATCGGCTGGACAGACTTACCTCGGTCACGGTGGCTA
CGGCAGATGCACTGCCGCCGCCGATCATCATGCAGCAGACCAGCGACGATGAGGAATTCATCGAGGAGGATGGACAGCAGATGACATCCTCCTGC
GATGGCGATGGCGATGAGGATGATGAGGCTACCGCGCCGGCTACGACAAATGCCTTCGAGATTGCCTCCGAGATGCTAACCACCATCGAGGCCAC
AAACATCAAGGAGGAGCAGCTCGAGAGCGACTTCTATATGAAGGCGACCGAGGATTCAAACAGTTCGAATGGCCAGCTGCAGGATTTTAAGCTAT
TTGGAAGCAGTCGCGTCGAGAGGCCCATGGGAAATTCAGCGGCCAAGCGCTGGAAGCAAACAAAGGTACCCATACGCATAACGCAGGATGAGTTC
AATGTCACCCTTTGGTCCTCGCTCAACTCGGAGGATGAGGACGAGGAGGAGGAGTTGGAGGAACCACCTGGTTGTGCTGGCACCACATCCGTGAC
GTCCTCCTCCGCCGCCCAGAATGAAGGATCACCCAGCATGCCAAAGCTTATTATTGACGAGCACATGATCAACCACGATGTTTTAAGCGATGGCA
TCGGCAACGAGTACGTCATCCTACCCGATCCATTCAGCGCCTCTGCGGTCACGGATGTGGAGGAGGTGGTTAATGCATTTATGGGCGATGTCAAA
GGCGAGGAGGACAGCCAGCCGCTAAGTGAACAGTTGATCTATGCGGAAAACCAGTTGGAAGAAGCTTATGGTAACATCGAGCTTATCGAGAACAT
GCCGAATAATGTGGAGCTGATACAGACACCGGGACCAGGTCCAGCCACTGTGTCGGTAGCGCTATCGAAGGTCAACGGATGTGTACCGAATCCAC
AGCCGGCTCTCCCAAAACTAGTGCTCCAGAACAGCAGCACCAATGTGCGACTGAAAAGTGCGGGAAATCAGTCAAAGGTGACAAAGAGGCAACTC
ACGGCGGCGGCTCAGGTGGCGACACCAAATCCCCCACCGCCACTAGTGGCTTCCAGCAATCCAGCCCGACCCCAACGACCCACAATTGTAACCAA
ATTACCGACTGCAGTGGCCAATCAGACGGCTGGTAATGCCATGGGAGCAGCTGGCGCGGCCGGCGAAGAGGATGAGGAGCCAAAGTTTCGCTGCA
CCCATCGCGGCTGCAACAAGGAGTTTCGCAACCACTCGGCCATGCGCAAGCACATGCACACGCACGGACCGCGCGGTCATGTGTGCAACGTCTGC
GGCAAGAGCTTTGTAGAGAGCTCCAAGCTAAAGCGCCACCAGCTGGTGCACACCGGCGAGAAGCCCTTTGAGTGCACCTTTGAGGGGTGCGGCAA
GCGCTTCTCGCTGGACTTCAATCTGCGCACCCACGTACGGATACACACTGGCGATAGGCCCTACCACTGTCCCATTGATGGCTGCTCCAAGTGCT
TCGCCCAGTCAACGAACCTCAAGTCCCACATGCTGACGCACACGAAGCCCAAAAGGAAGTGGCCGCGCGCACCGCAAGTGAGCAACAACAAGACA
CCGCTGGTGGCCAGATACGGGCGACTGGAGTTTGGCGAGGATCCTCGTCTAGTGTACGTAGAACAGAACGAGGAGGTGGCGTCGGTGCTGCTGGA
TGGCACGTCCCTAACATCCTAACTAGTAGTGCGCTTTAATGTGTGGCAGGTATTGGCATGAGATGGTTAAAATATTAAAGCTCCTTTGGCTCCGG

AAGGCATTATTGTACAGTTAGTTGTAGCCAGTTTTTATCTGTATCTGTAACCTGTAACGAGCGGAGCGGCCGGACAAGATTGTCACCTGGTGAAC
ACATCCGCCCGCTGCCCGCCCTTTAAGTAAGTAGTGTAAGTTCATTCTCTAACAAAATAGGATTGCAGTGCAAAAGGAAGTTAGATGGTAGCCAT
TAATTAATTTCCTTCACGGATGAAGAGCAGTTCTAAGAGTTTAGCTTGTACCGTAGGCTAAGTGAGTCCCCCCGCAAAACCAAAACTGAACCGTA
ATCCCCGAAGAACTCAGCCAAACTGTCACCTTAAAAAGCCCCAATTTGATCTGATACTAATCGTGTGCGATCTTCGCTCGAATAACAAAACGCGC
ACTTTCTTTTCTACGAAAACAAAACAAACAAAAAAATAAGAAAAATACACAAAACTAGTTTTACCATATTCAATACGCATACACCATAGGCTATC
TATATATTTTTGTAATGAATTATAACACTTAGAGCATTGAAGTACGGATTTAGCATGTTCAACGTCTGTTGGCGCTAACAATAATTCACAAATGG
AAGCACATCAGTTAAGTCGGAATAAACAAGGGAAATACCTCTTCAAAATTAAACAAAAATAAACCAGGAAAACAATGCAACAACACTTGCGTATA
TCATTTATCATTTCTTTTTTTAACTATTTCACAGTGCGATTGTGTAAGCGTTAGATTTATTAACTGACTTTAAACTTGTAACTACTGCTAGATAA
CTACATTAAACGGTGAGGCAGCTATTGATGGACAGTCGCCGGGTGTTGTCCACTTCAGATTCGGATCAGCAAGCGATTAGATCGCCTCTTTGGAC
ATGTGTCGCCTACAGCTACGTTCCATTCATTGATTGCGGTGTATAAACGCGTGCGGATTAGATAAAGCATCGCGGCGAGGTACAGATACGCGGCT
ATTTTGGATATTGGAACGGAGAACAGTACACACGATTGGTCTGGGCATGGTCTGATCGGTATTTTAGGTGACCTTGAGCCCATGTCCTTGAACTC
CGGGAATAATATCCGCGATGGAGGCACTTGTTGGGCCAATCAATCCGGCCAGCGAGAGCAGCACGGAGTAGTTGAAGTACCAGAAAACGCAGAAG
AGTACCATGAAAATGACGTCTGCAATGAACCGAGAGCAATAATAACCCTGATAAGCGTATAAATTCTCCAGAAGCATGACGAATCCGTCGGATAT
TCCCAACTAGTTCGAGGGTGTGCTATTTTATTAACAGCAATTAACACTCACGTATCGTTATCCGCTCCCACTTTTCAACCATGTACAGCTCGGTG
ACCTGCAAGTTAATGGGGTTCATTTAAATCAAAATCCCGTGGAGCGCAGCTTCTCAGGTGGAATATGTGCGTAATTTTA
(SEQ ID NO: 325)

Exon: 1001..1519
Exon: 1615..3411
Exon: 3478..4209
Start ATG: 1718

Transcript No. : CT11601
AACGCCGCGGTATTTACAGCTAATAAATGGTTTGCCAGTTGGAGGTTAATAAAATGCAATTTTTGAATAGTAGTTAAGATTACATTTGTGCTGTT
TTGCGAAGTAATGCGAAGAGAATAACCAATCTCCGCTGAATAAACCGCTTAAGATATACACAAAGCGCGCGCAGGGTTGCATTGTGGCGCCTGTC
GCTGCACACTACACACACACACACCCCACACACGCAACGCGAGAGAAAGTACCGAGCCGTTTCTGGAAAATACAATTCCGCCATATTAACCGGCA
AAATTCAAAATATTTACACTGCCCGAGGTGAGCGGGATCGAGGTGGTCATCCAAAGCGAGAATTAACCCGCCATTGGGCAGCAGGAGAGTGGCGG
GCGGAGCGGAGCGAGCGGTACGCATCATTCGCCGTCTGCCGCCGCCGTCGCACAATAAACGATAGGCATTGGCCACAAAAAAGTGGAAAAAGAGG
TGGAGGGAAAGGCCAGTTCAGTGCAGCAATACCGACGAAAACACCGCGCTCGCACACACAACACTAACACTCACGCACGAAGCAAGAGCGCCCAC
AAATACAAGCATACAGATACAGGCACACAGACAGGCAGACGGAGCAGCCGCGATGACAAGTCATCATCATCACGTCGGCGTCGGAGGGAACTTCC
AGCCTCAACTGCATCAGATACGAGCGCCCATCGTGAAGAATCTATCGCTGGCCGCTGCGGCGGTACCGTTGCCCCTGCACTCCGCCCCGTCGTCG
GCATACTTCACTCATGCACACCAGCCTACGGCGGCTACCATAGTCGAGCAAGATCCGTACACCGTTTTGGCGGGCGATCCGATGGGCGAGGAAAG
CGAGAGCTTCCTGATCGAGGAGATCATCGACGACTATGATGATGAGGCTAATATCGTCGTAGACTCAGGCGAATTCTTTGAGCACTATGAATACT
ATCCGGTGGATCGGCTGGACAGACTTACCTCGGTCACGGTGGCTACGGCAGATGCACTGCCGCCGCCGATCATCATGCAGCAGACCAGCGACGAT
GAGGAATTCATCGAGGAGGATGGACAGCAGATGACATCCTCCTGCGATGGCGATGGCGATGAGGATGATGAGGCTACCGCGCCGGCTACGACAAA
TGCCTTCGAGATTGCCTCCGAGATGCTAACCACCATCGAGGCCACAAACATCAAGGAGGAGCAGCTCGAGAGCGACTTCTATATGAAGGCGACCG
AGGATTCAAACAGTTCGAATGGCCAGCTGCAGGATTTTAAGCTATTTGGAAGCAGTCGCGTCGAGAGGCCCATGGGAAATTCAGCGGCCAAGCGC
TGGAAGCAAACAAAGGTACCCATACGCATAACGCAGGATGAGTTCAATGTCACCCTTTGGTCCTCGCTCAACTCGGAGGATGAGGACGAGGAGGA
GGAGTTGGAGGAACCACCTGGTTGTGCTGGCACCACATCCGTGACGTCCTCCTCCGCCGCCCAGAATGAAGGATCACCCAGCATGCCAAAGCTTA
TTATTGACGAGCACATGATCAACCACGATGTTTTAAGCGATGGCATCGGCAACGAGTACGTCATCCTACCCGATCCATTCAGCGCCTCTGCGGTC
ACGGATGTGGAGGAGGTGGTTAATGCATTTATGGGCGATGTCAAAGGCGAGGAGGACAGCCAGCCGCTAAGTGAACAGTTGATCTATGCGGAAAA
CCAGTTGGAAGAAGCTTATGGTAACATCGAGCTTATCGAGAACATGCCGAATAATGTGGAGCTGATACAGACACCGGGACCAGGTCCAGCCACTG
TGTCGGTAGCGCTATCGAAGGTCAACGGATGTGTACCGAATCCACAGCCGGCTCTCCCAAAACTAGTGCTCCAGAACAGCAGCACCAATGTGCGA
CTGAAAAGTGCGGGAAATCAGTCAAAGGTGACAAAGAGGCAACTCACGGCGGCGGCTCAGGTGGCGACACCAAATCCCCCACCGCCACTAGTGGC
TTCCAGCAATCCAGCCCGACCCCAACGACCCACAATTGTAACCAAATTACCGACTGCAGTGGCCAATCAGACGGCTGGTAATGCCATGGGAGCAG
CTGGCGCGGCCGGCGAAGAGGATGAGGAGCCAAAGTTTCGCTGCACCCATCGCGGCTGCAACAAGGAGTTTCGCAACCACTCGGCCATGCGCAAG
CACATGCACACGCACGGACCGCGCGGTCATGTGTGCAACGTCTGCGGCAAGAGCTTTGTAGAGAGCTCCAAGCTAAAGCGCCACCAGCTGGTGCA
CACCGGCGAGAAGCCCTTTGAGTGCACCTTTGAGGGGCCCTACCACTGTCCCATTGATGGCTGCTCCAAGTGCTTCGCCCAGTCAACGAACCTCA
AGTCCCACATGCTGACGCACACGAAGCCCAAAAGGAAGTGGCCGCGCGCACCGCAAGTGAGCAACAACAAGACACCGCTGGTGGCCAGATACGGG
CGACTGGAGTTTGGCGAGGATCCTCGTCTAGTGTACGTAGAACAGAACGAGGAGGTGGCGTCGGTGCTGCTGGATGGCACGTCCCTAACATCCTA
ACTAGTAGTGCGCTTTAATGTGTGGCAGGTATTGGCATGAGATGGTTAAAATATTAAAGCTCCTTTGGCTCCGGAAGGCATTATTGTACAGTTAG
TTGTAGCCAGTTTTTATCTGTATCTGTAACCTGTAACGAGCGGAGCGGCCGGACAAGATTGTCACCTGGTGAACACATCCGCCCGCTGCCCGCCC
TTTAAGTAAGTAGTGTAAGTTCATTCTCTAACAAAATAGGATTGCAGTGCAAAAGGAAGTTAGATGGTAGCCATTAATTAATTTCCTTCACGGAT
GAAGAGCAGTTCTAAGAGTTTAGCTTGTACCGTAGGCTAAGTGAGTCCCCCCGCAAAACCAAAACTGAACCGTAATCCCCGAAGAACTCAGCCAA
ACTGTCACCTTAAAAAGCCCCAATTTGATCTGATACTAATCGTGTGCGATCTTCGCTCGAATAACAAAACGCGCACTTTCTTTTCTACGAAAACA
AAACAAAC
(SEQ ID NO: 326)

Start ATG: 623

MTSHHHHVGVGGNFQPQLHQIRAPIVKNLSLAAAAVPLPLHSAPSSAYFTHAHQPTAATIVEQDPYTVLAGDPMGEESESFLIEEIIDDYDDEAN
IVVDSGEFFEHYEYYPVDRLDRLTSVTVATADALPPPIIMQQTSDDEEFIEEDGQQMTSSCDGDGDEDDEATAPATTNAFEIASEMLTTIEATNI
KEEQLESDFYMKATEDSNSSNGQLQDFKLFGSSRVERPMGNSAAKRWKQTKVPIRITQDEFNVTLWSSLNSEDEDEEEELEEPPGCAGTTSVTSS
SAAQNEGSPSMPKLIIDEHMINHDVLSDGIGNEYVILPDPFSASAVTDVEEVVNAFMGDVKGEEDSQPLSEQLIYAENQLEEAYGNIELIENMPN
NVELIQTPGPGPATVSVALSKVNGCVPNPQPALPKLVLQNSSTNVRLKSAGNQSKVTKRQLTAAAQVATPNPPPPLVASSNPARPQRPTIVTKLP
TAVANQTAGNAMGAAGAAGEEDEEPKFRCTHRGCNKEFRNHSAMRKHMHTHGPRGHVCNVCGKSFVESSKLKRHQLVHTGEKPFECTFEGPYHCP
IDGCSKCFAQSTNLKSHMLTHTKPKRKWPRAPQVSNNKTPLVARYGRLEFGEDPRLVYVEQNEEVASVLLDGTSLTS*
(SEQ ID NO: 327)

Name: zinc finger protein
Classification: transcription_factor

Celera Sequence No. : 142000013384689
ATCGTTAATTGACTTGAATTGCGGCACCACATTCAGATAGCGGAAAGTACTGCCCATCTGGTCCGTGAACAGGAAGTCCGCGGAAGCCACCATAT
GTCCTCGATTAATCACCAAGTAGTTGGCATTTTGCAAGTAGGACTGGTCATCACCGTAAATGCATTTGAACGCAAAATAGATGTTGGACTTCATG
TAGGCAGCAGCCTCCTGCGGACTGAACATCTCATCCGCCACAAACTCCACAAATGGCCGCTTCGGAACTATAACTCCTTACACTATACTAGGGGT
TCAAAAGGCCAAACTTTGTGATTTACTCACAAAACGTTTTGTAGTAGACATCGCTCTGCGAGTACACGAGTCTTCCCTGCCCGCAATCGAAACAT
GTGCGATACAGCTCCAGATCCTTGCCATCTATGGTATATCCCACGGCATACAGGTTCCCCGCACAATCCCCATCGCGAATATGCTTGGTCACCGG
TTGCATTGGACTTAAACAGCGCATGGGCAGTGGGACCGAGAACTGTCCATTGTCCTGGCAAACAGTTTCTTTGAAAACCGAGGGACTGCAGTACA
CGAGTAGAGTGACACCGGATGGAACTGTTTCCAAGCGCTGCAGCTGGATAGATCCGCTCGCATCGCGATAGGTGAAAATTCCATTGGATTGCTCT
ACCATATATTGTAAAATTTGACAATCGCCGTGCACTTCCCAAGCTGTCGATCATGTGCCAAATCATGTGCCAAATTCACAATCTTAAAAAATAAT
TTTTCAACTCACCCAGAAAGCATATGAAATATATGTAAATAAATAATGTGATATAGGAGCAATCCATAGGAGCAATTTTCATATACTATGAAAAT
TTTGAAAAAATGCCAAATAAAGAAGTTAAATGTACTAAATTCCTAAATCGGAAGCTTCTATCGATACATTCTAGTTAGCAGTTAGTTCAACATAC
TATTTTATAGAAGCCATTTCGGAAGCAAATTTCGGAACCTATTAAATAAGTAACCACATTTTTTTTGACAGTCCACTCGTGGATAACACTTTATT
GCTTCTATCACATACAAAAGTTGTTGTTTGGTTGCTAGTTGAACTCTGCTTCGAAACAATTGATCAATTCTTGTATTCGTGGTACTGTACTTCAA
GATAATAATCAGTATTTAAATTTTTTTTTGTTTTTTGGGTTTTTTCTTTCTACTTCAAACAATTGATATTGATGTGGTTCTACAAACAAATATAT
AATAGTTCTTTATGTGATAAGCATACGCCATAACGATAAAAGAAATTAAAAGTAGGAAAAGAACGAATCGAAATCCAATCGCATCGGAGAATTAA
ATGTGCATATGTAGTCGTATATCGTAGGTGGTATAAAATACATATAAAATAAACAAAACTTAAAATGAGAACTGAAAACGAAACTTAAATATTTT
GCACTAGTTCTTTAACAAAGATTTTAGGGAACAGGGTTAGAGGCTGCTTGCTTTTTACTTGTTCAAAATTGCTGCGCGAAATCTCATACAAATTA
AAACCTATATAGAAAACGGTTTCGATGTGCCATCTTACTGCGTGTAAATGCTATAAACTATACTTGATTGCTCGGGTGGTCTCTACTGCAGTGCA
TACGCGTTGCCAGAACATCGCTTAGTTGTTGTCCTGCTTGTTGATCAGCTTAAGGATCACCTTGCCGGCCTGCACCTCCAGCGCGTAGAGGCTGC
CGTCCTTGATCTCGTTGTTCAGCACCTCGTCGGTGATGGTCACAAGGATGCCCGATGGCCCCGATATGTACACGCAGCTCTTGTTGGCGTCGTTG
AAGATATTGGAGCCGCTGCCCGAATACTTGGAGTGCATCCCCCAATTGTTGAAGAGTGCTGCAGCAGCTGCAGTGGCTGCTCCACCGGCTCCGTT
CTCCTGGGCACTGGCCTTGGCCATGAACTCGTAGAAGCCGGGCATCTTGAAAAGCTTCTGCTGCAGCTCCTTGGCCGTGTTCGACAACAAGTAGA
TGGCATTGTAGCTGCATCCATCCACGCTGGCGTACAACGTTAGCCTGGGAGCAATAGTTCTGTTGGAAGGATCACAATTAGAACAAGTATTTGAG
TTTTTCAATATGGTTACACTCACTTGGCGCGCAAAATGTTGAACATGCGAATGCCATCGGCCAGGCCGCAAATTTGAATCAAATCCTCCTTGGAC
ATGCTAAAAATAATTCGAAATTATAAATAAGTCGGAAGAACAAACAAATTTCAAATGTGTGGTGTGGCACTAGTTAAAGATAGAACTATTACATA
CATAAACCTATAAAATGCATACATAAAGTAATAACGATCAAGTATCTGACGGAGTAGTCCAGCTATCTAATCAAGGTATTTAATAATCAAAAACT
TTATGGTTTGATTGGTCGTAATCAATTGGATGTGAAATCATATTGTTCCTTAGCTGTTTTCTTTTAGTTCCGCTATCTGTTATATGTCTGTCAAC
AAGATAACACAACTAACTGATTAAAAAATTATATGGTTTATCGCTTGATTGTAAGAAATGGTAATCAAAAACACCTAAGTACTCGTAGCTTAGCA
GACAAATAGGGGCGTGACGATAATTAAAACGCTTTTATATATAAGTCAGTGAGTTGGTTGTAACTTCAATCGAACGATGCTTTTAATTAGTTTTA
ATTAGTTTTTTAATATTAGTTTGATAAAAGAAAACTACTCGACTCTCCTACGATTTGGTTGGCATAAAATTGGGTCACTTAGAAGCAGAAAAACT
ATAACATTAATTCGGTTCGAATTCCAGATCACATACCGCATGATATCCGCTCCCGAGAACTGTGCAAACGTTGAAAGATAGGCCGTGAGGCGATG
ATTGGTCAGCCACTGCGTCACTTGCGAGGGCGTCGATTCCGGCATTATGTTCTGGCTCTGAAATGGACAATAGTAAGTCATTTATTTAGTAAGTC
TGCTTAGGGAGCAGTGGGCAATGGCACCTACATAATCGTCCATGTCAGCGGGCACATGCTGCGGTGAGACCATGTTTGTGGCGTCCATCAGCTTG
AGGGTGGGCGAGTTGGTCGATGTCACCGAGTTGATGGCTATGGGGCTGCTGCTGGTAGCCGGCGATGCTGCACTTGGCGCAAACGGAAGCATTCC
ATCGTACTTGGGTATGTGCACGGGCGAGTTTGGCCAAAGTTTCATACTGCAAGGAAGAGGATACAGGAGGAGATTAGTACAAGCCAGCTTTAAGT
GAGTTCTTGCAGATCCTACAAATCCAATAGAGCTCGTTCCGTATCTGACGTTGGCAGGAGCGACGATCCTTCAGATGCAAGCGCATGTTCACGAA
TGCGAGGAACTCCAGCGCGGAATTCACAATTCGAATTTCCCATGGTCCCGCTGCTCCCCGGGTAATCTGGTTTGCTCTTCGCCAAGCCTTGCTTA
GAAGGCACCCGATACGCCCAGTTGCGGCTGATTGGCCAGACAAACCCGTTTTCCTTTCCACCGGGGAAATTTTACAGATTTGCGTCTTTCGCCGC
CCCCCATGATTTCCGGTTTTTGTGGATGGATAATACATAAGCGTAGGCTTTTCTGCACCTGATCGATATAATCGATCTCAACAATACAAGACCTT
ATACAATCCCCATATCATTCGCCATCATTATCTATAGTGCTCGGAATGCAAACAAACGAAATCATTGAACAGAGACCAAAACCAAAAACCGGTTA
AAAGCAACTTTAAACTAAAAATAACTTGGAGCAGACGCAATAACAACAAAGACCGCAGCGCAAAGTGCTCTTAACTGATCTCTTAGCTTTCCACT
ATCCTTCGGATTCTCTCTATAAATCTCTCTGGATCTCTTTCTCCCCATTTCTCCGGATCTCTCACCGATCGAGGTGTTCTCTCTTTATATGAAAC
ACGTATACACCCGCTCTCAATTCGATTGATCTTTATGATTTTGTGATCATGCAAATGACAAACTGAATGATTTTCATTTGCTCTCGTTATGGAAA
ATTTCCAACCAAATATCTGTAAATAGCGTTTTTCTATGCACACTAGATTCTAAATAAAATACATATTTAATAGAACCACAAAAAACAACGTGTAA
TCGCTTGGTTTGTTTGTTTATGTTTTAAATTCGCAAATAAACAGAAAGCTTTTGATC
(SEQ ID NO: 328)

Exon: 3142..2977
Exon: 2907..2792
Exon: 2188..2114
Exon: 2054..1001
Start ATG: 3033 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT11653
GTACGATGGAATGCTTCCGTTTGCGCCAAGTGCAGCATCGCCGGCTACCAGCAGCAGCCCCATAGCCATCAACTCGGTGACATCGACCAACTCGC
CCACCCTCAAGCTGATGGACGCCACAAACATGGTCTCACCGCAGCATGTGCCCGCTGACATGGACGATTATAGCCAGAACATAATGCCGGAATCG
ACGCCCTCGCAAGTGACGCAGTGGCTGACCAATCATCGCCTCACGGCCTATCTTTCAACGTTTGCACAGTTCTCGGGAGCGGATATCATGCGCAT
GTCCAAGGAGGATTTGATTCAAATTTGCGGCCTGGCCGATGGCATTCGCATGTTCAACATTTTGCGCGCCAAAACTATTGCTCCCAGGCTAACGT
TGTACGCCAGCGTGGATGGATGCAGCTACAATGCCATCTACTTGTTGTCGAACACGGCCAAGGAGCTGCAGCAGAAGCTTTTCAAGATGCCCGGC
TTCTACGAGTTCATGGCCAAGGCCAGTGCCCAGGAGAACGGAGCCGGTGGAGCAGCCACTGCAGCTGCTGCAGCACTCTTCAACAATTGGGGGAT
GCACTCCAAGTATTCGGGCAGCGGCTCCAATATCTTCAACGACGCCAACAAGAGCTGCGTGTACATATCGGGGCCATCGGGCATCCTTGTGACCA
TCACCGACGAGGTGCTGAACAACGAGATCAAGGACGGCAGCCTCTACGCGCTGGAGGTGCAGGCCGGCAAGGTGATCCTTAAGCTGATCAACAAG
CAGGACAACAACTAAGCGATGTTCTGGCAACGCGTATGCACTGCAGTAGAGACCACCCGAGCAATCAAGTATAGTTTATAGCATTTACACGCAGT
AAGATGGCACATCGAAACCGTTTTCTATATAGGTTTTAATTTGTATGAGATTTCGCGCAGCAATTTTGAACAAGTAAAAAGCAAGCAGCCTCTAA
CCCTGTTCCCTAAAATCTTTGTTAAAGAACTAGTGCAAAATATTTAAGTTTCGTTTTCAGTTCTCATTTTAAGTTTTGTTTATTTTATATGTATT
TTATACCACCTACGATATACGACTACATATGCACATTTAATTCTCCGATGCGATTGGATTTCGATTCGTTCTTTTCCTACTTTTAATTTCTTTTA
TCGTTATGGCGTATGCTTATCACATAAAGAACTATTATATATTTGTTTGTAGAACCACATCAATATCAATTGTTTGAAGTAGAAAGAAAAAACCC
AAAAAACAAAAAAAAATTTAAATACTGATTATTATCTTGAAGTACAGTACCACGAATACAAGAATTGATCAATTGTTTCGAAGCAGAGTTCAACT
AGCAACCAAACAACAACTTTTGTATGTGATAGAAGCAATAAAGTGTTATCCACGAGTGGACTGTCAAAAAAAATGTGGTTA

(SEQ ID NO: 329)

Start ATG: 110 (Reverse strand: CAT)

MDATNMVSPQHVPADMDDYSQNIMPESTPSQVTQWLTNHRLTAYLSTFAQFSGADIMRMSKEDLIQICGLADGIRMFNILRAKTIAPRLTLYASV
DGCSYNAIYLLSNTAKELQQKLFKMPGFYEFMAKASAQENGAGGAATAAAAALFNNWGMHSKYSGSGSNIFNDANKSCVYISGPSGILVTITDEV
LNNEIKDGSLYALEVQAGKVILKLINKQDNN*
(SEQ ID NO: 330)

Classification: transcription_factor

Celera Sequence No. : 142000013384479
AACAATGGTACAACCTTATCGGCTTTTAAATTTAATTCAGTCTTCACAACTTCAATGCTTTAAGACTGCTAGTTTAATTTGGGTAATAAACTTCT
AACAGGGTAAAAGTGGTGTGACACTAGTTTTTGAATTTGATATGCTAATATTAAAATACCATCGTGGGGTACAAGGTACATTTTACTAAATAAAG
ATCGCTTGGAACATAAACCTTTCTGTTCTAAGCACAACACTGGATAACTATGCAGCCGCAATAAGTTAGAATAGTTATATATCTTTTGGATAGCG
GAGTGTTTGGCCAGGGTGCGAGGATCTAGATACAAATTGAAGCCATAATAGTTCCATTATGGGGCGCACCACATTGCTGTCCGGACACAAATGCA
CCGAGCCCCTCGTGATGTGAGTTTAGGAAGGGCAATTGGTAATTACCAGCATGAGGGCCACCTCCGCCATGGGGGTGACATACAGGCACTGGTGG
AAAAGCGGAATCGCATCCACGATTTCCACTTGGGAGCCCTTCGATGTCTTCTCGGCCAGCAAGAGTCCGTTGACCGCCTGGTGTGGATACTTGGC
CGCGTGGAATATCAACTTGGCGTACGCCCGCTCCGAGACCTTGTAGTCGCACATTTTCTCAGAATATTATCTCAATTTATTCGGCAAAAAATAAA
ACATGAATTGGAAATTCGACAGCTAGAAAGTGTGACCGCGACGCAGCTGTTCAAATATACCGCAAACGTCAAATATACAATGAAAAATACTAAAA
TGGATGAGCATGGAATGGATTCCACAAAAAATGTGATCAAAACTATATTTGTTAATTATGTCTTTAACATTGAAAATATATTTATAACTTAAGTT
CTAGAAAATGGTTTCTAACATAGGTTGCAGTAGTCTGGTCACATCGATATGGGCGCGCAAACAATATGTGGATTCCACTTCAAATTAATTTATTA
CTCAAACTAATATTTAATTCTAACGTGAATGATGGAAAACATAACTGAATATGTGTAACATTTTATTTCTTAACTGTCCGTCTGCGTCTCGCTCT
TGCTTGGTTTTTTTCTCCGGTTTTTTATATATGTATATTGTAACTAAAAATATTTAGCAGTTCAGCTGAATGTCCGGTGGCAGACCAACCCGGCC
TTCCAATTGGATCCTTGAACACCATCAAACCACACCGATGGGGGAACTACGTCTGGCTTTCATTCAGTATTGCCTTGATGTCGTCGGCGTCAAGA
GTCTCGTACTTGAGAAGCGCCTCCGCAAGCGCTTTGTGCTCCCTGGTGTGTTTTCGCAGGATAGCCTTCGCCCGCTCGTAGCTGTCGCTGAGGAT
GCGCTTGATCTCCGCGTCCACGGCTTCAATGGTGTTGGGACCAAGGGTGTCACCGGTGCCCAGACCCTTTGACGCCTCGATGGTGCGAAGACCGA
CCTTGTCCGACATGCCCCAGTCCCTGACCATATGCGTCGCGATCGAGGTTGCCTGCTTGAGATCACTGCTGGCTCCCGACGTAATCTTGTCCGTG
CCGAAGACCAGTTCCTCAGCAGCACGACCGCCCATCATGGTGTCCATCATGGCCAGCAGCTGTGCCTTTGTGACATGGTAACGCTCCTTCTCCGG
TATGTAGGCGGTGTGTCCAAGGGAGGGTCCGCGGGGCATGATGGTCACCTTGTGCAGCGGATGCGACTCCTTGGTGTAGAAGGCCACAATCGCGT
GGCCGCCCTCGTGGTAAGCGGTTATGGTGTTGGCCTCCTCGTCCGGTAGACGAGCCTTGCGCTCGGGTCCCATAAGTACTTTGTCTCGTGCCGTT
TCCAAATGCTTCATGCTGACCGTTTCGGCTCCATCGATGGCAGCTCTGCCAAAATGTTAGAATTATTAGTACCGCTCTTCAAAATTGTGATTGAA
TAATACAACACAAGTTATTCCTTACCTTAACGCCGCTTGGTTAATCATGTTTTCCAGATCCGCTCCAGTAAAACCAGAGGTGCCGCGCGCCAGCA
TGTCCAAGTCTATTTCATCGTGCAAAATCTTCGTCAGATACAGAGACAATATCTCCTTACGTCCAGTGAAATCGGGCGTCGACACCATGACTTCT
ACATCAAATCGGCCGGGACGCAGCAGAGCCTGATCCAAATCGTCGCGACGATTGGTGGCTCCCAAAACAATGACGCCAGCGTTCTGATGGAAGCC
ATCCATCTCGGAGAGCAGCTGATTGATGGTCTGATTGGCGTAAGGATGCAGCACAGAGTTGGTTCGCTTGGCGCCCACCGAGTCGATTTCGTCAA
TGAAGATAACACAAGGGGCACGGGCCTTTGCTGCCTCTGCAAGATGATGTTCTTGTTTAGTTGAGCACTTTGGATAATTGAAATCTACTTACTGA
ACAGATCACGCACTCGTCTGGCTCCTTGGCCTACGAGCACCTCGTCGAACTCCGGTCCGGCAGCATGGAAGAAAGGAACTTTGGCTTCACCGGCG
ACGGCACGGGCCAGCAGTGTTTTGCCAGTACCCGGCGGGCCAACCAGGAGCACTCCCTTTGGAAGCTTTCCGCCCAAATTTGAGAACTTTTCCGG
ACTCTTCAGGAATTCAACGACCTCCTTGAGCTCCTGCTTGGCTTCGTCGCAACCCTTGACATCCTCAAAAGTGACGTTGATCTCCTCAGGGTCCA
CTTCAACCTGGTTGCCCAGTTGTATGCTGCTGAAAGAAAGGCATATCAGATGGGTAAAGCAAAACTAATAACGTGGAGGCTCACCGAAATACGGA
TCCATTGGAGGTTGTAAAGAAGCTCAGGAAAATGCCCAAGAACACGACGATAACGACGATAGTCTGCAAAGTCTGCGTGACAATTACTAGAATTT
ATTTATAACACTAAAGAAGACCAAGGCCTTCTGTGGTTTTCAAAGTAATCATGGTACACTTTGAATGAATTTAAACTCGTACCTTCAGATATTTC
ATAGTTTTTCCTGATTTTGGAGAGTCCTCCGAGTTAGCGGCGGCCAAGTAGCCCTCGGCAAAGGCAATTTTCAGGCTCTCCTGGAATACAAAACA
TTAGTACGGTTAACAATTGAGAGACCCTGTCGTCCTACGGCTTTATTAAATCCATGCTCTTCGGATTTGGCCAGCAGCCGTCTCAGTTTTTCAGC
CTGAAGGGGTGTGTCCCCATCCAGACGCTGGGGCGAGTTGGCCAGAGCATTCTTTAGTCGGGAGGTCATTGTGGGATTGCGCTTTTGTTCCGCCT
CAATGGAACGATCCGTCTTAAAGCCACGTATCTGATTTCTATAAAGAGCTAAATTTGAGATATAGTTCGTAGATACTTTCCGTATAATTACAGCT
GTTGTTGTGAGAAGAGCGGACGAAGAAGACCTGGTGTAATAGTTGGAATCACCTTGCTGAAAACATAAACCAGGATTAAGCGGAGCCTCGAAAGG
ATAATTTGCAATACGTACACATTGGCGCCTGTGGGCACGGAACCTGCTGCACCGGTTAGCGAAACTTCGAACTGATAATTTTGCAGCTGGACACG
ACCGATCTGTGTGGCCGACTCCTCCAACGTGACTCGGACATCGCGCATGGAGGGCAGCATGCTCGTCACCTTGGCCAGCACATCATCGACCAGCC
GCCGGTCGAGAATGCCATTCAGTCGAGCCGCCCTCTCCACCATGCCCTGTATACTGGCGCTCGAACGGCTCAGCAGGTTCCGCAGGTCGAGCACT
AGGTCATGACTCCGGCTGGACGTGGACGTGGACTTGGACAACCGGGCAGCTCCCGCGCTCCCGTGCAGCTTGGTTCGATTAACGGAGTAGTAGTG
CGGCTTTCTGCTGAAGTTGCCTAGGTACAGGTAGGGCTGTCACATCACATCACACGCAGTTCCCCGATTCCAAGTGTTGGGTGGTAGAAATGGAG
CAGTCAGGTGGGCGAATGAATGTATTGTCATCGGGCAGCACTTACCACGGAGTGTGTGGTGGTGGAAAACATTGCCAAAACTACAAATTTCAATA
AATTACAAGGGCAGGCTCAGGATCGCGGCCAGCAGACGACACAGCTGTAACTTTACTTGACAGCGAAAATGTCATAATCTCGTCGCGTCGTGCGC
GTTGCATCCCTGGTTCTGGTGGTGCGCGACTTTCCACCTCTTATCAAAGCACGCGTTCTCCAATTACTGGCAATTTTCAAAAGTGTATTCGTTTG
TCGACTGGTGGTTTTGATTTTATTCGATTTTTAATTTGGTTTATATATCTAAACTGCCTCTCCGTACAGTCAACGCTGCTGATAGTGTTGCTAAA
CTTACATAAATATATAAAATTTTGTATAAATAAAATGAATGATAATCAGCGCAAACTTTGCATTCTATAAAATGTGATTTGTTTACTACTAAGAT
CAAATGAAAGTCTATTCCAAATTTTACTTATATTGACAACAAATTCCATTGTATCAACTGTAAATGAATGTTGTCTTTGTTATTTAGTTTTAACT
TCTTAAAGAAAAAGGTTTTTAACCAGTTTAGGATAGACAAAGAGTCCCTATCGCAACCATCGTGCATAGATCGACCATCACTAGTTCTGGAGATG
TGCAGAAGTCACTGGCCCGTTTCGCCGGCGACCAGGGTTGGCAAATCGGCTGCGCCGGTAGTTGGTCCGTTATACATTTCACAAATTCCACATTA
AATTGTATCAGCATGGACTCCCCGCTGAACGATGGCTCTCACCATCCACCGCCGCACGCTCCCCACCCCCTGGTGAGTGCTCTACGGTCCTTAAA
CTGCCACTACCCAAACGTTTGCATCTATTTCAGGCGGACTATCAGTTTTCTGCGGAGGAGGTGAAGGCGTTACGTGAGTGCAACACTGAGTCTTT
CTTCCAGCGCAGCCTGCCTTTCGGCACTGGACTGGGCCTGCTGGCCTACTTCGGCGTCAAGAACGGCTATTTGCAGGGACACGTCAAGTACGGCG
CCGTGCCCAAGGTCGTGATGGGCGTCATTCTGGGCTACTTTGTGGGCAAGTTCAGTTACCAGCAGAAGTGTGCCGAGAAGATCATGCGCCTACCC
AACTCCCATC
(SEQ ID NO: 331)

Exon: 4045..3941
Exon: 3836..3439

Exon: 3381..3322
Exon: 3268..3079
Exon: 3025..2933
Exon: 2818..2745
Exon: 2686..2373
Exon: 2316..1926
Exon: 1850..1001
Start ATG: 3967 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT11787
TAAAGTTACAGCTGTGTCGTCTGCTGGCCGCGATCCTGAGCCTGCCCTTGTAATTTATTGAAATTTGTAGTTTTGGCAATGTTTTCCACCACCAC
ACACTCCGTGCCCTACCTGTACCTAGGCAACTTCAGCAGAAAGCCGCACTACTACTCCGTTAATCGAACCAAGCTGCACGGGAGCGCGGGAGCTG
CCCGGTTGTCCAAGTCCACGTCCACGTCCAGCCGGAGTCATGACCTAGTGCTCGACCTGCGGAACCTGCTGAGCCGTTCGAGCGCCAGTATACAG
GGCATGGTGGAGAGGGCGGCTCGACTGAATGGCATTCTCGACCGGCGGCTGGTCGATGATGTGCTGGCCAAGGTGACGAGCATGCTGCCCTCCAT
GCGCGATGTCCGAGTCACGTTGGAGGAGTCGGCCACACAGATCGGTCGTGTCCAGCTGCAAAATTATCAGTTCGAAGTTTCGCTAACCGGTGCAG
CAGGTTCCGTGCCCACAGGCGCCAATGTCAAGGTGATTCCAACTATTACACCAGGTCTTCTTCGTCCGCTCTTCTCACAACAACAGCTAAATCAG
ATACGTGGCTTTAAGACGGATCGTTCCATTGAGGCGGAACAAAAGCGCAATCCCACAATGACCTCCCGACTAAAGAATGCTCTGGCCAACTCGCC
CCAGCGTCTGGATGGGGACACACCCCTTCAGGCTGAAAAACTGAGACGGCTGCTGGCCAAATCCGAAGAGCATGGATTTAATAAAGCCGAGAGCC
TGAAAATTGCCTTTGCCGAGGGCTACTTGGCCGCCGCTAACTCGGAGGACTCTCCAAAATCAGGAAAAACTATGAAATATCTGAAGACTATCGTC
GTTATCGTCGTGTTCTTGGGCATTTTCCTGAGCTTCTTTACAACCTCCAATGGATCCGTATTTCGCATACAACTGGGCAACCAGGTTGAAGTGGA
CCCTGAGGAGATCAACGTCACTTTTGAGGATGTCAAGGGTTGCGACGAAGCCAAGCAGGAGCTCAAGGAGGTCGTTGAATTCCTGAAGAGTCCGG
AAAAGTTCTCAAATTTGGGCGGAAAGCTTCCAAAGGGAGTGCTCCTGGTTGGCCCGCCGGGTACTGGCAAAACACTGCTGGCCCGTGCCGTCGCC
GGTGAAGCCAAAGTTCCTTTCTTCCATGCTGCCGGACCGGAGTTCGACGAGGTGCTCGTAGGCCAAGGAGCCAGACGAGTGCGTGATCTGTTCAA
GGCAGCAAAGGCCCGTGCCCCTTGTGTTATCTTCATTGACGAAATCGACTCGGTGGGCGCCAAGCGAACCAACTCTGTGCTGCATCCTTACGCCA
ATCAGACCATCAATCAGCTGCTCTCCGAGATGGATGGCTTCCATCAGAACGCTGGCGTCATTGTTTTGGGAGCCACCAATCGTCGCGACGATTTG
GATCAGGCTCTGCTGCGTCCCGGCCGATTTGATGTAGAAGTCATGGTGTCGACGCCCGATTTCACTGGACGTAAGGAGATATTGTCTCTGTATCT
GACGAAGATTTTGCACGATGAAATAGACTTGGACATGCTGGCGCGCGGCACCTCTGGTTTTACTGGAGCGGATCTGGAAAACATGATTAACCAAG
CGGCGTTAAGAGCTGCCATCGATGGAGCCGAAACGGTCAGCATGAAGCATTTGGAAACGGCACGAGACAAAGTACTTATGGGACCCGAGCGCAAG
GCTCGTCTACCGGACGAGGAGGCCAACACCATAACCGCTTACCACGAGGGCGGCCACGCGATTGTGGCCTTCTACACCAAGGAGTCGCATCCGCT
GCACAAGGTGACCATCATGCCCCGCGGACCCTCCCTTGGACACACCGCCTACATACCGGAGAAGGAGCGTTACCATGTCACAAAGGCACAGCTGC
TGGCCATGATGGACACCATGATGGGCGGTCGTGCTGCTGAGGAACTGGTCTTCGGCACGGACAAGATTACGTCGGGAGCCAGCAGTGATCTCAAG
CAGGCAACCTCGATCGCGACGCATATGGTCAGGGACTGGGGCATGTCGGACAAGGTCGGTCTTCGCACCATCGAGGCGTCAAAGGGTCTGGGCAC
CGGTGACACCCTTGGTCCCAACACCATTGAAGCCGTGGACGCGGAGATCAAGCGCATCCTCAGCGACAGCTACGAGCGGGCGAAGGCTATCCTGC
GAAAACACACCAGGGAGCACAAAGCGCTTGCGGAGGCGCTTCTCAAGTACGAGACTCTTGACGCCGACGACATCAAGGCAATACTGAATGAAAGC
CAGACGTAGTTCCCCCATCGGTGTGGTTTGATGGTGTTCAAGGATCCAATTGGAAGGCCGGGTTGGTCTGCCACCGGACATTCAGCTGAACTGCT
AAATATTTTTAGTTACAATATACATATATAAAAAACCGGAGAAAAAAACCAAGCAAGAGCGAGACGCAGACGGACAGTTAAGAAATAAAATGTTA
CACAT
(SEQ ID NO: 332)

Start ATG: 79 (Reverse strand: CAT)

MFSTTTHSVPYLYLGNFSRKPHYYSVNRTKLHGSAGAARLSKSTSTSSRSHDLVLDLRNLLSRSSASIQGMVERAARLNGILDRRLVDDVLAKVT
SMLPSMRDVRVTLEESATQIGRVQLQNYQFEVSLTGAAGSVPTGANVKVIPTITPGLLRPLFSQQQLNQIRGFKTDRSIEAEQKRNPTMTSRLKN
ALANSPQRLDGDTPLQAEKLRRLLAKSEEHGFNKAESLKIAFAEGYLAAANSEDSPKSGKTMKYLKTIVVIVVFLGIFLSFFTTSNGSVFRIQLG
NQVEVDPEEINVTFEDVKGCDEAKQELKEVVEFLKSPEKFSNLGGKLPKGVLLVGPPGTGKTLLARAVAGEAKVPFFHAAGPEFDEVLVGQGARR
VRDLFKAAKARAPCVIFIDEIDSVGAKRTNSVLHPYANQTINQLLSEMDGFHQNAGVIVLGATNRRDDLDQALLRPGRFDVEVMVSTPDFTGRKE
ILSLYLTKILHDEIDLDMLARGTSGFTGADLENMINQAALRAAIDGAETVSMKHLETARDKVLMGPERKARLPDEEANTITAYHEGGHAIVAFYT
KESHPLHKVTIMPRGPSLGHTAYIPEKERYHVTKAQLLAMMDTMMGGRAAEELVFGTDKITSGASSDLKQATSIATHMVRDWGMSDKVGLRTIEA
SKGLGTGDTLGPNTIEAVDAEIKRILSDSYERAKAILRKHTREHKALAEALLKYETLDADDIKAILNESQT*
(SEQ ID NO: 333)

Name: paraplegin-like protein
Classification: endopeptidase

Celera Sequence No. : 142000013385217
GCACTCGATCACAATCAGGTCGAAACTGGAGTTGGCATAGGAAGCTGTAATGCATAAACATCACTGATTTTAATCTGCTGACTCACTGGCTAGTC
AAAAACAGCACACACACCGCACCGCACGCAACTTACAAAACGAAAGGCGGTGCACATTTTCCAAAGCCACATCGCCGCCAGTGGCCGCCTTTA
GTTGCTCCACGCGCTTGTCCAAGTCGGCGCTGTCCGTCCATATGTATAGGGATTTTTGTAGACCCTTAAAGTTCTCCATTGTGGATGTGTTTCTA
GAATATCTCAAAAGTTCAAGCACCGAACGGAACCGATTTTTGATTTCACAAGTTAGATATGGCAATGCACCGAAAATCGAGCGGTGATATCGATT
GTACCTGCCTATCGGATTGCAAATGATATTCAGTGATTGTAGATTTTTCCACTTTACACTGTGACTGCTAAAATATATGAATAACTAAGTGTACT
CCACCAGATTCGTTTTTTAATGAGTTACAGCTTACATTCTGATACATAATTAACAGCTTTTAGTTGCATATTGTGTGTTTCTGCCACTAAACCTA
TTTAAACGGTTACATTTAAGCCTAAAGTCGCGAATTATCTTTTAAATTCACCCATGTGTACTTTCCCACGGCCCGTTTTAAAAATGCATGGACAG
TTAGACAAGAAGGTTGGTAGTTTGTACCTTGAATTTTAAATGTGGGCGCTCAAAATCGAAGTGTTCAATGAAAATCGATACCTTTCGCATCAGTT
AAAAGTATTTATAGATATAAGAAATAATATCTTTAACAGTGATGTGATGGGAATAAATATACAAATGTATTCAGAAACTGCAAAGTTAAAACAAA
ATATATTAGCTACTCCAAATTGGCTATAAAATAACCAAATGCCCACTGCCATCCAAATCCAACCAACAGTGCTGTGAAGCGACAAACATATCGCC
GGTAGGCAGCGACTATCATAAATAAGCGCCTATCGGACTATCGATACAACATCAACATCCTCAGTCGCTTTTTTAGTTGTAGCATATTATAAATA
TAACTCGAGCGCTAGTTGCAGCCTTAAACAGAAGCCAGCCGCCACTACCGCTAGTCGCTAGTCAAGATCTGCTCGAAACGCTGAAATATGTGTGA
TTAGTCGTGAATCGCAGCTAGCCGCAAATCCAGCTTGAGCTACAACAACAAAGCCAATCCGCGGTTAAGAGGAAGAGAGTGCGTGAGAGAAACGA
CAGCTGCTCTGCGTGTGTGTTTGTGCAGCAGGATAACAAAATAGAAAACATACAGCAGCAACAACAACAACAAAAACAGCACCAGCGAACAGTGT
ATAAAGTGCCAAACGAATTTGCCAAATAGCCAAAAACGAAATAATAGAAAAGATCCAAACAAAATTCCAATAAGTTCAATGCAAGGAGACATGTG

CATAAATGAAGAGCTACAGCCAATTTAATTTAAACGCCGCCGCCCCGCCCGCCATTGCCTACGAAACTACGGTTGTAAATCCCAACGGCTCACCC
CTCGATCCTCACCAGCAGCAGCAACAACAGAGCCAGGATATGCCGCACTTTGGACTGCCCGGTCCGCAGCCGCCGTCGTCGCAGCAGCAGCAACA
ACAATTGCAAGTGCACCACCAACAGCAGCAGCAGCAGCAACAACAACAACAACAACAGCAGCATCAACAACAAATGCAGATGTCCTTGCTGCCGG
GTCCTTACCGGCCACACATCGAGGAGAAGAAGCTCACGCGGGACGCCATGGAGAAGTACATGCGCGAGCGCAACGACATGGTCATCGTTATCCTG
CACGCCAAGGTACGAAAGGATTTCCACTTTTAAGCCGGTATTATCAGGTGCTTGGTCTGGATTTAGTATTCAAGATATTCTAAAACATACAAGGG
AACTCCTGAGTCTTAAGTCTTAATTAAATTATTTGAAGCTTGAAATACATTATTTCAATATTACTAAAAATATATTAACCCAAACTGGAGAAACG
TAGGATATCCTAACTTTCATTTAAATTAGAAACTTGGTCAGTTTTGTACGTCGATTTCCTAAATTATTCGATTTTTTAGATTAAATAGATTAAAT
TCAGATTTTCTTTCTATTTCAAGTTTAACGATGTATCCTTTCTTTGAAAATTACTTGTATGCTTTACAAGATATTTATTTTTTTTTTTATAATTTA
GTTTTAATCTAATCGGTCAGTCCGCAACGCCAAAACCACACCCACTATTTAAAGGTGCTAGTGTTTCCATTGTCCACTTTAAAGTGTTACATTTT
TGCGGTTTTTGGCGAACGCAGACATGAAAATGGAATAAAATTGTCGCGGTTGCTTTTAGCGGTGGCGATCTTCAAGCGACGACTGCCGCCAAATG
GGAATCCTTCACACTCGACTGCCCGCAAATTGAGCAACGCGAGCGCGGTCCAGTCCGCAATGAAAATAATTGAAATTAATTACAGAAAATTAACA
AAGCTGCATTGCTTGCGGTTTTGATATGATTTTCCGATAATCTGGACGGCAATTTGTACTAATTGAATTTTCCCTGCACCATCGTGCGCCTCTGT
CTGTCTGTCTGTGTGAATTCCAGGTGGCCCAAAAGTCCTATGGCAATGAGAAGCGATTCTTTTGCCCACCGCCGTGCATTTATCTGTTCGGAAGT
GGCTGGCGCCGGCGGTACGAGGAGATGTTGCAGCAGGGCGAGGGCGAACAGGGAGCACAACTATGCGCGTTCATCGGTATCGGGAGCAGTGACCA
GGATATGCAGCAGCTGGATCTCAATGGCAAGCAGTACTGTGCGGCCAAGACGCTCTTCATCTCGGACTCGGACAAGCGAAAACACTTTATGCTGT
CGGTGAAGATGTTTTACGGAAACGGTCATGACATTGGCGTTTTAACTCGAAACGGATCAAGGTTATATCCAAGCCGTCCAAAAAGAAACAGTCG
CTAAAGAATGCCGATCTGTGCATAGCCAGCGGCACCAATGTAGCCCTGTTCAATCGCCTGCGTTCCCAGACTGTCTCCACCCGTTACCTTCACGT
GGAGAACGGACACTTTCATGCGTCGTCAACACAATGGGGAGCTTTTACGATACACCTGCTGGATGACAATGAGTCCGAGTCGGAGGAGTTTCAGG
TGCGCGATGGTTACATTCATTACGGAGCCACAGTCAAACTGGTGTGCTCCGTAACGGGCATGGCCCTGCCACGTCTGATCATCCGGAAGGTAGAC
AAGCAGATGGCCCTGCTGGAAGCCGACGATCCCGTTTCTCAGCTGCACAAATGCGCCTTCTACATGAAGGATACGGATCGGATGTATCTCTGTTT
GTCGCAGGAGAAAATCATACAGTTCCAGGCCACGCCGTGCCCCAAGGAGCCGAACAAGGAGATGATCAATGACGGCGCCTGCTGGACCATCATAT
CCACCGACAAGGCTGAGTACCAGTTCTACGAGGGCATGGGTCCTGTGGCGTAAGTATAGCTTACTTACAACTCAATGGATTAGTTTTCATTTCGT
GTTTTCTTCCAGTTCTCCAGTCACTCCAGTGCCAATCGTTAATTCCCTTAATCTCAATGGCGGCGGGGATGTGGCCATGCTAGAGCTGAGTGGCG
ACAACTTTACGCCGCATCTGCAGGTGTGGTTTGGCGATGTGGAGGCGGAAACCATGTACCGCTGCACAGAGACATTGCTATGCGTGGTGCCGGAG
ATTTCACAATTTCGAGGCGAATGGCTTTGGGTAGGTTTTCCAATGTAAATCTGTTTAATACGCGCTATAAATTTTACTTTTAATGGTCCTTGCAG
GTACGTCAGCCCACGCAGGTGCCCATTTCGCTGGTGCGCAACGATGGAATAATTTATGCCACCGGTCTGACCTTCACGTATACACCTGAACCAGG
TCCTCGGCCGCACTGCAATACACAGGCCGAGGATGTGATGCGAGCGCGACAGAACAATAACAATAATAACATCACTAGCATTAGCAACAATAATA
ACAGCAACAATGCGGGATCGCCGGCAGCCGGCGGTGGCTTGCAACAACAACAGCAGCAGCATCAGGCTCTGCCCTCCATCTCAGAAGTGCAATGG
AATAGTCATGGTAGCGGCTTATCCTGAGTGCAGGATTATTGCATCGCACACATATGTATCCTAAGTTATTTATAGTTTTTATCGAAGACCTTAGT
TTGTAGATTGACAATTTTTCTCATACTAATTTTCAACCCCTCGTGACGTAAACCAAAATGTGTCCCCTTCTCTCTAAAGTGAATCATACTTTACA
CATGTATCTAGTGCTAGTTCGGAACCAATAGAATTGTAAATGACACATAAAACTCTGTACATAACTCGAAAAGCTCACTGACATACATACATACA
TTTGTATGTGCATGAATATACCTTTACACAAAACATGTAATTCTAGTTAAATATACAATTGATGTAAGTTTATAGACGATTTTTAGATGCGGTTG
AAATATTTATGATTTTCTTTGCTATGAATTTCCAAAGATCTAAATGAAAAAAAAAAATACTGCGAAATGCATCGGAAATTTTTATTATACACAAG
CCAGTAGCCACGCTACAAAAACATTCCATTTCCCTCTTTAGCTTTCTAAAAAGTCGAAGACAAAGTCAAAAAGGGAAAAATTTGTTTCTGTACAT
ACAGTTTTGTTGCATTTTTTTATTAACTTTGGAAATTCGTAGCATTAAAAATCCCAATAAAATATTTTGTAAAATAAAATCGCAACAAGACAAAA
CAGCGATTTATTTAAGTGTAAGCGAAATGCCTAACATAAATAAAAAAAAGAAATCCCAAATGATGACAAAGAATAATCAAATCATGTCAGCTTAT
GTTTTTGGTTTAGCGTGATTCTTCTGGTTCACCATTTTTCCTGTGGCCTAAGGTGGAGCGCTGGGGAGGATTGGTTGCCTTAAATTGCTGTGGGA
ATATTACCCAGTATCGTGTGAATATTTTTAAACAAAACAAGTGCAGCTCTTCCCACGATGGTTTGCCTCAACCCCCTCGGACGGGCCGACTTTAA
TTATAGTTTGGTCTGGAATTGCTGAACGCGAAGCTAAGAAGCAAATATACATAGATATATAACACTATTGTTTCCGTTTTGGCCAAGTTAAGGAG
CAGAATATTCTCACAGCCCAAAAAGCCGCTGCCGAGCTGCTGTGAGAATTTTTACTGCCTTTGTTGAATATTTATGCATTCGTTGCTGCTGCTGT
CTTTACAGATTTACAAATTAAGATTCGCAGTTTTGAATTAATTATCGCTCACTTCCGCTCGACGGAATCAGAAGGTGAGCGCTGGCCAAGCATTT
AATCTCATCTTGCACTTGGGAGACATATTTCTTATCAGAGTCAGCCAATAGGAACTTGGCTGCAACCCCTAAGATTTTACTGCACCGGGCGATGG
GAACGAAAGACTTAAACAACGAACTTTGGTTGCGTGAGGAATCAAACTACTGGCGGCCGCCTGTGTTCATTATGATGGAAAAACCACCACCAAAA
GTTCTGGCTCTGGCAATTGGAACTGCAACCTCTTAAGGTCGTCGCCGTCTTATAAGAAGCTGAATATGAAATTAGTTTGGAATTTTTAATGAACA
ATTCCTTCACATTTCCCCAGGCCCTCTTTCTCCACCACTGTTTGGATAGGCGAGTGCGATGATTGTGGTCGTTTTTAGAAAGGGGAGACAGCAA
TTTCTAAAAGTTCTCAGGACTGCTACACAACCTCATACCGTCTACTAAAAAAGTTCATTATCTTGAAAAATCTAAGTCTACCTGCCGTCGTCTTT
AGTCTTTAGCTTGCCGTGCCGACTGCTGCCGTTT
(SEQ ID NO: 334)

Exon: 1001..1814
Exon: 2589..3469
Exon: 3528..3735
Exon: 3801..4829
Start ATG: 1431

Transcript No. : CT11789
ATCAACATCCTCAGTCGCTTTTTTAGTTGTAGCATATTATAAATATAACTCGAGCGCTAGTTGCAGCCTTAAACAGAAGCCAGCCGCCACTACCG
CTAGTCGCTAGTCAAGATCTGCTCGAAACGCTGAAATATGTGTGATTAGTCGTGAATCGCAGCTAGCCGCAAATCCAGCTTGAGCTACAACAACA
AAGCCAATCCGCGGTTAAGAGGAAGAGAGTGCGTGAGAGAAACGACAGCTGCTCTGCGTGTGTGTTTGTGCAGCAGGATAACAAAATAGAAAACA
TACAGCAGCAACAACAACAACAAAAACAGCACCAGCGAACAGTGTATAAAGTGCCAAACGAATTTGCCAAATAGCCAAAAACGAAATAATAGAAA
AGATCCAAACAAAATTCCAATAAGTTCAATGCAAGGAGACATGTGCATAAATGAAGAGCTACAGCCAATTTAATTTAAACGCCGCCGCCCCGCCC
GCCATTGCCTACGAAACTACGGTTGTAAATCCCAACGGCTCACCCCTCGATCCTCACCAGCAGCAGCAACAACAGAGCCAGGATATGCCGCACTT
TGGACTGCCCGGTCCGCAGCCGCCGTCGTCGCAGCAGCAGCAACAACAATTGCAAGTGCACCACCAACAGCAGCAGCAGCAGCAACAACAACAAC
AACAACAGCAGCATCAACAACAAATGCAGATGTCCTTGCTGCCGGGTCCTTACCGGCCACACATCGAGGAGAAGAAGCTCACGCGGGACGCCATG
GAGAAGTACATGCGCGAGCGCAACGACATGGTCATCGTTATCCTGCACGCCAAGGTGGCCCAAAAGTCCTATGGCAATGAGAAGCGATTCTTTTG
CCCACCGCCGTGCATTTATCTGTTCGGAAGTGGCTGGCGCCGGCGGTACGAGGAGATGTTGCAGCAGGGCGAGGGCGAACAGGGAGCACAACTAT
GCGCGTTCATCGGTATCGGGAGCAGTGACCAGGATATGCAGCAGCTGGATCTCAATGGCAAGCAGTACTGTGCGGCCAAGACGCTCTTCATCTCG
GACTCGGACAAGCGAAAACACTTTATGCTGTCGGTGAAGATGTTTTACGGAAACGGTCATGACATTGGCGTTTTTAACTCGAAACGGATCAAGGT
TATATCCAAGCCGTCCAAAAAGAAACAGTCGCTAAAGAATGCCGATCTGTGCATAGCCAGCGGCACCAATGTAGCCCTGTTCAATCGCCTGCGTT
CCCAGACTGTCTCCACCCGTTACCTTCACGTGGAGAACGGACACTTTCATGCGTCGTCAACACAATGGGGAGCTTTTACGATACACCTGCTGGAT
GACAATGAGTCCGAGTCGGAGGAGTTTCAGGTGCGCGATGGTTACATTCATTACGGAGCCACAGTCAAACTGGTGTGCTCCGTAACGGGCATGGC

CCTGCCACGTCTGATCATCCGGAAGGTAGACAAGCAGATGGCCCTGCTGGAAGCCGACGATCCCGTTTCTCAGCTGCACAAATGCGCCTTCTACA
TGAAGGATACGGATCGGATGTATCTCTGTTTGTCGCAGGAGAAAATCATACAGTTCCAGGCCACGCCGTGCCCCAAGGAGCCGAACAAGGAGATG
ATCAATGACGGCGCCTGCTGGACCATCATATCCACCGACAAGGCTGAGTACCAGTTCTACGAGGGCATGGGTCCTGTGGCTTCTCCAGTCACTCC
AGTGCCAATCGTTAATTCCCTTAATCTCAATGGCGGCGGGGATGTGGCCATGCTAGAGCTGAGTGGCGACAACTTTACGCCGCATCTGCAGGTGT
GGTTTGGCGATGTGGAGGCGGAAACCATGTACCGCTGCACAGAGACATTGCTATGCGTGGTGCCGGAGATTTCACAATTTCGAGGCGAATGGCTT
TGGGTACGTCAGCCCACGCAGGTGCCCATTTCGCTGGTGCGCAACGATGGAATAATTTATGCCACCGGTCTGACCTTCACGTATACACCTGAACC
AGGTCCTCGGCCGCACTGCAATACACAGGCCGAGGATGTGATGCGAGCGCGACAGAACAATAACAATAATAACATCACTAGCATTAGCAACAATA
ATAACAGCAACAATGCGGGATCGCCGGCAGCCGGCGGTGGCTTGCAACAACAACAGCAGCAGCATCAGGCTCTGCCCTCCATCTCAGAAGTGCAA
TGGAATAGTCATGGTAGCGGCTTATCCTGAGTGCAGGATTATTGCATCGCACACATATGTATCCTAAGTTATTTATAGTTTTTATCGAAGACCTT
AGTTTGTAGATTGACAATTTTTCTCATACTAATTTTCAACCCCTCGTGACGTAAACCAAAATGTGTCCCCTTCTCTCTAAAGTGAATCATACTTT
ACACATGTATCTAGTGCTAGTTCGGAACCAATAGAATTGTAAATGACACATAAAACTCTGTACATAACTCGAAAAGCTCACTGACATACATACAT
ACATTTGTATGTGCATGAATATACCTTTACACAAAACATGTAATTCTAGTTAAATATACAATTGATGTAAGTTTATAGACGATTTTTAGATGCGG
TTGAAATATTTATGATTTTCTTTGCTATGAATTTCCAAAGATCTAAATGAAAAAAAAAAATACTGCGAAATGCATCGGAAATTTTTATTATACAC
AAGCCAGTAGCCACGCTACAAAAACATTCCATTTCCCTCTTTAGCTTTCTAAAAAGTCGAAGACAAAGTCAAAAAGGGAAAAATTTGTTTCTGTA
CATACAGTTTTGTTGCATTTTTTTATTAACTTTGGAAATTCGTAGCATTAAAAATCCCAATAAAATATTTTGTAAAATAAAATCGCAACAAGACA
AAACAGCGATTTATTTAAGTGTAAGCGAAATGCCTAACATAAATAAAAAAAAGAAATCCCAAATGATGACAAAGAATAATCA
(SEQ ID NO: 335)

Start ATG: 431

MKSYSQFNLNAAAPPAIAYETTVVNPNGSPLDPHQQQQQQSQDMPHFGLPGPQPPSSQQQQQQLQVHHQQQQQQQQQQQQQQHQQQMQMSLLPGP
YRPHIEEKKLTRDAMEKYMRERNDMVIVILHAKVAQKSYGNEKRFFCPPPCIYLFGSGWRRRYEEMLQQGEGEQGAQLCAFIGIGSSDQDMQQLD
LNGKQYCAAKTLFISDSDKRKHFMLSVKMFYGNGHDIGVFNSKRIKVISKPSKKKQSLKNADLCIASGTNVALFNRLRSQTVSTRYLHVENGHFH
ASSTQWGAFTIHLLDDNESESEEFQVRDGYIHYGATVKLVCSVTGMALPRLIIRKVDKQMALLEADDPVSQLHKCAFYMKDTDRMYLCLSQEKII
QFQATPCPKEPNKEMINDGACWTIISTDKAEYQFYEGMGPVASPVTPVPIVNSLNLNGGGDVAMLELSGDNFTPHLQVWFGDVEAETMYRCTETL
LCVVPEISQFRGEWLWVRQPTQVPISLVRNDGIIYATGLTFTYTPEPGPRPHCNTQAEDVMRARQNNNNNNITSISNNNNSNNAGSPAAGGGLQQ
QQQQHQALPSISEVQWNSHGSGLS*
(SEQ ID NO: 336)

Name: J KAPPA-RECOMBINATION SIGNAL BINDING PR
Classification: DNA_binding
Gene Symbol: Su(H)
FlyBase ID: FBgn0004837

Celera Sequence No. : 142000013384832
TGAACGGAAGCATACAGGATCAGAGTTCAGCAAAGTGCAATGCCAAAGCGGACTACAACAATGTCCACGAGGTCGGGCCATCGACCAGTGCGGAG
GGGGCGCTGGCGCTCAATGCCGCCTGCAACTAGGGGCGTGGCTGTTGGCCCATATGCATATACAATACGAAGAGAGCCAGCAATTAGGGTGTAAG
GCATTTAGAGGAAACATCAACAGTACTTTAAAATTTAGCTTGAAATATGTTTAGCGAAATGTAGCTCTTCCGGTCAGCCAGAGTAACCGGAAACG
GAAACGTAAACGCCGGACGCGCATACAATACTCATCGACACACTCAAGTTGCCACTCGGACGAATGGACTGTTGTTTATTGTGCAATTCGCACGA
GACGAACTCACAGGCATTGCATTTTCAAGAAATTAGTATTACATAATTGTATCCGTATCTGTTAAGTACTCCGGGCGAAGAGATCAATTCAAAAT
GCGGTTGTGTCGTCGAAAAAAAAACAAACTCGAAAATACTCATGCACAGACTCTGAATAAGTTCCCCTTTGCAGAACGCAATTTACTCATCAGTC
AGTATTCTCTATGGCCACTGTATTATTTTTATACCTTCATTTGTTAGCTTTAAGTTTTTTTTACACAACTACTACTTATACTTGTGCTGCCACCA
GTTGGGCTGCCGTAGTTGCAGATCAATGTATCCATTGTCCATACATTGCGAGAATCTTTTATAATTCGTCTAAGCATAAGTTACTGTACGTCGTG
TTGTATAGCGCTGTAATATCCTGTCACCTGCTTCTGCTTAATTAATACCCTATATCGGGCGAGAGCAAGGTACGATTAAACCATTAGATAATGAA
ATACAAATACATAGTGTATAAACAGATGAACGACGTGCGTTTAAAGGGGGGTTCTCCGATCTCTCAGTCCCCGAAACAGGAATCAAAGTGGGCAA
CTCTGCAAATGCTTAGTATTTAAAAATCAAGGGTTCTATCAATATATTTCATCCACTTGAACTTTTAGAAAGCTGTGATAAATCGAAATGAAGGA
CCTGGACGGCTCCTTGGACACTCTGGAGAATGCCCGCTTCAACTACGTGTATATGAAGGACATTGCTCGCCTGGCAAAGGACTCGATCTTCTCGC
ATAACGAGCTGATTAGCATTGTAATGCTCTACCATAAGTTTGTGCTGGTCAATGGGCCGAGAGCAAAGTACATGACCATTCAGCAACTCTCTGCG
CTGATGGAGCTCTTGTTTGAGATCGTGGATCGCGATCTCATTGCGACCATTGTGTATAGAATAGCCCATACACCAGGTTCCAGGCCTCCTGACTT
CTTTTCCGACAAGCATATACACTTGGAGTCCTTTGTGCGGCTTTTCACCGTATACTTCACCAAAGATCTTCAGCTGAAAATGGAATTCGCATTCT
CGGTGGGCAATTCATAGTATTCATATGAAATTAGCCTAGACCATTTGCTTACATTGCAGGTCTACGATAAAAGCGATTCCAAGCAGTTGAATGGC
GAGCAAGTTGGGTTCTTCGTCGGCAAGTTCTTTGAGAGCGAGGATGAAGACGAATCCATTGAGCTGCGCTTGGTGAGGCACCATCCCCTACACTT
GTTCCATTGAAACACTGACACATTTCGCATTCCTTCAGGACATGAAGGAGATGCTGTTCCTCAAATTCGACTTGGACAAGGATACCAACATTGGG
GTTGATGAGTACTACGAGGTGGTCCGCCGACAGCCCATGCTGCTGGAGTGCTTTGGTCGCGTGTTTCCCCCGAATCCCCAGATGGAGGTCCTTGC
GCTGTGCGCCAATGTAATGTCTTGGTTTGACGATTCGCCCAATCCCAGGATTATGATAAAACCAGACGGCGGCAAGGCCAGCTAGCTAACAGGAC
GTCCAGGAACGCATTTTTATCTAACCAGATACTTAAATTGTGACACGTCTAGAAATTGAAAAGTGCAAATAATTTAGTGCATCATAAAGGTTTAC
ACTTTTATTAACTAGTTTTGTACGTTACTTTTGAATATTGGTTCTGAACGGTAAACTCGCTTCATTGAGGCTGCTTCGATAACGATACCGATTAG
TCAGTGTGTCCGGATTGTCTCATCCCTGCTGCACGCGACCCACCATTTTAGTAACACCGAAGAAACGGTAGCGAAATGGCCACGGAGGAGCACCA
GCGCCTGGCCAGCATCGTGAAGAGCTGCCACGAAAGCCTGCGCCAGTTGACTAAGGAGTATGGCGCCACAGCGGCCTGGCAGGAGCACACGAGTC
CCAGGAACGCCAAGCAACTGGCGGAGTACGCCAAGGCGATGAAGCAACTGGCGGCCATATGGGAGACCAACGATGGGAAGGTGGAGCTGCAGGCA
CGCAGCCGCATCAAGTGGGCCATCGACTACATCACCAAGTACTTCTTTACCGAGGGCATATATTTGCAGAAGCGCCAGCGGGAGCAGCGACTCCT
GGAATCCTACAGAGCCGAGGGAAAACTGGGCGAGGTGCAGTGCAGGCTGATGGAGGAGCCGCCGGACAGGCTGCACGTCCTGGATGTGGGCAGCT
GCTTCAATCCCTTTTCCAGTGCTCCGCACTTGGAGGTAACCGCCCTGGACTTGTGTCCCGCCACCGAAGATGTGCTGCAGGCGGATTTCCTCAAA
GTGGAGGTGGTACCCGGAATACGAGAACCTGAGCTGGAGGAGGGCAGCGTAAGAAGGCTACCAGCAAGCCACTACGAGTGCGTCATTTTCAGTTT
GCTACTGGAATACATGCCCAGCGCCGAGCAGAGACTACAGTGCTGCCTTCAGGCCTACGACCTGCTGCTGCCCGAGGGCATCCTTGTGCTCATCA
CACCGGACTCCCAACATGTTGGCAAAAACGCCCACCTCAT
(SEQ ID NO: 337)

Exon: 1001..1427
Exon: 1485..1592

Exon: 1654..1890
Start ATG: 1038

Transcript No. : CT11950
ATCCACTTGAACTTTTAGAAAGCTGTGATAAATCGAAATGAAGGACCTGGACGGCTCCTTGGACACTCTGGAGAATGCCCGCTTCAACTACGTGT
ATATGAAGGACATTGCTCGCCTGGCAAAGGACTCGATCTTCTCGCATAACGAGCTGATTAGCATTGTAATGCTCTACCATAAGTTTGTGCTGGTC
AATGGGCCGAGAGCAAAGTACATGACCATTCAGCAACTCTCTGCGCTGATGGAGCTCTTGTTTGAGATCGTGGATCGCGATCTCATTGCGACCAT
TGTGTATAGAATAGCCCATACACCAGGTTCCAGGCCTCCTGACTTCTTTTCCGACAAGCATATACACTTGGAGTCCTTTGTGCGGCTTTTCACCG
TATACTTCACCAAAGATCTTCAGCTGAAAATGGAATTCGCATTCTCGGTCTACGATAAAAGCGATTCCAAGCAGTTGAATGGCGAGCAAGTTGGG
TTCTTCGTCGGCAAGTTCTTTGAGAGCGAGGATGAAGACGAATCCATTGAGCTGCGCTTGGACATGAAGGAGATGCTGTTCCTCAAATTCGACTT
GGACAAGGATACCAACATTGGGGTTGATGAGTACTACGAGGTGGTCCGCCGACAGCCCATGCTGCTGGAGTGCTTTGGTCGCGTGTTTCCCCCGA
ATCCCCAGATGGAGGTCCTTGCGCTGTGCGCCAATGTAATGTCTTGGTTTGACGATTCGCCCAATCCCAGGATTATGATAAAACCAGACGGCGGC
AAGGCCAGCTAG
(SEQ ID NO: 338)

Start ATG: 38

MKDLDGSLDTLENARFNYVYMKDIARLAKDSIFSHNELISIVMLYHKFVLVNGPRAKYMTIQQLSALMELLFEIVDRDLIATIVYRIAHTPGSRP
PDFFSDKHIHLESFVRLFTVYFTKDLQLKMEFAFSVYDKSDSKQLNGEQVGFFVGKFFESEDEDESIELRLDMKEMLFLKFDLDKDTNIGVDEYY
EVVRRQPMLLECFGRVFPPNPQMEVLALCANVMSWFDDSPNPRIMIKPDGGKAS*
(SEQ ID NO: 339)

Celera Sequence No. : 142000013384826
TAACTGAGCTGTGTTTGAACTTACCCTCGTTGTACGCTTCGAAGGCCTTCATAAAGTCATTCAGACCCGCAGCGGCAGCTCCTTTGCGTGAGTAA
CCCTTAGGCCAGGTGGGATTAAGCTGAATGGTCTTCTCCGCATCTTCTAGCGCCTCCTGGAACTTTCCAGCCTTGGCGAATGCCGCCGAACGGTT
GCTGTAGAGCACATGGTTCTGGTCGTCCAGAGCGATGGCCTCTGTGTACGCCGCCACCGCCTCGTCGAACTTCTCGGCACTGAGCGCCTGGTTAC
CCTTTTCCTTGAGTTCGTTCACCTGCGAAAACCGCAAGGGTTTTTGATTGGAAATGCCAACGCCTTTCCTTTGTCTCGGGCACTTACCTTGTCCA
TTTCTGATAAGGGAGAGGATAGCGCTGTCGAATTACAGTTTTTCCTGTATTTTTGTACGACTTTTTAATAAAACACGCTGCGAAATGTGCCGTGC
CAGGTGAAAATGCGAAAAATGCCGACTTTTCTAGAAGCAATCGATAGGGTTGTCAATGCTTCTGCGACTGAATTTAATCTTTTTCCAGACTGCGG
TTTAGAACTTAGCTCGTTCTCAAGCGGGGAACAAAACCAGCAAGCCTTCTTAAATAATTTTTTCCATTGCTTATATAAATTAAAAAAATTGTTGA
TCAAATATAAATAATACCTTGAGCTTTATAGAATTTAAATGTTATTTTATTGTATTGTTTATTTATGTTTATATTATATTATTATTTGCGTAAAT
AATTTTCTCAATTTCTTATTTTGAATTGTAAAATTTTTCTAGTCAAATGAAAAATAAGTCCTCAGGCTTTTAAGTGCATTAATATTTAAATATTT
GAAATTAATATTTAAAATGTTAGCATATTTTAAAACATTTAAATTAAGAACAGAGGTATCGAAAAACGATGCTGCCAAAAACACTAAATATCGAT
AACTAATCATCGATTTTATTTGCAACTCTAGATTCGAGGCTGGCAACGCCGTGCAAAATACGACCAGACGCTGCTTTTTTCGGTTTCCGAAAATA
ATTGAAAATTATCACTAAATAAACAGGCGGCTAACATAATTGCAGTTTGACCGCGTTGCAGAGACAAGCGGGTAGATAAGTTACACATTTTGGCC
ACAGCAACACCACAGTAAAGCCGCCAGCATGGCCGAGTACTTGGCATCCATTTTTGGCACGGAAAAGGACAAGTAAGTCGCATGGCACATTTATT
TTAACGTTGCCGGGATTAATAACTAAATGGCGTTGCATTTCCCAGGGTGAACTGTTCGTTCTACTTCAAGATCGGCGCCTGCCGCCACGGCGACC
GGTGCTCTCGCATCCACAACAAACCCACTTTCTCGCAGACGGTGCTTCTCCAAAATCTATACGTGAACCCCCAAAACTCCGCCAAATCCGCGGAT
GGCTCCCATCTGGTGGCCAACGTCTCCGACGAGGAGATGCAAGAACACTACGACAATTTTTTCGAGGACGTGTTCGTAGAGTGCGAGGACAAGTA
CGGGGAAATCGAGGAGATGAACGTGTGCGACAACCTAGGCGACCATCTGGTCGGCAATGTGTACATCAAATTCCGTAACGAGGCTGATGCGGAAA
AGGCGGCAAACGATTTGAACAACCGGTGGTTCGGTGGTCGACCGGTGTACTCGGAACTATCGCCGGTGACCGACTTCCGCGAGGCTTGCTGTCGG
CAGTACGAGATGGGCGAATGTACCCGCTCCGGCTTCTGCAACTTCATGCACTTGAAGCCCATCTCGCGTGAGCTGCGAAGGTACCTCTACTCCCG
CCGCCGTCGTGCCCGCTCCCGTTCCCGATCCCCTGGACGCCGTCGCGGCTCCCGCAGCAGGTCCCGATCCCCGGGTCGAAGAGGAGGCGGCAGAG
GCGACGGTGTCGGCGGAGGAAACTACTTGAACAACGAGCGGGACAACATGCGTGGCAATGATCGCGGAAACGATCGCGATCGCCGCAAAGGTGGT
GGCGGAGGAGGCGGTGGTGGTGGTGGACGGTATTAAATATTCTGGACATTTTTTCTGTACGGTGGCAATTGAGAGAGAAAGCAACGGACAAGCAG
TAACGCAAAGCATCGTGTATTTTAGTCTCTGCGTTGGTTTTCCACGTTTTTATATCACTTTTGAGTAAACGAGATGGAAGGAGGAGGAGGAAAAT
GACGATGGGGAGTTCCACCACCTATGTACAAACCCCCCGCGAAATATTTTACCGAGCGCCCATTAGAATTGTAATTTACTATACATACATTCATA
ATAATAAAATTGAGTAATATTATACTGGAAGCCATAGTAAGAAATGGGTCTAATTGTCAAAAAGTCCAGGCACTCAAAATAAAAGACTCCTCACA
GGTATGGATAACATCCAGAAGACACCACCCCTTGTTAGGCCTGCAGTCTTATTTCGCTTTGTAAGATTGAATCTTACCACGTTGTTTTAATTATA
TTTCCATGCGCAGATGGCTTCACCAACTGAAAACGATCAACAGCGTAAATGATGCTGTCAACTGTCTTAAGACGAAATCTTAAAATCTTCAAAAA
TGCGTACATTTGAACAACGAAATTCTTGTTTTCCCCGACTTAGTCTTAGATTTTAATAGGTGCATATTTAGGGGCATATTTGTGATCAAGCTATG
TCAGTTGGCGGGCTTCCATCGTGATTAGTCGTTCCACCCTGAGGAACACCTCTGAAAGCCTCGCCTTCATTTTGCACTGCTGGCTTCTCCGCTTG
AAGATTACTCTGTGCGCGATGCGTCGATGGAGGTACGGGCGTGTCAGAGGAGTTGCTAGACGCCTCCCTGGCTTTCAGTTGCTTGGTCATGTCTA
TTTGCTGCTGCAGCGTGTAGGTATTCTCGTGTTTGCGCCGTTGTTGCTGCTCAACGTCCCTCAGGACACCATCGTGCAGTCTCAGGCTGGAAGTT
AGAGATCGGAGGCTATAACTTTATTCCGGAGTATTTGGCTTACTTACCGGTCTGCCGATTGTTTATAGTGCACATAACCTATGATCGCTGTGGAA
ATGGAGACCGCCAGTCCCAAAGTCACTCGCGAAGCGGTCGACATGACTGGGCACCGGTCTGCCGCTGGAGATTTCCGCCTAAAATGCCTGCACTA
GGAATTTGGCTGTCGGGTTGTGTTGTTTTGAAGTCGGTTCGGGTTACGACATGACTTTAAATTTGAAAGAAAAACAACAGCACCACACAGCTGAC
AAGAGAGTGGCCAGTTTACGGAAGCAAAGTTTTCCCTATCCAGAGTTAGTGCGCGGGAAAATCAAATTAATTCCCTTC
(SEQ ID NO: 340)

Exon: 1001..1212
Exon: 1281..2308
Start ATG: 1169

Transcript No. : CT11994
GTGCAAAATACGACCAGACGCTGCTTTTTTCGGTTTCCGAAAATAATTGAAAATTATCACTAAATAAACAGGCGGCTAACATAATTGCAGTTTGA
CCGCGTTGCAGAGACAAGCGGGTAGATAAGTTACACATTTTGGCCACAGCAACACCACAGTAAAGCCGCCAGCATGGCCGAGTACTTGGCATCCA
TTTTTGGCACGGAAAAGGACAAGGTGAACTGTTCGTTCTACTTCAAGATCGGCGCCTGCCGCCACGGCGACCGGTGCTCTCGCATCCACAACAAA
CCCACTTTCTCGCAGACGGTGCTTCTCCAAAATCTATACGTGAACCCCCAAAACTCCGCCAAATCCGCGGATGGCTCCCATCTGGTGGCCAACGT

CTCCGACGAGGAGATGCAAGAACACTACGACAATTTTTTCGAGGACGTGTTCGTAGAGTGCGAGGACAAGTACGGGGAAATCGAGGAGATGAACG
TGTGCGACAACCTAGGCGACCATCTGGTCGGCAATGTGTACATCAAATTCCGTAACGAGGCTGATGCGGAAAAGGCGGCAAACGATTTGAACAAC
CGGTGGTTCGGTGGTCGACCGGTGTACTCGGAACTATCGCCGGTGACCGACTTCCGCGAGGCTTGCTGTCGGCAGTACGAGATGGGCGAATGTAC
CCGCTCCGGCTTCTGCAACTTCATGCACTTGAAGCCCATCTCGCGTGAGCTGCGAAGGTACCTCTACTCCCGCCGCCGTCGTGCCCGCTCCCGTT
CCCGATCCCCTGGACGCCGTCGCGGCTCCCGCAGCAGGTCCCGATCCCCGGGTCGAAGAGGAGGCGGCAGAGGCGACGGTGTCGGCGGAGGAAAC
TACTTGAACAACGAGCGGGACAACATGCGTGGCAATGATCGCGGAAACGATCGCGATCGCCGCAAAGGTGGTGGCGGAGGAGGCGGTGGTGGTGG
TGGACGGTATTAAATATTCTGGACATTTTTTCTGTACGGTGGCAATTGAGAGAGAAAGCAACGGACAAGCAGTAACGCAAAGCATCGTGTATTTT
AGTCTCTGCGTTGGTTTTCCACGTTTTTATATCACTTTTGAGTAAACGAGATGGAAGGAGGAGGAGGAAAATGACGATGGGGAGTTCCACCACCT
ATGTACAAACCCCCCGCGAAATATTTTACCGAGCGCCCATTAGAATTGTAATTTACTATACATACATTCATAATAATAAAATTGAGTAATATTAT
ACTGG
(SEQ ID NO: 341)

Start ATG: 169

MAEYLASIFGTEKDKVNCSFYFKIGACRHGDRCSRIHNKPTFSQTVLLQNLYVNPQNSAKSADGSHLVANVSDEEMQEHYDNFFEDVFVECEDKY
GEIEEMNVCDNLGDHLVGNVYIKFRNEADAEKAANDLNNRWFGGRPVYSELSPVTDFREACCRQYEMGECTRSGFCNFMHLKPISRELRRYLYSR
RRRARSRSRSPGRRRGSRSRSRSPGRRGGGRGDGVGGGNYLNNERDNMRGNDRGNDRDRRKGGGGGGGGGGGRY*
(SEQ ID NO: 342)

Name: RRM-type RNA binding protein
Classification: RNA_binding
Gene Symbol: U2af38
FlyBase ID: FBgn0017457

Celera Sequence No. : 142000013384832
TCGATCTTCTCGCATAACGAGCTGATTAGCATTGTAATGCTCTACCATAAGTTTGTGCTGGTCAATGGGCCGAGAGCAAAGTACATGACCATTCA
GCAACTCTCTGCGCTGATGGAGCTCTTGTTTGAGATCGTGGATCGCGATCTCATTGCGACCATTGTGTATAGAATAGCCCATACACCAGGTTCCA
GGCCTCCTGACTTCTTTTCCGACAAGCATATACACTTGGAGTCCTTTGTGCGGCTTTTCACCGTATACTTCACCAAAGATCTTCAGCTGAAAATG
GAATTCGCATTCTCGGTGGGCAATTCATAGTATTCATATGAAATTAGCCTAGACCATTTGCTTACATTGCAGGTCTACGATAAAAGCGATTCCAA
GCAGTTGAATGGCGAGCAAGTTGGGTTCTTCGTCGGCAAGTTCTTTGAGAGCGAGGATGAAGACGAATCCATTGAGCTGCGCTTGGTGAGGCACC
ATCCCCTACACTTGTTCCATTGAAACACTGACACATTTCGCATTCCTTCAGGACATGAAGGAGATGCTGTTCCTCAAATTCGACTTGGACAAGGA
TACCAACATTGGGGTTGATGAGTACTACGAGGTGGTCCGCCGACAGCCCATGCTGCTGGAGTGCTTTGGTCGCGTGTTTCCCCCGAATCCCCAGA
TGGAGGTCCTTGCGCTGTGCGCCAATGTAATGTCTTGGTTTGACGATTCGCCCAATCCCAGGATTATGATAAAACCAGACGGCGGCAAGGCCAGC
TAGCTAACAGGACGTCCAGGAACGCATTTTTATCTAACCAGATACTTAAATTGTGACACGTCTAGAAATTGAAAAGTGCAAATAATTTAGTGCAT
CATAAAGGTTTACACTTTTATTAACTAGTTTTGTACGTTACTTTTGAATATTGGTTCTGAACGGTAAACTCGCTTCATTGAGGCTGCTTCGATAA
CGATACCGATTAGTCAGTGTGTCCGGATTGTCTCATCCCTGCTGCACGCGACCCACCATTTTAGTAACACCGAAGAAACGGTAGCGAAATGGCCA
CGGAGGAGCACCAGCGCCTGGCCAGCATCGTGAAGAGCTGCCACGAAAGCCTGCGCCAGTTGACTAAGGAGTATGGCGCCACAGCGGCCTGGCAG
GAGCACACGAGTCCCAGGAACGCCAAGCAACTGGCGGAGTACGCCAAGGCGATGAAGCAACTGGCGGCCATATGGGAGACCAACGATGGGAAGGT
GGAGCTGCAGGCACGCAGCCGCATCAAGTGGGCCATCGACTACATCACCAAGTACTTCTTTACCGAGGGCATATATTTGCAGAAGCGCCAGCGGG
AGCAGCGACTCCTGGAATCCTACAGAGCCGAGGGAAAACTGGGCGAGGTGCAGTGCAGGCTGATGGAGGAGCCGCCGGACAGGCTGCACGTCCTG
GATGTGGGCAGCTGCTTCAATCCCTTTTCCAGTGCTCCGCACTTGGAGGTAACCGCCCTGGACTTGTGTCCCGCCACCGAAGATGTGCTGCAGGC
GGATTTCCTCAAAGTGGAGGTGGTACCCGGAATACGAGAACCTGAGCTGGAGGAGGGCAGCGTAAGAAGGCTACCAGCAAGCCACTACGAGTGCG
TCATTTTCAGTTTGCTACTGGAATACATGCCCAGCGCCGAGCAGAGACTACAGTGCTGCCTTCAGGCCTACGACCTGCTGCTGCCCGAGGGCATC
CTTGTGCTCATCACACCGGACTCCCAACATGTTGGCAAAAACGCCCACCTCATGAAAAACTGGCGCTACTCCCTGGCCAGGATTGGACTGCTACG
GGTACGCTTCGAGAAGTTGCCGCACATATCGTGCATGGTGTTCCGCAAGGCCATCAGCCGGGAGCTCTCACAGCACTGGGCGAGCATTCACCGGG
AGGAGGGGATGTGCGAGGAAATTCGGATACCGCAGGACGATAGCTAGATAAGATTCAGCCCCCATAAATCGATGTAAATATGTCCACGTCTACTT
ATTTATGGCTTAACTTATCTGTGTTAAGTGCGAGTTAATAATAATGGTTGACGATTTATCTACTATCTATGGATGTCGTAAATGGACAAATGCTA
TTGCTTCTGTTCCGACTGTGGGAACAGCGCGCCGCTGGTCTGGCGCTTCTTCATCGCTGTGGTGGCGCCCTGCGAAATCTTCATGATGTTCGGCG
GGAGCGGTTTCTTGCGATCCGCCTCCCACTCGGCTCGGTGGAGCCGCTGACGGTGCTTGTACATGTTGGCGTTGGAAAAGAACGTCATGGGGCAG
TTAGGACAGGTGTACAGCACCTCTCCGGTGTGCGTTGATGTGTGCTCCTGTAAATTAGGTGTCGAATACTTAGATTTCTCTGTAAGTGAGCCCCA
CACTTACCCTCAGATCCTGTGGACGCTTAAATGCCTTTTCGCACATCCCGCACTTGAACTTTCGCTCACAGAGGTGGTTGTGGTAGATGTGGCGC
TTCAGGGCTCGGGAATTGGTGGATGTCTTGTTGCAGATATGACAGCGGTGCTCGTCGCCCGGCGGCTCGTGTACCGTTTTCATGTGCTGCTTTAG
TCCGGACAAGTGGCGCAGCCAGGTGCCGCAGATCTCGCACTGCACGGGATCGGGTTTTGGACGCGGTTTCTCGGAATGTTCAAGCTCGTGATGCT
TTTTGAGATTCGTTTGTGAACGTAGCGTCTTGCCACACTTATCGCAGATGATGGCCGCTTCCGGGTCGTGCATGTAACGCAAGTGCTCTTTCAGT
TTGCGTTCCGTAGGAATCCTGAAAGCATTAAGGGATTACTTGGGGGGTTGCTCATATGCCTCATACCTGATGGACAATTACTTCTTGTTGCACTC
CGGACAAGAGTATTTGAACTCGGATTTCGGGACATGCTTGGAAACGTCATGATACTCCATGGCCGCCTTGGTTGTGAAGCTCTTGGGGCACTTCT
CG
(SEQ ID NO: 343)

Exon: 1001..1947
Start ATG: 1039

Transcript No. : CT12002
ACCCACCATTTTAGTAACACCGAAGAAACGGTAGCGAAATGGCCACGGAGGAGCACCAGCGCCTGGCCAGCATCGTGAAGAGCTGCCACGAAAGC
CTGCGCCAGTTGACTAAGGAGTATGGCGCCACAGCGGCCTGGCAGGAGCACACGAGTCCCAGGAACGCCAAGCAACTGGCGGAGTACGCCAAGGC
GATGAAGCAACTGGCGGCCATATGGGAGACCAACGATGGGAAGGTGGAGCTGCAGGCACGCAGCCGCATCAAGTGGGCCATCGACTACATCACCA
AGTACTTCTTTACCGAGGGCATATATTTGCAGAAGCGCCAGCGGGAGCAGCGACTCCTGGAATCCTACAGAGCCGAGGGAAAACTGGGCGAGGTG
CAGTGCAGGCTGATGGAGGAGCCGCCGGACAGGCTGCACGTCCTGGATGTGGGCAGCTGCTTCAATCCCTTTTCCAGTGCTCCGCACTTGGAGGT
AACCGCCCTGGACTTGTGTCCCGCCACCGAAGATGTGCTGCAGGCGGATTTCCTCAAAGTGGAGGTGGTACCCGGAATACGAGAACCTGAGCTGG
AGGAGGGCAGCGTAAGAAGGCTACCAGCAAGCCACTACGAGTGCGTCATTTTCAGTTTGCTACTGGAATACATGCCCAGCGCCGAGCAGAGACTA

CAGTGCTGCCTTCAGGCCTACGACCTGCTGCTGCCCGAGGGCATCCTTGTGCTCATCACACCGGACTCCCAACATGTTGGCAAAAACGCCCACCT
CATGAAAAACTGGCGCTACTCCCTGGCCAGGATTGGACTGCTACGGGTACGCTTCGAGAAGTTGCCGCACATATCGTGCATGGTGTTCCGCAAGG
CCATCAGCCGGGAGCTCTCACAGCACTGGGCGAGCATTCACCGGGAGGAGGGGATGTGCGAGGAAATTCGGATACCGCAGGACGATAGCTAG
(SEQ ID NO: 344)

Start ATG: 39

MATEEHQRLASIVKSCHESLRQLTKEYGATAAWQEHTSPRNAKQLAEYAKAMKQLAAIWETNDGKVELQARSRIKWAIDYITKYFFTEGIYLQKR
QREQRLLESYRAEGKLGEVQCRLMEEPPDRLHVLDVGSCFNPFSSAPHLEVTALDLCPATEDVLQADFLKVEVVPGIREPELEEGSVRRLPASHY
ECVIFSLLLEYMPSAEQRLQCCLQAYDLLLPEGILVLITPDSQHVGKNAHLMKNWRYSLARIGLLRVRFEKLPHISCMVFRKAISRELSQHWASI
HREEGMCEEIRIPQDDS*
(SEQ ID NO: 345)

Celera Sequence No. : 142000013384831
CTTTCGGGGGAGAGGTGGTGAAAATCCAGTGGGTTTATCCTCACACAAATATCCTCACATTAATGGCACATGCAATTTTCCCCTACATTTGGCAC
CTAGCACCCAGCTTTCACCCGCAGTACCGTTATACCGTTCCGTTTTACCGTTTTACCGCCGCGTTGTGTTCACAGGACCGCACAAGCTCAGACTG
AAGCGACGAAGTGAAGCTGCGTGAGCGAGCGGCTGGTTGCTTTTACGCTTTAATACTAAAAAAAAAGGAAAACGGTCCTTTTTGCTTTCGTTCGC
TCGCGCGCACAGCTTCCTTTGCTTCCTCTTTGTCGTCGGAGTGTAGACTTTCTCGCCGCTCTCTTTGCGCAACAATGAAACTCTTGAAAGTCTCC
AAAATGAACAGACCGTTTTAATATCTTGGCCATATTTCGAACGCATTCCGATAAACATTTACTCCAAAGTCAAGTATGTGAATCTGTTAAGGTAA
ATAGGGATGTAATCTGCCCATCCAATTACAATAGCATGCTTTTAGGCTGCTTATAAATTATCCCAGAGTTCTTCGAACCATATTTATGGCGGCGT
CCACATATAAATATAGTTAAGTTATCGCAACAGTCTTCAACGATCTTTGGTATTATCAGATGACCTGATTCCCTTGGTATTTTAAAATAAGTGTG
AATGAATCACATGAATGAATTCAAAATTTTCTAATAAGATTTCTACAAGTTTAAGAACATCACCAACCATCGTATGTTTAATGTCACCACCAAGG
GTGCCCGTATTACGACATAACGTGACCACATATTTTAGGGAATTTTTAAAAAATAAGCATAGAAATTATCTCTTATAACTAAAGTCATGTCCACT
TTGCTTTGAGTATTAATTTAATTTGAGAAATTATATTGCGTCGCGTAAGCTGCCACCACTGAGGGTGACCGTACTTGCGACCGGTGTGCCCGCAC
CGCGCAATCACCAGCACTTCGGCCGTTTCCCAGCACTGCCTCACCGAACGTCTGGCCAGCGACCATCTTGTGAAAAGTACTACGAGTGTGGAGAG
GAGTTGGCTTAGGAATTGTACAATTACTTCTGCGGCGAACAGTTAAAAAGCATTAAAAATGTCGATTTTTTCCGCCCGCCTGGCGTCCTCGGTCG
CCCGTAACCTGCCCAAGGCTGCCAACCAGGTACCGCACCGAATTCCAGAAATTAAATCGCCCGACGAAGAGTTGGCGAAAAAGTGTAATACATAA
CCGAATCGATGGGGTACTTTGCAGAAAATTAGTGCATCCGGGTGGTTCAAAGATCGATCGAACTGTGGATAAAGACTTTCTGGATGCGTAGCAAG
TATTCGGGTGGGATTTTGTACCATTTTCCAACAAGAATTTAGTGTTACGCAATGCGGCGAATTGCAAGGCGGCCGCTGAAATTGTGGGTTACATA
ATCAGTGCCAACCGAGAATTTGCTAAGCAAAACAGAGTTTTTGGTTATTTTTTCAGTAAAAGTGTGCGAAGAACGCTGCAATGTCTTTGTTTTTG
TCCTCACATTACATAATTGTGATGTGGGTGAGATGCGGTGCCCGAAAAGTTTGAGGTTAGGTGCGGCTGTCAAGCAAGTGGTGAAGGTGGAAAGA
ATACAAAGTGGGGAAGTGCCGACATCCAGATACCCTGTAATCAGTTTTTTTTTTTATTAACTAGCTAGAAAGTACTGGAGAGAAGTTATTGAACG
ATCGTACCCTGCGGTTATCCAACGACACGGACCTACACCTTACATAATCTCGCATAATCATATCGATTAACCTACTCTCTTACAGGTCGCCTGCA
AAGCCGCTTATCCCGCCGCCAGTCTTGCTGCCCGCAAGCTCCATGTGGCCAGCACGCAGCGTAGCGCTGAGATCTCCAACATCCTGGAGGAGCGC
ATCCTGGGCGTCGCCCCCAAGGCTGATCTGGAGGAAACCGGCCGTGTGCTGAGCATCGGTGACGGTATCGCCCGTGTCTACGGTCTGAACAACAT
CCAGGCCGATGAGATGGTGGAGTTCTCCTCCGGACTGAAGGGCATGGCCCTTAACTTGGAGCCCGACAACGTCGGTGTTGTGGTCTTCGGTAACG
ATAAGCTGATCAAGCAGGGCGATATCGTCAAGCGTACCGGTGCCATCGTGGATGTGCCCGTCGGTGATGAGCTGCTGGGTCGCGTCGTCGATGCC
CTGGGAAATGCCATCGACGGCAAGGGTGCCATCAACACCAAGGACCGTTTCCGTGTGGGAATCAAGGCCCCCGGCATCATCCCCCGTGTGTCCGT
GCGCGAGCCCATGCAGACCGGTATCAAGGCCGTCGACTCCCTGGTGCCCATCGGTCGTGGTCAGCGTGAGCTGATCATTGGCGATCGTCAGACTG
GGTAAGATTCTGGAGATAACCAAACCATGACACACCATTTCTCAATTGCTAGCAAGCAAAATTTAACCAAACAATTTTGTATTTAATCTGCAGTA
AGACCGCTCTGGCCATCGACACCATCATCAACCAGAAGCGCTTCAACGAGGCCCAGGACGAGTCCAAGAAGCTGTACTGCATCTACGTCGCCATT
GGCCAGAAGCGTTCCACCGTCGCCCAGATCGTGAAGCGTCTGACCGACTCCGGCGCCATGGGCTACTCCGTGATCGTGTCGGCCACCGCCTCCGA
CGCTGCTCCTCTGCAGTACTTGGCCCCCTACTCCGGATGCGCCATGGGAGAGTACTTCCGCGACAAGGGCAAGCACGCCCTGATCATCTACGATG
ATTTGTCCAAGCAGGCTGTGGCCTACCGTCAGATGTCCCTGTTGCTGCGTCGTCCCCCAGGTCGTGAGGCCTACCCCGGTGATGTGTTCTACCTG
CATTCGCGTCTGCTGGAGCGTGCCGCCAAGATGTCCCCCGCCATGGGAGGCGGTTCCCTGACTGCTCTGCCCGTGATCGAGACCCAGGCTGGCGA
TGTGTCCGCCTACATTCCAACCAACGTCATCTCGATTACCGACGGACAGATCTTCTTGGAGACCGAGTTGTTCTACAAGGGTATCCGCCCTGCCA
TTAACGTCGGTCTGTCCGTGTCCCGTGTGGGTTCCGCTGCCCAGACCAAGGCCATGAAGCAGGTGGCCGGTTCCATGAAGCTGGAGTTGGCCCAG
TACCGTGAGGTCGCTGCCTTCGCCCAGTTCGGTTCCGATCTGGATGCCGCCACCCAGCAGCTGCTGAACCGTGGTGTGCGCCTCACTGAGCTGCT
CAAGCAGGGTCAGTACGTGCCCATGGCCATTGAGGATCAGGTGTGTATGCCAGGACTTACCTAGCAACTAACTTATATCCGTAGTGACAACGCGG
ATATCGCGATTCCCGTGTAAAACCCAACCTCTAATCACCCAACATCAAATCTTCCAGGTCGCCGTTATCTACTGCGGTGTGCGCGGTCATCTGGA
CAAGATGGATCCCGCCAAGATCACCAAGTTCGAGAAGGAGTTCTTGCAGCACATCAAGACCTCCGAGCAGGCTCTGCTCGACACCATCGCCAAGG
ACGGTGCTATCTCGGAGGCGTCCGATGCCAAGCTGAAGGACATTGTTGCCAAGTTCATGTCCACCTTCCAGGGTTAAGCATCAGCAGCAAACGAA
GAATAGGAGTAGCGGTGCGTGCAATTAACATCATAGATGGCTCGAATAATGCTGCCATCCCTGCGCGCCATCAACAACAACAAATAACAACCTAC
AACTTAAGATAAACAGAAATTATAAAACAAAAACAAGAGAAAACTCCTTTGCACATTCATGTTTTCCTGCGCATCCTGACTGGATCGATCGCCTT
CAATCCGTGGTTCGGTGCCATTATGCCGCAAAATCTTGGGAGAGAGAGAGCCGGCCCTGGCTACGGAGTGGACGGCGAGCCCCAGCCGGATGCAC
TTTCGAGTTTCAGCGAAAAATCCTTGCGGTTCCTCCAACCTCCAAAACGATAGATAATCCCCCGTTGTTCTTCTACCTAAAATATGTAATCAATA
TTTGAAATATTGTAATCGAGAATAGTCGAAATAATGTCTGAGGATGATTGTGAAACGATGATGAATTAAAACGATACTAAATTATACTCTAAATG
AGTCCTGCTCACACTTCTTTGCTGGGATTATTTCCTTTTGCTTTCTTTTTTAATTCCCGATTTTGGTAATATAATTTAAAGAATTCTTGACAAAT
TGTTATGTTCTAAGCCATTTGGAGATGTCTTGCCAGGAATCTTTGAGCATATTTTGTTAATAGGGGTTTTAAGCTTGGTTTCTTGAGGTTCTGTT
GCCGAAATGGATTTCCCTAACTAATCCTGGTCCTTTCGGCTCAGCTGATCCGCCAGACGACGAGCAGATGTCCTTTTGCGTAACCGTAACCTCTT
GACCCCCGTGCGAATTAGCCACCCCTTGAACTACCTGAACGACCGCCTGTCTGCTCCAAGGCGCAGGATTCAGAAAGGAACTCGAACCCGGTGGT
TCGGAGTGGTTCATGCTGTGCATATTTCGGTAACAGCAAGCCAGAAGCGAGAGCAAGAAGTTTCCAAAAAGAGAAGAAGAAACAGAGGGTACCAA
GACCCAAAAACTGTAAGCCCGATTTATACGGCATGGAGTTTTTATGACGCCGATTGCCACTGGCAGCCAACATAAAATATGCCAAAAGGGAGGAG
CAGCGGAGGTGCCGAGAAAAATGACTTTCTTTTTACTACATTTGTTTGACCGTAAACAAGAATTAATGAGAGTCATAAAACCGTCAAACTTAAAT
TTCGAACAGGCGCACAGCAAAGTCAGCAGGCCGTGTACAGTGGGCGCTCTATAAGGCGAACAAATGTTGAAACTCAAACTTTTTACCTAATGCAT
TAATTGCTACTAACGAAAACTATTTGAAATATTCGTTCGATAATTCGCTTATATGTTTCTTAAGAACTTAACTATAAGGTTGCCTTTATTTGGCT
TTGTATCGAGTAACTACTGTACATGAGAAAAGTGAGATAGACACCCACACACACACGCACAACCATGTGCGAGCAATGTGCTCGGCAATTACC
GTTGCCCATGGAACACGGTACCAAAAAAAGGGAGAGAAAAGCGTTAAA
(SEQ ID NO: 346)

Exon: 1001..1169
Exon: 1796..2376
Exon: 2469..3270
Exon: 3383..4083
Start ATG: 1104

Transcript No. : CT12071

TCTGGCCAGCGACCATCTTGTGAAAAGTACTACGAGTGTGGAGAGGAGTTGGCTTAGGAATTGTACAATTACTTCTGCGGCGAACAGTTAAAAAG
CATTAAAAATGTCGATTTTTTCCGCCCGCCTGGCGTCCTCGGTCGCCCGTAACCTGCCCAAGGCTGCCAACCAGGTCGCCTGCAAAGCCGCTTAT
CCCGCCGCCAGTCTTGCTGCCCGCAAGCTCCATGTGGCCAGCACGCAGCGTAGCGCTGAGATCTCCAACATCCTGGAGGAGCGCATCCTGGGCGT
CGCCCCCAAGGCTGATCTGGAGGAAACCGGCCGTGTGCTGAGCATCGGTGACGGTATCGCCCGTGTCTACGGTCTGAACAACATCCAGGCCGATG
AGATGGTGGAGTTCTCCTCCGGACTGAAGGGCATGGCCCTTAACTTGGAGCCCGACAACGTCGGTGTTGTGGTCTTCGGTAACGATAAGCTGATC
AAGCAGGGCGATATCGTCAAGCGTACCGGTGCCATCGTGGATGTGCCCGTCGGTGATGAGCTGCTGGGTCGCGTCGTCGATGCCCTGGGAAATGC
CATCGACGGCAAGGGTGCCATCAACACCAAGGACCGTTTCCGTGTGGGAATCAAGGCCCCCGGCATCATCCCCCGTGTGTCCGTGCGCGAGCCCA
TGCAGACCGGTATCAAGGCCGTCGACTCCCTGGTGCCCATCGGTCGTGGTCAGCGTGAGCTGATCATTGGCGATCGTCAGACTGGTAAGACCGCT
CTGGCCATCGACACCATCATCAACCAGAAGCGCTTCAACGAGGCCCAGGACGAGTCCAAGAAGCTGTACTGCATCTACGTCGCCATTGGCCAGAA
GCGTTCCACCGTCGCCCAGATCGTGAAGCGTCTGACCGACTCCGGCGCCATGGGCTACTCCGTGATCGTGTCGGCCACCGCCTCCGACGCTGCTC
CTCTGCAGTACTTGGCCCCCTACTCCGGATGCGCCATGGGAGAGTACTTCCGCGACAAGGGCAAGCACGCCCTGATCATCTACGATGATTTGTCC
AAGCAGGCTGTGGCCTACCGTCAGATGTCCCTGTTGCTGCGTCGTCCCCCAGGTCGTGAGGCCTACCCCGGTGATGTGTTCTACCTGCATTCGCG
TCTGCTGGAGCGTGCCGCCAAGATGTCCCCCGCCATGGGAGGCGGTTCCCTGACTGCTCTGCCCGTGATCGAGACCCAGGCTGGCGATGTGTCCG
CCTACATTCCAACCAACGTCATCTCGATTACCGACGGACAGATCTTCTTGGAGACCGAGTTGTTCTACAAGGGTATCCGCCCTGCCATTAACGTC
GGTCTGTCCGTGTCCCGTGTGGGTTCCGCTGCCCAGACCAAGGCCATGAAGCAGGTGGCCGGTTCCATGAAGCTGGAGTTGGCCCAGTACCGTGA
GGTCGCTGCCTTCGCCCAGTTCGGTTCCGATCTGGATGCCGCCACCCAGCAGCTGCTGAACCGTGGTGTGCGCCTCACTGAGCTGCTCAAGCAGG
GTCAGTACGTGCCCATGGCCATTGAGGATCAGGTCGCCGTTATCTACTGCGGTGTGCGCGGTCATCTGGACAAGATGGATCCCGCCAAGATCACC
AAGTTCGAGAAGGAGTTCTTGCAGCACATCAAGACCTCCGAGCAGGCTCTGCTCGACACCATCGCCAAGGACGGTGCTATCTCGGAGGCGTCCGA
TGCCAAGCTGAAGGACATTGTTGCCAAGTTCATGTCCACCTTCCAGGGTTAAGCATCAGCAGCAAACGAAGAATAGGAGTAGCGGTGCGTGCAAT
TAACATCATAGATGGCTCGAATAATGCTGCCATCCCTGCGCGCCATCAACAACAACAAATAACAACCTACAACTTAAGATAAACAGAAATTATAA
AACAAAAACAAGAGAAAACTCCTTTGCACATTCATGTTTTCCTGCGCATCCTGACTGGATCGATCGCCTTCAATCCGTGGTTCGGTGCCATTATG
CCGCAAAATCTTGGGAGAGAGAGAGCCGGCCCTGGCTACGGAGTGGACGGCGAGCCCCAGCCGGATGCACTTTCGAGTTTCAGCGAAAAATCCTT
GCGGTTCCTCCAACCTCCAAAACGATAGATAATCCCCCGTTGTTCTTCTACCTAAAATATGTAATCAATATTTGAAATATTGTAATCGAGAATAG
TCGAAATAATGTCTGAGGATGATTGTGAAACGATGATGAATTAAAACGATACTAAATTATACTCTAAA
(SEQ ID NO: 347)

Start ATG: 104

MSIFSARLASSVARNLPKAANQVACKAAYPAASLAARKLHVASTQRSAEISNILEERILGVAPKADLEETGRVLSIGDGIARVYGLNNIQADEMV
EFSSGLKGMALNLEPDNVGVVVFGNDKLIKQGDIVKRTGAIVDVPVGDELLGRVVDALGNAIDGKGAINTKDRFRVGIKAPGIIPRVSVREPMQT
GIKAVDSLVPIGRGQRELIIGDRQTGKTALAIDTIINQKRFNEAQDESKKLYCIYVAIGQKRSTVAQIVKRLTDSGAMGYSVIVSATASDAAPLQ
YLAPYSGCAMGEYFRDKGKHALIIYDDLSKQAVAYRQMSLLLRRPPGREAYPGDVFYLHSRLLERAAKMSPAMGGGSLTALPVIETQAGDVSAYI
PTNVISITDGQIFLETELFYKGIRPAINVGLSVSRVGSAAQTKAMKQVAGSMKLELAQYREVAAFAQFGSDLDAATQQLLNRGVRLTELLKQGQY
VPMAIEDQVAVIYCGVRGHLDKMDPAKITKFEKEFLQHIKTSEQALLDTIAKDGAISEASDAKLKDIVAKFMSTFQG*
(SEQ ID NO: 348)

Classification: enzyme
Gene Symbol: blw
FlyBase ID: FBgn0011211

Celera Sequence No. : 142000013384093

ACTTCTCGAGTAATACTTAGTGATAACTGCAACTTTATTTAACATGCTAAGCGCCAAAGCTTTATGAGTACATAATACCCATAGCTCGATAAAGC
AATCATAGAAGACTTACCACAGTCAAGCTTATAATCTATAGGACCCCATCGTTGATGGGTAAATGCTTTTTATGTACAATCGTAGTTCCCCTAAA
GACATGCCTTACAAATGCTAAGGGTTGCGTAGAGCCCTACTAGGTACGTGTTAGTAGTGTTAAGCGTGTGATTTAGTGTTAATATCACAAGGGTG
TGTGGGGGAGTGTGGCCTGATTGAGTCACCGGGATGATTCAGTTAGGCACTTTCTCCGAGACGGTATCAAGACCTTTCACCGTGTTAGTAGCTGA
ATCGCCTACAACTAAGGTTACATCACTGTGAAAAATCGAAAGAAGAGAGCACAGCAAAATACGGGTTGAGGGTTTAGTTTTAGTTCAGAGATGAT
AACCAAATGTAGATTAGTAAATAGAAAGTAAGTACAGATGAGATAAGATTAGAATCATTAGGAAGTTAGGCCGATTTGGTTGAAAGCAGAGCGGG
AAAAAACTTAATCACAAGCAATGGGTTAGCAGAGAATGCTTTTAAGGAAGAAGATGCAAATCGAGAGAGTTTGTGCATTCGAGTGTGTTCTGGAT
GGTTATATGGTTGAATGGTTGGAATCAAAAATCGGGAACATACCTGGCGTACGTCGAGTTGGCGTTCTTTATCGAAAAGCTGTTCTGGCTTGGCA
ACACAAAACGCTGCACCCACTGTAAACAGAGAATACCTTGAGTACCAGTTGATGAAGTAGGCATAAGCCCTCAAAGCCCCCAAGAACCATATGTG
GTCAGTCACGTAATTTGATAAAGTCAGTCCGTTCAGTGCGGTATCTGTGATGCTTTAAAATGTGTCAAAAAGTTCGCCTAATTTGTGATTCTCTA
AGCCCATTTGATAAGTGACCCAACTAGTTGCGGCCAAGTACTTACCCGGCTGTTCATCAAACGCTGATTGCCCATGCAGGCAGCCATGTGTATCA
CAAGGTAGAGGTTGAACAGTATATACAAAATGGCAAAAATACCTGCAATTGGCAAAAGGAAAAATACATTAGATTCGGTTTAAATTGTGGCAATT
GACTACTCACAGACTAGTGCCAGCAAGCCGCCTTTAATTTCCATATTCTCTACTTGCACCACCACAAAGTACAAATTAACGCCAATCACTACAAT
GGTGAGCAGTATGGATACGATTTTGTTGCCCCTGTGAATACAAAAATTTAAAGAATGCACGATAATCAATTAAAAGTGTCTGTATCACTTACAGT
CCATTAACAAACTCGCCCATTATGGCGGCGCACGAGGTGAAGGCGATGGTGGGTATGGCAGCGAATGGCAGCTGGAGCGACATCACCGCATTCAG
GATATCGTTCATGCTAGTCAAATCTTCCATCTTGCTGAACATGGCCAGGCAGAAGGTGGGAATAATGGCAATGCAGCGCGTGACCAGCACGCGAC
ACCAGCGCGGCCACTGCAGATTCAAGAAGCCTTCCATTGAGAACTGACCGGCATAGGTGCCCGTCATGGTGGAACTCTGGCCAGCAGCTAGAATG
CCCACACCCCAAATGTACATGGCGACAGCTCCAAATGTGCAGCCAAGGAAAAGTCCGCCCTTGTATAGATCTGCATCGATGATCGCGGTTCCATT
TACATTGTCCACAAAAGACATTTTGGCATCTTCGTACATCGACTTGTCTTTACACACTTCAACCTATTGGCCCACAAAGAGTTAGCAATCATTTT
ACACATAAATTCAAAAGTCTACTTACCACATCATTATTAGTTTTGCCATACATGCCATGGGCAAACACAGCCACCACAAACAGGTTAATGATGAA
GGACACAAACAAGGCTACCGACGCCTCGATGAAGAAGTAAAAATTCGCCTCACTAACTTTCTTTGTCTGGCGACGGTCTATATCGCGGGACTGTT

AACAGAAAATTGTTATGTATTGGTATCTAATTACGAAGTCACAAAAAGCTAGTTGTGCTATACCTTAACCAAGGCGGAATGCAGGTAGAGATTGT
GCGGCATAATAACAGCACCCACGACACCCACGGCCTGCAGCAACACATTCGAATTGCAGTTAGAGCACCAGGGCACAAACATTCCCTCGAGAACT
TCTCCTTGATTAGGGGCTGATACAATGTACTGAAAGATATGAAAAATAAATTAATTATGACTTAAAACCATTTAAAAAATGATTATGGGGAGAAA
ACAAATTGTTCCTAGCTTATATTGAGATTTGGTTAGAAATAACAAAATACTTGTTACTCGTAGAAAAATCCCCTCGAGGCACCCCCACTTTTTTC
CATTGTAATTATCTCCAAAAACCACCATCGGTAATTGTACAATTCTGCATTGTATAATCTAATTGATAAGACTGGCATTACACATCCCATCTGGA
ATTGTTAGTCATGTCCGGCAGCATCATGTGCCTGGCAAACAAAAGATGAAGTATCCAGCACCCACGCTCAGAACCCCATTTAGTGTGCGAGTGAA
GCTTATCTAATCATCTCCGTCTGGGGCAGAAAGCTCAAGTACAATTGTTTATAATCTGGCCCGTTAACATGATGCGGTCGTAAACTTAAGAGTAA
GAATATGGGGCTAGTTAACGGGCTAACTTCATCCAGAAATCGACAAGTCAAATGTAAATTTACTACTAGCGATCATTAAAATAAACCTAAACAGG
CATCTCACAAATTATTTGCCATTGCGGTCGTTGCAATTGTTTAAACAATTCGTATTTGCACTCACGTCTGGTAATTTATTCTCTTGACTACTTTA
TTGTCATTTGGCAAGGGGATTTTTTGCTGATTTTGGCGATTACTTTTTATAGTTAAGTTATTTTTTTCAACTTTGCATTTTAAACTTACCTCATA
GCCGAATGAGACAGCCATAATGGTGATGAGGGTGCCGAATAGGAACTCCAGCTTGCGTAGACCGTACTTGTCCAGAAACAGGAACGTGAACGTGT
CAACAATGGTGATCAACACTCCGCCCCACAAAGGCACTCTACAAAATGGGGAAAGCACCGCATGCATGAGTACTGGGTACTGCGATAATCCGCTC
ATTAGATTTGCTTACACTTTGTTGGACAGCAGGTATATGGCAATGGCCGTGCCAATGACCTCCTGCATGTCGGATCCAATAATGGCTATCTCTAT
CATTATCCACAGTATCCAACGTGGCAGACGCTTGTACTGTCTGTAGCACATCTCGGCCAGATGCAGGCCTGTAACCACGCCCAGTCTGCCAGGAA
GATAATAAACGCTTATATCATCATCTTTTTTGCAAGGTGTGGAGACCCAATTACCTTGCAGCCAAGCGTTGCATGAGCAGACCTAGGACTGTGGC
CCACAGCAAGACCCACAAGATCTTGTACTTGGCCGCCGCACCAGACTGCATATCGGATTCGATGTTGCCGGGGTCCAGATACGCAATGGACATAA
GAAAACCGGGTCCCGTGAAGGCCCACAGCTTGCGAAAGCTGAAACCCACCTGCAGATCACCAGATATTAGATAAAGTTTGAGTAGCATTGCTATT
CAAGCGGGTCTTACGTTTGTGCTATCATCGTCGGGTATGAGGACCTTCTCGTCGCTAAAGTAGGCCTGCTTGGCGGCGGGTTTCAGGTAGGTCGT
CTCGTTGAGTATCTGCTGGTGGTGCAGCTGGTTGCTCCGCTGACTTCCTCCGCCGGATGCGCCAGACGATCCGCCCGGTCCATCTCCACCGGCAC
CCGGCTCGTGGTAGGCCTCATTCGAAGACATGCTGCACAGAAGAGGCGAGGTTAGACTGGACCTAATTCGAGTTTCCACATGCTGCTATATTCCC
GTCCACTGCCCATTGTCGACTACTCTAATTTGTATTTTCTATTTGATTGTTTCACCTGGCATCAGCTTATGATTCCCACCATTTTCATTTAATTG
AGCATCTGTGTGTGATTCTAGCTCAATTAGCATTATCATATTGCACACAACAAACAAAATAATTTTGCGCTATAATTAAGTTTTTTGCACCATAT
AGTTTTATTTGGGGATTTCACCATAATCAAGAGCAAAGTCACAGTAACACGTTTTATTTTTTCCGAAACGCGCGTGGCAAAATATGAAAACAATA
AATAGTTCGAGAGGCATTAGCTCGGGGGTAACTGATAACGCGTCCATAATATTACTGAAATTTGCTTATATTATGCGGGTATATAAGGAAATAAA
ACGAGCTCAGTGATTCATGAAGTCCAGTAATTGAAATGCCTCTGCCCAATTTACCCAGAGAACTTGCAGATATTTCGCATTTGCAGTCGTATAGA
TATGGATGGTCGAAAACAAGACTACTTGAACATAAACACGAGTCCATTGACCCGTGTATCGATGTGAAATTTTGGACTGTTTATTTGGTAAAAGC
GATTACAAGTGCATTTCGTATACAAGATGCCTGAGCAGTCTTGGCTGCTCTTCAACGCAATACATTGAATGTAGAGCCAAGTGGCTCACCTTGAC
AAACGCGACTGCCCCACTGATGCTACATATCTGCTATAAGGCTTTCCACATCGCTTCATTGATGATTGAATCGGAGCAAGCAAAGACAAAGAGCT
CGAGAGCATCGTGCAATGTCTACTTCACATTATATGTGGCACTTGGACGGGTACATTTGGCATATACTATAAGTAACCGAGTTGGCCATATCAAG
CCGCCATTAATGGAGCTTAAATCGCGCTGCAGTGGCTCGAAGGAAATGTGTAACAACGAAATGTCGGAGGAGGGTGTTTAGTTCATTGGAACACT
TTTGTGTTATATTGTGTGGCGCAGACTGCTCTGTTTACCCAGTTGTATGGCAATACCCACGCCCCCAAAAGCGGAATTCTAGCCGATAAGTGTAT
AATCAGCCACATATTTATGTACGTGTTCCTTTGCCACTTTAGTGCCCAGTTGGACGCTGTAAATTATGACAATTGGTAATCAAAAAAAAAAAAAA
CGAACCATTTCCATTAAGAGTCCAAATTAAGTGGCACCAAAAAATATCATGAGTTTATTTAGAGAAAATATATATTTTAAACTGCGTACCATTTT
GCGCAGTCAGCGGGCAAAAGCAATTTATATTGTATATTGAAGCAGGCGAAACAAAACACTTGACAACAAAAAATTGACAAATGCAGATAACAGTA
ATTTGAAAATAGAAGAGCAATACTTATCAGCCCACATTGTTAAGTCGCTTGTTAAAAAAAAAAAAAACTAAAACAGTAATTATACGATTTCCGCTG
CCTAAAATAGTTATTTCTATGACAGTTCTCGCTGGCAATAAAAGTAGTGAATTGTGTCTGGAAAACTATCCATTGTTAGGGGATTTTAAAGTGCG
AATAGCTTGTCAACAATTGTTTTCTGTTTACGGTTATTTACGGTTAAGAATTATACATTACTCTCTTTGCCGGTTAGAGGGAGAGCGGACGGAGA
GAGGGTGCACCACGTTGTTTTTGTTATTAGCGCACACCTGCGTGCGCACTCACACACACACGAAATATTGATGGAGATGTAAATTATTGGGCA
ACTCAGGTTAAACAGCACTTCCTACCAGTTAATGGCTTACTTGCAACTGGGGGTTAACTAATTGGAGCCCTCGCCTTTATTATATCACAATCTCG
GCACTTGTGGCAGCTTATAAATGCATTTTCCTGCTTTTCTCGCGGAGCAATTTACGAAATTTACGAATTCCGTGACGTTGTACGGCCGAAACAAG
AGTGGTGATGGTCGCAGTAAACGAAGCAGAGAAATGACGAAGAAGCGGACGGTTTGGCTGCCAATTGCTGACTTAGTTAACGACAATTGACGAGC
GTGCAGGCAATTTGTGCTCAGCCGTGAGCGCAGCTCTTTGTTTATTAATTTTCCTCACAATATTTGAGATTCTGCCACCAGCTGCTTTCTTTTGC
ACGCACACTCACTCGCCTCTCACATGCACACTGTCTTTTCGTCTGTGCCCAATGTGGCAACCTGCGGCCACTCTCTCTTCTTTGACTTGCCGAAA
TCTGGCAACACTCGACAAGAGTACTAACCTTATCGGCCAAACTGAAGTTTTAACTCTGAGCCCACGCGATCGAGTGACTGACTATAGCATTTTGC
GGTAGCCCCTATTTATTCAAAATATCTCTCTCTCGCGTCGGCAAGTGAGAAAAAGAAAGACAGAAAGAGAGAGAGAGAGTGTGTGCGTGGGAG
AAAGACCACTGCTTTTTTTTGAGGGGAGATTTTTTGATAAGGCCTGAGATTTGGATTTTTGAAGGCCCCAGAAATACCGCCTAAGATTTGAACAT
GCATTTGAAATACCGGTTTGTACATCGACCGCAGGTTACCGTTAGAAATGTTATGCGGGATACATAGTTAAGTTGCATACCCTTTGAGTTACAAT
CACTAGTTAATAATATCTACGTTATTACCAACACGCACACTTTATCGTAATACCTCCTTGAAGTTTAATTTATACATCAACTTTATCAGTCAAAA
CTTTGATTTCGTCTGACACTTTTTTCGATTACGATCCGTCGCCAATAATTGCGATAAATCTTATCAAGTCTTTTTGGGATTGGCGCTCAAATTTA
CAATATGGCCGTACATCCTACTTATGTATGTTTTTTAACTAATTAATCACCACAATGCAAAGTACTCTTTCTTTGTTGAGCCCATATGCACTCAC
ATTTGCACCATGAATCATGTCAGTAGCTCGTTTCATGTAACAATTTCTACTTTGCCAGATTACGATGCGTTCGGAACAGGCAGATAAGAATTCGG
CCCATCCAAGAAAGGCCTTGACAGTTCTACCCCAAAATAGAGATATCCTCGTGATATTAGAAGGAACCCAACAATATGCTCGTTCTTATCTTCTT
ATAGAAATTTGTGAATTCCCGTATCCAATGAAATCATTTTACTTAGTAAAATGATTTGTTAGGCCTTAAAAAAAAACAAAAAC
(SEQ ID NO: 349)

Exon: 6018..5646
Exon: 3832..3625
Exon: 3564..3380
Exon: 3315..3151
Exon: 3078..2940
Exon: 2214..2059
Exon: 1990..1832
Exon: 1773..1001
Start ATG: 3831 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT12249
CAGTGTGCATGTGAGAGGCGAGTGAGTGTGCGTGCAAAAGAAAGCAGCTGGTGGCAGAATCTCAAATATTGTGAGGAAAATTAATAAACAAAGAG
CTGCGCTCACGGCTGAGCACAAATTGCCTGCACGCTCGTCAATTGTCGTTAACTAAGTCAGCAATTGGCAGCCAAACCGTCCGCTTCTTCGTCAT
TTCTCTGCTTCGTTTACTGCGACCATCACCACTCTTGTTTCGGCCGTACAACGTCACGGAATTCGTAAATTTCGTAAATTGCTCCGCGAGAAAAG
CAGGAAAATGCATTTATAAGCTGCCACAAGTGCCGAGATTGTGATATAATAAAGGCGAGGGCTCCAATTAGTTAACCCCCAGTTGCAACATGTCT
TCGAATGAGGCCTACCACGAGCCGGGTGCCGGTGGAGATGGACCGGGCGGATCGTCTGGCGCATCCGGCGGAGGAAGTCAGCGGAGCAACCAGCT

GCACCACCAGCAGATACTCAACGAGACGACCTACCTGAAACCCGCCGCCAAGCAGGCCTACTTTAGCGACGAGAAGGTCCTCATACCCGACGATG
ATAGCACAAACGTGGGTTTCAGCTTTCGCAAGCTGTGGGCCTTCACGGGACCCGGTTTTCTTATGTCCATTGCGTATCTGGACCCCGGCAACATC
GAATCCGATATGCAGTCTGGTGCGGCGGCCAAGTACAAGATCTTGTGGGTCTTGCTGTGGGCCACAGTCCTAGGTCTGCTCATGCAACGCTTGGC
TGCAAGACTGGGCGTGGTTACAGGCCTGCATCTGGCCGAGATGTGCTACAGACAGTACAAGCGTCTGCCACGTTGGATACTGTGGATAATGATAG
AGATAGCCATTATTGGATCCGACATGCAGGAGGTCATTGGCACGGCCATTGCCATATACCTGCTGTCCAACAAAGTAGTGCCTTTGTGGGGCGGA
GTGTTGATCACCATTGTTGACACGTTCACGTTCCTGTTTCTGGACAAGTACGGTCTACGCAAGCTGGAGTTCCTATTCGGCACCCTCATCACCAT
TATGGCTGTCTCATTCGGCTATGAGTACATTGTATCAGCCCCTAATCAAGGAGAAGTTCTCGAGGGAATGTTTGTGCCCTGGTGCTCTAACTGCA
ATTCGAATGTGTTGCTGCAGGCCGTGGGTGTCGTGGGTGCTGTTATTATGCCGCACAATCTCTACCTGCATTCCGCCTTGGTTAAGTCCCGCGAT
ATAGACCGTCGCCAGACAAAGAAAGTTAGTGAGGCGAATTTTTACTTCTTCATCGAGGCGTCGGTAGCCTTGTTTGTGTCCTTCATCATTAACCT
GTTTGTGGTGGCTGTGTTTGCCCATGGCATGTATGGCAAAACTAATAATGATGTGGTTGAAGTGTGTAAAGACAAGTCGATGTACGAAGATGCCA
AAATGTCTTTTGTGGACAATGTAAATGGAACCGCGATCATCGATGCAGATCTATACAAGGGCGGACTTTTCCTTGGCTGCACATTTGGAGCTGTC
GCCATGTACATTTGGGGTGTGGGCATTCTAGCTGCTGGCCAGAGTTCCACCATGACGGGCACCTATGCCGGTCAGTTCTCAATGGAAGGCTTCTT
GAATCTGCAGTGGCCGCGCTGGTGTCGCGTGCTGGTCACGCGCTGCATTGCCATTATTCCCACCTTCTGCCTGGCCATGTTCAGCAAGATGGAAG
ATTTGACTAGCATGAACGATATCCTGAATGCGGTGATGTCGCTCCAGCTGCCATTCGCTGCCATACCCACCATCGCCTTCACCTCGTGCGCCGCC
ATAATGGGCGAGTTTGTTAATGGACTGTAAGTGATACAGACACTTTTAATTGATTATCGTGCATTCTTTAAATTTTTGTATTCACAGGGGCAACA
AAATCGTATCCATACTGCTCACCATTGTAGTGATTGGCGTTAATTTGTACTTTGTGGTGGTCGAAGTAGAGAATATGGAAATTAAAGGCGGCTTG
CTGGCACTAGTCTGTGAGTAGTCAATTGCCACAATTTAAACCGAATCTAATGTATTTTTCCTTTTGCCAATTGCAGGTATTTTTGCCATTTTGTA
TATACTGTTCAACCTCTACCTTGTGATACACATGGCTGCCTGCATGGGCAATCAGCGTTTGATGAACA
(SEQ ID NO: 350)

Start ATG: 375 (Reverse strand: CAT)

MSSNEAYHEPGAGGDGPGGSSGASGGGSQRSNQLHHQQILNETTYLKPAAKQAYFSDEKVLIPDDDSTNVGFSFRKLWAFTGPGFLMSIAYLDPG
NIESDMQSGAAAKYKILWVLLWATVLGLLMQRLAARLGVVTGLHLAEMCYRQYKRLPRWILWIMIEIAIIGSDMQEVIGTAIAIYLLSNKVVPLW
GGVLITIVDTFTFLFLDKYGLRKLEFLFGTLITIMAVSFGYEYIVSAPNQGEVLEGMFVPWCSNCNSNVLLQAVGVVGAVIMPHNLYLHSALVKS
RDIDRRQTKKVSEANFYFFIEASVALFVSFIINLFVVAVFAHGMYGKTNNDVVEVCKDKSMYEDAKMSFVDNVNGTAIIDADLYKGGLFLGCTFG
AVAMYIWGVGILAAGQSSTMTGTYAGQFSMEGFLNLQWPRWCRVLVTRCIAIIPTFCLAMFSKMEDLTSMNDILNAVMSLQLPFAAIPTIAFTSC
AAIMGEFVNGL*
(SEQ ID NO: 351)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: Mvl
FlyBase ID: FBgn0011672

Celera Sequence No. : 142000013383801
CCAACCGTCGCAGCCAATGGATGGGTGATCTCCATCTATAACCATCAAAGGCCGGAGGAACGTCTCCCTTTACATCTGCATAAGCACTTTCTCTT
TCTCTTTCTGTTTCTGTGCCTGGAACATTTTGGGCAATACTAGTCCTCAAAAAACTAGTCTACAATATATTCAAGGTTTCTACGCAATTTACATT
ACTTTGCAGGCCCGCTGAAATCTACTCTAATATTAGGCTTGTATGATGTCGTTATTTGCTCTCGATTCTTGTTAATTTCTACGTAGTCTCATCTA
AATAATACTTCAAATAGTATATACATGGCCAGCCAAGTCAACAACAATTGTTGCAATGTCCGACGACAGCGTTGCGGTTGCTTCCCACCTCATCA
CGAAGCGCACCGAACCAACCAAGACTAACTTTCCGTATCTTATGATCGTGGCTATTATATATAGTTGATGTGTGTATTTACAAATGAGGACAAAC
CCAATTATCTCCAAGGATCTGGGGGATTCACGAATCGCAAACTGAATTAATGTAAATGTAAGTGTAAGTTGAATGAAATGCATTTTGTTTTTTTG
CGGGGGGATATTATATATGGATATATGGTACTGTGTGTGTGAGCGGCAAAAAATAAATAGATCGAGATATCACCCGCCACTGAGTTAAGTATTTT
TCACATTATCACGTTTCATTGAGTTTGTTTCGTGTGTGGGAGGGAACATATAAACTCGAACGCATTAATTGTAGTTTCATTATGGTGAATCTAAC
TTTAATAAATGGGAAATATGTACCAATATTTATAAATGTAGTGGTAACCTTCATAGTTGCTGAGAACGAATGACATCATGATGAATTTCTTCAAT
TTATAAAATAGTTCTTTCTTATTACTTTAGGGAGAAACTTAGCACTGAAGCACAAATAAGGTTCGCAGACAGTTGAGTGTCATTTTAATCTAACC
ATACTTAATCGTATTCATCTTAACATAGAACTTATAAAAGGTTTCTTTGTGATTTATCTTCATAATTCATGGAAATTTGATTACTTATGTTAAAA
AAAAAAATTATATATTATTTATATATATGCATTTACATATACATAATAGGTGATTTTCTTAGAGATTCCACTTCCAGGTAATCATCAAATTGTCA
CAGAAAAAAAAATAAATCAAAACAATTTATGCTTTGGTTTTTCCAATCACAGAAATCTTCTGCAGACATTTTGCCCACGGCTGGCATGAAAATCG
CACGAAAAAATCCTCAAATTTCACAGAATCTCCACAAGATTTCGTTTTTTTTTTTTCGAAATGCACTAGGAACAATGGTTTCTCTTCTCTTCGAT
TAACTATGAAAACCTCTACTGAAAGTTCAAGAGATTTCTGTGATAGTTGGATTTTTAGTTGGACATTGATTGGTACACAAATATTTCTAATACAA
AAGAGTTACACCGCTCATACGGAGATGCTAAATATGAATGCAAAAAAAAAAAGGAAAAAAGAGATTCAAAAGAGCTCTATGCGCACTGCTTAAAA
AGAATACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGATTAACCATTCCACCATGATTTTTAACTTATTCTTTGATCAAAATACGATTGATATTAACTTTTCCAG
ACAAATTTCTGAACAAATTGTGACGGTGTTCTGTTACCGGAAAGCGAAACCTCTAAAGCGGGCACACCCTTATATATATAAATTTATATTCAACA
CACATTGGCCAACCTGATAATAGATCAACCAACGTTATCATGTTTCTTTCCTCCATCGCGACAACGATCGTGTGTATAAATAGTGAAGAGTATTT
ACTGCTAAACCTATTGGTTCTCGTCATCATCTCCATCGCCGTCGTCGTCGTCGTGCTGCTCTTCCAGCTGCTGGTGCTGCTGCTGGGCAGCGGCG
GCAAGTAACGCGGCTTTCTGTGCCTGCGCCTGCATCGACGCCTGCATCGACGGTGCGGACATGGCTATTTTCCCGCTCGTCTTGTACTCGGTCAT
CTCCTATTAAAGGCAAAAGTGCACATGTCAATCGGGTCAATCCAAGCGGTCATTTATATATCTAAAACATACGCGTTCATATCGAGCCTTGTCCC
GCTCGGCCATCGACTCGTACTTCTGCTTGACCTCGGGATCCACATCGGACCACTTTCGTCCCAGCTCTTTGGCGATGTCGCCCACTCCGAACTCG
GGATTAAGTGCCTTCACCTTATTTCTCTCGTCATTGCAGAACCAGAAGAACGCAGACCTAAACAGCGGCAGAATAGAGCATAGTAAATCATTATT
ATTGATCTGATTCGCTTCATTATCTCTTGCAGTCACATTGATTTTTATGCACTATAGCGTATAATATGATAATTGACTTTGCTACGAACTCACAA
TGAACGTTTTGGAGCATTGGGGTCCTTGATCTGTTTCCTCTTCTTGCCGCGTCCCACAACCGCTCCCTTGGGCGGCACATAGTTCTGCATTTCCG
CCTCATATCGCTGCTTGTCCTTCTCGGCCATTTCGTGGAAGCGCTTCTTCTCCTTGTCCACCATTGTCTAGACGAACGGGATAGATGGCAATCCA
CTTTAAAACAAGGAGTCCTTACGTCATTTGATCATTTCATTTACTTACCTTCCACCGTTCGGCGCACTTCCGCGAGAATTCGGCGAATATCACCG
TCTCATCGGGATGTTTCTTTTTGTGCTCCTCTCTGCAAGTTTGTACAAAGTATGCGTAGGCGGTCATTCGGCCTCTGGGCTTGGCATCGGCCTTG
ACTCTGCTCATGGGGCTCTGTTGGTTTTTGGCCACGAAAACGAGAACGAGAAAGAGATCGAGAACGGAAACGGGATTAGCTGCTGACTAAGGGCT
AATGTAAGCATGTGGCATATTCAACTTACCGCCGAATTGATGACATTCTGTTGCTGCTGCTGTTGCATCTGTTGTTGCTGCTGGTGCTGTTG
CTGCTGCTGCTGTTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGCTGCTGGTGCTGCAGTTGCGCCGCTGTATTGGCATCGACCTGTCCCTGATTGGCGGCCGAAT
ACCACCACTGGGAGCCGGGTACGGCTGCTGCTGCGGCTGCCTGTGCCATATTTAGACGATAATCATAGCCCGTGGTGCCGGCTGCGTTCGATGTG
GCCACCACTTGGGCCATCGTCGTGGCCGGATTCGGAAAACTGCTGGCCATTTTGTATGTGAACAGCTGTTGGGTGCCCACGCCGGCTGTGGTATT
GGAGCTGTTCTGGTGCGCCTGCTGCTGATTCTGCTGGACGACCACCTGGTGTTGTTGCAACTGTTGCTGTTGTACTTGTTGTTGTTGCTGAGCAG

CCAATTGCTGCTGATAGTGTTGAATTGTTTGCTGATCAATAGTTGGTTGATGGATGTTCATTAGCATTATTAGTGCGATGCCAGTCGATTGGGCT
ACAACAATACACTACAATCATTTGGCTTGACTCTCGATGTCTGGCATCGCACTAACCACTAAGATGGTCCTTAATACTAACGAAAGTGAAAACTG
TGCATTTTTTGTTTGTGAGTTATGCGGTTTAATGAGTGCCTGATGTTTTTGTTGACTACTTGCTCACAAAATGACTAAATAAATAAATACCGAAT
GCAGCGATTTTCTCTACATTGCGTTTACACATTGCTGATTTGTTAAAATATTTAACAGTTTTTACACTGGTAAAACTGAATTTTAGTAAGCTAAG
CTAAGCTTCTTTAAATTATTTATTAAGTGTGAAAAATATTGTTGCCTAAAGCAAAAAGCTTAAATAGCATTCTAAAATCCTCCATTCATCATTAA
TACATGCTAAAAAAAAAAAAGTATCTGTCGGAACTGGGGCGTTATCCTTATTATTTACTTTCCATGTAAATAAATATGTAGATACTCGTTATCTA
CAGATACCGATAAATTGATGTCAATACCACACAATATAATACTAAATCCTGTCCAAAGTGAATTCTCTTGTTTCCCATTGAACGCGGAATTTCAA
TGTCAATAATCTAGCTTGTTTTGTTTACAAAGTAATAGTAATAATAGCACCAGCTGTTAACCCATAGATAAAAAGCTTTTACATGAATCGGGCAA
GAAAGTGGAACTATTGTTGGAGAAAGAAGAAGCAGAGCGAGTAGCACCGGTTCCGTTTTGTGAATCGGATTGGATTGTCTTCATTTCGATTCCGA
TTCCAGGGCTTAAAGTGCAAAACCAGGGCGCCACAGTTACAAAACATGAATGAACCCATTCTTTTTGCCGAAAATAGCCCCATCCTGCTTGTCAA
TTATGAAAAAGCAAAATACACTTTCCTACAACAGCCAAAAAAAAAAATAAATAAATATTAGAGCCATTTTACGTGGGGATACATATGTATGTAAC
CACAGAAATATACATGTGCGCATAAATATTTGCATAGCCAAGTGTTTGCACAGCCATTCATTTGTATTTTATGCACACATGGATAAAAATAAGCC
AATTTCGGATTACGCAAGCCTGTGATTTGGGTCTTTTCATATACAGGTTTTTATATGTGTATGTATTTTTTTTATGTACATCATATTTTCCTTAT
TTTTGCACATTGTATCTATTTACGTACATCAATAGGCATGCAAAAAAACGTGCATCGCATTTTGCCAGCATATTTCATAAGAAACGAAAAGCAAT
GCGGTTTACCGTTTACATCAAGGCATTCACGATTCTTGGTATAAATGTACATATTTGTATATTTATACAAACTAATAAGAAAAATGGCGGACTTG
GATGCGCACGCAAAATACAATTTTGATTGTACAGCGTCGCTTTTTTGTTTGTATGCATACTTGCACATACATAGGCGTACACTTTTTGCATTTAG
TAACATGCCGATTTACTTAATAACTAAAAACAAAAGCGAGACGCAATGGATGTACAAGCGCTTGCATGTACATACGTATGTAAGTATGTATGCAG
CATATATATTCACAAAAAGTTTCCACTGCGGCTGAGAAAAGGCAATCAGGTGCCGAAATATCCAAATAAATAATAAATAAATAGGTGCCTGGCTT
TTTTGTTAATTATACATTGTCGTTTGGCGGGAAAATGATTAAAACGCGGCAACCTATACATAAACGCGCCCATGATTGTATGTGTGTTGTGCCAT
GAGTGTATATAAATGTGTGTTTGTGTGTGCGTGCGTGTGTGTTTTAAATAAAACGCCGTATACCTGCACACAAGCTTACCTGTATTTGATGAAAG
TGTTCCATAACTGTGAGATTTCGGATCTAGTCCGAATGTTTCAATCGTGGATTGGCTTTATACTGGGATTTCCGTTCTATATCTTTCACTTTTAT
TCCTAAATGGTTAAAGCATATATATTTAGTTTTAGCACAAGTACGTATGTATGTAATACGCACACCAACGCAAATTGGAGTCGAGTCTTAAGCCA
GTTTTTTTGTCTGTTTTCCTTTTTTTAATACTGTTCTACGCAGTTTGTTGTACGTCGTATTGTATTGATTATTGCATGTATGTATGCATGTACGG
CCACAAACGCGAATGTATGATGCACGTTACAAGGAAAAAAAGGAACACGGCACAAGCCAAAACTTCGAAATGAAATTCGAAAATTTAAGAATTTC
ACAATGCACGTTGTTTTTTTGTACTTCTTTTTTTTTGTCTAGGCCTTTTTCGCTTATTTGTTGTTTGATTTTATTTGTTTTTTTGGTTGGGAAAA
CGCGAAACGCGGGCGGCTTTGCGGATTTGTTTTGTCGTTTGTATTTAGCTTGTAAAAAATAAACAAACAGCGCTGCATACGCTGAGTTTATTGTA
TCGTATCGTATCGCTTGTGTTTTGTTGGTGTGGTATGGTATATATGCTATACAGTACACAGTACACAGCACACAGTATGGTATCGTATCAATGCG
AATGCGGAAAATACAATATATGAGGTTGGTTCGCGCGCCGCTCGTACCAACAACGAATGAATTGAATTGAATTGCCGTCTCTGCCTTACCTTCTC
ACTGTGCTTCCAAATCCAAACGGGCGGATAAATGTGTATGCGTTGCGTTGCGTTGGACTGTGTGCGCAATTCTTTGCTGGTGTGCGTGTGTGCGG
GAGAGCGAGAGCGCGAAGAGAGTCGTTATAGTCATTTGTTGGTAGAATTAGTGTTGCTGAGAGAGCGCTCAGTGTCATATACATACATATGTAC
ATACACGTGGTGGAGGGAAAAGGCCTTATAAAACTTTTTGGCCTGTTACTTTCATACAAACATACGATCACGGGTATGTACATAAACGCTGGCGT
GCCAAACATACAAACTATGGAGTGTGTGGAGTGTGGGAAAAATACAGAACTGTATGTATGCATATGTACATTACACAGTTCTTAGGGCCAAAATT
TATTTTAAACATACATATCTTATTTTTAACTGCCAGCTACATTCGTTAATGCGACGAATTCTACAAAACCGATATGCATCAATGCAAACACATTG
ATACATAGCCAAGCATATACAACTGTGCTCATGCTAATAGTAGTGCATATGACCGCCACTTTCTAAATTGATGATTTTATATGAATGCTATGTTC
AATTTGTCAAGCGGTTTTTCAGAATGAATAAGTTCATATTAATTACTGAAATTATATGTTTTGTTAAAGAGCAGTGCAGGTACAAAAAGCCATTT
GTAACTGCTTTGCTTGTTTTGCGACACAGAAGACGAAGCGAAAAAAAAAATTAATTAACAAAAGGGAATACGGAAAAAAACCGTTTGATGCCTTT
CAGTGCTATTTCCACGAACGCAGCTGTATGTACATACGTGTGGAACACACAAACATATGTACATCGCAGCGACCCGCTACATACACATACACATT
TTCATTTTGTGTGTTCCCGTCTGACTGTACTTTCAATTCGAATTCGAAAGAGAAAAAAATGTTCTCTTATGTTTTAAAACAAATTCTCCCTCAAT
TCTCTCTGTCATACA
(SEQ ID NO: 352)

Exon: 5950..5860
Exon: 5322..5210
Exon: 3356..2880
Exon: 2772..2614
Exon: 2537..2374
Exon: 2242..2068
Exon: 1998..1001
Start ATG: 3185 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT12419
TCATTCGTTGTTGGTACGAGCGGCGCGCGAACCAACCTCATATATTGTATTTTCCGCATTCGCATTGATACGATACCATACTGTGTGCTGTGAAT
AAAAGTGAAAGATATAGAACGGAAATCCCAGTATAAAGCCAATCCACGATTGAAACATTCGGACTAGATCCGAAATCTCACAGTTATGGAACACT
TTCATCAAATACAGCAAACAATTCAACACTATCAGCAGCAATTGGCTGCTCAGCAACAACAACAAGTACAACAGCAACAGTTGCAACAACACCAG
GTGGTCGTCCAGCAGAATCAGCAGCAGGCGCACCAGAACAGCTCCAATACCACAGCCGGCGTGGGCACCCAACAGCTGTTCACATACAAAATGGC
CAGCAGTTTTCCGAATCCGGCCACGACGATGGCCCAAGTGGTGGCCACATCGAACGCAGCCGGCACCACGGGCTATGATTATCGTCTAAATATGG
CACAGGCAGCCGCAGCAGCAGCCGTACCCGGCTCCCAGTGGTGGTATTCGGCCGCCAATCAGGGACAGGTCGATGCCAATACAGCGGCGCAACTG
CAGCACCAGCAGCAGCAACAGCAACAGCAACAACAGCAGCAGCAGCAACAGCACCAGCAGCAACAACAGATGCAACAGCAGCAGCAGCAACAGAA
TGTCATCAATTCGGCGAGCCCCATGAGCAGAGTCAAGGCCGATGCCAAGCCCAGAGGCCGAATGACCGCCTACGCATACTTTGTACAAACTTGCA
GAGAGGAGCACAAAAAGAAACATCCCGATGAGACGGTGATATTCGCCGAATTCTCGCGGAAGTGCGCCGAACGGTGGAAGACAATGGTGGACAAG
GAGAAGAAGCGCTTCCACGAAATGGCCGAGAAGGACAAGCAGCGATATGAGGCGGAAATGCAGAACTATGTGCCGCCCAAGGGAGCGGTTGTGGG
ACGCGGCAAGAAGAGGAAACAGATCAAGGACCCCAATGCTCCAAAACGTTCATTGTCTGCGTTCTTCTGGTTCTGCAATGACGAGAGAAATAAGG
TGAAGGCACTTAATCCCGAGTTCGGAGTGGGCGACATCGCCAAAGAGCTGGGACGAAAGTGGTCCGATGTGGATCCCGAGGTCAAGCAGAAGTAC
GAGTCGATGGCCGAGCGGGACAAGGCTGGATATGAACGCGAGATGACCGAGTACAAGACGAGCGGGAAAATAGCCATGTCCGCACCGTCGATGCA
GGCGTCGATGCAGGCGCAGGCACAGAAAGCCGCGTTACTTGCCGCCGCTGCCCAGCAGCAGCACCAGCAGCTGGAAGAGCAGCACGACGACGACG
ACGGCGATGGAGATGATGACGAGAACCAATAGGTTTAGCAGTAAATACTCTTCACTATTTATACACACGATCGTTGTCGCGATGGAGGAAAGAAA
CATGATAACGTTGGTTGATCTATTATCAGGTTGGCCAATGTGTGTTGAATATAAATTTATATATATAAGGGTGTGCCCGCTTTAGAGGTTTCGCT
TTCCGGTAACAGAACACCGTCACAATTTGTTCAGAAATTTGTCTGGAAAAGTTAATATCAATCGTATTTTGATCAAAGAATAAGTTAAAAATCAT
GGTGGAATGGTTAATCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGTATTCTTTTTAAGCAGTGCGCATAGAGCTCTTTTGAATCTCTTTTTTCCTTTTTTTTTT
TGCATTCATATTTAGCATCTCCGTATGAGCGGTGTAACTCTTTTGTATTAGAAATATTTGTGTACCAATCAATGTCCAACTAAAAATCCAACTAT
CACAGAAATCTCTTGAACTTTCAGTAGAGGTTTTCATAGTTAATCGAAGAGAAGAGAAACCATTGTTCCTAGTGCATTTCGAAAAAAAAAAAACG

AAATCTTGTGGAGATTCTGTGAAATTTGAGGATTTTTTCGTGCGATTTTCATGCCAGCCGTGGGCAAAATGTCTGCAGAAGATTTCTGTGATTGG
AAAAACCAAAGCATAAATTGTTTTGATTTATTTTTTTTTCTGTGACAATTTGATGATTACCTGGAAGTGGAATCTCTAAGAAAATCACCTATTAT
GTATATGTAAATGCATATATATAAATAATATATAATTTTTTTTTTTAACATAAGTAATCAAATTTCCATGAATTATGAAGATAAATC
(SEQ ID NO: 353)

Start ATG: 376 (Reverse strand: CAT)

MASSFPNPATTMAQVVATSNAAGTTGYDYRLNMAQAAAAAAVPGSQWWYSAANQGQVDANTAAQLQHQQQQQQQQQQQQQQQQHQQQQQMQQQQQQ
QNVINSASPMSRVKADAKPRGRMTAYAYFVQTCREEHKKKHPDETVIFAEFSRKCAERWKTMVDKEKKRFHEMAEKDKQRYEAEMQNYVPPKGAV
VGRGKKRKQIKDPNAPKRSLSAFFWFCNDERNKVKALNPEFGVGDIAKELGRKWSDVDPEVKQKYESMAERDKARYEREMTEYKTSGKIAMSAPS
MQASMQAQAQKAALLAAAAQQQHQQLEEQHDDDDGDGDDDENQ*
(SEQ ID NO: 354)

Name: HIGH MOBILITY GROUP PROTEIN BSS (BANG SENSELESS)
Classification: DNA_binding
Gene Symbol: bss
FlyBase ID: FBgn0000231

Celera Sequence No. : 142000013385217
AAAAGTAGTATATATGATGCATAGTCCTCTGTTTAATTATTAAATTTAAATGTTTAATCATAGAATTTGCATCCAAGAAACACAGTTACAAAGGT
TTTAACACTTACTATTCTTTCGGTTTTGGGTTTCTTTCACGATCCACTGATTTTTATATTTCTCCCTTTTGTTTTTCTTTATTTTAAATAAACGT
TAACATAGTAAAAATAATAAAGCGTACATTTCGCTACGAAAAGTTGATTCGTAATTGAACAAAAAAATTTATGAGTAATGAAAATGCTTTTACTG
TTCTCTCGATGAAAACAAACTATTGTAATAGTGTATTTTTCTTCTTTACAAAGAAGAATTTATCAGGCCGTGATGTTGAATATTATATATTTTAT
CTTTAGTTTATTTTATTCGCCTTGATCACTGGTTAGCGACTGTAATTTGTTTTTATAAGGTAGGATGATTTTTTGATTAGGTGAGTGGTAATAAC
ATAAAAATAAACAACTTCACATCAGGTTTTGGTTGATGCAATAAAACAATTTCCATGACCGCCCCTGCCGTTTTAGAAAAAATCTCGAAACAAAT
CTCGTATTGTGAACAGCTACTAGATATAAAGTCCATAATGAGGATAACTTAGCCTGACACTGACTAGTTTACACGAGGTCACTTGCTTGATCGCG
ATTTTATCGTGTAAAATCTGATTTAGTTGGCCACGTATAAACTAAAATTGCTTTTCGTGTGTTCTCTTTTCATATATCTTTAAACATATGTATAA
TTTATTATCCGTTTTTTTTTACTTAGCTTGTTGGTTGGTATTTTTGTTGCTTTTGGCTTATAATGGCGGCTACAATTGTTTTCGTAATTTCCCCA
TTTTTCTTTTAGTTTTTAAAAAGTTTGTTGTCTGTGATATACGTAATTTATAAGTTTTCATTTTGGTAACTTGCTGCTTTCATTCACCATCGTCA
GTAACCAAAACTGCAATTTGAGGAACCTACTCCTGCCCAAAACGATCGATTTAAGCCAGAGTGGGAAACTGACGCTCATCGTTGACCTTGGGAGC
GGTGTTCTGTTGTCGCTCAAAACGCTTATTCGGCCCTGGACCGCTGTTCTGATTGTTGTTCTGGTTGTTTCCCGGACCGCGACGATCGATGGGTG
GCCTTTGATTTTGAGCGGATGAACCGCCGCCCTCGTTATTATGCTGCTGGCCATCCCGTGGGCCACGGTTTCCACCCTCACGATTATCTCGGCCG
CCCTCACGATTGCCGCCATCGCGGTTGCCACCCTCGCTGCGTGGTCCGCCTCCAAATCCACCGGGTCTGGGGCCTCCACGGCCACCGCGTCCACC
GAAACCGCCAGGTCCGCCACGACGACCATCGTTGAAATTGAACTGAATGTCCAGGACGCGCTGTTGCCTGCCCACACGCTGTGGATAAAGGGCAG
GGTCGTACTCGAGCTCCTCTTCGCTGTCGTTCTCCTTCTTCTTGTTGCTAGTTAGGACGACCATTTTCTTCCATTGTGTGGTGTCCTCACCTGCG
GGAAATATTGATTGTAGATTAATTTCTAGATGATAGGCCATCATTTAGAGTTAAGCTAAGATCGGTTTGATTTTCAATTTTATACTTCTTTTATA
CGGATTTTAGCTCAATATGATTTGTAACTTTGGTTGTTGGCTTGGCGAAAAGGTTTCTTAGAATAACGGAAGTTAAACTATCATTCCGTGGTATC
GAATTCAAATTATTAACCATAAAAAAATTATGCATTGTTCACGCACCTTCTCCAGCCTTGCGGATATTAAAGGTTGGCTTGATGCGCTGTCCTTG
CTGTGCCTTCCACTCGTCCAAGGTCAGCTCTTTGGCTTCCTCCTCGGCGGTAGCCTGCTCGTTTTGTGGTTCAGTGCCAGATTCATCGGCCTTGG
CGCCGCCCTCGGCATTGGTCACATTGGTTTCGCTTTCGTTCTTGTTCACATCATCAATAGCCTCCTTGACCGATCCCCAGTTGTGGGAGCCAGCT
CCATCGCGTTTGTCAATTGACTTCACACCTGTGCATAAAGAAAGTATCAAATATTAATAATGATTTATGTCTGCTTAAATTCAGAAACGTCAAGA
AGCGGAAAATCTGAGCTTCTATATTTGCAAATTTTAGCCACAGCTATAGTGCAACTTGCCTGCAAGCCCTAAAGTAAGTTTTTCTGCTTAATTTA
TTAACTGAATACTTTAATTATTAGCCAAATAATGGTCTATTTTATCAATACCCCACTAATTAGGTCAATTGAGAAGTAACCACGATAGGGGGACT
ATATTCACTGCCCTCGCTCGCATAGTCACAGATAAGCCGACAGTAGCAGCCCCAGTTCACTGTAATCAGATTCAGTGGGGGAACTATTCCAACCC
CTGTTTCCCCCCAATGATTATGCCTGCAAAGGCCTCCTACAAGCACTTGCGTTAGACGGGAATGCCGCCAAGAAGATGGGCGAACTATTTTTAAC
ACATTTTCTCTTTCGATTTGTGCCGCAGTGCTTCTTGTTTCTGTTGCTGCCGGCCGCTGTGATATTATAATTTTGGATATTCCAAAAACGAAGCG
GTCGGTCTAAGCAGGCAGTGGAAAACGGGGGAAAACGCGGCGAAATAGATTTCATTCAATGGAAAGAAGTGTGATGTAGCTTGTTGAATGTTCTG
TCCGACCATTAGTATTGATTTGACTCACTTATCCCCCACGTGAGTGGGAGATTTGCCTGTGTTGTTTGACCATTGCCCATAAGTTCATCGGGATT
TTGTGTGCCACAAATTGGTTTACACCGTTCTCCCGCACTTTTCGTGAAATTGCTTGGCATAAACAATATATATTTAAACTGATTTATAATGCAAC
TGTTTAAATATTACTATCCATTAAATAAGATTGGCAATCTGCTCGGAGCAGGCTAATAAATATTTTATACTTTGAAATACATTAAATTCATGATT
TAGATTAGCTATAGAAATCTTAAATCAATTGATGGAAATTTCACATAGTTTATTAAAAGGAATCGCATTTCAAACACCGAACGAATTCCAGTTTC
TTTTAAATATTTGTTGTGTACACAGAAGATTGGAATCATGTTGCTTGAAGGCGACTAATAATTTCTCATGACTATAAACATGGTAATTGGTTACG
CGTAAACTGTGGATGGAATTTGTTTTTCCTGCGTTGCCTGCTGAGTTTTATTTTCTGGTTGTCATGGAGTGTGGCTTTTGGTTTATTTGTTAATT
TTTTCGTATGGGCGCGCTCGTTTTATGGTTATGTCTACCCCTTGGTGGTTCAACTTTAGTTTCGATCTTATCAACAGAAACATTAACTATTCATA
TGCGAAAAAATGGTCATTAATCTAAACGATTTACTCCCTAAATATCCCATCTTCTCTATCCTTTTTACTAAGTATACTTCTCTGTAAAGACTTTA
ATGTGATCTACACTGTATCTACTTGACTTGACCCCTAACCCATTTGGTACCTTAATGCCTTAATGAAATGACCACACACTCACCAGTTCTATCGG
AACCCGACTGGCGGTCGAACTCGCGCTTCCTGTTCTGGCCATCGTAGTTGCGGTTCTGACGCTGGGGACGATCTCCGCCAGCACCTGGGCCTCCA
CCTGGTCCGCGGTAAGGTCGCGACTGCTGGCCATCGGGTGCTCCGACGTTTTCGCGGACATTGCGGCGATTGTTGCGCTGCTCACGAGTCTCGGC
ATTGCCATTCTGTTGACGGAAGTTTACGCTGCGCTGCTGGCCACCTTGTCCTTGACCCTGTCCTTGACCGCTACCAAATTCACGTGTTCGGT
TGGCGCCACCTCCTTGCCGTGGAGCACCCTGTTGTTTGTAATTGCTGCTGGCGTTATTATTGAACTGCTGCTGTTTGTTGTCGGCCGATGGAGTG
AACTTCTTGCCATCGGTTTTGTTTAACGCATTATTGGGCTTGTTCTCCTTTTCGGCCTGATTTGGTTTCTTGGCATTGGGTCCACCAATATTGGA
TCCTGCGTTCGCCTTGTTATTGCTGTTGGCCACCTTGTTGGCGGTCGTTTTGGTGGCCGCTGCAGCAGCAGCTGACGGTTGCTTCTTCTTGCCAG
CTGCTGCTGCGGCAGCAGCGGCCGTCGGCGCCACAAGATTATCTAATGGATCGCTGACATCGTCGTCCATGAACAAAAGTTCATAACGATTTTTA
CCGGCGCTGTCCATGATTTTGTGGGTGGGTGTGTTTTTCGTTGCTAGCTGGCTGCCGCTTTAATTGCCTTTTTGCTCTGTAAAAAGAAATAAATA
CACACAGTTTTAGTGGGAATTGATTGATTTTCCTTTTTCGCCCGCCGCCTCTCACACCCTGTGAGATTCGATAGGATTTCTTTTTCGTGTCACAA
ACTATGGTCTAATATGGCATATATTCGCTGGATTTATGGTTTACGACATTAACACGTGGACTAACGTGAATTTACTCAATTTATTTAGGCCCTTT
GGGTGGATTTTTCTTACTTTTCTGCTGGCTGTTTGGTGGCTGCTGCTCTCTAACCTTAATTTTCAGTGTTTCTTCTTCGCCTCGCTGCTAGTATT
ACCTACACACACTGCCTCACGCGATTCCACACGCACATGGGCCAAATCACGCACACCACAGTCAGCACGAACAGAGCGCCCACATGTGTTCTTGG
TATACATAGAAAAACAGAAACTCACGTTTTTCAACGCGTTTCGCGGCGAATGTCGCAAATCGATTCGAATGGCAGCTGTGTTTAGCGGGCTCTCG
ATTTGGCGGGCACTTTTTAGTTTGAAGTGCAAGCCAATTTCATTAGTTGGAGAATATGTGAAAAATTGAGCAAATTATATAAATTGGTACAAAAT

GTTGGAGCATATATTATAAGAATTCATAATTCAATACTTTAGAAATGAACGTATTAAGTTATTGCTTTTATACTTATATAGAATTAATTTTTTTT
TCTTTCAGCCAAATTAAAAAAAAAAATATCAATATGTCTGACGACTGGGATGATGAGGTTCGTATTGCTTCGTACAAAGAATATATGCTTACTAAG
CCTATCTATTTTAGCCCATTGTTGATACTCGCGGCGCCCGCGGTGGAGATTGGAGCGATGATGAGGACACGGCCAAGAGCTTCAGCGGCGAAGCT
GAAGGCGATGGTGTTGGAGGGAGCGGTGGTGAAGGCGGCGGCTACCAAGGAGGAAATCGAGATGTGTTCGGAAGGATCGGCGGAGGCAGAGGAGG
AGGAGCTGGAGGTTATCGAGGAGGAAATCGAGATGGAGGGGGCTTCCACGGTGGACGTCGCGAGGGAGAAAGGGACTTCCGCGGTGGAGAAGGCG
GCTTCCGCGGTGGACAAGGCGGCTCCCGCGGTGGACAAGGCGGCTCCCGCGGGGGACAAGGCGGCTTCCGTGGTGGAGAAGGCGGCTTCCGCGGT
CGGCTGTACGAAAACGAGGATGGTGAGTAAACCTTTTGGACGACATGTTAAATTTTGGGTTATGGTCATTTGAGTCATTCCTGCTGAATTCCATG
TGGT
(SEQ ID NO: 355)

Exon: 4514..4483
Exon: 4256..3504
Exon: 2023..1757
Exon: 1515..1001
Start ATG: 4194 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT12457
AGAGCAGCAGCCACCAAACAGCCAGCAGAAAAAGCAAAAAGGCAATTAAAGCGGCAGCCAGCTAGCAACGAAAAACACACCCACCCACAAAATCA
TGGACAGCGCCGGTAAAAATCGTTATGAACTTTTGTTCATGGACGACGATGTCAGCGATCCATTAGATAATCTTGTGGCGCCGACGGCCGCTGCT
GCCGCAGCAGCAGCTGGCAAGAAGAAGCAACCGTCAGCTGCTGCTGCAGCGGCCACCAAAACGACCGCCAACAAGGTGGCCAACAGCAATAACAA
GGCGAACGCAGGATCCAATATTGGTGGACCCAATGCCAAGAAACCAAATCAGGCCGAAAAGGAGAACAAGCCCAATAATGCGTTAAACAAAACCG
ATGGCAAGAAGTTCACTCCATCGGCCGACAACAAACAGCAGCAGTTCAATAATAACGCCAGCAGCAATTACAAACAACAGGGTGCTCCACGGCAA
GGAGGTGGCGCCAACCGAACACGTGAATTTGGTAGCGGTCAAGGACAGGGTCAAGGACAAGGTGGCCAGCAGCAGCGCAGCGTAAACTTCCGTCA
ACAGAATGGCAATGCCGAGACTCGTGAGCAGCGCAACAATCGCCGCAATGTCCGCGAAAACGTCGGAGCACCCGATGGCCAGCAGTCGCGACCTT
ACCGCGGACCAGGTGGAGGCCCAGGTGCTGGCGGAGATCGTCCCCAGCGTCAGAACCGCAACTACGATGGCCAGAACAGGAAGCGCGAGTTCGAC
CGCCAGTCGGGTTCCGATAGAACTGGTGTGAAGTCAATTGACAAACGCGATGGAGCTGGCTCCCACAACTGGGGATCGGTCAAGGAGGCTATTGA
TGATGTGAACAAGAACGAAAGCGAAACCAATGTGACCAATGCCGAGGGCGGCGCCAAGGCCGATGAATCTGGCACTGAACCACAAAACGAGCAGG
CTACCGCCGAGGAGGAAGCCAAAGAGCTGACCTTGGACGAGTGGAAGGCACAGCAAGGACAGCGCATCAAGCCAACCTTTAATATCCGCAAGGCT
GGAGAAGGTGAGGACACCACACAATGGAAGAAAATGGTCGTCCTAACTAGCAACAAGAAGAAGGAGAACGACAGCGAAGAGGAGCTCGAGTACGA
CCCTGCCCTTTATCCACAGCGTGTGGGCAGGCAACAGCGCGTCCTGGACATTCAGTTCAATTTCAACGATGGTCGTCGTGGCGGACCTGGCGGTT
TCGGTGGACGCGGTGGCCGTGGAGGCCCCAGACCCGGTGGATTTGGAGGCGGACCACGCAGCGAGGGTGGCAACCGCGATGGCGGCAATCGTGAG
GGCGGCCGAGATAATCGTGAGGGTGGAAACCGTGGCCCACGGGATGGCCAGCAGCATAATAACGAGGGCGGCGGTTCATCCGCTCAAAATCAAAG
GCCACCCATCGATCGTCGCGGTCCGGGAAACAACCAGAACAACAATCAGAACAGCGGTCCAGGGCCGAATAAGCGTTTTGAGCGACAACAGAACA
CCGCTCCCAAGGTCAACGATGAGCGTCAGTTTCCCACTCTGGCTTAA
(SEQ ID NO: 356)

Start ATG: 95 (Reverse strand: CAT)

MDSAGKNRYELLFMDDDVSDPLDNLVAPTAAAAAAAAGKKKQPSAAAAAATKTTANKVANSNNKANAGSNIGGPNAKKPNQAEKENKPNNALNKT
DGKKFTPSADNKQQQFNNNASSNYKQQGAPRQGGGANRTREFGSGQGQGQGQGGQQQRSVNFRQQNGNAETREQRNNRRNVRENVGAPDGQQSRP
YRGPGGGPGAGGDRPQRQNRNYDGQNRKREFDRQSGSDRTGVKSIDKRDGAGSHNWGSVKEAIDDVNKNESETNVTNAEGGAKADESGTEPQNEQ
ATAEEEAKELTLDEWKAQQGQRIKPTFNIRKAGEGEDTTQWKKMVVLTSNKKKENDSEEELEYDPALYPQRVGRQQRVLDIQFNFNDGRRGGPGG
FGGRGGRGGPRPGGFGGGPRSEGGNRDGGNREGGRDNREGGNRGPRDGQQHNNEGGGSSAQNQRPPIDRRGPGNNQNNNQNSGPGPNKRFERQQN
TAPKVNDERQFPTLA*
(SEQ ID NO: 357)

Gene Symbol: vig
FlyBase ID: FBgn0024183

Celera Sequence No. : 142000013384828
TTCCTCAAACGGTTATCTCGATCGTTAAATGATCAACACAGAAATGTATTCGATTTTATTATATTTTTTATTTTAACACAATTGTTGTGTGTTTG
TGTGGCTCTTTCGTTTGTTGTAAATTATACAATTAATTAATATGTACTATATATAAATAAAGTATCTCAACTTTTCTATGATTGGTTCGCCTTGG
CATGTAAAAAATGTCCCCTTACGGCTTAATCGAGTCTTAGTGTCTACGGGAAAAGACTTACAAAAATACATATCGCATTGATTTATTGAACATTT
TCACTTATACATATGTCTCTATATTTATATTTATATATATTATATACCCTCTAATATAACATGGATATAGATGCACACGTGTTTCGTTCGCAATT
ACGATTCGATAAGTTTAAATTAGGTTAAACTAGTTTATACATGTACTAGAAGACAACCCTAAGAACTTATACAAATATTGATAGGGTTTGAAGCT
CTATATAAATTAAGATCGAAGAGTTAGATTAGAAATACGGACTTGTCTTATCAAATGTAGTGCCCCTTTGATTTTGTGTTTATTTCTTTTGGGTC
GGAAGTTTTAACGAATGCTAATTGAAGATCTGTCTTGTTGGGGCCCTAATGCGATATGATTCATCATATTATGTTATGTAATGCATTTTCAACTA
ACATATGTAGGTTATAAAATAAGCTAATAACTAGTGTTGGTATTATGAAGACTTATGCAACGAGAAATGCATACTGATTTCGGGATTCGCTTCTA
GGAATATTTCGTTTTATGGACATTTTAATTTATATTTCGATTTTATTTCTACCCCATTTGTGTTTCCCTAAATGTGTGGAATCGAAGCATTAACA
GTTCTGCACAAATTTGTGGTTTGTTCGCAGTTGCTTGGCTACATTAGTGTTTGCTTTAGTTTAAATAGTTCGTTTACGTAAGATCAAGATCACTT
TTTGCATTTACACAACAAACAACAAAAACGTCTTCCCCCGCGGCCCTTGCAATATTCCTCCATAAAAATATATATGTATATATATAATATATAGT
TTACCCATATATATATGGGTATATATCTCTGAATCGACTTTGGACGCCGGCTAGGCCGGCGCCTTGTCCCGACACTATCAACATCCGTACAACTC
TTAGTATATAAAAAGTCTTTTCAATTTCTACGTCATCATACCGCGGCTGGCGAAGATTCCTAGATGCGCCAGCCCTGGTCATCGTCCACGTTGGA
GTCTGTGTCTGAGGGCTCCTCGCCGTACATGTCGGCCAATTTGCGGAAGCGCGGTCCAAAGTTGGACAGGTAGTCGAAGTTGAGATCGCCGTCGT
CGGTGCAGGACGCCAGACTGGAGAGGCTGCCATCGGAGTTGCCGTCACCTTCGTACGCGTAATGCCGCACATCGTCCACGGTTGTGGCGCCCACA
TCCCGGTCGCAGTTCTCCTTCTTGTCGCCCAGGAAGTCGGCGATGTCGGGTATGTCGTTGGGGTCGCGCATGTTCCCCTGTAACGCATGAGGATC
TTTGTACAGCTTCTCCTCGTAGAAGGGCTGGGTGCGCAGGACATTCAGATCATAGTCCGTGTCCCGCTCGCCGCCACCCTCGTCCTCGTAATTAA
TGATCGTCTCGCGAATGTCGTCGATGTCCTTTTCGTGCCAGCCATTCTTCTGCTTTTTCTGCACCACCACTGCCAACAGGATGATCAGCAGTAGC
GCGAGGCATACGATGATCGCAATGATGAAGTTTCTATCAATTCCAAAACTGAACGCAACGGCCACCGACTGCTGGCAACCGCTGTCGATGTTTCG
GAACACAGAGGGCATTCCCAAGTTGTAAGTCTGCTCGTTAATTGTCAGGTTGCGAATGCAACCGAAGAAACCCTTCTGGTTGGGAACGTGCGTCC

AATTGAGCTGCCGTCCCAGCTGTTCCAGATCCACTGGAGTGCCGCCCAACTGCAGCGGTGCGTTTACATTGAGGAACTCATTGGGGCCAATTGGG
GCGCCCAGTGTCTGGCAGGTGGATAGCCGGCAATTGTCCACAGTCATCTCAATGCTGGTACGCTGCAGGATAATGTCCAGTTGGTAGGTGCGGTC
TGCCACCATCTTGATGTGCTGATGGCGGATGCGAATGGCACCTGATCCGTAGTCCACAGTCAGCACCGGATAGCCATTGTCCAACTCCAGAGCTA
GGAAATCAGAAATGGCCAGCAGTGGATTGAAGTTAAGTGGTCCCAAGTACATGATCAGGCCCTGATCGATCTGGGGCGTGATCTCCAAGCTAATC
TTGGTGTTGTTGCAGGCGGCAATGGGCTCGTAGAAGGCATACCCCGAGCCATAGAATGCCACGGAGACGAGTTCGCAGTGGGGTCCGGTGAATCC
GTCTATGCAGTCGCACACGTCGTTCTCCCCGTACCGCGGAGATCCTCCGTTTAGACAACGCCTCATTAAAGGAGCCTCGCATACGCATTGCGCTT
GAACAAAGGCATTCACGCCCACGAACGATGTTGTATTGGAGTAGATCATGTATGGCACCGAGCTCTTGTGCAGCTCATTGGTGCACGATTCCTCG
CACTTGAACTTCTCAATCAGACACTCGTCGATGTTCACCATCAGCATTTGCAGGTCTAGTTCGTTTTCCAAACGCTGCTGATTCTGGGCCACTAT
TCCATTTAATTTCTCCGGAGCATAGTAGGGTGAGCCGTGGGCAGAGAAGCGTACATCGAGCGTATGATTCTCGTTTTGGAGCACAGTGAACACGT
CCACGTTGGATACCGACGTATTGAAAAGCTTGGCCAGCGAGAGCTGCAAGCGATCCTTTAGGGATAGCGCATCCGGTGACTGGAAGTCGCGTGGC
ACACTGATAAACTCCTCCTTGGTTACGTTGATGAATCGGATGCTGCCGCTCTTATCCACCGCCTCCTCGGGAAGCTCGCGGACCACCACGGTGAC
ATAAGCATCTACGGAGTGACGGGGCACGAACATGGAGTCCTCGGTGACTACGAACGACAGGTCGTACTCTCCCTCGGCGGTGTGAACCAGCATGG
TGATCATACCCGTGCTGGGATTAAGCCTAAACTGATCGTGCGGAAGATCTTTCCATTCAAAGTACTTGTCCTCCAAGTCCCAGTCATCGAGATCA
TCTACGAACACGCGACCAATATCGGTTTCAGGCGCTTCTCCCTTGTAATTGTAAATGAAGATGCGCGACGATCCCTCGCTCATGGCATTGTCGTT
GACATCGCCGATCACCAGGTGCAGAATGCTTACGGCACTCTGTCGCGGAACGCCAGAATCACTGATGCGAATGGGGATAAAGTACTCCTTTTGAG
CCTCGGCGATCAAACTGGACGTTGGCGTGCAAATAGTCTCCATCCATGCTGAACTTGGTCTTGATGTCCGGTGTGGCTTCGCTGTCGATGCCGAAG
GTGAAGTTACCTGCCCCCGGAGTGTCGTCGTAGTCGTTGGCCTGCAGTTGCACAACATGTCCGGGATTGCGGTTCTCCTGCCAGTAGACAGGCAT
TTCGTTGATCAGGAACGGAGCATTGTCGTTGATGTCCTTCAACGTGACGGTGACCTCTTTCACTGTGCTGACCGTGGTTCCTACTCCATCCTCAT
CATTAGCCTTGATCAAAACCTGCCAGTTCTTGTGACCATTGGGCGGATCGCGGTCCAGCGTCTTGACCAAACGCAAGCAGCCACTGTTGTCAATG
GTCCATCGGTTTCCATCGTTCTGGTGAATCGAATAGACGATATGCTGATCTGCGTTGCGATCCTTGATATCCGGATCGTAGGCTTCGACAGTGAG
TATGCAGTCGTCATATGTGGTCTCCTCCAGAATGGTGACGCTGTAGTCCTGCTTAAACACCGGCGGGTTGTCGTTCACGTCTTCAATTTTGATAA
CCACCGTTGTGTAGTCGTCGTAGATTCCATCGAACGCACGCACCTTCAGCTCGTACTCCGTGATCGTTTCGTAGTCCAACTTCTGGTTGACCGTG
ATTTTGCCGGTCTTAAGACCAATCTTAAAGGCATCACCCACGTTACCGCTCTCAATGCTGTATAGGATCTGGGATGCGTTATCCTCGTCTTCGGC
CTTTACCTCAATGACCTCGGTATTCGTATTGGCATCCTCGAGCAGTCTTTCTGCCAGATATTTGTCCTGCTGGAAGTGCGGCTTGTGGTCGTTCT
TGTCTCCAATGGAGATGCGGAACACTTGGTGACCACGGTTCGGCTCGCCATTATCAAAGAGACTCGATGGCGAATTGTCGCTGGCAATAACCTTT
ACGTTATAGAAATCGCGTTCCTCGCGATCGAATGTCGTCAGGGCGGTTATGTTACCGGTATTGGGGTCGATGGTGAAGTACTCCCGATTGTCGGC
CAGCTCGAATGACACAATATTATTGGCTGAGGTGCCGTCCATGTCGAAGGCACGCACCTGCATAACAGGCGTGCCGGGTGGTTCGTTCTCCAGGA
TAGTGCCCGATTTGACCTCCGTGTAGTAGGGGATGTTATCGTTGACATCCTCCACCTGAATCTTGATCTGATGCTCTGTGCCCAGCTCGTGTGTA
TTCCGCACAATCATGGTGAGGGTGTAGTCTGTGATGGCCTCGTAGTCCAGAGTCTTGCCCAGGCTAATGGTCACCTCGTTGCCGATCTGATTGAA
CACGAATGTGTTCTTGCTGTTTGTCTGCTCCGTGCGGCCGGTGTTCAGTTCGAAGATTACCTCCGGCTTGTCCGGCATATTGGAAACGGCTCGTA
ACGTGGCGATCGGATGTGTAAAGTTCTTGAGATTCTCCTTCAGGTAAATGGGCGTATCGATCGGATTCACAAATGATGGCGGCTTAATTGAGGAC
TCCACCACCCGGATGCGCACTTCGATTTGTGCATCCTGTGGCGGATCTGGCACTACGTTATATGCCCGCACGATTATCGCATACGATTGGCCGGG
TCTCTTGTCAATCGGTCGTTTCAGGTAGATAATACCCGACTCCTTGTCAATCTTGAAGTACTGAAAGTCGCGCTCCCGCAGAATCTCGTATTCGA
CCAAACTGTTGTTGCCATCGTCGAAGTCACTGGCGCTGATAGTCATCACCACCGCGTCGGGCTGCAAGTAGAAGGTAAAGATAAAGCCACAGATA
TTTGGGTGTTTCTGGTTTCCTTCCTTCCACACAACTTTCCTGCAAGTTTGCCCAAACCAGGAGCAAGCACATGACCCCGCTCTAGTTTCCTGAAT
CTCCTTTTACTCAATGCTACCTGGGCGAAGGCCTAATTAGAACTGAAACCTTTTCGCAGAAAAGCTTCTCTGCTAACAAAGCTTTGCTAAAAATA
ACAGCGTTTGTTGTGTCGAGGAAAATAACACATAGAAGTTAGATAACTATCTGCTGTACTATCCCTTAACTACAAAGTAAAAAGACTTTCCGATA
TTGATTGCAAATCAAAGATGCTCCTGAAGATCCTCAGAATATCAGATCTAATCTAAGAAACCTTAATAAAATTATAATATATTTCTAACTAATCG
AAGTAATTACCGAAAAGGGCTCTCTATTGCGGTTTTGGTACAAAAACTGCACGCTATTACAAGTACTTAGCTAAATTTAGTTTTCTACCACTGTT
TTGTAGTTCGACAAGTTTTTCTGGTCGCAAACATGGAAATGGCGTAAAAGAAAAGGCGTTGGAAAGGGTTTCAAGGTTTTCTGTATCGAACCGGG
CGAGCAATGAACCCAAAACCCGTCTCCAAGTGGTCGCCCTCCTACGCCAAGCGAAAACTAGTTCCGCCCAAGAAGATGTGCGCCCATGAACTGGC
CAAGTGTTTAATTAACACCGTAGGACGTGCGACAGTGGGAGCCTCAGTCTATTGGAATGACCAGGTGGGCAGAGGGCAAATCTTATGGTGCCAGT
GATCCATAAATATCAGTAGTCAAAAACATGATAGTTTTAGTAACAGCATAAATAAGCAAAAATCAGCTAACAAATATTTTCTTTTAATTTTTAAG
CAAGATTTTATCTTAATATATTTTTGGTTAAAAGACATTTCTACTACTACACTCCAGTGAAAAGAGAAACTTGAAGCAACAATTGAGTTAGGTAC
ATGACATCACAAGAGGGGGCAAGACAGAAAGAATGACATCACTCTAGTACCAATTCACCAGCTTGGCCAACCCGCAGTAATCCGGGGTCCGCGAG
TTTGGCAAGCGGTGGTGGATAGAGTGGGCCAACTCGAACTCGACTCAGTGGGCCAGGAAACTCACCTGGGCATTTTCCGACATGGATTCGTCGTA
GCGCGCCTTGTTGAAGGCGGGTGCATTGTCGTTGATGTCCTCGATGGTAACGTTGAAGGTGCAAACGTCGTCCAGTGGGGGCAGACCATTATCCG
TGGCCTGGACGGTGACGAAGACGAACTTCTCGTGGATCGGCTCGTCACGATCGAATGTGTGGGTGGTGAAGATTACGCCCGTGCTGGGATTGATA
AAGAACTTGGGTCGCTCGAACGGCGACTGGACGATGCTGTATCGAATGACCTGGTCGGGATCAGGGTCGACGGCCTCTACGGTGAGAACGTAGGT
GTTTTCGGGCTGCTCCTCTTTGACCTTAGGAGCGTATCCGGCGCAGTTTTTGAAGGCGGGCTTACGATTGTCGCCGGAAAAGTTTTTGTCCGGCG
GCGAGTGAAGTGCGAGGGCGGGTGACAGAAGGCTGATGGCCACGATAACGCCCAGGAGGAGTCTCGCGGGGATTAGTCGCCTGCCAAGGTCGCGG
CATTTTCGCTTGTGCTGCTGGTGCGTCTGTTGCTGGGCGGGATTTAGGTGGCCGGCCTGCGGGGTCGCCGACATATTGATGCAGTGGTAGCTTCT
GGACATTCGCTGGACACTGGTGGACATACTCTCTAGCGGCGATCCGCCATCGCAGACTCTCTTTTTTTCAACCGCAACACTTTTGAGCACTTCTT
CGTGAATCACCCAGTATTATTTCACTCACACACCTTTTACTTTTGTTTGTGTTGCCCACTTCTACTTCCACTTCTTTTTTATTCTATTCTATTTG
CACTCTTCTTCTTGTTTCGTTTCTCTCAGTGTACCGTTTGTTTGGACTGCATTTTCATGGCAACCGCTCAATAATTATCAATCGAATCGAACTCG
TACAGTGCGCGCCCTGATTGTTAACTGACTTATTCCGATTTCGGTGCAGCTGCTCTGGCTGATATTTTCGTTCACTTTTATCTTTCACTCGTCCG
CTTGGGCACTCTCTTTCTCCGTTTCTGTTGCCTCCTCTCTTTCGCACCGCAAACAGGTAAGACCAGGTAAAAAAGTGGTTACACGCACACCGCCA
AGCGCGCGCATTTGTGTGCGTGTGGTTCGGTTCGCTGCGTTGGTATGTGTGTTACCAACGACTTTTGGTAAAAAGGCACTTTTCGATGGTATTTC
GTTGTGAACTTGTACTTTCTGGCGAATTATTTTAAATAAAAAGATCGCAAAACGTATTTTCTTTCACTTCGATCGCTTTTATTGTCGACTTACAA
CGAAGCTGCGGAGCCACACCGATTTTGAAACTGCGATCGACGCGCGAGACAACCGCTCAATTCAAAAGCAAAAACACAATGCAACAAAAACAACG
GGCGGCGTTAGAGATGTGAGACACCGTCGATTCCTCGGTCATCGATAATTAACGGTTAATAATCTCGATGTTTTCGTTTTATCGATACTATATAC
TGTCTACACTTCTCGATAAATACGTTGATGTGAATCAATTACACTGGATTTAATATAACAAATATTTCTTTAAAAATGGAAGCTGGAAGATAAAA
ATGGCCCAGCTTGGGCTTTCAAATAGAATTATTAACAACTATTTTTCACAAACAAACAGGTTAATTTTAAACGAGTTGATCAATACTTTAATACT
TATATAACTGAAAAATATTTAATAACCAAAACTAGCTACCATGTACAACAATAACATAATTTGCTTTAAAAAAGTTCTGATTGAGTTTGGTTTTG
AACAGGCAATGATATTTATTGGTCTCGAGGAACTATTTCTATAATGTATTACATTCTACATCGTTAAAAGTTTTTTTATTGCAATTCAAGTAACG
CGCCAAGACTTTTGCCATTCACCCGTCGGATTATGGAGCAGTGTAGACTGCCCGTAAAATACGGTGAATCGCATCCGGTACAGGTACACAAATAT
TTCCCATCCCTAGCAAAGAGTGGAAAAAAAAGTGAATCGAATCGTCATCGTCTTGGCCCATTAATTGCGGAGAAAAAAGATTGCAGCGCCGAAAA
AACGGTCAAGGAAGAGTTCCAGCGACACCGCAACTTCCAACCACTCCACAAGAAGATCCCGTCGAAAGGTAGAACCCTAGGAACCGGAGGGGAAA
CCAGACCAAACCAAACAACCGCCCAGCCCCGATTTCGTGAATCACCAGTGGAACTATGGAGCAGACACCGATCACCGATGCGGAGAAGGTGCGCA
TCGTATCGGACTTCATCCTACATGCGCCGCCCGGCGAGTTCAACGAAGTGTTCAACGATGTGCGGGAGCTCCTCAAGAATGACACTCTGCTAAAG
GATGGGGC

(SEQ ID NO: 358)

Exon: 7558..6241
Exon: 5096..1001
Start ATG: 6867 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT12481

GTTGTCTCGCGCGTCGATCGCAGTTTCAAAATCGGTGTGGCTCCGCAGCTTCGTTGTAAGTCGACAATAAAAGCGATCGAAGTGAAAGAAAATAC
GTTTTGCGATCTTTTTATTTAAAATAATTCGCCAGAAAGTACAAGTTCACAACGAAATACCATCGAAAAGTGCCTTTTTACCAAAAGTCGTTGGT
AACACACATACCAACGCAGCGAACCGAACCACACGCACACAAATGCGCGCGCTTGGCGGTGTGCGTGTAACCACTTTTTTACCTGGTCTTACCTG
TTTGCGGTGCGAAAGAGAGGAGGCAACAGAAACGGAGAAAGAGAGTGCCCAAGCGGACGAGTGAAAGATAAAAGTGAACGAAAATATCAGCCAGA
GCAGCTGCACCGAAATCGGAATAAGTCAGTTAACAATCAGGGCGCGCACTGTACGAGTTCGATTCGATTGATAATTATTGAGCGGTTGCCATGAA
AATGCAGTCCAAACAAACGGTACACTGAGAGAAACGAAACAAGAAGAAGAGTGCAAATAGAATAGAATAAAAAAGAAGTGGAAGTAGAAGTGGGC
AACACAAACAAAAGTAAAAGGTGTGTGAGTGAAATAATACTGGGTGATTCACGAAGAAGTGCTCAAAAGTGTTGCGGTTGAAAAAAAGAGAGTCT
GCGATGGCGGATCGCCGCTAGAGAGTATGTCCACCAGTGTCCAGCGAATGTCCAGAAGCTACCACTGCATCAATATGTCGGCGACCCCGCAGGCC
GGCCACCTAAATCCCGCCCAGCAACAGACGCACCAGCAGCACAAGCGAAAATGCCGCGACCTTGGCAGGCGACTAATCCCCGCGAGACTCCTCCT
GGGCGTTATCGTGGCCATCAGCCTTCTGTCACCCGCCCTCGCACTTCACTCGCCGCCGGACAAAAACTTTTCCGGCGACAATCGTAAGCCCGCCT
TCAAAAACTGCGCCGGATACGCTCCTAAGGTCAAAGAGGAGCAGCCCGAAAACACCTACGTTCTCACCGTAGAGGCCGTCGACCCTGATCCCGAC
CAGGTCATTCGATACAGCATCGTCCAGTCGCCGTTCGAGCGACCCAAGTTCTTTATCAATCCCAGCACGGGCGTAATCTTCACCACCCACACATT
CGATCGTGACGAGCCGATCCACGAGAAGTTCGTCTTCGTCACCGTCCAGGCCACGGATAATGGTCTGCCCCCACTGGACGACGTTTGCACCTTCA
ACGTTACCATCGAGGACATCAACGACAATGCACCCGCCTTCAACAAGGCGCGCTACGACGAATCCATGTCGGAAAATGCCCAGCCCGACGCGGTG
GTGATGACTATCAGCGCCAGTGACTTCGACGATGGCAACAACAGTTTGGTCGAATACGAGATTCTGCGGGAGCGCGACTTTCAGTACTTCAAGAT
TGACAAGGAGTCGGGTATTATCTACCTGAAACGACCGATTGACAAGAGACCCGGCCAATCGTATGCGATAATCGTGCGGGCATATAACGTAGTGC
CAGATCCGCCACAGGATGCACAAATCGAAGTGCGCATCCGGGTGGTGGAGTCCTCAATTAAGCCGCCATCATTTGTGAATCCGATCGATACGCCC
ATTTACCTGAAGGAGAATCTCAAGAACTTTACACATCCGATCGCCACGTTACGAGCCGTTTCCAATATGCCGGACAAGCCGGAGGTAATCTTCGA
ACTGAACACCGGCCGCACGGAGCAGACAAACAGCAAGAACACATTCGTGTTCAATCAGATCGGCAACGAGGTGACCATTAGCCTGGGCAAGACTC
TGGACTACGAGGCCATCACAGACTACACCCTCACCATGATTGTGCGGAATACACACGAGCTGGGCACAGAGCATCAGATCAAGATTCAGGTGGAG
GATGTCAACGATAACATCCCCTACTACACGGAGGTCAAATCGGGCACTATCCTGGAGAACGAACCACCCGGCACGCCTGTTATGCAGGTGCGTGC
CTTCGACATGGACGGCACCTCAGCCAATAATATTGTGTCATTCGAGCTGGCCGACAATCGGGAGTACTTCACCATCGACCCCAATACCGGTAACA
TAACCGCCCTGACGACATTCGATCGCGAGGAACGCGATTTCTATAACGTAAAGGTTATTGCCAGCGACAATTCGCCATCGAGTCTCTTTGATAAT
GGCGAGCCGAACCGTGGTCACCAAGTGTTCCGCATCTCCATTGGAGACAAGAACGACCACAAGCCGCACTTCCAGCAGGACAAATATCTGGCAGA
AAGACTGCTCGAGGATGCCAATACGAATACCGAGGTCATTGAGGTAAAGGCCGAAGACGAGGATAACGCATCCCAGATCCTATACAGCATTGAGA
GCGGTAACGTGGGTGATGCCTTTAAGATTGGTCTTAAGACCGGCAAAATCACGGTCAACCAGAAGTTGGACTACGAAACGATCACGGAGTACGAG
CTGAAGGTGCGTGCGTTCGATGGAATCTACGACGACTACACAACGGTGGTTATCAAAATTGAAGACGTGAACGACAACCCGCCGGTGTTTAAGCA
GGACTACAGCGTCACCATTCTGGAGGAGACCACATATGACGACTGCATACTCACTGTCGAAGCCTACGATCCGGATATCAAGGATCGCAACGCAG
ATCAGCATATCGTCTATTCGATTCACCAGAACGATGGAAACCGATGGACCATTGACAACAGTGGCTGCTTGCGTTTGGTCAAGACGCTGGACCGC
GATCCGCCCAATGGTCACAAGAACTGGCAGGTTTTGATCAAGGCTAATGATGAGGATGGAGTAGGAACCACGGTCAGCACAGTGAAAGAGGTCAC
CGTCACGTTGAAGGACATCAACGACAATGCTCCGTTCCTGATCAACGAAATGCCTGTCTACTGGCAGGAGAACCGCAATCCCGGACATGTTGTGC
AACTGCAGGCCAACGACTACGACGACACTCCGGGGGCAGGTAACTTCACCTTCGGCATCGACAGCGAAGCCACACCGGACATCAAGACCAAGTTC
AGCATGGATGGAGACTATTTGCACGCCAACGTCCAGTTTGATCGCGAGGCTCAAAAGGAGTACTTTATCCCCATTCGCATCAGTGATTCTGGCGT
TCCGCGACAGAGTGCCGTAAGCATTCTGCACCTGGTGATCGGCGATGTCAACGACAATGCCATGAGCGAGGGATCGTCGCGCATCTTCATTTACA
ATTACAAGGGAGAAGCGCCTGAAACCGATATTGGTCGCGTGTTCGTAGATGATCTCGATGACTGGGACTTGGAGGACAAGTACTTTGAATGGAAA
GATCTTCCGCACGATCAGTTTAGGCTTAATCCCAGCACGGGTATGATCACCATGCTGGTTCACACCGCCGAGGGAGAGTACGACCTGTCGTTCGT
AGTCACCGAGGACTCCATGTTCGTGCCCCGTCACTCCGTAGATGCTTATGTCACCGTGGTGGTCCGCGAGCTTCCCGAGGAGGCGGTGGATAAGA
GCGGCAGCATCCGATTCATCAACGTAACCAAGGAGGAGTTTATCAGTGTGCCACGCGACTTCCAGTCACCGGATGCGCTATCCCTAAAGGATCGC
TTGCAGCTCTCGCTGGCCAAGCTTTTCAATACGTCGGTATCCAACGTGGACGTGTTCACTGTGCTCCAAAACGAGAATCATACGCTCGATGTACG
CTTCTCTGCCCACGGCTCACCCTACTATGCTCCGGAGAAATTAAATGGAATAGTGGCCCAGAATCAGCAGCGTTTGGAAAACGAACTAGACCTGC
AAATGCTGATGGTGAACATCGACGAGTGTCTGATTGAGAAGTTCAAGTGCGAGGAATCGTGCACCAATGAGCTGCACAAGAGCTCGGTGCCATAC
ATGATCTACTCCAATACAACATCGTTCGTGGGCGTGAATGCCTTTGTTCAAGCGCAATGCGTATGCGAGGCTCCTTTAATGAGGCGTTGTCTAAA
CGGAGGATCTCCGCGGTACGGGGAGAACGACGTGTGCGACTGCATAGACGGATTCACCGGACCCCACTGCGAACTCGTCTCCGTGGCATTCTATG
GCTCGGGGTATGCCTTCTACGAGCCCATTGCCGCCTGCAACAACACCAAGATTAGCTTGGAGATCACGCCCCAGATCGATCAGGGCCTGATCATG
TACTTGGGACCACTTAACTTCAATCCACTGCTGGCCATTTCTGATTTCCTAGCTCTGGAGTTGGACAATGGCTATCCGGTGCTGACTGTGGACTA
CGGATCAGGTGCCATTCGCATCCGCCATCAGCACATCAAGATGGTGGCAGACCGCACCTACCAACTGGACATTATCCTGCAGCGTACCAGCATTG
AGATGACTGTGGACAATTGCCGGCTATCCACCTGCCAGACACTGGGCGCCCCAATTGGCCCCAATGAGTTCCTCAATGTAAACGCACCGCTGCAG
TTGGGCGGCACTCCAGTGGATCTGGAACAGCTGGGACGGCAGCTCAATTGGACGCACGTTCCCAACCAGAAGGGTTTCTTCGGTTGCATTCGCAA
CCTGACAATTAACGAGCAGACTTACAACTTGGGAATGCCCTCTGTGTTCCGAAACATCGACAGCGGTTGCCAGCAGTCGGTGGCCGTTGCGTTCA
GTTTTGGAATTGATAGAAACTTCATCATTGCGATCATCGTATGCCTCGCGCTACTGCTGATCATCCTGTTGGCAGTGGTGGTGCAGAAAAAGCAG
AAGAATGGCTGGCACGAAAAGGACATCGACGACATTCGCGAGACGATCATTAATTACGAGGACGAGGGTGGCGGCGAGCGGGACACGGACTATGA
TCTGAATGTCCTGCGCACCCAGCCCTTCTACGAGGAGAAGCTGTACAAAGATCCTCATGCGTTACAGGGGAACATGCGCGACCCCAACGACATAC
CCGACATCGCCGACTTCCTGGGCGACAAGAAGGAGAACTGCGACCGGGATGTGGGCGCCACAACCGTGGACGATGTGCGGCATTACGCGTACGAA
GGTGACGGCAACTCCGATGGCAGCCTCTCCAGTCTGGCGTCCTGCACCGACGACGGCGATCTCAACTTCGACTACCTGTCCAACTTTGGACCGCG
CTTCCGCAAATTGGCCGACATGTACGGCGAGGAGCCCTCAGACACAGACTCCAACGTGGACGATGACCAGGGCTGGCGCATCTAGGAATCTTCGC
CAGCCGCGGTATGATGACGTAGAAATTGAAAAGACTTTTTATATACTAAGAGTTGTACGGATGTTGATAGTGTCGGGACAAGGCGCCGGCCTAGC
CGGCGTCCAAAGTCGATTCAGAGATATATACCCATATATATATGGGTAAACTATATATTATATATATACATATATATTTTTATGGAGGAATATT

(SEQ ID NO: 359)

Start ATG: 692 (Reverse strand: CAT)

MSTSVQRMSRSYHCINMSATPQAGHLNPAQQQTHQQHKRKCRDLGRRLIPARLLLGVIVAISLLSPALALHSPPDKNFSGDNRKPAFKNCAGYAP
KVKEEQPENTYVLTVEAVDPDPDQVIRYSIVQSPFERPKFFINPSTGVIFTTHTFDRDEPIHEKFVFVTVQATDNGLPPLDDVCTFNVTIEDIND
NAPAFNKARYDESMSENAQPDAVVMTISASDFDDGNNSLVEYEILRERDFQYFKIDKESGIIYLKRPIDKRPGQSYAIIVRAYNVVPDPPQDAQI

EVRIRVVESSIKPPSFVNPIDTPIYLKENLKNFTHPIATLRAVSNMPDKPEVIFELNTGRTEQTNSKNTFVFNQIGNEVTISLGKTLDYEAITDY
TLTMIVRNTHELGTEHQIKIQVEDVNDNIPYYTEVKSGTILENEPPGTPVMQVRAFDMDGTSANNIVSFELADNREYFTIDPNTGNITALTTFDR
EERDFYNVKVIASDNSPSSLFDNGEPNRGHQVFRISIGDKNDHKPHFQQDKYLAERLLEDANTNTEVIEVKAEDEDNASQILYSIESGNVGDAFK
IGLKTGKITVNQKLDYETITEYELKVRAFDGIYDDYTTVVIKIEDVNDNPPVFKQDYSVTILEETTYDDCILTVEAYDPDIKDRNADQHIVYSIH
QNDGNRWTIDNSGCLRLVKTLDRDPPNGHKNWQVLIKANDEDGVGTTVSTVKEVTVTLKDINDNAPFLINEMPVYWQENRNPGHVVQLQANDYDD
TPGAGNFTFGIDSEATPDIKTKFSMDGDYLHANVQFDREAQKEYFIPIRISDSGVPRQSAVSILHLVIGDVNDNAMSEGSSRIFIYNYKGEAPET
DIGRVFVDDLDDWDLEDKYFEWKDLPHDQFRLNPSTGMITMLVHTAEGEYDLSFVVTEDSMFVPRHSVDAYVTVVVRELPEEAVDKSGSIRFINV
TKEEFISVPRDFQSPDALSLKDRLQLSLAKLFNTSVSNVDVFTVLQNENHTLDVRFSAHGSPYYAPEKLNGIVAQNQQRLENELDLQMLMVNIDE
CLIEKFKCEESCTNELHKSSVPYMIYSNTTSFVGVNAFVQAQCVCEAPLMRRCLNGGSPRYGENDVCDCIDGFTGPHCELVSVAFYGSGYAFYEP
IAACNNTKISLEITPQIDQGLIMYLGPLNFNPLLAISDFLALELDNGYPVLTVDYGSGAIRIRHQHIKMVADRTYQLDIILQRTSIEMTVDNCRL
STCQTLGAPIGPNEFLNVNAPLQLGGTPVDLEQLGRQLNWTHVPNQKGFFGCIRNLTINEQTYNLGMPSVFRNIDSGCQQSVAVAFSFGIDRNFI
IAIIVCLALLLIILLAVVVQKKQKNGWHEKDIDDIRETIINYEDEGGGERDTDYDLNVLRTQPFYEEKLYKDPHALQGNMRDPNDIPDIADFLGD
KKENCDRDVGATTVDDVRHYAYEGDGNSDGSLSSLASCTDDGDLNFDYLSNFGPRFRKLADMYGEEPSDTDSNVDDDQGWRI*
(SEQ ID NO: 360)

Name: DE-cadherin
Classification: cell_adhesion
Gene Symbol: shg
FlyBase ID: FBgn0003391

Celera Sequence No. : 142000013384832
ACTTGCAATATTGGTATCAAACTCTCGCACACGCGAATTAATGCGAGACTATATCGGTTCGGAGCGTACTAGTTCGGATCGAATCGAGTAGTGGA
GGGAGCGGTGTGGACGCTGCGAAGCTCGAAAGAAGACTGAACGCGACCAGCCCGGTGGTTGTCAATATGAATACGTTGTGGAGTGGACTAGCAGT
GCTTTGGGATGTTGCAAACCATGCCGAAACGAAGCAAAACCACTGGCCTGGCTGCACGCCGTACTGTGGTAGGTATTCGGCAGGTGTTGGTACAG
ACATAAATATCTATTAGCTCGGCTAATCTAGGCGGAACTGGCCGTCTGGCCTAAGAGGCTTAGGCTGGGTCCAAGTGATGGGCCAAGTAGTTGAC
TTTTGACTACATGGGCGGGACTGCTGGGTACCACAAGATGCAAGTCCCAGGCCCAGGAACTCTTTGGCATATTTTGGGAAACATTAACTTTGCCA
TTTGGACGAGTTTTATTGACTTTGCTGCTTTTCAGCGAATAAGATATATTGGCATCATTATGGATGCAAAATTAGCAACGGATCGAATTGGTTTC
CATTACACAATGGTCCAGCTTTGCATTCGCAGCCACCGCGGCGGTGGTTTCCACTTTGTTTGCCTTAATTAGGTGGTTATCAATCTCCTATGCAA
ATCTATTGTTGCCCAATGTCGCGAATATTGGTAATTAGTGCAGTCTTTCCTGTGATTTTTGCACACGCTAAATTATGCATGTTACCAATTTTGTT
GCAAAAAAATAATATGTTTGTGTCTTCCAGTCCCAACTGATGGTTTCAAAAAGGCCGCCAAAGTTGAAAATATCGATATCATGCAGATGATATAT
GGATACTTGTCCTGCTAAGGTAGTGCTGTCAGAGTTGCTTAAACTGATTAGTTATAATAAACCATCAGTTAATTCCAGGTATGAAAAAAAGCGTG
CATTATGTAAATTGCATAGTGAAATTAAATCGACAATTTGTAATCTCGCTGCGAATTTCCAGGAATCTCCAGCCCTGGCCGGCTTATCGATACAT
CTGGCACAAAAGGCGTGCAGAGTTGTTCTCCAAATTTCCTGTCGCGAATTTTATTCATTTATAATTAATTACAAGCCATGGCCGAACTGGACGAT
TTCTTCGCGAAAAAGGACAAGAAGAAGTCCAAGAACAAGACTAAGTTCGTGACCGCCGACGAGATGGTGAAGAACCTGGAGGACGGCACCAAGCG
CGAGGTGGTCAAGCCCAAAAAACCTGAGGTAGCCGCTGGCGGCGTGGCAGTAGTAGGCGAAAACGAGAATAGCGGCACCAAGGTGCCAGAGTCCG
CCCCGGTGAGTCCGAATCTCAGTCTGGTGAAATCAGCGCCCGTTGGCCACCTAGGGCATGTTTATAAGTTCATTGTTTTGCCGCTCCGTAGCCCG
TCGAGGAGGAATGGAAGGAGTTCGAGGAGGAGCAGCGCAAGGACTACAGTGGCTTAAAGATCGGCCAGCTGAGCACCATGTGAGTTTTCGAACGT
TACGCCGACCGCCTAATCCATGAGCAGGAGAAAAGGCCACTTCCATTGATTTACTTTCCATTTGACCCCGCATATTGCGAAAACTCGCTTTCTAT
AGCTCTTCGGCCCGTTCCAGAACTGCCCAGGAAAGTTCCGAGTCGCAAGCTGCTCGAGTGCCCTCTGCCCCGGACGGCGGCAACTACAATGAGGA
CGATGAGGACAGCAATGGGTATGACAACGCGGACGTAAACAAGGAGCGCGTCGGCCACGGACCCTGGAAGAAAGTTGTCCCAGCCGAGGAGGTAA
TGCAGATTCCGGTGCCCGTGGAGGTGGAAAAGCACTCGTCCAAGACCTACGTTTCACCCGCGCTACGATACAGCGTAAGTAAGAAGAGCGAGACG
ATCCAGATCGAGTTTAATCAACTTCTCTGCAGCAGCAGGCCGGAAGTGGACTGGGAGGCGGCCCTACTGGGGGGGCATTGCGTCCACGACGCGCC
GCCCCCGACATCACCAATACCGAGTTTTTCCCAACCTTAAGTGCGGCGCGTCCGGAGGAACAGCGCAAGAAGAAAAACGAACCCGCCTTCGAAGA
AGTCCGTCACGGAAGCCGTTTCCAGCGTGTTCAGGAGTCCACGGCTGCCCCGGTGGCGGCCTCCAACCGATTCCAGTCGCTTGACGACGAAGCAA
GCTAGGTCAGCCCACGCCAACGGTGCTGTTGCTGGCCACTTGAACCGCTATCTACCACAGTGTCCGCTGCCGAGCTCAAGCCATCCAAAGGTTCT
ATGCCAGCACATGCAGATTTTCTAGGCTTTTTGATTCATATAAACCACCACTGCTACTCTTACCCTAAACCACAAACTACTATTGTTCATTTCGT
TTTGCATTTTGAAAAATGGATTAATGTAATACAATACGAATAATACCCATGCGTTGAAATCCGTTTATAAACGTTACTTTTTTATACGTTTCCGT
TTCTCACTTTTCCATGGCGAGGTCTTCCGGGCAGCTGTCCAAGTAGCTGCAAAATCAGTAAGAAAGATCATCTCTGGCTGAAACAGTGCGTACTG
ACTTTTCATTGTACGGCCTCTCCGGCGTGTTGTGGTACGAGATCAGCAGCTCCTTGGCCAGCATCTTGTCTGGGAAGTTGCGAATCAGGTACAGC
CAGCACTGAATGGTTCTAGACATAGGGGCAATAGTGAGTTATTACATCTGGCCATCACCCCACACCCTCATACTCATTCTGTTCCATTAATATGG
TTTGTTGCTCGCGATCATAGTAGTCCGGGTAGTCTTCTAGTATGTCCAGTTTGGAGAGCATGGTCTCGTCCACTTCGTAGACTTCGCCTTCTATG
TGGTTCCCCTCACCCGGGCGGGCGAGCAGAAATGGGATGTTGTAGCGGGTTCCGACAACCAGGGGAAACTTCGTTTCCGTTTTCCCCCTTCCAAG
GAATCGGGCTTGGCCGTTCTCCTTTTTCGTCAGCCAGTGGTGATTGGGCTCACCGCGCTTCAACGTGCCATACACAAAGACCCTTGCCGCCATTC
TCAGCTTTTCAGCCATTGCGCTTCCCGCCGCCAGGCTTATCAGTTTCAAGCGGTATCGTGCTATCAAATCCGACCTGTAGATTGCGCAGTCGACA
TAACCCGTCCGCTCTTCTTCTTGCTGCCATTCGCACCGAATCTAGCCTCCGTACACCGCGAGAAACTGAAGCCCTCGGCACTGGGCTGTGGAAAA
TTACCAGGGACTGCTGTCCAGCATCTTTACTTCTATAATAGAACGAGGGGCATTTTATTTTATTTTAAATTGCTTCAGTTTATTTGCTTTGTTTG
TCGAAAACTATCAAATTACAGACTACGTTTGCTAAAACCTAAATAATGCGTATGGTACATATGTATCAGTTTATATCGTTTGCCCATATATACGG
GTATATATCGATCA
(SEQ ID NO: 361)

Exon: 1001..1335
Exon: 1422..1504
Exon: 1636..1879
Exon: 1933..2434
Start ATG: 1123

Transcript No. : CT12563
GCGAATTTCCAGGAATCTCCAGCCCTGGCCGGCTTATCGATACATCTGGCACAAAAGGCGTGCAGAGTTGTTCTCCAAATTTCCTGTCGCGAATT
TTATTCATTTATAATTAATTACAAGCCATGGCCGAACTGGACGATTTCTTCGCGAAAAAGGACAAGAAGAAGTCCAAGAACAAGACTAAGTTCGT
GACCGCCGACGAGATGGTGAAGAACCTGGAGGACGGCACCAAGCGCGAGGTGGTCAAGCCCAAAAAACCTGAGGTAGCCGCTGGCGGCGTGGCAG

TAGTAGGCGAAAACGAGAATAGCGGCACCAAGGTGCCAGAGTCCGCCCCGCCCGTCGAGGAGGAATGGAAGGAGTTCGAGGAGGAGCAGCGCAAG
GACTACAGTGGCTTAAAGATCGGCCAGCTGAGCACCATAACTGCCCAGGAAAGTTCCGAGTCGCAAGCTGCTCGAGTGCCCTCTGCCCCGGACGG
CGGCAACTACAATGAGGACGATGAGGACAGCAATGGGTATGACAACGCGGACGTAAACAAGGAGCGCGTCGGCCACGGACCCTGGAAGAAAGTTG
TCCCAGCCGAGGAGGTAATGCAGATTCCGGTGCCCGTGGAGGTGGAAAAGCACTCGTCCAAGACCTACGTTTCACCCGCGCTACGATACAGCCAG
CAGGCCGGAAGTGGACTGGGAGGCGGCCCTACTGGGGGGGCATTGCGTCCACGACGCGCCGCCCCCGACATCACCAATACCGAGTTTTTCCCAAC
CTTAAGTGCGGCGCGTCCGGAGGAACAGCGCAAGAAGAAAAACGAACCCGCCTTCGAAGAAGTCCGTCACGGAAGCCGTTTCCAGCGTGTTCAGG
AGTCCACGGCTGCCCCGGTGGCGGCCTCCAACCGATTCCAGTCGCTTGACGACGAAGCAAGCTAGGTCAGCCCACGCCAACGGTGCTGTTGCTGG
CCACTTGAACCGCTATCTACCACAGTGTCCGCTGCCGAGCTCAAGCCATCCAAAGGTTCTATGCCAGCACATGCAGATTTTCTAGGCTTTTGAT
TCATATAAACCACCACTGCTACTCTTACCCTAAACCACAAACTACTATTGTTCATTTCGTTTTGCATTTTGAAAAATGGATTAATGTAATACAAT
ACGAATAATACCCATGCGTTGAAA
(SEQ ID NO: 362)

Start ATG: 123

MAELDDFFAKKDKKKSKNKTKFVTADEMVKNLEDGTKREVVKPKKPEVAAGGVAVVGENENSGTKVPESAPPVEEEWKEFEEEQRKDYSGLKIGQ
LSTITAQESSESQAARVPSAPDGGNYNEDDEDSNGYDNADVNKERVGHGPWKKVVPAEEVMQIPVPVEVEKHSSKTYVSPALRYSQQAGSGLGGG
PTGGALRPRRAAPDITNTEFFPTLSAARPEEQRKKKNEPAFEEVRHGSRFQRVQESTAAPVAASNRFQSLDDEAS*
(SEQ ID NO: 363)

Gene Symbol: anon-EST:fe2C9
FlyBase ID: FBgn0022343

Celera Sequence No. : 142000013385215
AATTAGCACATTCGTTTTCCTCTTTAAATAAGGAGAATCCACTTAAAGAAATCTGATAATCGCTGCATATTGTGCTATTTATTTTATGTTAAAAA
AGTATATTCGCAAGAGCATAAAAACAATCTGATCGGGTTAATCTTAACTTTTTCGCTGCTCCATTCTCATTGATTACTACAGCACAAAAAAAAAG
TGGGGAAAGCGTGGAATCCTAACTAGAAGAACGGAAGATAGAATAATGGATAAAAAACAAAGGGGCAGGGCAGCAAAAACTTAAATCATTGGCAA
ATACCTTTTTACGATGCGGATTTTAATCAAAGTTTTTGCCACCGCTGTCAGTTTCTTTTTTTTACTTAAAATGGTAATAAAAAAAAAAGGGGAAA
CGACGATAAATAAACATTTTAAAATAATTGCTAACGGCGTGTTGTTGCGCTTTAGTGAACTTATTAGTCTACCCTCGCACCGGCCAATTTCCACA
ATTGATTAGTTTAAAATTGCATTTTTTGGACATTTAAATGGGAATCTAATTGATTGCCATTTTTATTGAGAGCACTTAACACTATACAATGGCAG
GTTTTGTATTTAAGCTATATATTCCTCGTTTATACAGTGTCAAATTAATTATTGATTTTATAAGCAGCTAAGAAAATGATTGTTTAATTTGGACC
GATTGATCATCGAGGACTTAAAATGGACTTAAAATAATTGGATATTAGCAACTTTGAAAAGATCCCGTTTACTCCCAAAACTTCAGAATCAACCC
ACGAACTTCTTTAAGCCAGTGTGACCCCACCCGCTCTTTAGCTCTCTTTCGCTCCATCTCGCTTCCGCACATCGATTGGCGAAAGCTTCGCTCGC
ACTCGATATCAGCTCACAACTTCGCTTGCAAGCTCGCCGCGGAAAGCTCGCGATCACACGGGTCGAAATCGAAATCGAATCGCGGTAGAGAGCTT
TTCGAAGTGCGAGCGTCGACGTTTTATTTCTGCGGCTCAGTCGGTTTTAGTTCGTTCTGTTGGAGAAAAGCAGCAATCACACGTTCGCAAGGTGA
ACGCGAAGACACAGCAAAGTAAGCCCTTCCCCCCCACCAACACACACCCACCCAAAGCAAATAAGTAACAATAAATAATGGAATGGCTGGAAG
ACGGTTCTGGGCGATTTAAACAATTAGCGAAAGAAAGCGGCATTGAAATCCGTCTTGAATTCGCCCCGAAAAAGTGACGAAGCAGCGATCAAAGC
GCAGAGCGAAAACACGCACACAGACTGCAAGTGTGTTAGATAATAAGTGCAGCACAAGTCCACACTTGAGTAAAATAATCCCTAAAAAAGCCGAA
TATCAATTAGTTTTCCAAGGAGCTTGAAAAAGTGCGGTATGAAAACGTGAAAATTTGCGCGTGGAAAATTATTTTGCCTTGTCAGCTGACCCCCT
TCCCCGTGTTCGCTCCATCCCTGTCGCACCGCGGGTCTTGTGATCGCCGCCGCTCTTGCGCTCGCTTGCTCTCCCATTTCGAAACTCGAAACAGA
AGTGGGAGTTATTCGTATTCCGATAATGAAAAACCAATATGGAGAACGAGCGACGTAAAAAAGGCGGCCCAAAGATTTTTACCATTTCCCTTACC
CACTTTTTTTTCATTTGTCAGCTGACGGCAATGACAGTAGTCTTGTGATCAACGTCAAAAGCAATTGTCAAATATTCGAACTCGAATGGAGAGCG
AGAGAGCCAGAGCGGAGAGTTGCTCTCCCACTCCACCCTCTCTTGTTTTTCTTTGCTGATAATTATGAAAACCCGCATATTTTGAAAAACATGCA
TTTCAGTTACATTCCTCCGTTGAATTTGTCAACCTGTGGTTGTTTTTTCACAGCTCTTATTTTATTTATTTAGCGATTAGTTTGACAAATTGCTC
TCTTCGAACTTTCAAAGCTCTGTCACGTGAAACGAAAGCTCTGCTTTTAAAGTTTTACGCAGCATAATCAAAGAGGGGGAGTTAAAAAAAAAATA
ATTAAATCAATCGAAATTATTAGCTGCTAACCTACAACTTTATAACCTATAATCGAAAAATTTGGGAGCTGTGGGCTCTACAAAAACTTAACCTG
TAAATGTAGCAGATACACCTGCCCCTTGTCAGCTGACAGAGGGCTGAGCAAGAAATTAGTGATAAGAAAATGTTCACCTTTATCTTCGCCCTTTT
GCAGCCAGCATTTAACAATTTTCCTCTTCTATTTTCCCTCCATTGCAGTCGAAAAAACAGAATAAAGCAAAATGTCCAACCTTAAGCGTTTCGAT
GATGAGGAGCGTGAGTCCAAATATGGACGTGTCTTCGCTGTCTCCGGTCCTGGTAAGCACCTAACTATACTGACTAACCATAACTCATGCTATCT
AAAAGTTAATAAAAATAAGTTAATAATACCTGTGAACTGGAAACCTTACTTTGATGATTAGTCTAGAACTTACACTTCTGTGTGAAATAATGGCA
ACTTTAGAAATGTGTCCACCTATTTGTGATTAATATTCAAACAACTCAAACATTTTGGTTTCATTATTCAAAATTAAATGTGAATAATTTTAATA
ATTAATTAATTGTTTCTTTAAACTTTTTTCTATAATTCTAACAAAAACATCATCAAGTATCATTAATAATAAAAAATTTTAAAAGAAAATGTTCA
ATGGAACCTATCTTCGTTTGCTGAGTTATAAAAACTTCTTGAATGAAATGTAGCCCCCCTAACCCGACCAACCGCTTCATTCCAGTCGTCACCGC
CGAGGCCATGTCTGGATCAGCTATGTACGAGTTGGTCCGCGTCGGCTACTACGAGCTGGTGGGCGAGATCATCCGTCTGGAGGGTGACATGGCCA
CCATCCAGGTGTACGAGGAGACCTCTGGCGTAACTGTCGGAGATCCGGTGCTGCGTACCGGCAAGCCTCTTTCCGTGGAGCTGGGACCCGGTATC
ATGGGCAGCATCTTTGACGGTATCCAGCGTCCCCTGAAGGACATTAACGAGCTGACCGAATCCATCTACATCCCCAAGGGTGTGAACGTGCCCAG
TTTGTCCCGCGTGGCCAGCTGGGAGTTCAACCCCCTGAACGTCAAGGTCGGCTCCCACATCACCGGAGGTGACCTGTACGGTCTGGTGCATGAGA
ACACTCTGGTCAAGCACAAGATGATTGTGAACCCCCGCGCCAAGGGAACAGTGCGCTACATCGCCCCCTCCGGCAACTACAAGGTCGACGATGTC
GTCCTGGAGACCGAGTTCGATGGAGAGATCACCAAGCACACCATGTTGCAGGTGTGGCCAGTGCGTCAGCCACGTCCCGTGACCGAGAAGCTGCC
CGCCAACCACCCCCTGCTCACCGGACAGCGTGTGCTCGACTCGCTCTTCCCCTGTGTCCAGGGCGGTACCACCGCCATTCCCGGAGCTTTCGGTT
GCGGCAAGACTGTGATCTCGCAGGTGAGAGTCCCACAAATTGAGAATTTAAGGAGCGATGCCTCGTGTAGCCTCCATACACTCAAGTTTCATAAA
AATACAATCCCTAATAAATCATTTACTTGCTTGCAGGCTCTGTCCAAGTACTCCAACTCCGATGTCATCATCTACGTCGGTTGCGGTGAGCGTGG
TAACGAGATGTCTGAGGTACTGCGTGACTTCCCCGAGCTGTCCGTGGAGATCGACGGTGTCACCGAGTCCATCATGAAGCGTACCGCCCTTGTGG
CCAACACCTCCAACATGCCTGTGGCTGCTCGTGAGGCCTCCATCTACACTGGTATCACCTTGTCCGAATACTTCCGTGATATGGGTTACAACGTG
TCCATGATGGCTGATTCCACCTCCCGTTGGGCTGAGGCTCTTCGTGAAATTTCTGGTCGTCTCGCTGAGATGCCTGCCGATTCCGGCTACCCAGC
CTACTTGGGAGCCCGTCTGGCCTCCTTCTACGAGCGTGCCGGTCGCGTTAAGTGCTTGGGTAACCCCGAGCGCGAGGGATCCGTGTCCATTGTCG
GAGCTGTGTCTCCTCCTGGTGGTGACTTCTCCGATCCCGTGACCTCCGCCACTCTGGGTATCGTGCAGGTGTTCTGGGGTCTCGACAAGAAGTTG
GCCCAGCGCAAGCACTTCCCCTCGATCAACTGGCTCATCTCCTACTCGAAGTACATGCGTGCTCTGGATGACTTCTATGACAAGAACTTCCCCGA
ATTCGTGCCGCTGCGTACCAAGGTCAAGGAGATCCTGCAGGAGGAGGAGGATCTGTCTGAGATCGTGCAACTGGTCGGCAAGGCCTCTCTGGCCG
AAACCGACAAGATCACGCTGGAGGTGGCCAAGCTGCTGAAGGACGATTTCCTGCAGCAGAACTCCTACTCCTCGTACGATCGCTTCTGCCCCTTC
TACAAGACCGTGGGCATGTTGAGGAACATCATCGACTTCTACGACATGGCCCGTCACTCCGTGGAGTCTACGGCTCAGTCTGAGAACAAGATCAC

Celera Confidential

CTGGAACGTGATTCGTGAGGCAATGGGCAACATTATGTACCAGCTGTCATCCATGAAGTTCAAGGTGGGTTAACACGCAAATTTATCCATTGCCT
AGACACTGGGTGACCACATTTTTCAATCCATTTCAGGACCCCGTTAAGGATGGTGAGGCCAAGATCAAGGCTGACTTCGAGCAGCTGCACGAGGA
CCTGCAGCAGGCCTTCAGAAATCTGGAGGACTAGAGACCGCGCTGGCCCTACTTTTACACTCTAATCTTATATTTGTTATATAGTTAACGTTTAA
AAATGAAAGCAGTCAAAAACCATCCGAAAAAGCCTAATCAAACACCAACAATTCCGTGCTGCATTCGATGAAAAACAAAAGTCCAACAAATACCA
CAACTTCTTGGTGCCTGCGAGAGATGTAAACATTCCGGCCTGCGGTTAATACTTTCCCCTAACCACGCCCCCTCCGCCCCTTGAAGGGCAACTCT
AGGCAACAGCAACTACAACGTCCTGCTATGTACTTCCATTTACAACAACAACACCAACATACACTTGAATAAAAGTACACGGACACTGGCGCACA
CACAACACATACATAAAAGACACAAATACAAATGCATGCATAAATAGTATTATTGTTTAATGAATGGAAATTCTTGTTTATTTGTGAAAAAAGTC
ATGTTTTCTCCCTGTTTGTTTGTTAAATTTATGTAAATATTTAAAGTATGAAATATTAAATGTACGAATAAAGTGCAACAACAAATACATTTAAT
GTAATTGAAAGTGAATTTCACTGGCAGCAGAATGGATATTAAAAATGTGTCAACTCGATAAAAAGATAATAAGTTAAAATATTTTTTTGAATTTT
AAACCTTCATTATATAAACATACTTGACTATATGAAAGCTAAGAAAATGGGAATATATTGAAAAGCATAATCTAAAATCCTATATCATTCTCAGT
CATCACCTTAGTCTTTCCATAAACTTCTGCCCCATTTATTTTATTTATTTGACAATATTAGTAAAAATTGTACCAAGTGAAAAAATTGTATATAT
TTAAACCAAATGGAAAAGAAGTCCTGGGTTGCACCGCTTACCTCGTTCACCAACAGTAACGCAAGTAACGAAGACAGAGCCCGCAACTCGGGATC
GTTAAACCAAGATGGGGAGCCAAGGTCCGTGCCTCACCCAACGGTTCCGGCTAAGAAGTGCACATGTCCAACCTGCGCTTGCCAACGTAATGACC
ATAAATCCAATCCGGTACCCCCTCCCCCTCAATCACGCAAGCCTGTAGCCGAGCCGGAAAGTCCCCATGATACAGTCAATGACGAGGACAGTTTG
AAGGACTTGAGACGTTCGACGGACCAATCCCACAAGAGCGCTCACATCGCCTTGGAGAAGAATGAGGACTCGGGTTTTGTGATCGAGCAGGTGGT
TGATACGCACAAATATTCGTCGGATGAAGAAGAGGAGGAGGCGACGATGGGTCGCATTTTCGGAGTCTCCGGTCCGGTGGTCAATGCCGAGGAGA
TGGCCGGCGCAGCCATGTACGAGCTGGTTCGCGTTGGACACTCCCAGCTTGTTGGTGAGATCATTCGACTGGAGGGTGATATGGCCACCATTCAG
GTTTACGAGGATACTTCGGGTGTGAGCGTGGGTGATCCCGTCTACCAGACGGGAAAGCCGCTCTCCGTGGAATTGGGACCCGGCATCATGGGCAG
CATTTTCGATGGTATCCAGCGACCATTGAGGTCCATCAGTGAACTAACCAACTC
(SEQ ID NO: 364)

Exon: 1001..1063
Exon: 2234..2332
Exon: 2746..3443
Exon: 3552..4529
Exon: 4597..5229
Start ATG: 2257

Transcript No. : CT12570
TTCGTTCTGTTGGAGAAAAGCAGCAATCACACGTTCGCAAGGTGAACGCGAAGACACAGCAAATCGAAAAAACAGAATAAAGCAAAATGTCCAAC
CTTAAGCGTTTCGATGATGAGGAGCGTGAGTCCAAATATGGACGTGTCTTCGCTGTCTCCGGTCCTGTCGTCACCGCCGAGGCCATGTCTGGATC
AGCTATGTACGAGTTGGTCCGCGTCGGCTACTACGAGCTGGTGGGCGAGATCATCCGTCTGGAGGGTGACATGGCCACCATCCAGGTGTACGAGG
AGACCTCTGGCGTAACTGTCGGAGATCCGGTGCTGCGTACCGGCAAGCCTCTTTCCGTGGAGCTGGGACCCGGTATCATGGGCAGCATCTTTGAC
GGTATCCAGCGTCCCCTGAAGGACATTAACGAGCTGACCGAATCCATCTACATCCCCAAGGGTGTGAACGTGCCCAGTTTGTCCCGCGTGGCCAG
CTGGGAGTTCAACCCCCTGAACGTCAAGGTCGGCTCCCACATCACCGGAGGTGACCTGTACGGTCTGGTGCATGAGAACACTCTGGTCAAGCACA
AGATGATTGTGAACCCCCGCGCCAAGGGAACAGTGCGCTACATCGCCCCCTCCGGCAACTACAAGGTCGACGATGTCGTCCTGGAGACCGAGTTC
GATGGAGAGATCACCAAGCACACCATGTTGCAGGTGTGGCCAGTGCGTCAGCCACGTCCCGTGACCGAGAAGCTGCCCGCCAACCACCCCCTGCT
CACCGGACAGCGTGTGCTCGACTCGCTCTTCCCCTGTGTCCAGGGCGGTACCACCGCCATTCCCGGAGCTTTCGGTTGCGGCAAGACTGTGATCT
CGCAGGCTCTGTCCAAGTACTCCAACTCCGATGTCATCATCTACGTCGGTTGCGGTGAGCGTGGTAACGAGATGTCTGAGGTACTGCGTGACTTC
CCCGAGCTGTCCGTGGAGATCGACGGTGTCACCGAGTCCATCATGAAGCGTACCGCCCTTGTGGCCAACACCTCCAACATGCCTGTGGCTGCTCG
TGAGGCCTCCATCTACACTGGTATCACCTTGTCCGAATACTTCCGTGATATGGGTTACAACGTGTCCATGATGGCTGATTCCACCTCCCGTTGGG
CTGAGGCTCTTCGTGAAATTTCTGGTCGTCTCGCTGAGATGCCTGCCGATTCCGGCTACCCAGCCTACTTGGGAGCCCGTCTGGCCTCCTTCTAC
GAGCGTGCCGGTCGCGTTAAGTGCTTGGGTAACCCCGAGCGCGAGGGATCCGTGTCCATTGTCGGAGCTGTGTCTCCTCCTGGTGGTGACTTCTC
CGATCCCGTGACCTCCGCCACTCTGGGTATCGTGCAGGTGTTCTGGGGTCTCGACAAGAAGTTGGCCCAGCGCAAGCACTTCCCCTCGATCAACT
GGCTCATCTCCTACTCGAAGTACATGCGTGCTCTGGATGACTTCTATGACAAGAACTTCCCCGAATTCGTGCCGCTGCGTACCAAGGTCAAGGAG
ATCCTGCAGGAGGAGGAGGATCTGTCTGAGATCGTGCAACTGGTCGGCAAGGCCTCTCTGGCCGAAACCGACAAGATCACGCTGGAGGTGGCCAA
GCTGCTGAAGGACGATTTCCTGCAGCAGAACTCCTACTCCTCGTACGATCGCTTCTGCCCCTTCTACAAGACCGTGGGCATGTTGAGGAACATCA
TCGACTTCTACGACATGGCCCGTCACTCCGTGGAGTCTACGGCTCAGTCTGAGAACAAGATCACCTGGAACGTGATTCGTGAGGCAATGGGCAAC
ATTATGTACCAGCTGTCATCCATGAAGTTCAAGGACCCCGTTAAGGATGGTGAGGCCAAGATCAAGGCTGACTTCGAGCAGCTGCACGAGGACCT
GCAGCAGGCCTTCAGAAATCTGGAGGACTAGAGACCGCGCTGGCCCTACTTTTACACTCTAATCTTATATTTGTTATATAGTTAACGTTTAAAAA
TGAAAGCAGTCAAAAACCATCCGAAAAAGCCTAATCAAACACCAACAATTCCGTGCTGCATTCGATGAAAAACAAAAGTCCAACAAATACCACAA
CTTCTTGGTGCCTGCGAGAGATGTAAACATTCCGGCCTGCGGTTAATACTTTCCCCTAACCACGCCCCCTCCGCCCCTTGAAGGGCAACTCTAGG
CAACAGCAACTACAACGTCCTGCTATGTACTTCCATTTACAACAACAACACCAACATACACTTGAATAAAAGTACACGGACACTGGCGCACACAC
AACACATACATAAAAGACACAAATACAAATGCATGCATAAATAGTATTATTGTTTAATGAATGGAAATTCTTGTTTATTTGTGAAAAAAGTCATG
TTTTCTCCCTGTTTGTTTGTTAAATTTATGTAAATATTTAAAGTATGAAATATTAAATGTACGAATAAAGTGCAACAACAAATACATTTAATGTA
A
(SEQ ID NO: 365)

Start ATG: 87

MSNLKRFDDEERESKYGRVFAVSGPVVTAEAMSGSAMYELVRVGYYELVGEIIRLEGDMATIQVYEETSGVTVGDPVLRTGKPLSVELGPGIMGS
IFDGIQRPLKDINELTESIYIPKGVNVPSLSRVASWEFNPLNVKVGSHITGGDLYGLVHENTLVKHKMIVNPRAKGTVRYIAPSGNYKVDDVVLE
TEFDGEITKHTMLQVWPVRQPRPVTEKLPANHPLLTGQRVLDSLFPCVQGGTTAIPGAFGCGKTVISQALSKYSNSDVIIYVGCGERGNEMSEVL
RDFPELSVEIDGVTESIMKRTALVANTSNMPVAAREASIYTGITLSEYFRDMGYNVSMMADSTSRWAEALREISGRLAEMPADSGYPAYLGARLA
SFYERAGRVKCLGNPEREGSVSIVGAVSPPGGDFSDPVTSATLGIVQVFWGLDKKLAQRKHFPSINWLISYSKYMRALDDFYDKNFPEFVPLRTK
VKEILQEEEDLSEIVQLVGKASLAETDKITLEVAKLLKDDFLQQNSYSSYDRFCPFYKTVGMLRNIIDFYDMARHSVESTAQSENKITWNVIREA
MGNIMYQLSSMKFKDPVKDGEAKIKADFEQLHEDLQQAFRNLED*
(SEQ ID NO: 366)

Name: vacuolar ATPase subunit
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384592

TGTTGGCATTTTGCAGAGGCTACATCTGCCACAAAAGCTTCCAACTCAATTAGAAGCCTTAGCGTCGTTTTCATGTTGTTTACCCACAGTTGGGA
TGCGGCGCATACTGAAAACGAAACTGAAATGCGAGTTCAATGTTTTGATTTTGAAATGGGCTCTGAAAATCCTTGAAAAGTGTCATCGGCCGGCC
ACAGCAGATTAATTTACAAAATAGTCGAAATTCTTCCGCAATAAAATGTGAAGAAAAACAAAAGCCTGCGGTATGGAGATGATCTATTTATGAGG
CGAAATCCACTGCCCGAGACGTGTCTCCTTGCGGCAAAGAGTCAACGCACTTCGCAGCTCATGAATTTTACTACAATTGCCGCTTTACGCACTTT
TATCTGAATATCTGTTGCCTGAAATTCTGTTTTCCTCCTTTTCTTTGTGCATTTTAATCTAATTTATTATTGCCGGCGAGGCGGAATTTTTCTTT
GCGTAAGTTTTGGACCGATTTTAATGCTCAAGGGGAAAATGCTTGACGTGTTAAGTCTGAAAACTTGTGGTTTCTAATATGTAATGGAATATAAA
ACATTATTTTTTTTAGCTTATCTCCCACTTAAATGATACATTGTTGAACCCTCGTATCATATATAAATTTATATATTTTCATTAAATTGCTGTCA
AATAATTTAAGTTGAACCCCTATGTGACTAAAATAGAAACCATTTTAGTTTAAATAAATTTCTTTGAAAATCTAATTAATACAAAAATCTACTTC
TCTTTTGCGACATCTGGCGCTCAGAAAGTATACTAAACAGCACTGTGGCTTGAACTGCTTGCATGGTGGAGGTATTCGCTAGGAGCTGGCAGTAC
TAAAAGCAGAGAACACAACCGGAAGCGTTATTCCACAAAATGTGGCCTTTTAAATTATATGTGAAAATACGATAAGTACCTTAAAATACCGAAGG
CGCGCAGTTTTCAGTATAACAGCTGGCCGAGTAACTGGCCACACCATTCCAATTAGAAAGAAACCTATTTAAGCAAAACGCATCGATCTCTCCGT
AATTTTTTGTCCGCTGAGTAATCGGAAATCGGCAACGGAATAATGGGCAATTTCGACGGCGATTCTGGAACGGTTTTCGAGCAGAGCTATGCGAC
GACCAACGGAAACGGAAAGGTGCCGAATGGCAATGGGGCGGCAGATCTCAGTGCCCCGGAAAAACAGGAACTTCTCCGGAAGTTCTCGGCACCCG
CGTACACTGAAATTCGCACGCGACGCTGCCAGCCGAAGCCCGCAAACGACGCCCAGGTGAGCCAGGCATTTTCGCTCAGTGTGCGGGGTGAAACG
CGAGTTAAACACTTGGACGAAACGAAAATAACGAGCTAAAAGGCCATAAAAATTGGCCAAAAATGTGGTTCCATAGCTGGTTCCATTCACCCTCT
CGCTCGCTCTTCCAGCCGGCGAATTATTGATTTTGTGTGAGAGCGAGGGAGCGCGCATAAGAGAGAGGGAGAGAGAGTGAGAGTGAAGGCGTGCG
TCAGCTGGAGAATTTCGGCCCAATTTTTGCTGCCCTTTTTGGCGATTTTCCTCCGCTTTTCCCGCTTCTGGGTCATCGGGCAGCCACAGCTGTTT
TCCCTCCACTGCAGTGTTTTCCTCGCGTGTTTTCCTTTTCGCCGCGAGTGCTGACCATTTGGCGTATTTTGGCTACTTCCGGATGATAGAAACTA
TTAGAACTCTGCGGAAATATCCTATCATCATATACGATCAGAGAGTTATTTCATAAATTGTGATCATGAAAGGCAATTTGTAGTGTTGGAAATTA
AAGTATTGGGCAATATTATTTCACTTTCATTATTATAATTTTAAGTAGTCTATACATTCCTCTGAGATAGCTATCTTACAATTGACTAAGCCCTA
AGATAAGAACATCAGCATGTTAAAGTAACTTAGATTTCAGAAATTTCATAATACCTATTTTAGATGTGCGTTAAACTGTTTGGTACGCTAGTCCA
TTTTACCACATGCACTCTCTAATCTAGCCATTGTCTCTTCTTCGGCACTCCTGCACTCATTCGAAATTTTCCTAGTGACTGGAGTACGACCCCAA
AGCAAACACACACATAAGTACGTAGTTTGGGTGCACAATGTGTGTGGGGAGAGCGGCACAATGCTGGTCTGGTCATAATATTGTCATGCCACGCC
ATGCCCGGCTCGCCTTATCAGGCCCATTCCACCAGTCTTTTACGTAAAGCCTCGCAGAATGCGATTCGCTGGTGAATCACAATGCTCCGCAATCT
CCGAAGGCAGCGGTTTTGGGTGGGCGTTGATTTGTCGGTGATAAGAGTTTTGTTTTAAAATTCATGGACTCTCCCTGCGTCTGGGCTGCCAAAGA
ATAACTGTTGGCGGGTATACTTAACCGATTATCATATTTTTTATTATTCATAACTTTTTAAAAAGATAAGATAAACATATTATAACATTACATTC
ATTGGGTAATTCCGATACAATTCGATCTTTGGGGAGTGAGCAATTGTTAGTTTTCTTTTAAGTACCTAAAGATTTCATTATTGGTAGCTTTGTAT
TTCTTTTTTTTCGGAAAGTAATACAATGGTTTACATAAAATTTATTTAATGAAATAGTTCCGTACCATGGCGACAACTTATTGAAATCATTCAGCT
TGATTTAATGGCAACTAAAGACCTTTTCAAATTTTTAATCACACGAAAATAATGTTAGCGCGTGCAAGTCTCATATCTCCAATATCAACGGATAG
AAAACTTTTATCAGCTCGGCAAGATTACAGTATGCATGATTTCAAAGGTAAAGGCTTAAATAAAAAAGAAATACTTAAGAATATGAAATTGCCAA
AGCAATTATCTACTGACTCACAGCTAATACTTCTTGGAATCCCCACAAAATCGGTTAGAACTTGGCGTGCGCTGGTCGATTGTCAGTCGTTATCT
TGGACTCCATGGATCCCCAACATATGGAAGTCATTATCTGGATCCCACACCATGCTCCCTACTTAGCTGTCCTTCTGTACGCGACCCATAGCGTA
ATTAGTATTACACTTTTTCTATTTATTTATTTATGTCGGTTTCGATTTTGATCTTTCTACGGTAGCTTCGAGCTCGTCTATATACCCTAACACTG
GGACTCCATTAAATAACTAGGCATCGCGTAACCCACTTGACTTTTCGCTCCCCGCACTCCGTCTCATCGTATTTAGTAAACAAGCCCGGTGGCAA
ATGATAATAAACACGAAATATTATTGTCGCCGACTCGTTATTACGATTAAGCTGACGTTCAACTATATATATTTTCGGAATATATATCT
GCAGTTTGTGTTGCTCAGTTAATGAGATATATATATGTCTCGTATCGGATCCTTTGGCCAGCAAAATCAATAAGCAAATGATATATACACTTAAA
TAAGTACGTTAATTATAACGCTCTATTTGTTAGCTGGTGAGGTTGAAGTGTGCCAAGTTGGGCACACAAATACTATATACATTTATGGCTTCCCC
TGTATGATTTTTGTGTCTGTCTCTTTTTGTGTGACTTCATGTCGAACTCGGCTCATGTGAGCGGTGGAGCAAATTGTTCAGCAGTTATCGTGTGA
TTGTATTTATATATGTACATACGTACCTTGCATATATGGATCTTTTAGTTAAATGTTAATTGACTGATGAATTGACTGAACGCATAGAAAGGGCA
AGCAAGTGAGAATGTAGAATTTTTCATTTTTTTTATAAAAGCGTTTACGCATGAGAACTATAAGTTTTGATATACATACTCGTATAAATGGGTATT
ACTGTGCTGATCCCTTTGAAGCGAACATGTTTACAATCTGTCTTACAATTTCCCATCTAGCCCGTCTAACAATATTGATTATTTGCTCTTTGATG
AGTGATTTTCAATGGAAATTATGAAGATTCACAGTGATACCAATGATAGCGATAACCAGCCAATAATCGTTCCTCTCCCCTCTTACAGAGTCCCA
GCTCGATCAACTACCATCCGGAAAAGAAGTCGATCCCCAATGGGCATGCCTCCATTCTGGATCAGGAGTCCAAGCCCAACCAGGCAGAGGGCAAA
CTTTCGCCGGAGCTGGAGCACTTCCAGAAAACCTCCTTTGAGGAGGTGCCTTTGCACACGGCCTGCCTTACGTATTTGGGATTCTATCTACTGAT
GATCCTGGGCTACATCAACCAGTTGCTCTTCGTGCCCAAAGTGGCCACCGAGAAGGGTCGGGATGGCTATGTAGCCCTCTACGATGCCTTCGAAA
GCTTCTACTCGAGGTACGTTTACAGGAGAATCAAGGATTGCTGGAACCGACCCATCTGCAGTGTTCCGGGAGACGAACTCACTCTAAAGGATCGC
GTAACCGATGATTATGGATGGAGTTTCAAGTTCACTGGAACGGAGACACGTTGCTTAAATCTGGGATCCTACAATTACCTGGGATTTGCCGCCGC
TACTGGACAGTGTGCTGATGATTCAGAGGAAAGTGCTCGGAGCTCTGGACTGGCATACTGCAGCTCCCGTTGTGAGCTTGGTGACAACGAGCAGC
TGCAAGAGCTGGAGGCTCTAACTGCCAGATACTTTGGCGTGGAGGATGCCATTGTCTTTGGAATGGGTTTCGCCACAAATGCGTTGAACCTTCCC
TCACTGCTGGGACCCAACAGTCTTGTGATTAGTGACGAAAAGAATCACGCCTCCATCATTTTGGGACTGCGTTTGTCCGGGGCCACCACCAAGGT
CTTTAAGCACAACAACATGCGCGATCTGGAGCGCGTCCTCCGTCAGGGTGTGTGCTATGGAAATCCCAAAAAAGGTGGTCAGCCATGGGACAAGG
TTATGATCTTGGTCGAGGGCATCTTCAGCATGGAGGGGTCCATAGTCCGTTTGCCCGAGGTTATTGCTCTGAAAAAGAAATACAAAGCATACTTG
TATTTGGATGAAGCTCACAGCGTGGGAGCCATGGGTTCCCGTGGACGAGGAGTTACAGATTATTTTAATGTGGATCCGAAGGAGGTGGACATTCT
GATGGGCACCTTCACCAAAAGTTTTGGCAGTGCTGGAGGCTATCTCGCTGGATCCAAGGTATGCTTGAGTGGCTACACTTTCGCATATTCCTCAC
TTATCAATAATCTTTTATCCTCCCCAGAAACTGATTGACTTTCTCCGCACCAACAGCCACGCCCATTGTTATGCTGCTTCGATCTCGCCACCCAT
CGCACAGCAAATCCTTACCTCCATGAAGACCATTATGGGTGAAGATGGCACTGACATTGGACGCAAGAAGATCCACCAGCTGGCCAGGAACACAC
GTTACTTCCGCCGACGTCTGGCTCAGCTGGGAGTGATCACATACGGTCACGAGGACTCCCAGTCGTGCCCATGCTGGTGTACCTGTTTTCCAAG
ATTGGGTAAGAATGGGGTCATAAAACCAAAATAACTTTTGTCATTAGATTGTGCGTGGAGGAGCATTTCATTTTTTAAAAGATCAAACGGGAAAA
AACTTCAATTATCCTGTGGAGTCTCTTTTTACTAAACTGCATTTTCTCTTTGTAGCGCTGTGGTTCGCACCTTGACGACTCGCCACATTGCCGCG
GTGGGAGCTGGATTCCCGGCCACACCCATCATGGAAGGACGCATCCGATTCTGCCTTTCAGCCGCCCACACCAAGGAGCAGCTGGACTTTGCCCT
GGAGGCGATAGACGAGATTGCCGATGATCTGGGCCTAAAGTATTCTCGCAAGCCACGCGATCCGAATCCCGTCATTTACTAGAATCACACGCACA
CACATAGAAGTTAAGCTTGGGGAAATGGTAACCTCCCCGATTGGTAAACCAAAACTACAACACAGTCCAGATAGTGCTAAATCAATCACGAACGG
TGGCTTACATTGACCAAGTTTCAGTTGCACTGGGCTTCTATTTATGACTAATTCTCTGGTTATATGCCTTAAAAGGGAAGATCACTACAGCAACA
GAAACAAAACACTACAGCACATAGCTTAAATGATAAAATATTATTAATTATTTAGCATTTACCTCTACGTAGTTGTTATTGTATATGTAAAATCC
AATCGTCTTCTTTGGTCGGCTGCTGCATTTTAAGTATTTATAGAAGAGAAAATGACAGCGCAATGTATTGGGCAAATCAGGGTTTGGTTACTTTT
ATAGCTAAGCTAAGGGAAGCCCCTTTTTCGTGGGAAAGCCTCGAGCACCTCGCTTCTACCAATTAAGCATACTAAGCTGAGCCAAATGTAACGTC
TAAAGAGTCAGCGATACAATTGTAAATCACTATTTGGGTAAGTCTTCGGGGGACCCAAAAATTGGGTCAACTTTAGGGCATTGTCAGGAAATATA
TATGTATAATAATTATGTATTATTGATCTTATTTTTCCACCAAAAAAATAAAGAAATTGTTGCTTTATCTAATAAACTATATTGGAATAGCTTAC

Celera Confidential

FIGURE SHEET 201

TGTAAAAGTATTCACTGTACGGGATTCTTAAGTCTACTAGTGTAAATATTTATTTAAAATATATAAAACTTGGCGGGCAGATGAATCTTAAAGTC
GAAAAATGTTTTGCCTTGTATTTTACATAAATTTTGACACAACTTATGCGACCTCTACAGTTAATTTACAGAAGTTGGATACTCGACGCAAATAT
AAAACACATATGTAGAGAATCCGCTAAGTCTAGGGCCTTAGTTCTTATTTTTGAGAAAATAAGAAGTACAGTGGCCATTAATTAAATAAAGCTAC
TTCTTGAACCATTTTTAATTAAGTAAATGCCTGACTTTTAAGCGATAATTAGAGATTAGCGATATCAATTAAATCGATATTGATAATATGTTATT
TTAGACGATTTGGAAGTAAAATAAATAAAATTTGTTTCAGTATCATTTTGGTTGCACTGCCTCCTTTCTTTAATTTAAAATACATAAACTCCATT
TGCAAGGGGTCAAGTTAATTTAAGTTTATGTAATAGGAATAGCAATCAATTGACAGTTCGACTTTCAAATCGTTCCTACCCAACACGATTTCACA
CTTAAAGCGTCGAAGCCGAACTACCAATCCTTTGAATAACAATTTTCTAATTAACAGTAACTCATGACATCTCTACATCGCTCCCTGTTTTCCTT
TTCCGGTGCTGACCACAATGGCAAATAAATTCCAATTGTAATTGTCTCTGCCTTTTAAGAAATTAAGACAAAAGGCGAACAACGCTCAGATCGAA
GGACAAGAAGGAGTTTCGAGAGCGGGTGGCTTGTAAAGAGCCGTGTTGGTTTATGGGCTTAGGCAATACTTTCAATTTTATATTCTGGACAATAT
TTATTGAGTGGTTCTTGTTGAATCTGTGGGGAGTACATGTAAACTGAATTTAAATATTTTGCATGAAAGAGAACATTCGCTCGTTAAAAGTGCAT
TTGAATTGTTTTTAAAGCAACACGTTACACAGG
(SEQ ID NO: 367)

Exon: 1001..1291
Exon: 3984..5093
Exon: 5158..5420
Exon: 5566..6443
Start ATG: 1088

Transcript No. : CT12625
AATTAGAAAGAAACCTATTTAAGCAAAACGCATCGATCTCTCCGTAATTTTTTGTCCGCTGAGTAATCGGAAATCGGCAACGGAATAATGGGCAA
TTTCGACGGCGATTCTGGAACGGTTTTCGAGCAGAGCTATGCGACGACCAACGGAAACGGAAAGGTGCCGAATGGCAATGGGGCGGCAGATCTCA
GTGCCCCGGAAAAACAGGAACTTCTCCGGAAGTTCTCGGCACCCGCGTACACTGAAATTCGCACGCGACGCTGCCAGCCGAAGCCCGCAAACGAC
GCCCAGAGTCCCAGCTCGATCAACTACCATCCGGAAAAGAAGTCGATCCCCAATGGGCATGCCTCCATTCTGGATCAGGAGTCCAAGCCCAACCA
GGCAGAGGGCAAACTTTCGCCGGAGCTGGAGCACTTCCAGAAAACCTCCTTTGAGGAGGTGCCTTTGCACACGGCCTGCCTTACGTATTTGGGAT
TCTATCTACTGATGATCCTGGGCTACATCAACCAGTTGCTCTTCGTGCCCAAAGTGGCCACCGAGAAGGGTCGGGATGGCTATGTAGCCCTCTAC
GATGCCTTCGAAAGCTTCTACTCGAGGTACGTTTACAGGAGAATCAAGGATTGCTGGAACCGACCCATCTGCAGTGTTCCGGGAGACGAACTCAC
TCTAAAGGATCGCGTAACCGATGATTATGGATGGAGTTTCAAGTTCACTGGAACGGAGACACGTTGCTTAAATCTGGGATCCTACAATTACCTGG
GATTTGCCGCCGCTACTGGACAGTGTGCTGATGATTCAGAGGAAAGTGCTCGGAGCTCTGGACTGGCATACTGCAGCTCCCGTTGTGAGCTTGGT
GACAACGAGCAGCTGCAAGAGCTGGAGGCTCTAACTGCCAGATACTTTGGCGTGGAGGATGCCATTGTCTTTGGAATGGGTTTCGCCACAAATGC
GTTGAACCTTCCCTCACTGCTGGGACCCAACAGTCTTGTGATTAGTGACGAAAAGAATCACGCCTCCATCATTTTGGGACTGCGTTTGTCCGGGG
CCACCACCAAGGTCTTTAAGCACAACAACATGCGCGATCTGGAGCGCGTCCTCCGTCAGGGTGTGTGCTATGGAAATCCCAAAAAAGGTGGTCAG
CCATGGGACAAGGTTATGATCTTGGTCGAGGGCATCTTCAGCATGGAGGGGTCCATAGTCCGTTTGCCCGAGGTTATTGCTCTGAAAAAGAAATA
CAAAGCATACTTGTATTTGGATGAAGCTCACAGCGTGGGAGCCATGGGTTCCCGTGGACGAGGAGTTACAGATTATTTTAATGTGGATCCGAAGG
AGGTGGACATTCTGATGGGCACCTTCACCAAAAGTTTTGGCAGTGCTGGAGGCTATCTCGCTGGATCCAAGAAACTGATTGACTTTCTCCGCACC
AACAGCCACGCCCATTGTTATGCTGCTTCGATCTCGCCACCCATCGCACAGCAAATCCTTACCTCCATGAAGACCATTATGGGTGAAGATGGCAC
TGACATTGGACGCAAGAAGATCCACCAGCTGGCCAGGAACACACGTTACTTCCGCCGACGTCTGGCTCAGCTGGGAGTGATCACATACGGTCACG
AGGACTCCCCAGTCGTGCCCATGCTGGTGTACCTGTTTTCCAAGATTGGCGCTGTGGTTCGCACCTTGACGACTCGCCACATTGCCGCGGTGGGA
GCTGGATTCCCGGCCACACCCATCATGGAAGGACGCATCCGATTCTGCCTTTCAGCCGCCCACACCAAGGAGCAGCTGGACTTTGCCCTGGAGGC
GATAGACGAGATTGCCGATGATCTGGGCCTAAAGTATTCTCGCAAGCCACGCGATCCGAATCCCGTCATTTACTAGAATCACACGCACACACATA
GAAGTTAAGCTTGGGGAAATGGTAACCTCCCCGATTGGTAAACCAAAACTACAACACAGTCCAGATAGTGCTAAATCAATCACGAACGGTGGCTT
ACATTGACCAAGTTTCAGTTGCACTGGGCTTCTATTTATGACTAATTCTCTGGTTATATGCCTTAAAAGGGAAGATCACTACAGCAACAGAAACA
AAACACTACAGCACATAGCTTAAATGATAAAATATTATTAATTATTTAGCATTTACCTCTACGTAGTTGTTATTGTATATGTAAAATCCAATCGT
CTTCTTTGGTCGGCTGCTGCATTTTAAGTATTTATAGAAGAGAAAATGACAGCGCAATGTATTGGGCAAATCAGGGTTTGGTTACTTTTATAGCT
AAGCTAAGGGAAGCCCCTTTTTCGTGGGAAAGCCTCGAGCACCTCGCTTCTACCAATTAAGCATACTAAGCTGAGCCAAATGTAACGTCTAAAGA
GTCAGCGATACAATTGTAAATCACTATTTGGGTAAGTCTTCGGGGGACCCAAAAATTGGGTCAACTTTAGGGCATTGTCAGGAAATATATATGTA
TAATAATTATGTATTATTGATCTTATTTTTCCACCAAAAAAATAAAGAAATTGTTGCTTTATCTAATAAACT
(SEQ ID NO: 368)

Start ATG: 88

MGNFDGDSGTVFEQSYATTNGNGKVPNGNGAADLSAPEKQELLRKFSAPAYTEIRTRRCQPKPANDAQSPSSINYHPEKKSIPNGHASILDQESK
PNQAEGKLSPELEHFQKTSFEEVPLHTACLTYLGFYLLMILGYINQLLFVPKVATEKGRDGYVALYDAFESFYSRYVYRRIKDCWNRPICSVPGD
ELTLKDRVTDDYGWSFKFTGTETRCLNLGSYNYLGFAAATGQCADDSEESARSSGLAYCSSRCELGDNEQLQELEALTARYFGVEDAIVFGMGFA
TNALNLPSLLGPNSLVISDEKNHASIILGLRLSGATTKVFKHNNMRDLERVLRQGVCYGNPKKGGQPWDKVMILVEGIFSMEGSIVRLPEVIALK
KKYKAYLYLDEAHSVGAMGSRGRGVTDYFNVDPKEVDILMGTFTKSFGSAGGYLAGSKKLIDFLRTNSHAHCYAASISPPIAQQILTSMKTIMGE
DGTDIGRKKIHQLARNTRYFRRRLAQLGVITYGHEDSPVVPMLVYLFSKIGAVVRTLTTRHIAAVGAGFPATPIMEGRIRFCLSAAHTKEQLDFA
LEAIDEIADDLGLKYSRKPRDPNPVIY*
(SEQ ID NO: 369)

Classification: enzyme
Gene Symbol: lace
FlyBase ID: FBgn0002524

Celera Sequence No. : 142000013384832
TGTACAGGTCGTGGTACAGGTGCCTGTCAATCTTCTTGCTGTCGCGGTACTTCTTCAACAGGCGGCGCAGAACGCGCTGGCGCTGCATCCACAGC
AGCTTGGTAGGCATGCGGGCGTTCGCAGTACCCTTACGCTTTCCGAATCCGCAGTGACGTCCCTTGCGGCGGGCCTCGGTGTTTTTGCGCACACG
GTAACGGGAGTGGACCACGACGGGCTTCTTGATGATCAGACCATCCTTGATAAGCTTGCGAATGTTCTGACCTGGAATGGGTTAACAACACAGTT
AGCTGGGCTGTCTATTCGACCATTTAGACCATTTCTACTCACGCGAGTTTGTGTTAGCGATCTCGTTGATTTCATTGGGATCCAACCAGACCTTC
TTCTTGCCGCATCGCAGCACGGAGGCTGCGAGCCTCTTCTGGAGCTTTAGAGAACTGCAAAGGAGGGTAACTTGTTAGTCCATCATTTCGAAAGT

AGCGTGCTGGGATGCGCCTATCAGCTTGTGTGTGTGTGTGCATGAGCGTCGCATGTTCGGTTATTTCACAACTGCCGGGAAACAGAATGGCACTT
GTCCGCCCGGCAGCTGCATCATACGGCACGCGCTCGCCCGGCACACTTTGCAAACATTTAGACCCCGCGAGCGCAACTTTTCGCTCATATTTGCG
AACTCAAATCTACCTCATGCTGTCGACCTCGTCGTGGCTAGGAAAGAAAGAAAAATTTGACAGCCGGAAGTCAGCACCATTTTCTGAAGGGTGCT
ATCGATACATCGATAACGTACTCGGGGGTCTGGCAACGCCTCGGGGATGTACTAGTTTAAGCGGAGTGGCAAGATTTATTTAAAAAAAATATTTA
ATAACAACTACTTTGTGCGGTTTCCAGCAGCTTGGATGTGCAAGATCCGGCCATATTTATATTGTTCGAATTAAGTTAGAGCAATTAAGTAACGA
AGCTTGGTATATTTTATTTATCTACTTGCGGTCACACTAAATTGGCTAAGAAAAACAAAAACAACTTTTTAGCCCAGTTGCAGCTGTTCAGAGTG
CAATTTCTGCAATGCAGCACACGCTTATACGCTGCTTGGGCATGGCCCGGATATCCCTGATGCGTTTGCAGCCCAGACCCACAGTGGCAGCCTCC
GGGGGACAGGAAGCTGGGTCCATCTCGAAGCCAACACAACCGGTCAGTCGGTCTTTCGCCTCGCTGCCGCAGGAGCAAGACAAGAAGGAGCAGAA
TGCCAGAGAGAGCCTTAACCGCCTGCCTCGCCTAATGGACTTTCCAGAGATCGTGTGGCCATCGGCGCTTAACTCGTTAAAAAATTGGATCACCA
TACAGTTCATAATTCGACCCTACTTCGACAGCGAGTTTCAACTCAAGGACTTCATATACGGCGCCAAGCAAGCGCTGCAGGTGCGTCATGGTTTG
TCTATCATGAAGTGTAATGATATTAATTCCCTCATAGGTAGTATCCTCAAAACTGATGGGCGGCGACTTAGACTCCCTGGACAATCTTGTCTCGC
CCGAGGCGATCGCAGAGCTTAGACCGGTAATCCAAAAACTGTCAATGACGCAACGGAGGCAGCTAGAAATCAAGGAGAGCGACATATACCTCAGC
TTTCCCTATCAGGTAGGTATTATGTTTGACGATGCAAACGACAAGCTGCAGAAGCGTTTCGTAGAGATCACCATGGTGTTTCACGTAATGCGTGG
TCTATCCGAGATGCGGGAACGCGGCGAGGAAATACCCTGGAACATGGGGTAAGTTTGGACTGTCACTGCCCGAAAGCTGAGCTCCTCATACCCAT
TTGTTGCAGGACCCTTCCCGAGTACCAGGATAAGGTTTTCATCTGCAACTACCGTTTTGTAAAGGAGTTCACCGCTGGACACCAATCGGACTGGA
CCGTAAATGTGGCCAACCAGTTTAGGGCCATCGACCTTATTAACGAGACCATATAACATCGGCCCATGGCTACCATCATCCGCGCTGTTCGCCGA
CTCATAGCATATATTGGCGTAAGCCACCGCCTTCGTTGGAATAAAAGTTTCGTTTTCCGCATTTAGGTATAAAAAACTAAAATCTTTACTGTGGA
TCTCTGGTTTAAATTAGGTTCATGTGAAATTAGTGCATTTGGTGGACAAGCAAAGCGCTCAGTGTCCCTCGTGCTTTGCTCTGTAGATGCCTTGG
GGATCGTACTTGTTCAGGAGGAGCTTCCATTCGCCGGCTTTGTTGGCGCGAAGGTAGTTGATTACCTTTTGTGAGTTTTTGCGTTGGACTTCCGT
GCACTTTGAGCAGTCGGAATGAAGGGCGTCGGGTAAAAGGCGCTTAAGTTCACGACCCTCTGCTGTGCATGGGCCCTTGTCCATCAGGCACTTGA
GATAATTACCCAACACTCGGTTGTTGCCCAGAACTTCATCCACGTTGACACTGTCGTACTTGTTGGTGTAGGTTTTTTCAGGAGCAGCTGCCGCA
AGACCGACACAAACACAGAACACTAGAGCTAGCGAGGCTTTCATCTTGGAGGATTATCTGGAAAGGCAGGTGGGAAATTCAAATTATTAAAGGTA
AGCCACGAAACACATTTCCTAAAATGAGGGATTTTTGGTTGCCGGGTAAGCGGATAATAAGAAGGCGTCAGGCAGTCTCGGCTTTTCTGTGTTTT
CGACGCATGTCAAAGAATCATCCAAAGCGGTTAGTGGTCTGCCCACCAGCTCATGCATTATTTATGGCCCTTGGCATATATATCGCATATGCATA
CTAATTGGCAATCGTTTGGATTTAATATTTTTGAAAAGATTTCACAATTTCACCGACACCACGTAGTTTTAGCAGCTTTCGACTTATTTGCGTCC
AATATCCGAATCCATGCTAGCCCGTGGCCAGCTGTTTGGTTTTCGCAATCCTTGATGGGTGCTGCACCTCAATTCCTCGGGTGCTCGGCCTAACC
AGGGCAAACGAACCACGGCTTGAACAATGGCTTACTCACTTCTCTTCCGGTGATTTTCGGTGGCCCGGGTGCAGTTGTGGTACGATCAAAGGCGC
AACTCAAATTGCGAGCTGTTAGCTCGCTGG
(SEQ ID NO: 370)

Exon: 1001..1410
Exon: 1463..1758
Exon: 1815..2070
Start ATG: 1057

Transcript No. : CT12627
AAAAACAAAAACAACTTTTTAGCCCAGTTGCAGCTGTTCAGAGTGCAATTTCTGCAATGCAGCACACGCTTATACGCTGCTTGGGCATGGCCCGG
ATATCCCTGATGCGTTTGCAGCCCAGACCCACAGTGGCAGCCTCCGGGGGACAGGAAGCTGGGTCCATCTCGAAGCCAACACAACCGGTCAGTCG
GTCTTTCGCCTCGCTGCCGCAGGAGCAAGACAAGAAGGAGCAGAATGCCAGAGAGAGCCTTAACCGCCTGCCTCGCCTAATGGACTTTCCAGAGA
TCGTGTGGCCATCGGCGCTTAACTCGTTAAAAAATTGGATCACCATACAGTTCATAATTCGACCCTACTTCGACAGCGAGTTTCAACTCAAGGAC
TTCATATACGGCGCCAAGCAAGCGCTGCAGGTAGTATCCTCAAAACTGATGGGCGGCGACTTAGACTCCCTGGACAATCTTGTCTCGCCCGAGGC
GATCGCAGAGCTTAGACCGGTAATCCAAAAACTGTCAATGACGCAACGGAGGCAGCTAGAAATCAAGGAGAGCGACATATACCTCAGCTTTCCCT
ATCAGGTAGGTATTATGTTTGACGATGCAAACGACAAGCTGCAGAAGCGTTTCGTAGAGATCACCATGGTGTTTCACGTAATGCGTGGTCTATCC
GAGATGCGGGAACGCGGCGAGGAAATACCCTGGAACATGGGGACCCTTCCCGAGTACCAGGATAAGGTTTTCATCTGCAACTACCGTTTTGTAAA
GGAGTTCACCGCTGGACACCAATCGGACCGTAAATGTGGCCAACCAGTTTAGGGCCATCGACCTTATTAACGAGACCATATAACATCGGC
CCATGGCTACCATCATCCGCGCTGTTCGCCGACTCATAGCATATATTGGCGTAAGCCACCGCCTTCGTTGGAATAAAAGTTTCGTTTTCCGCATT
TAGGTATAAAAA
(SEQ ID NO: 371)

Start ATG: 57

MQHTLIRCLGMARISLMRLQPRPTVAASGGQEAGSISKPTQPVSRSFASLPQEQDKKEQNARESLNRLPRLMDFPEIVWPSALNSLKNWITIQFI
IRPYFDSEFQLKDFIYGAKQALQVVSSKLMGGDLDSLDNLVSPEAIAELRPVIQKLSMTQRRQLEIKESDIYLSFPYQVGIMFDDANDKLQKRFV
EITMVFHVMRGLSEMRERGEEIPWNMGTLPEYQDKVFICNYRFVKEFTAGHQSDWTVNVANQFRAIDLINETI*
(SEQ ID NO: 372)

Celera Sequence No. : 142000013384479
TCGTAATATAAGGTATTTTCATTGTTACCTTTATTACAAAAGTGGACTTAAAGGACATAAGTTTCCAAAATCATTTAGTATGCCTAAATTTGAGT
TACATTTGTATCTTCACCCGTACATATGGTCACCAAACATTTGCAGATGAGTGTAAGCTGCGCAGTACTTTAATAGCGCCCCTCGTAGGCCTAAC
TAAATGCGGCGATTACTTGGACGACCCGCGATCGCACCGCACTTAAGTATGGAGAAGCGCAAAAAGTGACCAAACCGGCTTGCCAACCGCTCTCT
GCTTCTTGCCCATCCGCATGCGGCTCCAGAAACTCGGAGCGCAGCTTTCGCGAAGCCACCGTCGCGTCACGGCCGCCGTCGTGGTCGTCACACAT
GCGCAGCAGCTGATGCGCGAGCGCTGACCTTGACCCTCAATTGGAGTCGCAGTCGCTTGCAGACTTGTTGCCAAGTGCAGCCGGCAAAGTTGAAG
TTGCCACCCCACCCCGGGACCGCTCTCTCTTCCTCTTGCTCTCTGCCTGCTTTTTCGCACAGCCAGTTTTCACCATTAGCGGCGACTGTACCTCG
CAGCACGCTGTACGTCCATACATACGTATGTATGCATTCACTTAGCGCGCGCGTATGTACGCATGCATGTGTGTGTGTGTTGTGTGTGCTGGTAC
GCGAACTGCACACAGAAAAGAACAGGGCAGGAGAGCAAAGAAAGCGGCGTGAGCACATAGCGAAAAGAGAGCCCCCAGCCCCATATTCCATCCAG
CCATCGCCATCAGCTGCCTGCGCCATGTGTTCCCGCAGCTGCAGTTGTGAAAATCGCCGGTAAACTGGTTGCGCGAGCGAGATGGAGAGAGTGCG
AAAGCGGGCGATCGCTCTCTCCCGCTCAGGGGCGGAGATGCCTCAAATTGGCAGGGGGCCTAATGAAAGATGTTACCCTGGAAGACGCTGCAAGA
ATTACCCCAAAGACATAACACATGGTGCGGGATTATTTTTTTTTTTGTCTCAAATCAGCAGCTCCAGCATTTTAATTTACAATTAAAAAACAATC
ACAGTGATATTTGAATTTTCATTTCCTTCATCGTACGTAGGTTTCGGTCTCGCATCTTTTGTGTCCCGTCCGTCCAACTGAACTGAACTGAAGGT

GTGTGTGTGCCGTTGTCTTCTTCATCTGCCCACTGAGTGTTCTGAGTGCCGCTTGCTTGTCTGCTTCTTTAACCGCTTAGCTCATCCTCTCCAGC
GTTGCGTTCCGTTTTCAAAGTCGTCGTGTATGTCTACCATTGTTGATGTTCTCTTCTTGTTATTTGTCTGCTTCTCTGTTCTTGTTTGCTGCCCC
CTTTGGCTCCACAGCTATGAGCTACATAGCATGCTACCCCGCTTGAGAGATCTTGCCAGGCGTCTTGGCTGATGGGTGTGTGGTATGGTATGGAT
GTGGATGGAGTTAATGGTATAGGGGTGGGATACTGGTTACTGTCTACAGATCCTGTCTTACAGTCTTAGATCCTGGATAATTCCCAAGGCTCGCC
GGCAGCAGCTGGATGGAGTGGAGTTGAGTGGAGTCGAGTGGTAACGTGGCCTGATCTTCTAGCCGCCTGATTCTTCGCTTTTTCATTGGTTTTTA
TAATTTTTATTTACGTTTTTCTTTCGGTTGTTTCTGGCTGTGGAACTCCTAATAGGATCATTTGCTTTAAATAGTATTCTTTAAGGTATTTTTCT
TTATATAATCTTATATAGTTTCATTCCATTCGTTATAATGTAATTAGTAAATTCAAACACTTGCAGCATAATCATATAATCATATAGGTATAATT
ATAGTAGAGTGGTTTGCTTGGTGATTTCTTTTGTTGTTGCTGTTGTGGTTTAGTCTCATCTTACAAATTGGGTCGTCGTGTCTTCTTCCTCATCT
TCTACCTCATCCTCTTCCTCGTCGTCGGTGTCATCTGCTCTCTCGGCTGCACAGCTGCCGTTGGCTATCGTCTTCTGGTTCTGCTCCTCCGACCC
CCGCTCGAGGAGCCTTTGCCCTCTTCCTCCTCCGTGATTCCTTTTCTGGCGGCTTTCCCTCGGAAAGCCAATACTTCTTGTCTTCTTTCAGTTCT
CGGGACGTTGGCACCGCGCTGCAGGCTCGGCTTTTGGAATCAGCGATGGTTACTGGATGATGTTCAGGATTATGGATTCATATGCTGCATGTGTT
AATGGAGGGATGTGGATGTGGTTGTGGGTTCTTTATTTTGAAGGGGTTGATCTTGACTTGGGTGCTGCTGCTATCGCTTCTAGATGTTGTTGCTG
TTGGCTGGCTTTGTGAATGTTGTAGCAAATTGATTTTTCGTTTTTTTTTCATTTTTTTTCGTTCTCATCTTTTCTTCTGGTTGTTCTTCGTGTGT
TGAATTATTACTCATATTCCTCCTTCGATGATTACATTTATGAGGTGCCACGGGTGGGTGGTGGCGCCTAGTTCCGTCCGCCCTTCTCGTCGCAC
TCGCGCCTCAGATGTCCGCTCTTGCCGCAGCCGTAGCAAGTCTTCGAGGTCTCCGGGCAGTTCTTGGAGATGTGTCCGGTGCGGTTGCACTTGTA
GCACGACACATTGGTCGGTCCACGTTCGTTGACGGCCTCTGGGCAGTTGCGCACCCAGTGTCCGGTCTTGTTGCAACGGTAGCAGGTCGGGTTGT
CCGCCTGGGTGCAGTCCTTCGAGATGTGCCCGATGCCGTTGCAGCGGTAGCAGCGCTCGGCCTCCTCAGGGCAGGCACGTGCGAAGTGCCCAAAT
TGGTTGCATTTGTAGCACTTCTCGCGGTTGCGACGCATGCCGCCGCCATCGTTGCCGCGCATACCGCCGCCGCCGCCACCACCGCCTCCTCCAAC
GCCGCCCGGACCTCCGCCGCCGCCGAGACTGCAGTCCCGGGCAAAGTGGCCCGGCCGGTTGCACTTGTAGCACGTGGCAGACATCGACATCTTTG
CTTCGGTTTTGGTTAGACTACTGATCCGCAAATCCGACTCCGCTTCTTAAACTCAACTTCTCAACTTCCTCACACACTCACTGGTAACCACGGGC
CCTCGAGCACTACACACTGCTTGCGCTGGATGCGAAAAAATCACACAGACCAACAGGATCTCCGGCTTCCTCAGATTTCCTCGCCGTATTTTCGA
CGCCAAAAGTTAAAATGGCTGCCGCTGAGCGAATGAGTACCGATTTGCTGTGGTATCGACTACTCGCCAGAGTTGCTTCGGCTACGCTTGAATAC
AACACTGACCCTCCACGCGGTGCACATTGGTTCGAGGATATGCGATGGTGAGGCGAAATGTCAGTCTGGAATTGTGTAGTGTGCTGGTGTCGTAC
TACTTCCACTCGGCGTGCTTTGTCTCACAGAATCTACATTTCCATTTTGCTTTCTCACTTGGCGTGTTTAGCTTTTGTCTCGTGTCCTCCATATT
TAGGAGGCACTACATAACCCAATTTTGCGAACTCGATTTTGCCACTTTATAACCACACGTAACCAGTGTGTCCGTGGTGATGGACTGCAACTTAT
CGGCTCAGTCGTTAGGAGTACCCCTGGCAAAGGGCTATCGAAATATATATCTTTAAATTTATAAGGAAGTCCATTCAAATAATTGTTTTATTTTA
ATTGTTTGGACACAACATACGTTCACCTTTTTGAAATTGGCTATTTGCAGAAATTGATATCGATTGACACATTAGGGGTGCTTAGCAAAGAATAG
CTAACTGAAGACTTCATAAGAGAAAACGTAATACTCTAATAATAGAAAAGCACTCAGATTACGTAACAACTAATAAAATATTTTATGTGCATATA
TATAAAACGATTTATCAAAAGAACCTGGCTTTGTCAAAAAATCGATATTTCATAGTGGTGTACATTTTTAAGGACTTTCACAAATAATACGCTGA
GTACACTTATATTATTGTTATATTATCCCAAATATTGGGCAGCACGATTTTTTGAAATCTGGGTGACATCGATTACTATATGAAAAGGGTATTCC
TGCTTATCAGTATTTGCAGAGAAAAGGAATTATGAATAATATTTACCTCAAAAGCTATAAATTAGATAAAGTCATAATAATTTACTTTACTATTT
ATTAACTATATTAATT
(SEQ ID NO: 373)

Exon: 3101..1001
Start ATG: 2817 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT12687
AGATCCTGTTGGTCTGTGTGATTTTTTCGCATCCAGCGCAAGCAGTGTGTAGTGCTCGAGGGCCCGTGGTTACCAGTGAGTGTGTGAGGAAGTTG
AGAAGTTGAGTTTAAGAAGCGGAGTCGGATTTGCGGATCAGTAGTCTAACCAAAACCGAAGCAAAGATGTCGATGTCTGCCACGTGCTACAAGTG
CAACCGGCCGGGCCACTTTGCCCGGGACTGCAGTCTCGGCGGCGGCGGAGGTCCGGGCGGCGTTGGAGGAGGCGGTGGTGGCGGCGGCGGCGGTA
TGCGCGGCAACGATGGCGGCGGCATGCGTCGCAACCGCGAGAAGTGCTACAAATGCAACCAATTTGGGCACTTCGCACGTGCCTGCCCTGAGGAG
GCCGAGCGCTGCTACCGCTGCAACGGCATCGGGCACATCTCGAAGGACTGCACCCAGGCGGACAACCCGACCTGCTACCGTTGCAACAAGACCGG
ACACTGGGTGCGCAACTGCCCAGAGGCCGTCAACGAACGTGGACCGACCAATGTGTCGTGCTACAAGTGCAACCGCACCGGACACATCTCCAAGA
ACTGCCCGGAGACCTCGAAGACTTGCTACGGCTGCGGCAAGAGCGGACATCTGAGGCGCGAGTGCGACGAGAAGGGCGGACGGAACTAGGCGCCA
CCACCCACCCGTGGCACCTCATAAATGTAATCATCGAAGGAGGAATATGAGTAATAATTCAACACACGAAGAACAACCAGAAGAAAAGATGAGAA
CGAAAAAAAATGAAAAAAAAACGAAAAATCAATTTGCTACAACATTCACAAAGCCAGCCAACAGCAACAACATCTAGAAGCGATAGCAGCAGCAC
CCAAGTCAAGATCAACCCCTTCAAAATAAAGAACCCACAACCACATCCACATCCCTCCATTAACACATGCAGCATATGAATCCATAATCCTGAAC
ATCATCCAGTAACCATCGCTGATTCCAAAAGCCGAGCCTGCAGCGCGGTGCCAACGTCCCGAGAACTGAAAGAAGACAAGAAGTATTGGCTTTCC
GAGGGAAAGCCGCCAGAAAAGGAATCACGGAGGAGGAAGAGGGCAAAGGCTCCTCGAGCGGGGGTCGGAGGAGCAGAACCAGAAGACGATAGCCA
ACGGCAGCTGTGCAGCCGAGAGAGCAGATGACACCGACGACGAGGAAGAGGATGAGGTAGAAGATGAGGAAGAAGACACGACGACCCAATTTGTA
AGATGAGACTAAACCACAACAGCAACAACAAAAGAAATCACCAAGCAAACCACTCTACTATAATTATACCTATATGATTATATGATTATGCTGCA
AGTGTTTGAATTTACTAATTACATTATAACGAATGGAATGAAACTATATAAGATTATATAAAGAAAAATACCTTAAAGAATACTATTTAAAGCAA
ATGATCCTATTAGGAGTTCCACAGCCAGAAACAACCGAAAGAAAAACGTAAATAAAAATTATAAAAACCAATGAAAAAGCGAAGAATCAGGCGGC
TAGAAGATCAGGCCACGTTACCACTCGACTCCACTCAACTCCACTCCATCCAGCTGCTGCCGGCGAGCCTTGGGAATTATCCAGGATCTAAGACT
GTAAGACAGGATCTGTAGACAGTAACCAGTATCCCACCCCTATACCATTAACTCCATCCACATCCATACCATACCACACACCCATCAGCCAAGAC
GCCTGGCAAGATCTCTCAAGCGGGGTAGCATGCTATGTAGCTCATAGCTGTGGAGCCAAAGGGGGCAGCAAACAAGAACAGAGAAGCAGACAAAT
AACAAGAAGAGAACATCAACAATGGTAGACATACACGACGACTTTGAAAACGGAACGCAACGCTGGAGAGGATGAGCTAAGCGGTTAAAGAAGCA
GACAAGCAAGCGGCACTCAGAACACTCAGTGGGCAGATGAAGAAGACAACGGCACACACACACCTTCAGTTCAGTTCAGTTGGACGGACGGGACA
CAAAAGATGCGAGACCGAAACCTACGTACGATGAAGGAAATGAAAATTCAAATATCACTGTGATTGTTTTTTAATTGTAAATTAAAATGCTGGAG
CTGCTGATTTG
(SEQ ID NO: 374)

Start ATG: 285 (Reverse strand: CAT)

MRGNDGGGMRRNREKCYKCNQFGHFARACPEEAERCYRCNGIGHISKDCTQADNPTCYRCNKTGHWVRNCPEAVNERGPTNVSCYKCNRTGHISK
NCPETSKTCYGCGKSGHLRRECDEKGGRN*
(SEQ ID NO: 375)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384774

TTTCCTTTCTTTTTCGAAATTTAGCCTGCTCATTGAAATGAATTATTAACTTGCTTATTTTTGGCAAGCTAAATTATTGATCAGCTGGCCTTTGC
AGCTATTATTTGTGTTTTACTTTTTTTTTTGCTAGCAAAACTATTGATTGAAAAACACAAGAGAGATATATGTTGCTTGTAGTTAACAAATGCGT
TTACATTAAGACCGCTGAATAATTGATTTTGAAACTCAGGAGATTCATTGAGTTTTTTTTTCTCATTTAAATCCATAACAAATTGACTTTAAGTG
CTGACATTAAGGCAACTGCATTATTGATTTTAAATAACTGGGGATCTCTTTGGACGAATATACACTGTAATAGGCAGATTTATTGCCGACTCACC
GGCGCCTTAGAAATTGGAGTGTTTGCAACCTTCGATATATGCAAATTTCGCAGGAGAAAAAAAAAAGGGAAAATATTCAAGCGAAGGCAGGCTGAC
ATTGTTATGGGAGCATTTCTGACAGTTTCATTTCCTCTTTCTTTATTTTTTTTTTAATTTCTATGTAGCTTCCTACAACAAAATTCATTTTGTGC
AAAACGAAAAGCGGAACGCAAATGTTATTCCTGGATAATCGCGTCATTAGAGGGCATTAAAACTGATTCGACGAAGCGGTGCTAACGAAGAAATG
CAAATGTGTTCATTAGTTTCTTCTGTCGTGGGCATATGTGTCGGATACGTGATATAGCCAAATATATCACTCATACGCACTGGTGACAGCGCGTT
GTTGATACGCAGTTGCAGTGTTGCAGTGACTACAACCCCTTAAATACTCAAAGATAATGGACAAATATCTGGCAAGTGTATTGCGGATCCATCAT
GATTATATCCCTAATTTATAGTGCTATAAATTAAATGCTAATTACCTGTAAAGGGGCTGAGGCAGCCCAGCAGGCATAGGGCCAAAATCAGCTGG
GCGAGATAGTCAGTTGGCAGCCAAAGCAACGACGTCATTGGTGGCGGCCACGCCCCCAGTCGACCGGCCGCCTTAAGGCGTTGCAAGTACGATTG
TTGCTGTTGCTTTTGCTTTTGCTGCTGCATGTTTCGTATTGCTGCTGTTGTTGTTGTTGTGCAGCAGCCTCGTTGACGTCGCCATGTCGTTTGGG
GCCCATTGATTGTTATTGCTTTGGTTGCTGCTGCTGTTTTGATTGGTGTTGCTGCCGCTGTTGTTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGCTGCTGCTGCT
GCCTTTGTCATTGTCAGGCGTTGATTTTGAACTTGGCGGCGGCGATGGCTGTGGGAGCTGCACTTGCAGCAAATGTTGCTGTTGCAGTTGCCTGG
CTTACTTCTTATGTTTGCTGTTGCAATTATCCTTTTTGTACTGCTGCTTCTTCTTGGCCTGTCCTTGCACTCTGTGTGCGTGTGTGTTTCGGTGT
GTGGAGAAAGGTGATATATTATTGGAAACTTCAATCAATTTCATGTTGTAAAACAGTGTCTTAAATGTACTAGTTACAATTCAGTTTTATATTAT
TTGAATATGGTTGAAAAAAATATCCAAAACAAAGTGTTTGAATGAATGCAATTCCTTTTAGACTGATTTATTGATAGATCGCATAGTTGGCTGCA
TTTATTAATTGTGTGCCTCAGAGATTTTTGATTGAATTTAGTTGATTTTGTTCGATATAAAATAAAATACCATGCTCTAGTGTTTACATTATATC
AGCAAATTCTGCCCACTGTTCTGTTGGCCAAAAAGTTTCTCTGCATTGTGTCGACAGACAGTTTTTGGCAGCAATTTCACCTCTGCCTCTTTGTG
TGTGTGTGTGTGTTTTTGCGTTTGATGGTGGGCATTTTGCAGGGGGTGGTTGCAGGGGGCGGCGGATCAGCTGTTCGGCAGTTCCGTGTTTGG
CAGCCGAATTGCTTGTTTACAAAGCTTCTTGGGGCATTTTCATTTTCATTTTTTTTTTGCCATATTTTTTGGCTCTTTGCGGCTGCCAAAAACAGA
AAAGTGCACACACACACACACACCCACATACATCCAGTGCTTAATTCGAATCGTGTAATTTATTATTTGCATGTCCTGTGCGCCAAAAGAGAGCG
ACAAGTTCGAGTTTCACTTCACGCCGTTTTATGGATTTTCTTACAAACACACACTCATACACACACACACGCACACACAGGGGCACACGCGTA
CCCGCATTGATTTTCCCTTTTCTATTTCGTTTTTTTTTTGTTTTTTTTTTTTTGCTATTTTTGCTCTTTTCAAGGCTCTGCTACTTACATCTCAC
GTAAATTGTTTAACTTTGACACCAACAAAATTTCGCACGCAAGCACTAAAAATACTTGAAAAAAAAAAATGAAGGGAAATGTGAAAACAAAACAC
AGCACGAATTTCCCAGCCAGCGAGCAGCAGTGGCAAGCAGCTAGCCTACACACCAGCCCACCGCGCCCCCTTCCCACGATTTTCCCATTTTCCGA
GTCCTTTTTACAACCGACTGTTTGCTGATTGCTTTTTGCCCACCGTCTTTTGTGTTGCCTTTTGTTGATTTTGTTGATTTTTGCTGCTGCCACTA
CGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCAACTGCAACTGCAAGTGTGACGAACCACTCTCTCACTCCCAGTACGCTCTATGCAATCCGGGCAA
GATTCCGATTCCGATTCCGATTCGGATTGCGATTCCGATACCGATTCCGATTCCGGTTCTGATTCCGGCCAGAGCCACCGACTGCAGCGTGGGAG
AGTCAAGAGCCAACTGACGGCGCGTCGACGAGGCTGCGCCCCAACAAATGTTGCTGGCGTTGGGCGGTAGCAACATCGGCTCGCCACTATAGCAA
CATTGACGTTCCAACAGCAACATTTCCGTGGACAACACAACGTGTTGTAAGCTTTTGCTCGATTCGAAAGGGTTCATAGCTTTTGGGAAACATTC
TTAGTGTTCTTTCGAACCAGCCAAGAGCTTTTTAGTTCTGAATTAGACACATGATTTGATTCCGGTTTTAAGGAGGGCTTGAGCTTTTGCAAAAG
CTTAATAGCGTAGCTCAGAAACACAGCACCGGAAATAACGTTAGCTTTCAAAGAGAAAAAATCCCGCCAAGGATCACATTTAAATTAAATAAAAA
AGTGAATCTTATGGCTGACTTATGAGTAATAATTCAACAATACAATTTATGTACATGTAATGAAGAATTTTTTATATAAATGGAATTATTTCAAC
TATAAATTATAACACTAAAAACTGAAAAATGAAGGGAATTCCGAAATTTAAAAATTATTTTGCAAACTTATAAAGATTAATATTTTCAAAATATT
CAGCTTTACTCAGCTCTTTGTCCCAATAAAAGCGTACAGAACATTTTTTAATAAGTAGTTTGGAAATGATTTTATTTCAATATATTTCATATTCA
TTCATTAGTTCATATTTTCTGTTTTATACTTTTACACAAAAATACTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGAGTGTGTCCGTGTGTTCGTGTTTGTCTCG
TAGGTTCTTCTATTGGTATTGGTGTGTCCTTGAGTAGTCCTTTGCTATCTCGGTCTGTCTGTCTCTGTGTGTTTATTTTTTTTCTGTATGTATTG
TAGTTGTCTTATATGCCATTAATCTGAGTTGGACATAACTAAGTGTTAAATACAAGTTGAGTTATCTCATTTAAATATTTGTTTACCATTTAAAT
GCATTTTCGGAAAAGTTTCATTGAATTTCTCGCTTCTTAGCTGATTTATTAGTTGTATACCCATGTTGACTTTTCTGTGTGGGTGACTCAGCGAT
ATTTGATTCATTTATTTAGGGGGTGCCAAGAGCTTTTTACATCTAAATCTTTTTAGGCTTGTATATAGGTGTGTATGTATATATATAT
(SEQ ID NO: 376)

Exon: 2927..2621
Exon: 2334..2274
Exon: 1401..1001
Start ATG: 2927 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT12689

ATGAACCCTTTCGAATCGAGCAAAAGCTTACAACACGTTGTGTTGTCCACGGAAATGTTGCTGTTGGAACGTCAATGTTGCTATAGTGGCGAGCC
GATGTTGCTACCGCCCAACGCCAGCAACATTTGTTGGGGCGCAGCCTCGTCGACGCGCCGTCAGTTGGCTCTTGACTCTCCCACGCTGCAGTCGG
TGGCTCTGGCCGGAATCAGAACCGGAATCGGAATCGGTATCGGAATCGCAATCCGAATCGGAATCGGAATCGGAATCTTGCCCGGATTGCATAGA
GCGTACTGGGAGTGAGAGAGTGTATTTTTAGTGCTTGCGTGCGAAATTTTGTTGGTGTCAAAGTTAAACAATTTACGTGAGATAGTGCAAGGACA
GGCCAAGAAGAAGCAGCAGTACAAAAAGGATAATTGCAACAGCAAACATAAGAAGTAAGCCAGGCAACTGCAACAGCAACATTTGCTGCAAGTGC
AGCTCCCACAGCCATCGCCGCCGCCAAGTTCAAAATCAACGCCTGACAATGACAAAGGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAGCAACAGCAACAACAAC
AGCGGCAGCAACACCAATCAAAACAGCAGCAGCAACCAAAGCAATAACAATCAATGGGCCCCAAACGACATGGCGACGTCAACGAGGCTGCTGCA
CAACAACAACAACAGCAGCAATACGAAACATGCAGCAGCAAAAGCAAAAGCAACAGCAACAATCGTACTTGCAACGCCTTAAGGCGGCCGGTCGA
CTGGGGGCG
(SEQ ID NO: 377)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MNPFESSKSLQHVVLSTEMLLLERQCCYSGEPMLLPPNASNICWGAASSTRRQLALDSPTLQSVALAGIRTGIGIGIGIAIRIGIGIGILPGLHR
AYWE*
(SEQ ID NO: 378)

Celera Sequence No. : 142000013384832

CCGACATCAGCCCCATCAACGACCGCGAGGAGCTGACCGAGGAGGTGATGCGCTACCTGCCCTACCTGGAGGTGAATCCATCGAGCGACGGGCTC
ACCCTTAAGGTGGAGTCGTCCAGCCTGCTGGGAAAACCGCTAAACGAGCCCGTCTTCGACTCCGAAGACAACATTGTGAACGACGCCAACTTGCA
CTCGGCCAGCCATCAAATACCTCCATATGTGCCTGACAGCCACGACTGCTTCGCGGAGGACTGCGGCGGCGACAGCTCCTCGCACCAGGTGGAAT
TCGAGGTGGTGCGGCCCCAGACGGTGACCATGACCATGACCTGCACGCTGCCCTACGGCGGACCGGACGCTGGGCACACCACATTCCAGGCCGAC
GACTTCAACGCGATCCCGTCGGCCGCCGAGGACAGCGAATGCAGCATTCTGACCACCTCCAACTCGCCGCAGATTGGCTTCAACGGGAGCAGCTT
CGTGGAGGCGGACGCCATCGGGAGCACTTGTACATACGCGCAACAAGACTACACCGGAAGTGTAATTGAAACACACAATGATCTCAACTACGCCG
CACACGATAACAACGGAGCTCTGCTAGCCTACACATTTGAGGACTTGCCGCCTCAGCCAACCGGTAGTCATTTAGAGTTTAACACTAACAAATAC
GAGTTTGCAAGTTATTATAAAATGTGAGAGATATTTAAGTTTGTGTAATTTATAACTAATCTAATTGTACGTTTATAATTTTACACCAAATTATA
TATTAAATATGTATATGTATGCAGATAATACCATATATTCCATAAATTCTATATACATACAAAAAACGCGAGAATAAATGCTTTGCATTGAAAAT
ATTTACGTCGGAGCAGTCTCATTTACTGCGTAGTGGAATGATCGCTGATCGCTGGTTCCTGCTATGCGCGACGAATGGGAAGGAGATTAACCTTG
CGGCGATCAGCTAAGTGCTCCCAAATCCATTCAATAGGATCTCCAGCGGCTCTCGCGAATTATCTACATATGTTTATTTACACGTTACACAAATA
TGTTATATAAATCATTGGTGGCCAACAAAAGGGGATACAGAATGAGGCTAAACCATCATTAGTTGTTGCACACGATAAAATAATCCAGACAGTAA
GGTAGTATACATTCGTTTCTCTTTCCGCGGCCGATTTCCTGGCTCTCGACGAGCGCTGATTACAAGGTGCTCGCCTCGATATGTGGGATATTGTG
TAGGCCGGAGTCGGGATTGGACCAGAAGTAGTAGGGGGCGCCCTGGCTGAAGCAGAACTTCATGTTTAGTGTCTCCCCGTGATCCACGTAGTACA
TGAGATAGAAGTTGCACATCTCGTCCTCGTTCGTGGGACTGTCATCAATAAATAGTTGGATTAGGAGTGGTGCTAGAGCTGCGTTTCAAATCACT
GCGTACTTACCCTATTTTGGTAGTCCGATGGCGAGTGCTCTGCATAGTACACCTCACGGCGATCTTATCTCCCTCGATTATGGGGTCTGTGTTGC
TGGTGTTATAGAACATCTGGGGCGTGAGGGGATCTCTCTTGCCCAGCTGCAGCCACTCCTGTTCGCCGTCGCTGTTTGTCCTCACCCGGTAGCCG
GAAACGACCTTTCCCAGGCCGTGGGTGTGCACCCGGTACGCAAAAGGATGCAGCACCTTCTGCTCGTTCACCTCGCAGGCCGTTTCCAGGTGCTC
CGTCTTCATCGCCGGAATCTGTCCGTCAGTGCCCAGCAGCAGAGTGCCAGCCAGCTTTTTCCGACTGCCAGGATGGTACTGATTATTTTGAAAAT
CACGCATATTAAACGAAAGGAACTTACGGCTCTTCTGTGTAATCCAAAAACACACCAGAATCATCAGTGGAGCCATCTGAAGAAAAACACATTTA
AATTTCCTTATATTGAACGCAATCTATTACTTACCTTTGAACTTATCAATGTGCGCGTAGTGAACTTGCAGCACAAGGTACTTGATTGGCGAGTT
CTTGCCCACCTTGAAACCCACTCCCTCGGGCAGATTTAACTTTTGGGCGTCTCTGGCCCAAGCGTATACGATCTGTTGAGAGGTAAGTGTTAGTC
CAGTAGGTGAAATTGTCTATTAGCACATTTGGCAGTTAGTTAAAGGAAAAACTCGATAAACAGGTTCAAAACTCTTATTAAACTGTGCTGACTGT
CAAGGATTGACCTATTAAAACTTAGCCAGTTAACTCCTAATTATCCGCGCATTTCGATCTTTATTCATATGCCACATCAATCGTTTTGAAATGTT
ACTATATATGAGTTCGATTTTTGTGTCAAGAACAAGACAAAATTTGACTTTAAAACTATCTTTCCGATTTTTCCTTAAAATTTATAATTTGTCTA
TCAGAAAGCTGCCTAGTATGTCCGCTTCAATTTGCTGCAGATGCAACGAGAAGATTTGGCCACGGGCAGTTTGCAGCTTGGGTAAGACGTACCAT
CCGCACCACTTCACCTGCAAGGAGTGCGGCCTGGTGGTTGATCCTAAACTGTTTTTCGCGGTGGACGACGACGTGGTCTGCAGCGAGTGCTATCT
GGACAAGCATGCCGCTCGGTGCTCCGCCTGCCGGACTCCGATCCTAGAGCGCGGCGTGGCTGCTGCGGAGCGCAAGTGGCACGAAAAGTGTTTCC
GGTGCGTGAGCTGCAGCAAGTCGCTGGTCTCGGCGAGCTTCTTTGAAGTCAACGGATACCTGTTCTGCAAGGCGCACTTCCGGGAACTGTTTTCG
TCCCGCTGCGCAGGCTGTGAGAAGCCAATCGATCGTCGAGCCGTGGTCGCGCTGAGCACCAAGTGGCATGCCAAGTGCTTTAAGTGCCACCACTG
CCGCAAAAGGATCAGCGCACGGGAATTCTGGATCGAGAACGGTCAACCCATTTGCGCAGCCTGCCAAACTGTAGTCCCGAGTCCCCGAAATTTGT
CGGCCCAATAAATGTGTGGTGTCTATCTGGGGGCCTATTTGGACATTTCTTTTTCTTTTAATACCTGGGAATTGGAGTGGGGTCCGCAAGGACTG
GCAGACTCTTCTTGGGAAGCTCGGTTCATCTCGCCACAGTTCCTGTGAGCAAAAATGTGCGTGTTATTTACTAGTCTGAAAACATCACTTGCAAC
TCACCAGGTGGTCTTCGAGGTTCCGGGCTCTCCGCATCCGTAGAGCAGCATATGGTGGGCCGTGTTCATCGTGGCATTAGGATTGAAGCCAACTA
TTTAAGATAGAAAGGTTAGTTGAAGTATTTAAGGAATGAATCTCATTCGAAAGGACGTACCAATATAGTAGGTGGTAGTTGGGTCGACCTTGATG
GGCGTGCACAAGTACAGATCGGGCTATATATGTACACATATATATATTTGTTAGTTTTGTTAGAGAGAACAGGCATATTGGATAAGTCAACAAGT
ATTATTCAAATGGGAGTATGGCCTTCAGTGGGCCGTTTGCCCTTTTTCGCCACCCTCGTAAAAACAAATTCGTATCTACGGCGCAGGTTCGAGAA
GTGCAATCTACAGGTTTCGGTTTCAGGGCCTTACATGTGGGTGGCGAATTGTGTGTATTCGGGTACAACTGAACATATGGAAAAATTTGCACAGT
ACTCTTATGGGTTTTCCCCGCGCGGAAGATACGGGAAAAACCAGAGCCTATATCGAGGACTTTTCTAATCTGATTGGAATTGTATGCGCACAGCT
GCAGCTGGGCGAATCTGTTCATCCATATGGAGCGAACTCCATGATGTATATGTATGGCGTTTTTCAGGAACCTGGACTTACGGTCTGGGGCGAAA
CGTTGGGCATCAGGAATGGAAACGAAGCCGTTGCGCCTGTTGCGGAGTTCGACTCGAGATTCTGTTGATAAAGGGAGTTTTGGTAATCCCCCTCT
TTCACAAGGCCATCCACACTGATCACTCCGATAAGCAGGAGCAGCCCCACGGAAGCGGCTATTTCGGATATGCGTGGCATTTTCACCGTATTCGA
ACTATATTCGAGTGTGCACTGCACTGAATACTTTGTGGAAAACGAAAAAAAACCTTCCTGTTTGGAAGAACAATACGTTTTGTATTGCTCTCTCC
GATATTTTTCCACACGTAGCTAGGCCCAGTTTATATGTAAGTAAGTGCGTTCTAGGCAGCAATCGATACCCAGAGCCATTATATCGATGACGGCG
CCAGGGCTGCAGGCTAAGGGTTAGCGGGACATTCAAATATATATAACTTGTTCGCATTAAAGTACATAAAACCAAGTGTAATTTTCAACCTTTCG
AATACAGTGATTTAAAGACACCTCAACGCAAAAGGAAACCCCACAAAAGCCAGCCCAATTCAACGTGTCTGCGTTCCGTTCGACCCACTGGGGAA
TTCCCCTTTTCGCATGCGCCATTCAATTGATTTTCTACGAGCAGAGTTCCCAATGTTTACGGTGCGCTCATTTGGTTGTAGCTGTAGGCCTCGAG
TTGGAACCGCTGGGACTTGGAAAACATACGACGCTTAAATGGAGGATCAGGGCGACGTGACAGACCAAGCCGCTGGTAAGCTGAGTAGTTCGAAT
GCCCAGTGCTCCAGAAACCGATGTGCTAATGGTAAAGCTATATAGATGTACACTCAAGAGCGGTACTAAATTATTTACAAAAAATCGTGTAATTC
CCAGATGACCCCATTATGGGCAGCCACAGTCAGAGTCGCCAGAACTCGTCCGGCATGCTGAACATGATGGACGCCAGCTCCTTCAGCATGCCCCC
CCCCAATCTGCACTCCTCAAAGGTGATCAACCCGAACAAGGCGATATTCACAATCGACGCGAACACAGGGCAAATTTTTATAGTGAACAACAAGG
CCTGCCAGCTGCTGGGCTACACGTCGCAGGAGTTGAGGAACAAGGGATTCTTCGACCTGCTTAACGGCAAGACAGAGAGCCACATCTCCTCCCTG
GCGGAGATGCAGATCGAAGGCGATGAGGGCCGGGTCGTCCTGCTAAGTGGAAAGGTCATCGAGATGAAGACCAAGTCGGGCGGCAAGATCCTGGT
CTCTCTCTGGATCCGGCAGATCAGCAGCGATGGCCGACACATAGCCGTCGCGGAGCCTGTGGAGAGGCATATTTG
(SEQ ID NO: 379)

Exon: 4110..3787
Exon: 3348..3291
Exon: 3227..3140
Exon: 3082..3010
Exon: 2067..1935
Exon: 1881..1833
Exon: 1774..1436
Exon: 1368..1001
Start ATG: 3975 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT12811
GCCTAGCTACGTGTGGAAAAATATCGGAGAGAGCAATACAAAACGTATTGTTCTTCCAAACAGGAAGGTTTTTTTTCGTTTTCCACAAAGTATTC
AGTGCAGTGCACACTCGAATATAGTTCGAATACGGTGAAAATGCCACGCATATCCGAAATAGCCGCTTCCGTGGGGCTGCTCCTGCTTATCGGAG
TGATCAGTGTGGATGGCCTTGTGAAAGAGGGGGATTACCAAAACTCCCTTTATCAACAGAATCTCGAGTCGAACTCCGCAACAGGCGCAACGGCT
TCGTTTCCATTCCTGATGCCCAACGTTTCGCCCCAGACCCCCGATCTGTACTTGTGCACGCCCATCAAGGTCGACCCAACTACCACCTACTATAT

TGTTGGCTTCAATCCTAATGCCACGATGAACACGGCCCACCATATGCTGCTCTACGGATGCGGAGAGCCCGGAACCTCGAAGACCACCTGGAACT
GTGGCGAGATGAACCGAGCTTCCCAAGAAGAGTCTGCCAGTCCTTGCGGACCCCACTCCAATTCCCAGATCGTATACGCTTGGGCCAGAGACGCC
CAAAAGTTAAATCTGCCCGAGGGAGTGGGTTTCAAGGTGGGCAAGAACTCGCCAATCAAGTACCTTGTGCTGCAAGTTCACTACGCGCACATTGA
TAAGTTCAAAGATGGCTCCACTGATGATTCTGGTGTGTTTTTGGATTACACAGAAGAGCCTCGGAAAAAGCTGGCTGGCACTCTGCTGCTGGGCA
CTGACGGACAGATTCCGGCGATGAAGACGGAGCACCTGGAAACGGCCTGCGAGGTGAACGAGCAGAAGGTGCTGCATCCTTTTGCGTACCGGGTG
CACACCCACGGCCTGGGAAAGGTCGTTTCCGGCTACCGGGTGAGGACAAACAGCGACGGCGAACAGGAGTGGCTGCAGCTGGGCAAGAGAGATCC
CCTCACGCCCCAGATGTTCTATAACACCAGCAACACAGACCCCATAATCGAGGGAGATAAGATCGCCGTGAGGTGTACTATGCAGAGCACTCGCC
ATCGGACTACCAAAATAGGTCCCACGAACGAGGACGAGATGTGCAACTTCTATCTCATGTACTACGTGGATCACGGGGAGACACTAAACATGAAG
TTCTGCTTCAGCCAGGGCGCCCCCTACTACTTCTGGTCCAATCCCGACTCCGGCCTACACAATATCCCACATATCGAGGCGAGCACCTTGTAATC
AGCGCTCGTCGAGAGCCAGGAAATCGGCCGCGGAAAGAGAAACGAATGTATACTACCTTACTGTCTGGATTATTTTATCGTGTGCAACAACTAAT
GATGGTTTAGCCTCATTCTGTATCCCCTTTTGTTGGCCACCAATGATTTATATAACATATTTGTGTAACGTGTAAATAAACATATGTAGATAATT
CGCGAGA
(SEQ ID NO: 380)

Start ATG: 136 (Reverse strand: CAT)

MPRISEIAASVGLLLLIGVISVDGLVKEGDYQNSLYQQNLESNSATGATASFPFLMPNVSPQTPDLYLCTPIKVDPTTTYYIVGFNPNATMNTAH
HMLLYGCGEPGTSKTTWNCGEMNRASQEESASPCGPHSNSQIVYAWARDAQKLNLPEGVGFKVGKNSPIKYLVLQVHYAHIDKFKDGSTDDSGVF
LDYTEEPRKKLAGTLLLGTDGQIPAMKTEHLETACEVNEQKVLHPFAYRVHTHGLGKVVSGYRVRTNSDGEQEWLQLGKRDPLTPQMFYNTSNTD
PIIEGDKIAVRCTMQSTRHRTTKIGPTNEDEMCNFYLMYYVDHGETLNMKFCFSQGAPYYFWSNPDSGLHNIPHIEASTL*
(SEQ ID NO: 381)

Classification: enzyme
Gene Symbol: Phm
FlyBase ID: FBgn0019948

Celera Sequence No. : 142000013384822
ATCGCTTTGAAGCGGCTAATTGAATTCCAGATTAAAGTGTAAAGCAAAATGGGGGGGAATAAAAAAAACTGATTTGTATTGCAAATTAAAATTTA
AGTGAAAACGAATCAGGCGCAAACACAAACAGGGACAATAGATTACAATATCCTGCGGCGCAGACAGCACGACATTAAAAAGGCACGAGGAGCAG
CGAGAGCTGGCGCGGAATGGGTATGGACATGGCAATGGAGGTGGAAGGGACGCGCCAGGACGACACAGGACCTTCGTGCAGCTGCTGCTCCTGCT
GATGGCACATGCGCCTGGGAGGGCTGCGTTTCGGGATTGGGACTGGGATGCGGGCTGGACTCCAGCGATGGCTGCCTGCCATCAGCGGCAGAAGC
AGCAGCAGCAGCAGCAGCTACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACGGCAACGGCAGCAGCAGCAACTACGGCAGCAACATCGGCAGCAGCAG
CAACACCAACAATATCCCAGGCTTGCGACCGTCAGGCCAACGGTTTCCGCTTGCTTACTGCTGGAACGGAAAAAGCCAAGGCACATATATCCATG
CACATCCACAGGCACATTCGGTCGGAGCCACATCCATGGGATAGTAGATACCGAACGCTGAGGGCCAATCCGAGAGCAGCAGGTAGGCGTGGACG
TATCTACCATTTCCAAACAACTTCAACCCCGCCACAGGCAGCTGCCGTTGGTCGGGCCGCTCGCCACCCTCGTCGCCCTCCTCCGCACTTCTCGG
CCGGTTCAAAAACGGGTCGCCCTGCCAGCAGTTGCAGTCAGTTATTAACGAGCGCTACTCCCAACAGCAACATCGCTCAGCGGCAGCAGCAGCAG
CAGCAAAAGCAAAAGCAAAAGCAACACTAACAACAGCAACACGAGTCACTCAAACGTGGAAGCGAGACAGGAATATCAGCACTCCACTCGCCTCG
TTTCACTTCGATTCTCAAGCGTTTGAGTCGGAGAGCGGCGAACGGCCAACGAATTCAGTTTGTGTCGAGACGTTGTCGGTGGCACGTCGCATCCA
AAAGAACGCTCAGTCAGCTGGGAAATATACTGAGAAAAGATACATTCGTAGATACAAGTGCTAAGCCAAAGTGAACCGTGCAGTTCGCGCAACTA
AACAATTTTAAGCCAAATAAAACTACACAAGGCCAACAAAGACAGTATAATGTCTTCCACATCGGCCTCACCCATCAGCAACATAACCGTGGATG
ACGAGCTCAACTTAAGCAGAGAACAAGGTGGGTTCAAGTTCAAAACTGGCTCAGAACAACTTGGCAAATGCCGACGGCAAAGCGCATTACTCTCT
AGCACTTTTTGACTAGTTTCAAAAAATGTTCCATTAATATTTGAAAGTAGTCTCACATAGCATTGCATTTATATGAATTGAAAACTAACCGTGGG
CATTTCTATTCCTTCCTTTTTAGACTTTGCTGAAGAGGATTTCATAGTGATCAAGGAGGAGCGCGAGACAAGTCTCTCCCCCATGCTGACGCCCC
CGCACACGCCCACCGAGGAGCCGCTGAGGAGAGTGCATCCGGCGATAAGCGAGGAGGCGGTGGCCACCCAGCTGCACATGCGACACATGGCCCAC
TACCAGCAGCAGCAACAACAGCAGCAACAGCAGCAGCAGCACCGCCTGTGGCTGCAGATGCAGCAGCAGCAGCAACAACATCAGGCTCCACAGCA
GTATCCAGTTTATCCCACAGCCAGCGCCGATCCCGTGGCCGTGCACCAGCAGTTGATGAACCACTGGATCCGCAACGCAGCCATCTACCAGCAGC
AACAGCAGCAGCAGCAACATCCGCACCATCATCACCACCACGGCCATCCGCACCACCCTCACCCACATCCGCATCATGTGCGTCCCTATCCCGCT
GGCCTCCATAGTCTGCATGCCGCGGTCATGGGTCGCCACTTCGGAGCCATGCCCACCCTGAAACTGGGTGGTGCCGGTGGAGCGAGTGGTGTACC
CAGCGGCGCAACTGGCAGCAGTCGGCCAAAGAAGCAGTTCATCTGCAAGTACTGCAACCGGCAGTTCACCAAGTCGTACAATCTGCTCATCCATG
AGAGAACCCACACGGACGAGAGGCCTTACTCCTGCGACATCTGCGGCAAAGCCTTCCGGCGACAGGATCATCTGCGGGACCACCGGTACATCCAC
TCCAAGGACAAGCCCTTCAAGTGCAGCGATTGCGGCAAGGGTTTCTGCCAGTCGCGCACCCTGGCCGTGCACAAGGTCACCCATCTGGAGGAGGG
TCCGCACAAGTGTCCCATCTGCCAGCGGAGCTTCAACCAGCGGGCCAACCTCAAGAGTCACCTCCAGAGCCACAGCGAGCAGAGCACCAAGGAGG
TGGTGGTGACCACCTCACCAGCCACTTCACATTCGGTGCCAAACCAGGCATTGAGTTCGCCTCAACCTGAGAATTTGGCACAGCATCTGCCTGTC
CTGGATCTATCCTCGTCATCCTCGAGCTCAGAGAAGCCCAAGCGGATGCTGGGCTTCACCATCGATGAGATCATGAGCAGATAGATTGAAGGACC
AGCGAAACCCGGTATCCGGTTTCTTTTGAGACATTCTAAAAGAGATTCAGAGAGCTGGACGTCCGCCAGGCATGGGAAATGCCTGGAATGGAAAA
CCAAGCGAGTCCAGCCCGCATTCTGGCCAAAGGTGCAAGTGGAAAATCCTCGCCAGCAACTCGTAATCGCAACCCAGTGAGCAGAAGAGTCATCC
TCCGTGCAATCGGTTCTATGTAGCAGATCCCAATTGCGTTAAACAAATGCCAAAGTCAAATAGCAGAGGAAAACTGATGAAAAATCCAATGAAAA
GTATTGCTAGCACAAGCCTCCTACAAATCGATTCCAAAACACACACACACACACACACACAACTGTAAACTATAAACTTTAATAAATAGCACATAATTT
ATATTGTAATCTAACTATTATTGTATGTACCTTATAGTCGTAGTAGCCCATTCAGTTCGTAGTGCTTATGGAGTAAACCAAATGTTATGTTACAA
TAGCTCAATCAAACAAACCTCAAACCCGCTTTGGTTATTGAAAGACTGTTTTAATTATTATATTTAAATAGTACTTGAATAAATCAATCGATCGA
TTGTGTAATGTTAAACCCCGACGAGTGTCATGATTACTTACTGTTTAGACTTAACAACTTAATTGTCGCTATAGCAATTGTGACTATGCACAACG
ATCTCATTGTCGTCTATATGTATGTCTGAAACATTCGTATTGATATGAAGTTATCACAAAAATACGTAAATATAAACGCAAAGTAATTTTCAACT
GAAATTTAATAAGACTTTTTATGAATACGGTGGATTTTGTGTTTCCAGGTATTTGGCAATGGCAATTTCGCCTTGATTTATCATTACTTCTACTG
GCAACTTGATAATCTTTATGGTGTACTAAGTTAAAGTTATCTGAAAAGATTTAAGCAGCAATTTTTTGATTACCTTCTACCACCTACTGACTGAT
TCAAGTTCCAAGCGGACTGAATGATTTTGATCTACTTTTAATCACTTTGAAATCTTTCTTATCCGCTGACTAAATCCCACGCCATTCCGATTTGG
GAATTTTCTCATGCTGCGAATATAACTCAGTAGACTGAACTCGTAGGACCATATAAGTTGAACCATCAAACAGCAGCTGTCAAAATTTATTAACC
ATCCGAATATAACTCAGTTTTTATGCAGATCTCGATTTGCGCATTTTTAAGCAGCTCTATTATTTTTCAGGTTGCCGATTAAGTAAGCAGAAGTC
TCGCCACCAAAAATATTCAAACTGTCGCAGAAGTTAATTTATGAAATCGAATCGAATTGAATTTGATGTCAGTTTTGCTATGATTTTGTCATGAA
TCGGTTTCGATTTCGGTAACACTATGGTTATTGTTTAACTTTGAGGTGTGGTCCAAATATTTATGGCCTGTGTTTCAGTTTTGGGTTTAGTTCAG

TTTTCATTGTGGCTTCTCTTGAAAATCGGGAACGTGCCAAATGCCTTGCAAAAGGTATGTTTGATTTCCTTTAATGGTGGTTTTCTTTTCTAGTT
TCTTCCATTGGCAATTGCATTTCTCTTAGCACGCTTCTTACTCAGAACTGTCAATTTCAGAT
(SEQ ID NO: 382)

Exon: 1001..1262
Exon: 1449..3147
Start ATG: 1190

Transcript No. : CT12867
GAATTCAGTTTGTGTCGAGACGTTGTCGGTGGCACGTCGCATCCAAAAGAACGCTCAGTCAGCTGGGAAATATACTGAGAAAAGATACATTCGTA
GATACAAGTGCTAAGCCAAAGTGAACCGTGCAGTTCGCGCAACTAAACAATTTTAAGCCAAATAAAACTACACAAGGCCAACAAAGACAGTATAA
TGTCTTCCACATCGGCCTCACCCATCAGCAACATAACCGTGGATGACGAGCTCAACTTAAGCAGAGAACAAGACTTTGCTGAAGAGGATTTCATA
GTGATCAAGGAGGAGCGCGAGACAAGTCTCTCCCCCATGCTGACGCCCCCGCACACGCCCACCGAGGAGCCGCTGAGGAGAGTGCATCCGGCGAT
AAGCGAGGAGGCGGTGGCCACCCAGCTGCACATGCGACACATGGCCCACTACCAGCAGCAGCAACAACAGCAGCAACAGCAGCAGCAGCACCGCC
TGTGGCTGCAGATGCAGCAGCAGCAGCAACAACATCAGGCTCCACAGCAGTATCCAGTTTATCCCACAGCCAGCGCCGATCCCGTGGCCGTGCAC
CAGCAGTTGATGAACCACTGGATCCGCAACGCAGCCATCTACCAGCAGCAACAGCAGCAGCAGCAACATCCGCACCATCATCACCACCACGGCCA
TCCGCACCACCCTCACCCACATCCGCATCATGTGCGTCCCTATCCCGCTGGCCTCCATAGTCTGCATGCCGCGGTCATGGGTCGCCACTTCGGAG
CCATGCCCACCCTGAAACTGGGTGGTGCCGGTGGAGCGAGTGGTGTACCCAGCGGCGCAACTGGCAGCAGTCGGCCAAAGAAGCAGTTCATCTGC
AAGTACTGCAACCGGCAGTTCACCAAGTCGTACAATCTGCTCATCCATGAGAGAACCCACACGGACGAGAGGCCTTACTCCTGCGACATCTGCGG
CAAAGCCTTCCGGCGACAGGATCATCTGCGGGACCACCGGTACATCCACTCCAAGGACAAGCCCTTCAAGTGCAGCGATTGCGGCAAGGGTTTCT
GCCAGTCGCGCACCCTGGCCGTGCACAAGGTCACCCATCTGGAGGAGGGTCCGCACAAGTGTCCCATCTGCCAGCGGAGCTTCAACCAGCGGGCC
AACCTCAAGAGTCACCTCCAGAGCCACAGCGAGCAGAGCACCAAGGAGGTGGTGGTGACCACCTCACCAGCCACTTCACATTCGGTGCCAAACCA
GGCATTGAGTTCGCCTCAACCTGAGAATTTGGCACAGCATCTGCCTGTCCTGGATCTATCCTCGTCATCCTCGAGCTCAGAGAAGCCCAAGCGGA
TGCTGGGCTTCACCATCGATGAGATCATGAGCAGATAGATTGAAGGACCAGCGAAACCCGGTATCCGGTTTCTTTTGAGACATTCTAAAAGAGAT
TCAGAGAGCTGGACGTCCGCCAGGCATGGGAAATGCCTGGAATGGAAAACCAAGCGAGTCCAGCCCGCATTCTGGCCAAAGGTGCAAGTGGAAAA
TCCTCGCCAGCAACTCGTAATCGCAACCCAGTGAGCAGAAGAGTCATCCTCCGTGCAATCGGTTCTATGTAGCAGATCCCAATTGCGTTAAACAA
ATGCCAAAGTCAAATAGCAGAGGAAAACTGATGAAAAATCCAATGAAAAGTATTGCTAGCACAAGCCTCCTACAAATCGATTCCAAAACACACAC
ACACACACACAACTGTAAACTATAAACTTTAATAAATAGCACATAATTTATATTGTAATCTAACTATTATTGTATGTACCTTATAGTCGTAGTAG
CCCATTCAGTTCGTAGTGCTTATGGAGTAAACCAAATGTTATGTTACAATAGCTCAATCAAACAAACCTCAAACCCGCTTTGGTTATTGAAAGAC
TGTTTTAATTATTATATTTAAATAGTACTTGAATAAATCAATCGATCGATTGTGTAATGTT
(SEQ ID NO: 383)

Start ATG: 190

MSSTSASPISNITVDDELNLSREQDFAEEDFIVIKEERETSLSPMLTPPHTPTEEPLRRVHPAISEEAVATQLHMRHMAHYQQQQQQQQQQQQHR
LWLQMQQQQQQHQAPQQYPVYPTASADPVAVHQQLMNHWIRNAAIYQQQQQQQQHPHHHHHHGHPHHPHPHPHHVRPYPAGLHSLHAAVMGRHFG
AMPTLKLGGAGGASGVPSGATGSSRPKKQFICKYCNRQFTKSYNLLIHERTHTDERPYSCDICGKAFRRQDHLRDHRYIHSKDKPFKCSDCGKGF
CQSRTLAVHKVTHLEEGPHKCPICQRSFNQRANLKSHLQSHSEQSTKEVVVTTSPATSHSVPNQALSSPQPENLAQHLPVLDLSSSSSSSEKPKR
MLGFTIDEIMSR*
(SEQ ID NO: 384)

Name: odd skipped
Classification: transcription_factor
Gene Symbol: odd
FlyBase ID: FBgn0002985

Celera Sequence No. : 142000013384622
TGATAAATAGCTTTTTATAAAAAGAACTATAACACACCTTTAGAAACTCTGGGGCTAGGTTCAAAATGGTTTTCGGTTTTAAGGTCCCAAATATC
TGTTTCACCAATTCCAGGCGGTCGTCTATGTAATGGGACATGGGATGCAGCTTTCGTTCCTCCTCGATCTTCTCCTTCTTAATGCTAATGGGCTT
GGGGATTTGGTCGCCCTTGCTGGATTTTTTCGCCTTCAAGCCACTCATTTTATCCAATTTGTTGTCAAAATAAAAACCAAGTAATTTCGGTCTTT
CGGGCAGCGTTGCCACTACTATTTATACCTTGTGGACAGTGGGACGAAGGCAACAATTTTGTGGGATTAGTGTGAATGGCTCTATTTTAAAATTC
AAAACGCAAAGAAAAACGAGCAGTATTACGAAAATGTATTTAATAAAAATTATTTCGTATACTAGGGAATGGCACATAGAATCAATAATTAAAAA
TGTACAATGGTGTATATTGCCTTTAGGACTGTATTATCCACTGTGCGCTGTTGTTAACAGTGTTATTGTTTTTTGTACAGAACAGCTGATTATCA
AGCGGTGTAGGTTGAATTAAATTGTGGGAGTGTTAGTTGTCTTAAAATTGTTAAGGTAAGTTGATGTATTAATTGAACTTGTAATCCATCAGTGT
AAAAGTGTTTACGGAAAGCGGTGATAGCAATTTTATATCAGCAAACAGTTTCTTGTCGTAGATATCATGTGAAATCCGTTAGTAAGGTGTTACGT
GAGAAATAGTACTTGTGGCAGAATTTTAGAGTTTGGCTTTTATTAATGGGGATCTGTTACTAGTGTAAGTTACATTTAAACACATTAGTCCAATA
TATATTTAGCATTTTCTATATTTTTGTTTTTTTGACATGCCGCTAGAAAAGTAACAGAAACTGTTAAGTAACAGTGATGGCACATTTAGGTTATT
TCATTGGGGAGCGTGTTTTGACAACTCTGCTGCGGCCACACTGGAACATATGTTCCGGGGAGAATGGCTGCGATTTCGCGTCGGTAAAAATAGCAA
ATACTCGTTAATGTGCTGTGGGAACGCTTCCTCCCCGGCCCCAAAGTGGCCCCGAAGAAAGTGAGCAAATGTGCGCGCCGCAAGATAGTCGCCGC
CGAACAAACGATAGTGACGAAAGTGATTTAATTCAACTACCAGCACTCCCGCAAATACGATGAGTATGTCGCGCGGCGGCAACACAACTCTGGAC
TTGCAGCCGCTCCTGGCGGAGAGCGATGTCGGAAACAGGGAGCTGGAGGAGAAGATGGGCGGATCGGCGGATCGGTCATCGCTGCTCGATGGATC
CGGTTCGAAGGAGCTGAGTCACCGGGAACGCGAGGACTCGGCGTTGTTCGTCAAGAAGATCGGGAGCGCCTTGTTCTATGGCTTGTCCTCCTTCA
TGATTACGGTGGTAAACAAGACGGTGCTTACCTCCTACCACTTCCCCTCGTTCCTGTTCCTCAGCCTCGGGCAACTTACTGCTAGCATTGTGGTC
CTGGGCATGGGCAAGCGCCTGAAATTGGTGAACTTTCCCCCTCTGCAGAGGAATACCTTCGCCAAGATCTTTCCGCTGCCACTGATATTTCTGGG
AAACATGATGTTTGGACTGGGTGGCACAAAAACCTTGAGTCTGCCCATGTTCGCAGCCCTACGACGCTTCTCTATCCTGATGACCATGCTGCTGG
AGCTCAAGATCCTGGGACTGCGACCTTCGAATGCGGTTCAGGTCAGCGTATACGCAATGATCGGTGGAGCGCTGCTGGCCGCCTCTGATGATCTG
TCCTTCAACATGAGGGGCTACATCTATGTGATGATCACTAACGCCTTGACCGCCTCGAATGGCGTATATGTGAAGAAAAAACTCGACACCTCGGA
GATCGGAAAGTACGGCCTAATGTACTACAACTCGCTGTTTATGTTTCTGCCTGCCCTGGCCCTCAACTATGTTACAGGGAATCTAGATCAGGCGC
TGAACTTTGAACAATGGAATGACTCAGTGTTTGTGGTGCAGTTCCTGCTCAGTTGCGTTATGGGTTTCATCCTATCGTACAGCACCATCCTGTGC
ACGCAATTCAACTCGGCGCTGACCACCACCATTGTGGGATGCCTGAAAAACATCTGCGTAACATATCTGGGCATGTTCATTGGAGGCGACTACGT

CTTCTCGTGGCTCAACTGTATTGGGATCAACATCAGCGTGCTGGCTAGTCTGCTCTACACGTACGTCACTTTTCGGCGGAAGCGGGCTCCCGATA
AGCAGGACCACTTGCCCAGCACCCGCGGCGAGAATGTCTAGCTTCATCTTAGCTCAAACTCAAGCCAAAGCCATACGATATGTTAAGTGTATTCC
GTACTGTGTACTTCAATTGCGATCTGCGATTCGCGACAACGTTCGTATTTGATTTTCCTACAACCACACAGCGCATCGTCTCTGTACATATATCT
AGCTATATTTCTATAAAAATGTAATTTAGCAATTATGTAATTTTAATCACTTTGTACATTTGTCTGCATGCAACTGTTTCCTGCATCGAAAGTGT
CATAAGAAATAGAAATACACAGACTTCCACTCCTCCGCCTACGGAATGGGTGGGCCAGATAAACAATTGTGTTCCGTCTTCTGTTCCATTTTGGG
TCATAATTGATAAGATTGCCTGCTCCGATAAGGCATACAACTCGGACGTTGCAAATTAAGCAGACATCTTGCTCTCTCTCACGTGCTTTTCTAAT
TACTTTTTTGTGTAAAATAAGTAATGTAGTGGAACTGCGTTGTGGGATTTGCCAATTACTTGTGCTTAATAGGTTGTTGTTTATCTATTCTGAGC
AAACACGTTGGCGCCTTGAGATTAATACAAAACAAAGTACTGCATTGCCGGACAATCCAGCAGCGTCATCACTCAACATCACTATGTAAAAAGCT
TTGGATAGGTTGCTCGATTACTGATTACTCTATATCAAAATTTTGGGTTTTTATGTTGAATAAAAAAAAAACAATATTATCAGCCAAGAACGTGA
TTGCGAGTGGTGATAGTATTTTTTAGAATAGTACGCCTTCCGATATTTTGTGTTATTTTCCGTTTCATTTGGTAATTGCCTCAAAAGGCTTTTGT
TTAGATTGTAGTGCTGAAGAATCTTTTTCTTTGTCTTAAAAGTAAATAAATTTGCGCAGCTGAAACTGTTTTGTTTTAGCGAAATAAGTATGTAT
ACTTTAAGATGGCTATCTATTTTCTTAGAATTAGATTTTACTTGGTAACTGCCTAGTTCCTTATCAAAAGATTAAGATTTAAATATCCCACATAT
ATGTTGCTAAACTTATCTTTTAAATGGTGACTACTCATTTATCCAAAGAAACAACAATGACGACATTGAATCGGGCATAAAGCGGCAGAATGAGG
TGCTAGTGCCCCGGCAGCACTTTGTTTGGGTTATTTTGGGAGCCCGCAATATATGATGGGCGGTGGTGAAGTGAGGGATTCGGAGTGGGGACAGG
TAATGAGGAAGCCGAAACAGGTTTGCACAGACTTAGCCGTGCGGTGAGGTAAATTGTTAGTCAGCATCAGCCCCGACCG
(SEQ ID NO: 385)

Exon: 1001..2594
Start ATG: 1200

Transcript No. : CT12909
GTTCCGGGGAGAATGGCTGCGATTTCGCGTCGGTAAAAATAGCAAATACTCGTTAATGTGCTGTGGGAACGCTTCCTCCCCGGCCCCAAAGTGGC
CCCGAAGAAAGTGAGCAAATGTGCGCGCCGCGCAAGATAGTCGCCGCCGAACAAACGATAGTGACGAAAGTGATTTAATTCAACTACCAGCACTCCC
GCAAATACGATGAGTATGTCGCGCGGCGGCAACACAACTCTGGACTTGCAGCCGCTCCTGGCGGAGAGCGATGTCGGAAACAGGGAGCTGGAGGA
GAAGATGGGCGGATCGGCGGATCGGTCATCGCTGCTCGATGGATCCGGTTCGAAGGAGCTGAGTCACCGGGAACGCGAGGACTCGGCGTTGTTCG
TCAAGAAGATCGGGAGCGCCTTGTTCTATGGCTTGTCCTCCTTCATGATTACGGTGGTAAACAAGACGGTGCTTACCTCCTACCACTTCCCCTCG
TTCCTGTTCCTCAGCCTCGGGCAACTTACTGCTAGCATTGTGGTCCTGGGCATGGGCAAGCGCCTGAAATTGGTGAACTTTCCCCCTCTGCAGAG
GAATACCTTCGCCAAGATCTTTCCGCTGCCACTGATATTTCTGGGAAACATGATGTTTGGACTGGGTGGCACAAAAACCTTGAGTCTGCCCATGT
TCGCAGCCCTACGACGCTTCTCTATCCTGATGACCATGCTGCTGGAGCTCAAGATCCTGGGACTGCGACCTTCGAATGCGGTTCAGGTCAGCGTA
TACGCAATGATCGGTGGAGCGCTGCTGGCCGCCTCTGATGATCTGTCCTTCAACATGAGGGGCTACATCTATGTGATGATCACTAACGCCTTGAC
CGCCTCGAATGGCGTATATGTGAAGAAAAAACTCGACACCTCGGAGATCGGAAAGTACGGCCTAATGTACTACAACTCGCTGTTTATGTTTCTGC
CTGCCCTGGCCCTCAACTATGTTACAGGGAATCTAGATCAGGCGCTGAACTTTGAACAATGGAATGACTCAGTGTTTGTGGTGCAGTTCCTGCTC
AGTTGCGTTATGGGTTTCATCCTATCGTACAGCACCATCCTGTGCACGCAATTCAACTCGGCGCTGACCACCACCATTGTGGGATGCCTGAAAAA
CATCTGCGTAACATATCTGGGCATGTTCATTGGAGGCGACTACGTCTTCTCGTGGCTCAACTGTATTGGGATCAACATCAGCGTGCTGGCTAGTC
TGCTCTACACGTACGTCACTTTTCGGCGGAAGCGGGCTCCCGATAAGCAGGACCACTTGCCCAGCACCCGCGGCGAGAATGTCTAGCTTCATCTT
AGCTCAAACTCAAGCCAAAGCCATACGATATGTTAAGTGTATTCCGTACTGTGTACTTCAATTGCGATCTGCGATTCGCGACAACGTTCGTATTT
GATTTTCCTACAACCACACAGCGCATCGTCTCTGTACATATATCTAGCTATATTTCTATAAAAATGTAATTTAGCAATTATGTAATTTTAATCAC
TTTGTACATTTGTCTGCATGCAACTGTTTCCTGCATCGAAAGTGTCATAAGAAATAGAAATACACAGACTTCCA
(SEQ ID NO: 386)

Start ATG: 200

MSMSRGGNTTLDLQPLLAESDVGNRELEEKMGGSADRSSLLDGSGSKELSHREREDSALFVKKIGSALFYGLSSFMITVVNKTVLTSYHFPSFLF
LSLGQLTASIVVLGMGKRLKLVNFPPLQRNTFAKIFPLPLIFLGNMMFGLGGTKTLSLPMFAALRRFSILMTMLLELKILGLRPSNAVQVSVYAM
IGGALLAASDDLSFNMRGYIYVMITNALTASNGVYVKKKLDTSEIGKYGLMYYNSLFMFLPALALNYVTGNLDQALNFEQWNDSVFVVQFLLSCV
MGFILSYSTILCTQFNSALTTTIVGCLKNICVTYLGMFIGGDYVFSWLNCIGINISVLASLLYTYVTFRRKRAPDKQDHLPSTRGENV*
(SEQ ID NO: 387)

Name: nucleotide-sugar transporter, putative
Classification: transporter

Celera Sequence No. : 142000013384645
GAATGATATATGTTCTGCAGCCATGCAATATATATAAGTACAATTTATTAAATTTTTTAATCTAACATTGCTGTGGTGAGTATGGGGGTTGGGTC
ATAGCGTTTAGTATAAGTATTTTAAGTTAAGTACTTTTCTTGAGTGACATGGACTGGTAACATTAACATATGGCACAATATTTTAATTATTTTTA
CAAATAGCATTTAATTTTAAACTAGCATTAATTTCTTTTTATATTTTTGGATACCCCGTCAGAAGGACGAAAGCACCGGAAGGACAGAAGGACAG
GAGTCATCGCCGGGGATAAATTGGAGTTTTGCAGCATTTAAATATAGCCGACTGTCCCACCCACTGTCCCTCCCACTGAAATCTTAATGTTGCAG
ATCTATTGCAGAAATCTTATTGTTAATAAAGCGGTTCATGACATGGATTGGTTGTGGTATTGGTACTAAAGAGGGCGGATCTTAAACTCCTCCCA
CTGTTATGTTATTATCTCAAAAACAGTGGAAAATTTTTAATGATTTTTTAATTTAATGAAATATTCCTGAAATGTCCTTAAGGTCTGAGGAGTTA
AGGTTTGAGGAGGTCTAGCGTGCAAAATGTTGGGGAGCCGATTATTCTATCGCATTATTTTTTTACTTTCTTGAGCCCTATAAGTAGTACATAGA
TAGTTAGATCTGCCATTTTGAAACATTTTTGCATTTTTATTCTTGGGAATTTACTCCCAAATAACGTTAGCGCAAATTTATTAATTAATGTATTT
ATTAAATAAATTTATTATACTGATAACATATTAATATAGCAAAAAAAAATACGTTTTTGAATATATGTGCATTCTTTTTAAACTGCTGCACACAT
TTATTATTTTTTTGGACTCTTACAATACTTTTTCAAAAATTTTAAATATAACTGCGACTTTGAGCGATACTTTCACTTTTCCCGTGACGCCAACC
GATATGCACAGCGCTTGCAGCCCTGGCCAATTTTGATGTGTTTCAGCATTGTACCCTGACAACCCTGCTCTGTAAAACTAGGAAAAACAGAAAAT
TTTATTTTCAATTGTTAAATATCCAAACGTAAACAGCCGGAAAATGTCACGACAAGCCTCTCGTTTGGACGCCAAGAAAGTGGTAAGTTGGCCAA
AGAAGAGAGAACAGCGCAAGATCGGTATCGTTAGTCATTTGGAGGCATAGATCTAGTTGTAAGGTTAGATTTGTGCCATAGTGCCTAAGAACGAA
TCTTTGACGTGCCATCCACCCTCAAAATCGGCTTCATTCACTTTTCCAGTAAGTGTGTGTGTTGGGGGCTTGAGGTTGAGACACGGACACACAGA
CAGGCACAAGCCGACGTGCAATCAGGCAATGGAAAACCATTTCAGCGCCACCAGTCGCCCCTCAGCCACGCCCAGAATGTGCACCACCGCCTCTG
CCGTCGGTGCTGCCGCCAGCGCCGCCGCCGCCGCCGGCAACAACAATAACAACAGCAATAGCAGCAGCAACAACAACGCAACAACCGGCAACAAT
TTAAGTGTTAGCACTGCAGCCGGAGGAGCCACAAATGCCGCAGCAACGGCACAACCCATCCAAGTGATACCAATGCCCATGCTGCCCACCGGAGC
GGCGCAAATCATAATTGGCCAGCAGCCACAGGGTCAGGCGACGGCGACGGGTCTGCAGCCACAATTGATACCGCTGCAGGCCAACCAGATTATGC

TGCAGGCTGCGCAGCAGCAGCCACAGATGCAGGTGATGCAGCTGCCCGATGGCCAGACTATATTCTATCAGACGCCCACCATTGCCGCCTTGGAT
CCGAATGCAGCGGCCAACGCCGCAGCTGCCATGGCAGCCCAGCCGACGCCGCACTACCTCAATATCAATGGGCAGCTGGTGCAGATCAATCCAGC
ACCGAGCGCTAATCAGGCGGCACCCACAGCTGGGCAACAGATTATAATGGTGCCGCAGACAGCGATGGCAGCGGTGAATGCAGCGGCCGCCAATG
CCGGAGTAGGCGCCGGAGTGGGCACAGTGGTTACCCAACAACAACAGCAGCAGCATCAACAAGTACAATCCCAGACCCAAAACCAGCAGCAGCAG
CAACAGCAGCAGACGGTGGCGGCGGTGGCTGCCAGTGCTGCAGTCAATAATATAAGCGCCGATGTCAGCACAAGTACAACTGGAACGAATACGAA
CAGCGAGGACGAGAGCTCCAAGGGCGAGGCGGACGAGGAGCCGCTCTATGTGAATGCCAAGCAGTACAAACGTATTCTCATTCGGCGGCAGGCCA
GGGCCAAGCTAGAGTCGCGCATACCCAAGGAACGGTGCAAGTATCTGCACGAATCTCGTCATCGCCACGCCATGAATCGGGCTCGTGGCGAGGGT
GGTCGCTTCCATTCGGCACAGGAGAAGGGCGACCAAGATTCGTCCGGCCCGGAAGGCGGCAGCATGCCAATGGCGTCCAGTGGCGGCGTCACCCT
CAGCCGTGGCACGGCACGTGCTCCGCCCAAACTGATCGCGCCACATCAAACGCCCAGCATTACCATAACGGCGATCAAATCGGAATAGTCGCCTC
CTAGCTGTAGGATACAAACTAGATAAGATTGTAGTCATAGCGTTTAGTCCTAAGCCAGTCGCTCTGTGTCCATTTGTCCTCAATCACACCACTTT
AGTCGGCTCACATAGTTTTCATTTTTTTTTTTTTTCAAAATTAAGTCTTCATATATTATTTTCAAAGGGAATTTTTGGGTTTTTCTATTTATTTT
CATTCACTTAGATTGGAAAAGTGATAAGTTCAAGAAAGAGATAATTGTTTTACTTATTATATTCATTTTCTAAATCGTTTCTAATTTCTAATATT
TATTTTCTGTTAGCCAGCTGTTAAAAATTGTTTGTAATTATTAAATAGAGAATTTATTTCATTTACTAGACATTTTCAAAATTTACACAAGTAAT
GCAATTATTAATTTAGGGTTTATAGTTCATTTCAAAATGGAATGGGGAAAGGGCTGCCAATAGTCACCGCAAAACAACAGAGCTCAACAATATAA
GATTCAACAAGGGTGAATGATATAGTCGCCTTCCCCGACTATCAGATACCCGTTACTCAGCTTTTGGAAATGCGAACTCGAAATTTCAAAAGTTC
ATAAATTTCAAACAAATTTTTTGGCAAATCGATAGAAGACTAATAAAATTATGAAAAAATATCCAAAAAATTTTCAAAAGTGTGGGAGTGGCAAT
TTTGTGCGGCTTGTGGGCGCTGCGTCGTGGTCTCTATCATTAACCTCAATATCAACCCTTTAGCGTTTATATTTCCTGAGATCTCTTTTAAACGG
ACAGACGGACATGGTTACATCGACTCGGCTACTGATTCCGATCAAAAATATATATACTTTATATGGTCGGAAACGCTTCCTTCTGCCTGTTACAT
ACTTTTCAACGAATCTAGTATACTCTTTGAATCTACGAGTAACGGGTAAAGCACCATTGAGGACCATTTGCCGCATAATAAATGCAACACAGTTT
ATAAAATTAAAAAAAAAAAGCATATACATTTACTGCGGAACTC
(SEQ ID NO: 388)

Exon: 1001..1127
Exon: 1285..2558
Start ATG: 1359

Transcript No. : CT12939
GTACCCTGACAACCCTGCTCTGTAAAACTAGGAAAAACAGAAAATTTTATTTTCAATTGTTAAATATCCAAACGTAAACAGCCGGAAAATGTCAC
GACAAGCCTCTCGTTTGGACGCCAAGAAAGTGTAAGTGTGTGTGTTGGGGGCTTGAGGTTGAGACACGGACACACAGACAGGCACAAGCCGACGT
GCAATCAGGCAATGGAAAACCATTTCAGCGCCACCAGTCGCCCCTCAGCCACGCCCAGAATGTGCACCACCGCCTCTGCCGTCGGTGCTGCCGCC
AGCGCCGCCGCCGCCGCCGGCAACAACAATAACAACAGCAATAGCAGCAGCAACAACAACGCAACAACCGGCAACAATTTAAGTGTTAGCACTGC
AGCCGGAGGAGCCACAAATGCCGCAGCAACGGCACAACCCATCCAAGTGATACCAATGCCCATGCTGCCCACCGGAGCGGCGCAAATCATAATTG
GCCAGCAGCCACAGGGTCAGGCGACGGCGACGGGTCTGCAGCCACAATTGATACCGCTGCAGGCCAACCAGATTATGCTGCAGGCTGCGCAGCAG
CAGCCACAGATGCAGGTGATGCAGCTGCCCGATGGCCAGACTATATTCTATCAGACGCCCACCATTGCCGCCTTGGATCCGAATGCAGCGGCCAA
CGCCGCAGCTGCCATGGCAGCCCAGCCGACGCCGCACTACCTCAATATCAATGGGCAGCTGGTGCAGATCAATCCAGCACCGAGCGCTAATCAGG
CGGCACCCACAGCTGGGCAACAGATTATAATGGTGCCGCAGACAGCGATGGCAGCGGTGAATGCAGCGGCCGCCAATGCCGGAGTAGGCGCCGGA
GTGGGCACAGTGGTTACCCAACAACAACAGCAGCAGCATCAACAAGTACAATCCCAGACCCAAAACCAGCAGCAGCAACAGCAGCAGACGGT
GGCGGCGGTGGCTGCCAGTGCTGCAGTCAATAATATAAGCGCCGATGTCAGCACAAGTACAACTGGAACGAATACGAACAGCGAGGACGAGAGCT
CCAAGGGCGAGGCGGACGAGGAGCCGCTCTATGTGAATGCCAAGCAGTACAAACGTATTCTCATTCGGCGGCAGGCCAGGGCCAAGCTAGAGTCG
CGCATACCCAAGGAACGGTGCAAGTATCTGCACGAATCTCGTCATCGCCACGCCATGAATCGGGCTCGTGGCGAGGGTGGTCGCTTCCATTCGGC
ACAGGAGAAGGGCGACCAAGATTCGTCCGGCCCGGAAGGCGGCAGCATGCCAATGGCGTCCAGTGGCGGCGTCACCCTCAGCCGTGGCACGGCAC
GTGCTCCGCCCAAACTGATCGCGCCACATCAAACGCCCAGCATTACCATAACGGCGATCAAATCGGAATAG
(SEQ ID NO: 389)

Start ATG: 202

MENHFSATSRPSATPRMCTTASAVGAAASAAAAAGNNNNNSNSSSNNNATTGNNLSVSTAAGGATNAAATAQPIQVIPMPMLPTGAAQIIIGQQP
QGQATATGLQPQLIPLQANQIMLQAAQQQPQMQVMQLPDGQTIFYQTPTIAALDPNAAANAAAAMAAQPTPHYLNINGQLVQINPAPSANQAAPT
AGQQIIMVPQTAMAAVNAAAANAGVGAGVGTVVTQQQQQQHQQVQSQTQNQQQQQQQQTVAAVAASAAVNNISADVSTSTTGTNTNSEDESSKGE
ADEEPLYVNAKQYKRILIRRQARAKLESRIPKERCKYLHESRHRHAMNRARGEGGRFHSAQEKGDQDSSGPEGGSMPMASSGGVTLSRGTARAPP
KLIAPHQTPSITITAIKSE*
(SEQ ID NO: 390)

Classification: transcription_factor

Celera Sequence No. : 142000013384615
TTGGCGGGCTCTCCGAAATTCACAATAATTGCACGAACGAGTCGTGCGTTGTTTTCTCTGCTCGATTTCATTGTTTATGGGGCATAATATGTGGG
GATGCCGGGCCAAAAACGAAATTAATCACGAAAACGCACTCACCGTCGAAAAATCAACGAAAAGAAAGAAATTTGACAGATGGGTCGCGGTTAGG
GATGGCAAAGAGGCAGTGCTGGAGGTGGTATTTCGTAACGATAGTTAACGATGTTATCGGTTGTACTTGTCAGGGGTGAAGAGCATTGGATTCTA
CGTTTATAAATGGTTTTGATAGCTCATTTTCCTTCTTCTACGCTTATTTTTTTCCTATGAAATTGTTTAAATATTTACTGTTTTGTTTATGTCTT
CCTGTAACTGTTTAATTTAATTCAGCTAGTATCGATAACACTGTCATCTCTAAGTCGTGAACTGTCAAATTCAAAGCATGTGCTTTGCAACACTT
CAAGGGAGTGTGTCTTTGCTAAAATCGTGGTCTTGTTTTCACTGTTACAATTCAATATTTTCCAATTGGAAACCAGTTTAAATTTTTCCCAACTC
GTGAAAAATAAAAATAATTTTAAATTTTCGTTAAACGTTTTTATTACGTTTTAAAAGCATATTTTTCACATGTCAACATACTGATAGTTATAATT
TAATAACGGTTCTTAATACCTTTGTAAAAAATGAAATACAGATCAAGGATCTAACGAAAGGCCATTAATAAAGTAGATATGTAAGTAATATAAAA
AATATAGACAAATAGTTTTAATAGAATCAATAGCAATTCAGTGATTGAATTCATATTTTTACCAGCGTTGAAGAAAGTTCAGTAACATCTGTTGA
TCATCCGCACTAACAGAATGTTACCGAAAAGCTCAACGAAATACAGCCCGCTGTTAACTAACATGGCGCTTCGCCAACAGCAACAGGTTTCCTAT
GGTCCACGATCCCCACATATGTGGAGAATGGAAATTCAGTCGCGTGTGAGCAGCCCACTTTTAACGTTGTGGTGTCTCTGGGGATCAGATCCAAA
ATTCAAAAAAGTCCAGTTTGGCCTCTTGATTAAATCAATTCTTCCACTTCATTCAAGATGATGAACAGCCTAAAGAAATTGCCCGTGCGCATGGT
GAGTTGGCCACGCCCCCCTAACCGACACCTTTATACATACATATATGCCTACAACTAATTCCTTTTTCTTTATTAATTAACTTTTTAGCTGGCTA
ACGCTGCACGTCAGCAAAGTGCTGCGATGTCCTCGGCAACTGGTCTCCCCCCACCCCTCACCTTTCTCACCGACGATGAGAAAATGATGAAGGAG

ACTGGTGAGTATACCCTTTGGATCTAAATAGATCATAGTGTTAATGGTACTGTACACGGAGTTGTAGTCCCCATTTGATAGGCGTGTTTTTTCTC
CATGTCGAATTTTTAGATATTTTTATGGTGTTTAGAACTTGCTTGGTGTTACGTAACACCAAGCATCGCATTTTAATGATGCTCTTGTTATTTAT
TAATTTTCCATTGTGCTAACCAGCTGAAGTCTTGCTGCACTACTATGTGTGTATTCGTATTTTTCGAGTTTTGTTCTTTTTTTTTTCCTTTTTTG
CTGATAAAGTTTATTCAGTTGAGGGAAACGCGGAGGAGGCCGCTTGCCAGATAAGCACATTTTTATTTTGATAGTAGAAGTAAAATGTCACTAAG
TATTAGTGGGTAGGTTTGTCCATTTTCTTTATGACGTTTGTATGTTTAAATATTACAAGATATACAATTTCCGATTTGATCCTTATTGTAAAATG
ACGATCAACGATTATTACCTTATAATTAATTCCTTATTAAATTAATTTTTCTGGCGATTATTATATAATTTGTAATGATTAATCCCTTAAATTTT
TTGTAGTGTAATAAACCTAATATTTTTAAGGTAAATGAGGTCCTTGAATGTGTTTCTATGTTTATAATTTATTCCCTTTGGTGAAAAATATTTTT
ATCTATATAAAATAATTTTTAATAAAACTATTTCAGTATTTAATAATAGTATGCTTAAAAGTTACAAAATATTAATGATTCATCCCACTGAGGTC
CTTAGGTGACAATTTTGTTATGTACTGCCATAATAAGGTTAGCTCTTAAAAATCATACGATTTCTTAAAGCTGGTTACATGCATGTTTAATGAAT
ATAATTAAATTTAGAAAGTTACAAATAATATAATAATATAATATATATAATAATATTTCGAATATCGTGTTGTGTCAAATGTGTTTAAAAGTGTT
CACTTAAACTAAATGAATATATGTATTCTTAAAAAGTGCACAATTAATGGCCGAAGAGCTAAAGCTGCCAGCTTGGCAAGTTCAAGGTCTAACCT
TATAACAAGCTTTTTTCCCGATGGAAAAATTTTCCTCCCACCTGCTTAATTCTTTAAAAAATTATAATTAATTGATAATAATAATAATTTACCAG
TGAGAAAACTTACCCAGGTGGGCTGAAGGAAAAAGGGGTGGGCCCCGCACACACGCCCACCCTGCTCACACACACACACACGCGTGTTCTAAAAA
TAGCTTTTGCCCACCGCCAACGCTGAACATCGAGTTTCGTCGCTGATATTTCTCGGTTGGCCGTGGTGTTCCTCGTTGAGCGGCCGGCACATAAA
GAAAGCAATTTACCAAAGCGCGAGTTCGAGCCCTCAAATTATAAGCCTCTCTCATCCAAGATCCTCTCATTTCCCCTCCCACAGAGTACTGTTAT
TGCGTGCGCGGAATGTTTCTTATTAAACTTATATAGTGTCCTTAAGGATATCCTTTAACCACGAGTTTTCACAGGTCAGTCAGCTGTACGGTTCT
GGTTTTAAACGTCAACCGAATAGCGTTACACCAGTGATAGAGCAATAAATGCGGCTGTGCCATTCCCCCTGTCCACCTGTGGCCACTGTTCTAGT
GGCCACGCCGGGCAATCCGGGGCGTGGCACTTGGCCGGGCGCCCTTCCCTAGAGAGTTGAATTACCTGAGTGGGGGGAGGACGACGACTTGTTGT
TGTTGTCCCCCTGCAAACCATCTAATTCCTAGTTGGGAAGGTTACATTTCCTTTTTATCACCGATCACCTTGTTTTTCCTCCATAATAATTAATA
ATCCTCGTCTCGCTTATCAGTCCCTCAACTGGACTCAATCTATATGGCTTCCCATATATATACATATGTACATATGTATGTGTGTTACATACAAA
TAATTCTAAGTGGGAAAGTATGTGTCTATATGGCCTAACTGTTGCGTAATCTGAGCTGAATGCAAAGTGGCTAAGTGCATGAAGTCAAACTGGTT
TTTTTTTATATTTTTCAATCATATATCATAGGCTTTGGCACAGTTAACACATTTTAAATTAAATTATTACATTAAATTTTCTGTTTTAATATGTA
TTTCAAAGTGCTTGATTTTTTAAGTAAGCTTTAAGTACGTAAAAGAATAGCAAACACACATTTACTCGAACGATTATTACCTTCAAGAACCAAGT
ACAGTTGCCCAAAAAAAAAGCAAAATTTCAATTTCAGTCTATATCAGACTAAAGAAATGACCTGATTTTATTGAATTTCATATTTCCACTATAAG
CCAAACTCCAAAAAGGACATGTAAAATTTACCATCAAGCCCATTGGGACACGACACATCTGTTCGAAATTTTCCGACTGACCCCTGTCCATATGT
TGGAAAACTAAATGAATATATAAAGTTAGTTAATTATTTAAGCAATTCCCATGAAAAGTGAGCGAAAGAAAGTATTTCCAAATGTGTGCAAAACG
GCAGGAAAGTGATTGAAGAAGGGGCGACGGAGGTGTGGGAGCTTCTGTGGGTGTGTACCAGTTGGATTTCCAAGCAGAAAAACAGAAACACAAAG
TCAAGAAAAAAGAAAAAAATGCTTAAAAAAGATCAATAATAAATACGCTGAGAGAATAATAGAACTGCCGAAAGAAGACAGCTGCGAGAGCCCCA
CGCGATCGTAGAATCTAGTGATAAAAAACGAACACACGAAGACTTTTTATCTGAGAGACAAACGCGTGTAGAAAAATACATACCTCAACCTACAC
AAGCAAGAGATCAACAGCAAACATCGCGCCCCTTAGAAGAAAAAGAACTCCAAAAAAAATAAAAATCAAAAAAGCTTAAGTTTTTACCTTTTTC
AAAAACGTGCAGTTAAAAGCTTATCGAAGCTTTACAAAAACTTTGACATTAAGCTCTTTCACCGATCGTTACATTCTATATCTACACATATACAT
ATACACATATGAGTTATACTTAAGGTCTAGGAATTCTTATGTGTTATAATATATTTAAAAAATAAAAAACCTATTTTAAATGTATCTAAATGTAT
GCAAGCATATTTGACGTATATGAGTTATTTCACATGTTTCATAAACCATGGAAACTTTCCTTTAAACTTTCAGTTGCCAAACTGGCTCAGGAGCA
GATCCAGCCCTTGGTGAAGAAAATGGACTTTGAGCACAAATTCGATCCCTCCGTGGTGAAGGCGGTTTTCGAGAACGGCCTGATGGGCATTGAGA
TCGACACCGAGCTGGGAGGCAGTGGCTGCAACTTCATGACCAACATCGTCGTGGTGGAGGAGCTGTCCAAAATCGATCCTGCCGTCGCCGCTTTT
GTGGACATTCACAACACACTGGTCAACTCGCTGATGATCAAGTTCGGCAATGCCGAGCAGAAGGCGAAGTATCTGCCTAAGCTGGCCCAGGAGTA
CGCCGGTAGCTTCGCCCTGACCGAACCCGGTGCAGGATCCGATGCCTTCTCCCTGAAGACCGTCGCCAAGAAGGACGGCTCCCACTACGTAATCA
ACGGCTCCAAGATGTGGATCTCCAACTCTGATGTGGCGGGAGTCTTCCTGATCTTTGCCAATGCCAAGCCAGAGGATGTAAGTATATATTGTTTT
AAAGCCATTTAAATTTAGAAATAAATCATATTTTTATTAGTTTTTTTTTCGATTATACCCCCTAGCTTCGTTTTCACTTTTTCGCAGACCACTGA
ATGATTTCAAAATATTTTCCGTTGCTAATCTTTATGTTATTCCAACTGATTGCCAACTAATCGCTCTCAGATCAAAGTTCACTTGATTGCAGTTC
GTTAAATATTAAAATATGCAAATGAGTTTTCTTTTCAAATATAACGTTTGAGGAAACAAATTTCATATTCCAATTATTCGACTGCATAATATAAA
CTTTCTTCAATTATATTTTACTGAACAAAAAATCTGATTGCGTAATTCTTTCAAACTAAAACCTTATCGTTATCTTGTTTTTTGCAGGGCTACCG
TGGCATTACCACCTTCATTGTGGACCGTGAGACTCCCGGTCTGATCGTGAACAAGCCGGAGGACAAGCTGGGCATCCGTGCCTCTGGAACCTGCC
AGCTCACCTTCGACAACGTGCGTGTGCCCGAGGAGAACATCCTGGGAACCTTCGGCCATGGCTACAAGTATGCCGCCGGCTTCCTGAACGAGGGT
CGCATCGGTATTGCTGCCCAGATGGTGGGCCTGGCCCAAGGAACCTTCGACGCGACCATTCCGTACCTGCTGGAGCGCAAGCAGTTCGGTGATGC
CATCTATAACTTCCAGTCGATGCAGCATCAGATCGCCACCGTGGCCACGGAGATCGAGGCCGCCCGCCTGATGACCTACAATGCTGCACGTCTGC
AGGAGCAGGGTGTGCCCTTCCAGAAGGAGGCGGCCATGGCCAAGTACTACGCCTCCGAGGTGGCCCAGAGGGCGGCGATCAAGTGCGTCGACTGG
ATGGGAGGCGTTGGCTTCACCCGTGATTTCCCGCAGGAGAAGTACTACCGTGACGTGAAGATCGGAGCCATTTACGAGGGCACCACCAACATGCA
GCTGAGCACCATTGCCAAGTGCATCAAGAAGGATTATGCGGCCTAAAGACTACCCCGATACTCCTCCTTCCCCCAACATATCCCCCACACAAGCT
GAGATATCGTACGTCAGATACGTCAAGTGCATTTATGCGTGGGAACCGCTGGAACAATTTTGACGGCCATCCGTTATCGGTTCTCACCATGTTAA
CGTAGCATTTACCACTTAGTTGATTCTGTTATGCATATTGTATAAAATACAATTAAAATATATACACATATAAAATTTAAATAAAACATATAGTT
GTATAGTATGGTTAATTCACTAATGACTGCCTCCTCCATCCGTTGTGGTAAATGCGGCCAGCAGAATGTTGATCACTGTGATCATGAAAACTCCC
ATTACGAGCAGATCGTTGGTTCTTTCGTAACTTCGGTTCCTAAATCGCTTGAGACGTCGCTGCGGAGATTTTTTATTTAGTGAATGGACTAATTG
AAGCTCTACTCACATACTTTAAAGATCAGCATTATGCCAACTAAAAGCTGCAGCACCAGGGAAAGTATCACCATAATCATGCTGTATATGTACGT
GGAAGCCTTGTCGTTATAGGTGATCAGGAATCGCAACTGATTCGCATTCGCCGAAAGCAAAGCTATATCCATTAGGCCTACAAAAAGTAGTTTGA
ATATCAGAGTTACAAGTTGTGGTTAGCGTTCTTTAAACTTTAAGTATTGTAACTTTCGAATAGTGATTTGCATTACGTTCTTACCTTCAGCTACA
TTTTTGTTGGCAGCATAGCTATTCTCTGTCGAAAGATCGCTGGAACATTTCTTGTTCGATTTTTTGGATTCTTGTAATTCACTGGTGGCCCTGGA
TGGGAACTGGTCGTCTTTTATATGGCTTTCATGCACCTGAATATCCAAATCCCTGCCAGAACCGCAACATGGTCCACTGGTTGTACTGGCGAAAC
TTTCCCCGGAGCTGGGGGAATCCTCCAAAGATATTTTCACCTCGCCGCTGTCCATTGTTCGAGTTCCAACCGATTAATAAGCATTTAAATGCTCT
TCTTTTAAAAAAATGCGAAAAGCTTTTCTTGTTTTTGAGCATGAAAGCCGCAACTGCGGTTTAGTAACTGATAAAAGGGAATGACACTGACCGAA
CTACCCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGGGCCATAAGCCGACCTGAAAAGTATCTGATGGGTTGAGATACGCACTAAGCATGTTTGCCTTAAAGT
ATGCTACACAATCTTATTTAAAATGAAGGTAAA
(SEQ ID NO: 391)

Exon: 1001..1138
Exon: 1229..1334
Exon: 4444..4922
Exon: 5313..6158
Start ATG: 1103

Transcript No. : CT12987

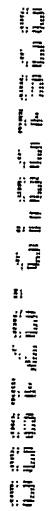
CAGCCCACTTTTAACGTTGTGGTGTCTCTGGGGATCAGATCCAAAATTCAAAAAAGTCCAGTTTGGCCTCTTGATTAAATCAATTCTTCCACTTC
ATTCAAGATGATGAACAGCCTAAAGAAATTGCCCGTGCGCATGCTGGCTAACGCTGCACGTCAGCAAAGTGCTGCGATGTCCTCGGCAACTGGTC
TCCCCCCACCCCTCACCTTTCTCACCGACGATGAGAAAATGATGAAGGAGACTGTTGCCAAACTGGCTCAGGAGCAGATCCAGCCCTTGGTGAAG
AAAATGGACTTTGAGCACAAATTCGATCCCTCCGTGGTGAAGGCGGTTTTCGAGAACGGCCTGATGGGCATTGAGATCGACACCGAGCTGGGAGG
CAGTGGCTGCAACTTCATGACCAACATCGTCGTGGTGGAGGAGCTGTCCAAAATCGATCCTGCCGTCGCCGCTTTTGTGGACATTCACAACACAC
TGGTCAACTCGCTGATGATCAAGTTCGGCAATGCCGAGCAGAAGGCGAAGTATCTGCCTAAGCTGGCCCAGGAGTACGCCGGTAGCTTCGCCCTG
ACCGAACCCGGTGCAGGATCCGATGCCTTCTCCCTGAAGACCGTCGCCAAGAAGGACGGCTCCCACTACGTAATCAACGGCTCCAAGATGTGGAT
CTCCAACTCTGATGTGGCGGGAGTCTTCCTGATCTTTGCCAATGCCAAGCCAGAGGATGGCTACCGTGGCATTACCACCTTCATTGTGGACCGTG
AGACTCCCGGTCTGATCGTGAACAAGCCGGAGGACAAGCTGGGCATCCGTGCCTCTGGAACCTGCCAGCTCACCTTCGACAACGTGCGTGTGCCC
GAGGAGAACATCCTGGGAACCTTCGGCCATGGCTACAAGTATGCCGCCGGCTTCCTGAACGAGGGTCGCATCGGTATTGCTGCCCAGATGGTGGG
CCTGGCCCAAGGAACCTTCGACGCGACCATTCCGTACCTGCTGGAGCGCAAGCAGTTCGGTGATGCCATCTATAACTTCCAGTCGATGCAGCATC
AGATCGCCACCGTGGCCACGGAGATCGAGGCCGCCCGCCTGATGACCTACAATGCTGCACGTCTGCAGGAGCAGGGTGTGCCCTTCCAGAAGGAG
GCGGCCATGGCCAAGTACTACGCCTCCGAGGTGGCCCAGAGGGCGGCGATCAAGTGCGTCGACTGGATGGGAGGCGTTGGCTTCACCCGTGATTT
CCCGCAGGAGAAGTACTACCGTGACGTGAAGATCGGAGCCATTTACGAGGGCACCACCAACATGCAGCTGAGCACCATTGCCAAGTGCATCAAGA
AGGATTATGCGGCCTAAAGACTACCCCGATACTCCTCCTTCCCCCAACATATCCCCCACACAAGCTGAGATATCGTACGTCAGATACGTCAAGTG
CATTTATGCGTGGGAACCGCTGGAACAATTTTGACGGCCATCCGTTATCGGTTCTCACCATGTTAACGTAGCATTTACCACTTAGTTGATTCTGT
TATGCATATTGTATAAAATACAATTAAAATATATACACATATAAAATTT
(SEQ ID NO: 392)

Start ATG: 103

MMNSLKKLPVRMLANAARQQSAAMSSATGLPPPLTFLTDDEKMMKETVAKLAQEQIQPLVKKMDFEHKFDPSVVKAVFENGLMGIEIDTELGGSG
CNFMTNIVVVEELSKIDPAVAAFVDIHNTLVNSLMIKFGNAEQKAKYLPKLAQEYAGSFALTEPGAGSDAFSLKTVAKKDGSHYVINGSKMWISN
SDVAGVFLIFANAKPEDGYRGITTFIVDRETPGLIVNKPEDKLGIRASGTCQLTFDNVRVPEENILGTFGHGYKYAAGFLNEGRIGIAAQMVGLA
QGTFDATIPYLLERKQFGDAIYNFQSMQHQIATVATEIEAARLMTYNAARLQEQGVPFQKEAAMAKYYASEVAQRAAIKCVDWMGGVGFTRDFPQ
EKYYRDVKIGAIYEGTTNMQLSTIAKCIKKDYAA*
(SEQ ID NO: 393)

Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384678
CAGTTGGCTGGTTTTCCTCACACACACACACACAGCATGCATACATACATACATATGTATGTATGTATATGGCGAAAAAAGAAGAAACTCATAAG
CTGACGCTTACTGAAGCTTCCTTCGTTTCGCCTTCGTCCTTGTGCCATCGTCCTCGTGTATCCTTGGCTTCGGCGGCAGTCGCCCTTGCAGAAGG
TTACGCCGCTGGGCTCGAGCGGTTGGATGAGGGGGGCGTTGGTTCTGTGGGTGGTGCTCTGGCACGTGTCCCGTTATGTGGTAGCAACTGCGGCA
GGACTCTGCGGCTTTTGTGGGGCAGTCACAGTGAGAACACTCGTCACAAAACTGAACTATTTTGTTGTCATTGCTGCGAAATGCAATCGAATAAT
GATCGTAGATAACTCTTTTTTTATAGTATCTTAGAATTGTGTATCTTCTATCTAAGAATATATGAAAGTACTTCAGTACAGTAAGGATCTCGGTT
TGCTAAAAATCCTGTTCAAAACTTGTAGTCCTTGAGTTCTTCACTTGGAACCCCTAACTAGTTAGCCCCAATTGTTTACAGTGCAGCCGACACTG
GCGGCGACAAAGGGCTTTGGTTTAGCGTGCTGCCATATGTTTCCGGCAAGTGCTCGCCCACCGCCACCCACTACTCCTTTATGGGCCATGAAAAG
CGTTGAAATCCGCAATGCCAACAAGTAAACTGCTGGCCAAGCGGGGTTGCCAAGGCATCGGTGATTTGTGGACCCCAAGGCCAAGAATGGAATGA
GGATGGCACCATGGAACGCTGAAACGATGGCTCTGTAATTTGAGCCGACTTCCTTTCGAGCGGGGGCGACACCTTCTGTCGACGCCGAGCGCCCT
GATTTATCCGCAGCCCATAAAAGAATATATAAAGCCACACTCGCATTTGTTATACACTGTGTTCCATTTTCATGTTTTTATTGTTTTCGAAAATC
AGCTAATTTAACTTAGTGTTTGTGTGGGGGTGTGTGTGTGTGTGCGTGTGTTTTTTTTTTTTGTTTTTTGGATTACATTTCGAGGGTTTTCTAAC
AGTATTACATACAGATGTGCATACAATCAGATTTCTAAACATATATATATATGCGTTATATTTAAGTATTTATAGGTTTAATTAGTTAAGGTATC
CGAACAGTACAATATCAGCTTAAATAAGTCGAGCCTTTTCTCGCATATACAACTAGATATATGTATATAGATAATGTATATATTTCAATAATAGG
AATAAATAAATATACAACAATCAGGAGTCGGAGCCAAAGTTATTATTGGAATAGCTGGAGGTCGATCCGAGGCCTTCAATTTGTTTGATTGCCTG
GAAATTATGTTAATTTTTCGCCGATCATGAGGGGGATGCTGCCAGCAGACAGGGGTTGCAAAAATAAGATACAGATACGAATAAACAATGGGGTG
GATCTGCCACCATGTACCAATTCTAAATTCCAGCTATTCCTCTAAGAAACTCATATAACTTAGGGTTTTTCTTTTTGCTCCCCTCATAAACTTTA
AAGTTTTTTCTTTGCTTAAAATATGTACAGACCATATACAAGATAACAAAACAAAAAATATCAGCTAAGAGCAAGTTGAGAATAAATGTACGAAA
ATCTAAAGCCTTTTTCGAGTGTACGAATATCGTAAATATAAGAAGAAGTTTATCAATATTTGCATAATGCGTGTGTGTTCGTGTTTATGTGTATA
GTATTTCATTTGGTCGAAGCTCTAAAAAATTAAAATTCATTTCCAAGTTGCTGGGTGCTGTGTGCTGGGTTGGCATTTTGTTTTCGCCTGGCTTC
GATTTTAAATTTATGTACAAAATTCGTGCTGCAATTAAACGTAACTCGCTTAAACAACTAATGCGACAAGGTATCTACAAGATATATATATATA
TATATTCGTATATATAAATATGTGTTTATATTTATTTGGGTATATGTATAGAAATATACGCATTGTGCCAGTGCGAGCTTGTTATTTTCATTATT
TTCATTCCGCTTTGTTTGCTTTTGTTTATATATGCCCAAGTATTGTTTTGTATCTTTATGCCTGACACGCTCGCTCAAAGCGGCGCAAAATCGTT
AAAATTTTATCGCCCCGATGAGGAACGTGAGTGTGTATCGGGTATCGGGTATCGGGCTGTATCTTTCGCTATACGCGAGTGTGTTCCTTTCGAAA
AATCTAGCAGCTAGCCCAACCACCACCAACGCTACCACCGAATTTTCACACTTCGTGGCAGTTTTTCCTCAGGGTGTGGGCCAAACACTTTCGGC
ACTGAGTGTGTGTTGTTGTAATCAAATATTCCTGATGCGATTTCCGTTTTCGTATCGGTTTGTGGTTTTTCCTCTTCTGCGTTTGTTTTTTCGAA
ACAAATTGGTTTTTACTATCGCGCATTTGAAATTAATTTTGCTATTTATTAGTAGAGATCTTTTTCTCTTGTTTACGCTTGGACTTTCCCCAAAA
AGCAAAAGGCCAACCGAAGAAGATCTATCTACTAAAGGCATGTGTTTGTGTTCGTCTGACCTTATCGCGGTTTAACACATATTTTGCTGTTGATA
TTTTATAATTAATTTTGTTGTTGCTTTTTTGCCTGCTTTCGAAAATGCCAGCGAACGCCAGCGCTTTTGATTAGTATTATTATTCTCCTCCTCGC
TTCTTCTCTCTTTCTCTCACAGTTGGGTTATTTATTAATGAATATTGTTGCTGGCATTTTTGAAATTTGCTTGGATTATTTATTTAGTCGCGTAC
TAATTCGATTGCAAATGTTTGCATATATGTATGCAAATGATGCGGTTTTCGCATCCAACAGATACATTCCGCTGTGTTGTAGATATTGCTCAGTG
TTGTTCGGGTTAGTTCTAAGGCTTACGATCCATTCTAATGGTTGATTAAATTGCACTTCATCTTCGGGAGCGAGGTTTGGAAAACTTGCGCTATA
GGAGTTGTTTATACGGTTGATCATCACCTCAGTTGCTGTCGGTATTTCGCAGATTCTCCAGCGGCGCCACAAGATACATTTGCGTTCCGCACAGC
CAAAGAAACGCTGCAAAAGAAACGAAAAGAGGAAGAGAACGAATGAAAATGTTATTCGCCTTTCTATGGGTGAAAATACAAAATGATGTAATGAC
TCTACTCGGCCGATGTTCATTAAAAGGCCAAGCAAAACAGAAAAAAAAAAAAACAACAACTGAACCAAAACAAAAAACGAATATCAAAACAAGAAT
GTTTGTCAAAGTGCAATGAAACGACTACAAGATACTCAGTGTTAGCGATCCAATGGATTTGTAAAAAACACATTCCACATTTCTTTGGAGTAATT
TGATTGATATTATTGAAAATTATGCTATATATGCTATATATTCATTTGAAATTTGTAAAAGCGACAGTTTTCGTAATGCAAATTAGCTTCTGCTT
TTCTACACTTAAAGCCGGAATAGCTAATAAAATCCAGATGCTGAAACGGACAGACAGACTTTCATATCTGTCATCATCTCAAAACGCCGAGTTAG
ACGAGTTCAAAATACATTTAGTGCTCTACGACGACAAAAGGGGTATACAAAAAAACACAGCGAAAAAGTCAAAACTCAGTGTAGTAACGTCTAAA
ATAAAAGCAAAACGTCTGAAACGTATGAATGACCGACCAAGACCGCTGCCGAAGTGACGAACGACAAACAGAGCGAGATGGGTGGCTGTTTGGGG



GCAGAGGGAAAGAGAGAGAGAGAGGGCGAGAGAGTACGTGGAAGAAGATACATTATTTGTGTATAATGACTACTTGAGAAAAGCCAAAGCAGAAA
AGAAACAAACAACACAAACAACACAACATCGGCAAGAAAATCGAGGCAAGAAGAAAACGCAAAACACGAAATGTAATTTGTATAATTTGAGTCTC
AATTCCATCAAGTGTGGGAAATGCGCCAAAAAGAAAAATTATATAGCCAACTCATAAGGGAAGTGGAAAGCACCGAAGAACTAGGGTTCAAGACA
ACTGGCTCCAACAGAAGAGTTTGTTTTCCTAATGTAGCGTAGAGTTTAAAAGGTCACAATGAATCGCTAAAAAGAAAAGCAATCAAATGAGGAAA
CTTGAACATCAGATCACCAGAATCAGGTGGTAACCAAATCATCTCACCTACTGGCCATCGAAGAGATCACATTCCAACAACAAAAAAAACCATTA
AAAAACTAGGAATATAATATGTAGATACATATAATCTCAGAGCTAAAAAACAATATTGAGGAACGAAGAAAGTTCCAAAAACGGGAAGTTCGAGT
TTTGTTAGTTTAACTTAAGTTAAGTTACTCAACAACAGAGGATTCTAGTTATAGATTCTAGTTATAGATTCTAGTTATGAATGACTCCACATATA
TTTCATAATTGTACGCTTATCAGATACCCTTAACCAATAGAAATCAGTGCAACACACTCACCTTGTGACTAAGCGGAACTCGCCACCGGAGCATT
GGCAATCTGTACGGGTGGCTTGGCCATGGTTTCCGGGACTGCGGACACACTGGAAACCGCGGATGGGATGGTCAGCAGAGTACTGGCCGCCGAAA
CGGTAATGGGCGTCTCCTTGGGCTCTGGCCTCAACGCAACCGCTGTGGTCGTTTTGGCCAACTCCGGGGATTTGGCCGCATTGGAACTGAGAACG
GGTGGTGCCTCCTCGGCGAGAGCGGCGGCCTTGGCCTCGGCGCGAATATTCAAATTGGCCGCCACTTGATCGATGGTCGTGGGTTTCTTGGTCAT
TGCCCGCGGCGAGGTGGCTGCACTGCATCCAGAGCTGCCGCTTGAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTTGTGTTGGTGGGGCTCAATGATCCCGGAT
TGCTGGTGGAAACCTTCGGCTTTTCCTCAGCACGAACTGTCAACGGTTTGCTAATGCTGGCTGCTGTGCTGGCAGCTGCTGGCTGATTGCGGAAT
GCCAAAGCCGATGGATTGGGTATGCTCCGAACTGAGGCATTCTGTGGTCTTACCAAAGCATTGGCATTCTTGGGTTTGGCGGAACTACTACTGGT
GCTACCACTGCCGTTTCCACTGCTGGCGGCCTTTATGGAGATCTTCTCCCTGGCCGTTGCCGATTCCGAGAGCATATGCAGATTCTGTAGATCAT
CGCCGTTGGTTGTACCATTCGAGTTACTGCCAGAAGTGGTCGATGGTCCACCATTGCTGTTTGCCGATATATTCTGTTTGATTTTGTTTAAGGCT
GCCTCCAGGCTGTTGCTGGTGCTGTTGTTATTGTTATTATTATTATTATTGTTGTTATTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGCCAGC
GGGCGGTGAGTTGGGCGCCAATTTGGCGTCATTGTTGCTCCTACCCGGGTTAGCTGATAAATCAAGTATATCGGCATCCTTGGCTAATGCTGTTC
CTGTTCCTGTTCCTGCTCCTGCTCCTGCTCCCGCTGCTGTGGTTACCGATGTGGTTGCTGTTGCTGTTACAGCCGACTGCACTGCTGGCCGAAAC
TCGCGCAAACTCGTTTTGGACTTGTCCAATGCGGCAGTGCCATTGGTTTTGCCTTGGCAGCCAGCTGCTGGCGGGGATTTCTTTGAATTGGCTTC
CACCTTTGGGCTCGACTTTGATGGAAACGAGTGCTGTGGAGCGGCTGTGTTGCGCAGATTTATTAATGCAGGCGGTGATGTGCGATAAGCATTTG
AGTTCGAGGAGTTGCCCTTGTTGTTCCTCTGGCCACTGAGCGCAACTGACAGTGGCGGCGACTTGACAATCGCCGGAATCGTGGTCATCGGCATG
GGCAGCGGCAGCGGCAACGGCATTGGCATTGTCGGCATTTGGCAGCTCCGCTTGGCCGCACCATGTCCATGTCCTGCATGTTTGGGCAGAGCCGC
TGGTGGTCCCATCAAGCGGGCACTGGACGTTGCCGGCGGGCTAAGAGGTGGCATCGTTAGACCCTTGCCTCCTGCACTCTGCTTATTCACCGGCA
ATCGCACTATTTCCAGTGCAGGCACATGGATATTTGGCTCCGAGAAGGAATAAATCGACGGCGTAGCTCTGGGCCTTGGCGTAATCGTCACTTGG
CTCGAACTGCTGGCCGGGCACAACATTGGCAACGTTGGCTTGCTGCCCAGGTCGGGTAGACCATAGGATCGCATCTGGGGATTGGGCAGAAAGGC
GGCCGCTTGACTTTTGGCCTGGTTGCTAGTCTGCATATGCAACTTGGCCGCATAACTGCTGGCCATCGCCTGAGCCTGGCTCAATCTCGCCTGCT
TGGCCGGATGCGATTCGTCCAGGGACATGGATCGCTTTGGCATCTTGTTAGCCGCACTGGCAATCGAACTGGGTGTGGACTGGTAGCGTTGCATG
TGATACATATTCCGGTGGGTTGGAGCCTGTGGCACCGCAAAGTGTCCACTGTTGGGCTTACGATTATTGTTGCTACTCAGCGGCGGTTTGGCGGG
ATTCGTTTTAGCCAGACTTTGCTGTAGTACAGCTTGAGGTTGCTGTGGCATTTGCTGTTGCTGCTGCTTGGGTTTTCCGCCGGCCACCGTATGTG
GAGCAGTTGGCGTCGTGCTGGGTGTATAGGCTTTGAATAAACTGGGCGGCAGAGGTGGCGATGTGGGCAAGGTTAGGTCCTTTATTTTTGGCAGC
ACCACAAACTGTTGCTGTTGCTGCTGCTGCTGTTGTTGCTGCTGTTGTTGTGGTTGTTGTTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGTTCTGG
TTCGGCGGTGGGCGTGGGCGGCGGTGTGGGTGCTCCACCCACCACCAGGCTGTTGATACTCCGCGCCTCCTCGCCCAATGTGCGATTCAGTGCCT
CGGAAGTGCTAGTACTGTCCAGTTTCAACTTCTGCAGATCCAACTCTCCACTGGCCAGTGAATGCGACCTCTTGAAATCCAACTTATGATTGGGT
TTTGCCGTTATCTTAACCTTCATTTTCCCATCGGTTTGCGAACTGATCTCCGCGTGCAACTTCTTCCGCTTGCCATTCGCATCCTTTGGCTCCTT
GGAGTGCTTCTTCTTGCGCTTGCGATGGGAACTGGACGTGCTGGTCGATGTACTGGCATCGGCTGTGCCCAGACTGCTGCTGGATCCATTGGTCG
AACTGGAGCACGAAGACATGGGCGAGGCATTGGGACTGTATTTGCTATCGGGATTGGATGCACTTTGCTGCAAAGGCTGCTCAATGGGCTTCAAG
CCAATATTCTTGGCGTAGGTCTCCAGATCGAGTTGTTGGGCTGAGCAAGATAAGGAGCAGGAGGTATCCTCCAGTCGCGGACCAGCCGATAATGG
CATACTCAGCTTGCTCTTCATGCTGTTCAGTTCGATCTTCAGTTTGGGCAAATGGCCAACTCCCTTTCGATTCGCTGTCTTCAGCTCAAAATCCT
CGGCATCAACGTAGGACTTTCGGAGTTGCGAGGGTGGAATGCTGACCACTATATTAGTATTGGCCTCCAGCGGCTGTTGTTCCCGTTCTCTTGGC
AGAAGGAACTGTTCTTGTTCCGGTTCACTTTTAACTTTGGACACGGCGTAATCACTGTACCGCATGTCATTGCTTCGCAGACTTTTGAAGTTGCT
CACCGGACTTTCAGGTTCCGCTTCCCGTTTACTCGACGTCAATCGTTTGTTTTTCGACGAGGGAGAAACTTTTGGCGGAGTCTTACACCGTACTT
TGGAACGCGGAGAACCGGAGTCTATTTCCGATTCCAGGTCCTCGGCAAAGGTCACCGATTTGGCCGACTTGGAGCGACGTACCGAATGCTCTGGT
TCAATGTCCTGGTTAATCCTGGATAGGTTGTTCTCATCGTTTTTTGTTTGCTCGTTGTCGTAAAGCAGAATCCGGTAGCAGAAGGCCATGGGCGA
TTCCTAAATGGATTCGGAGAGGGGAGAAATAGATGGAAAAAAGGGCAGGTTGACAAGGGTGGAAAATTGAAAGTGGACATTGAACGCTAAACTGC
CGGCACAATTGGATTGGGTTTCCCCTTGCGAAAATCTATCGGGTTATTGGGATAAACCGCAAAAAGGGACAATATACCGCCCGCCTGAAGAGAAG
AAAAAAGGGCGTATATAACACTTAAAACTGACCGATAATGATAAGATGGATATGTTTTCAAGGTCTAATTTGGCAGTCGGATGACCGCAGAATCA
AGTGAGAAGTTTCAACCCTGTTTTCTCTCCATATTGTTACGTAGTTTTTTTGTTTTACGGAATCAAAAAGTTACCCTTATGAAGAATACATTTCA
ATACACTAATTGAGAACTAAAATACTAGCATAAGTACTTTTTAAAGTTAATTTAAAGATTTTACAATTGCATTGTCCCTTCATTGCAGTTAAATC
CCTTTGCATTTTTAACCCATTGTCATTATAAGAATGCACTAATATTTCTTATTAAGTAAAACAAACTTACCCGGCTCCAGTTGTAACAGTAGGCA
ACGTCCATCAGGGTGAAATTGGTAGGCAGTACCTCATCCTTGTAGGTCACCTCCACTTCCACCAGACCGTTGTCCGTCTCTATGTTGTACTTGGA
GCAGAGGAACCTTTTCAGTAACTCCACAGGTAATCCGGCGGCACATTGCAGGTAAATAGTGGGAGGCACCTCACCAGGACCACACTGATGCAGCA
TGGCGGGATGGTATTCCAGGGATAAGCTAATTGATATAAACGAAAAGTAAAGCAAAAAGTTTATTAGTAAAATTAGTTTTACACGTTTAAGCATT
GTTAGCATTTAGCTGAAACCTACCTTATAAGTTCCGTGGTTGTGAAGAACTCCGGTTCATCAGTCGTTTGTTCATCCACCAAATCGTGCTGCTCC
TTGAAATCTGCCAGCTCCTTGCACTCCCTTTGATAGAGTCCCGGCACTAGCTTATAGATTAGCGATCGCAACGTATCATCCGATTTCAGATTCAA
TTCATTGATTTCCTTGCCTCCGCTGGCTTTACATTCCGGACAATATACCGCTCGCAGCAGGTGCTTTAGTATGCAACTCCGGCAATCTGTTGAGA
AATGATAGATCAAACCGAATAACAATATGTTTAATGATCAAGGAAAATGTGTATTTTAGCTTAAGAACTACCAGAAGCTGTGATTACATTGTTTA
GTAATGATCTTAAAGTTTAAGATCTAACTTGGGCAGTCAATATTGTAAATCATGACAACCTTAAATTAACTTTATAAATGAACTTTAAAATGGTA
AAAGTGATCAAACAAATAATGATCAAATTACATGCAATTAATACAAGATATTGGTTTTATGCGTATATTAAAGGTACTCTTTGGAATCTAAGACT
ACTTACAGGTATGATAACAGTAATCCACAGTGGTTGGATCGATCATATAACCGCGACAAAGTCGGCACGTTATCAGATCATGAAACTGCCGGACA
TCCCGAGAAGCTGGGGATGCGGCATCCATAGCGGCGTTTGATTCCATTGTGTTGTGCGTGTTTTGCAGGTGCATCTTTCTGCCTATTCTATCTGC
CTCAATACTTACTCCTAGCAGCCTCTTTCAATGGGGTCCTGGAAGAGGAACAAGGATGGGGGTTAGGACTCGGCATATCCATGTTTGGCATGTGC
TCGCTCAACAAGTGACACTAGTGTGACAACTGATGATGGCTAATCAACTGTTAGGGTCTTTCCATAATTATGACGAGGGCACAAAGGAAACGGGG
TAACAGGGGCCAAGTAAAACCTAGGAAAAAGACACACAACTGTGAGAACCAACAGCCAGCACACAATCCCATCAACAAGCACCATCACCATCATC
GTCATCATCATTGTTGTCGACATTTGTGGTTGTCGCTCGTCAACAAAAAAGCCACAGAGCCAGATATATCAACCGTGTATCTGTATCTTGTCCCA
AAAGATATGGCAACGTCAGCACACTCGCACAATACAGAAAACTTTAGACTAGTAAGGCAGCCATCCATATCCATGAATCGGAACAATGTGCTTGC
AGCTCACAAAAATATGAATAAAAAAATAGAATAAAAAACAAAACAGAACACAAAAGTAGCAACTTTGTGGGCGGGTGGAAAGCAGGGGGGTCTGC
GGGCACTGGGAGGTGGGGTCTTTGGTCTTTCGTACGCCCTTCGTGCCACAGAGGGCACCTACCGAGAGAAGCCGAGAAGAGCCGAGAGAAGCGCA
CAGAAAGCGATGTGCACTCGACGGTGTACTTGAAGCTAGTTTTAGCTTGGCGCCCCCCTTTTCTGCCCCATCGCTTCAGACCCCTCTTTATCTAC
CATAAAACTACGAAAATTACGCTTTTGTGCCCTGCACACCAGTGGAAACTGAATTTTCATCATTATGGCGATGCCCGGACGATGATTGCGAGTTG
ATGGCAGGCAGCCGAGAGTTCAGGGCAAAGTTCAGGGCATAGTGGATCAGCAGGTTGTTCGGATAGCTCCTAGGAAACCAAGGAAAACTTCAAGT

TACTCTTGGGACTATTGTTGAAGTACTTGTGTGTAACAATTAGTGTACCTAAGATTTTGAAATGTAAGTCAATATTCGAAAACCCCTTTTAAAAA
GTTCCATAAAAGCGTATAACTCAATACAATATTCACTACATATATATTTCTATATATTTTTGACATTATATTAATTACCAACATAAATAATAAAA
AGAAATGCCTTTAATCGGATCAACAAGATCTGCATTACAAAGTGACTACTTGGGGTACAACTGTTCAACTGTAGAAAGTACAGTAAAACCATCTA
ATTATCATCAGTATGATAAATAATTGTGCGCAAAGCAATTTCTTTTAGCTGAATGCTTTTTCTTCATTTTCATTAAAGATTCCCGCATTTGCATA
ATTAGAAACAAAATTGCGTGTAAATGATGATTTCTTCTGGAATAGGCCATCTTTATTCCCCTCAATTCAGTCAGTCGGCAAGTTGAAGTTTGTTG
AATTGTGACTGAATTTGGCACTGCATTATTCATTATTTAACTAAGTATTCTTCAAATTTAAGCACTTTTAATCCACAGCCACCCCATCTAAACCG
CCCATCGCATAGCGCAACCAAAAGTCGCATCGCTTCGCCCATTTTTTGTCTCCGTTGCCTTTCGATTATTTTCGTTTGCCGCTCACGCGAAAATG
GCACGCAAAGAGGAGGGTGGCATAGTTGGGTAAAGGGGAGGCAGAAGAACGGAGGCTGTGCTAGCAAAACAAAAAGCGAACAAGACAAAAACAAA
AGACCGAGCGGCTTGAACTAAAGTTGGGCAGAAAAGTGGGTGGTTGGCGTTCGTGTGCCTACGCCCACTCAGCTGGAAAATGACAATCCCACGTT
TGATGACGCTCTTAAATTGATGACGTCGCTGGCGAGCGCTTTTCTTGATTTTCCTTAGCCCGCTTTCTGTTTATACGCCGCAATTTCGTAAAAGG
CGCGCACTTGCACACCAACCCACACACACACACATGGTCACAGCTTGAAAGTGTCGGCAATCCAATAACAACAATAACAGTTCGACCGGCACGGG
CGCCCGCAGGGTGGTTGAACACACACACACTCGCCACTTCTCTCCCACTCTCTATCGCTCACACACACACACGCAACAAGCTGGCTGTCCGAA
AAATGAACTCACAAAAAAGACGAAAACATGGACGAAAATCTACGTAAAATCGCAACAACTCTGGAGGTACGATTTTTCCGCGGCCGCGTCCAGAG
TTCAACTGAAATCCAATTCGAGAAATCCCAACTGCCACTTGCGCGCTCAATTCGCCGTTAGGCGAGAGCGCACGACACACACAAAATTGTATCTA
TTCGCCGCGGCGAGAGAGACGACAAACAAACTTTCTACTTTTGCGCGGGCGCATTTTCGCCGACTGTCGACGTTTTCGCCGCACGACGAAAATTC
CAATACGCGGCGAGAATAACACGCACGCACACCAGGGCATTTGTGTTTACAAAATTTTCACCCATACATGTGAGAGGGAAAATTTCATGTTCCCT
TTCCTTTTTGGTTTTTATTTCCCGCATACGTACTCAAAGCAATTGCGTTGTTACTTGAAGAGTTTTCCTCTGTAGCATATTCCCTTTGGATTTTC
CATTAAAACAAATCCATTCGCCGACACCGAACACACACGCTTTCGATTACTCCACTGCCTTTTCGTCTTCTTCTTCTGTCACTTCAGCTGCTGTT
ATCGATTTCTCGTACACGCACAGATTTTCGCTGCTTCTCTGTCACTCACTCTCGCGCTCTCTCCCTCTCGCACTCGTTTGAGCTCGCGCCACGAC
AAAAATATATTCTCCGTTCCGTTTCACAAAGTGCACGGCACGAAAAGTTTCCACAGACTGATTCAAATTAGACCTGCTGGCGCTGTCGCTGCCCA
AAATCGCTCGGCTCGCATGAGAGAGCCGCACGAGTGAAACACGAGAGAACCACCACTAACCTATCACATCGCTGCACGAGCGAGATGACAAGAGG
GGGGCGCTCGGCATCAGCAGGCTGTCTGCGTCGCACTCTCACGAATTGAGGTTACTCTGTAACTGTGTGGGTGGCGTCGTTTCTAATTGAATCCA
ACTGTCAAATGAGAGAGATTAACGCACATATTCGTATGTATGTGCGTGCAGTGTGCCCGTGTATTGGCCTTGGCGTTTATAATTAACACAAAAAT
GCCCGTTTTCGCAGATTTTTTCTCCTTTTTTTGTTGGTCTGCCGTTGGCATTTCATT
(SEQ ID NO: 394)

Exon: 11692..11603
Exon: 9538..9317
Exon: 9016..8764
Exon: 8671..8431
Exon: 7888..4432
Exon: 3050..1001
Start ATG: 9479 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT12997
AGTTGAACTCTGGACGCGGCCGCGGAAAAATCGTACCTCCAGAGTTGTTGCGATTTTACGTAGATTTTCGTCCATGTTTTCGTCTTTTTTGACCC
CATTGAAAGAGGCTGCTAGGAGTAAGTATTGAGGCAGATAGAATAGGCAGAAAGATGCACCTGCAAAACACGCACAACACAATGGAATCAAACGC
CGCTATGGATGCCGCATCCCCAGCTTCTCGGGATGTCCGGCAGTTTCATGATCTGATAACGTGCCGACTTTGTCGCGGTTATATGATCGATCCAA
CCACTGTGGATTACTGTTATCATACCTATTGCCGGAGTTGCATACTAAAGCACCTGCTGCGAGCGGTATATTGTCCGGAATGTAAAGCCAGCGGA
GGCAAGGAAATCAATGAATTGAATCTGAAATCGGATGATACGTTGCGATCGCTAATCTATAAGCTAGTGCCGGGACTCTATCAAAGGGAGTGCAA
GGAGCTGGCAGATTTCAAGGAGCAGCACGATTTGGTGGATGAACAAACGACTGATGAACCGGAGTTCTTCACAACCACGGAACTTATAAGCTTAT
CCCTGGAATACCATCCCGCCATGCTGCATCAGTGTGGTCCTGGTGAGGTGCCTCCCACTATTTACCTGCAATGTGCCGCCGGATTACCTGTGGAG
TTACTGAAAAGGTTCCTCTGCTCCAAGTACAACATAGAGACGGACAACGGTCTGGTGGAAGTGGAGGTGACCTACAAGGATGAGGTACTGCCTAC
CAATTTCACCCTGATGGACGTTGCCTACTGTTACAACTGGAGCCGGGAATCGCCCATGGCCTTCTGCTACCGGATTCTGCTTTACGACAACGAGC
AAACAAAAAACGATGAGAACAACCTATCCAGGATTAACCAGGACATTGAACCAGAGCATTCGGTACGTCGCTCCAAGTCGGCCAAATCGGTGACC
TTTGCCGAGGACCTGGAATCGGAAATAGACTCCGGTTCTCCGCGTTCCAAAGTACGGTGTAAGACTCCGCCAAAAGTTTCTCCCTCGTCGAAAAA
CAAACGATTGACGTCGAGTAAACGGGAAGCGGAACCTGAAAGTCCGGTGAGCAACTTCAAAAGTCTGCGAAGCAATGACATGCGGTACAGTGATT
ACGCCGTGTCCAAAGTTAAAAGTGAACCGGAACAAGAACAGTTCCTTCTGCCAAGAGAACGGGAACAACAGCCGCTGGAGGCCAATACTAATATA
GTGGTCAGCATTCCACCCTCGCAACTCCGAAAGTCCTACGTTGATGCCGAGGATTTTGAGCTGAAGACAGCGAATCGAAAGGGAGTTGGCCATTT
GCCCAAACTGAAGATCGAACTGAACAGCATGAAGAGCAAGCTGAGTATGCCATTATCGGCTGGTCCGCGACTGGAGGATACCTCCTGCTCCTTAT
CTTGCTCAGCCCAACAACTCGATCTGGAGACCTACGCCAAGAATATTGGCTTGAAGCCCATTGAGCAGCCTTTGCAGCAAAGTGCATCCAATCCC
GATAGCAAATACAGTCCCAATGCCTCGCCCATGTCTTCGTGCTCCAGTTCGACCAATGGATCCAGCAGCAGTCTGGGCACAGCCGATGCCAGTAC
ATCGACCAGCACGTCCAGTTCCCATCGCAAGCGCAAGAAGAAGCACTCCAAGGAGCCAAAGGATGCGAATGGCAAGCGGAAGAAGTTGCACGCGG
AGATCAGTTCGCAAACCGATGGGAAAATGAAGGTTAAGATAACGGCAAAACCCAATCATAAGTTGGATTTCAAGAGGTCGCATTCACTGGCCAGT
GGAGAGTTGGATCTGCAGAAGTTGAAACTGGACAGTACTAGCACTTCCGAGGCACTGAATCGCACATTGGGCGAGGAGGCGCGGAGTATCAACAG
CCTGGTGGTGGGTGGAGCACCCACACCGCCGCCCACGCCCACCGCCGAACCAGAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAACAACAACCACAAC
AACAGCAGCAACAACAGCAGCAGCAGCAGCAACAGCAACAGTTTGTGGTGCTGCCAAAAATAAAGGACCTAACCTTGCCCACATCGCCACCTCTG
CCGCCCAGTTTATTCAAAGCCTATACACCCAGCACGACGCCAACTGCTCCACATACGGTGGCCGGCGGAAAACCCAAGCAGCAGCAACAGCAAAT
GCCACAGCAACCTCAAGCTGTACTACAGCAAAGTCTGGCTAAAACGAATCCCGCCAAACCGCCGCTGAGTAGCAACAATAATCGTAAGCCCAACA
GTGGACACTTTGCGGTGCCACAGGCTCCAACCCACCGGAATATGTATCACATGCAACGCTACCAGTCCACACCCAGTTCGATTGCCAGTGCGGCT
AACAAGATGCCAAAGCGATCCATGTCCCTGGACGAATCGCATCCGGCCAAGCAGGCGAGATTGAGCCAGGCTCAGGCGATGGCCAGCAGTTATGC
GGCCAAGTTGCATATGCAGACTAGCAACCAGGCCAAAAGTCAAGCGGCCGCCTTTCTGCCCAATCCCCAGATGCGATCCTATGGTCTACCCGACC
TGGGCAGCAAGCCAACGTTGCCAATGTTGTGCCCGGCCAGCAGTTCGAGCCAAGTGACGATTACGCCAAGGCCCAGAGCTACGCCGTCGATTTAT
TCCTTCTCGGAGCCAAATATCCATGTGCCTGCACTGGAAATAGTGCGATTGCCGGTGAATAAGCAGAGTGCAGGAGGCAAGGGTCTAACGATGCC
ACCTCTTAGCCCGCCGGCAACGTCCAGTGCCCGCTTGATGGGACCACCAGCGGCTCTGCCCAAACATGCAGGACATGGACATGGTGCGGCCAAGC
GGAGCTGCCAAATGCCGACAATGCCAATGCCGTTGCCGCTGCCGCTGCCCATGCCGATGACCACGATTCCGGCGATTGTCAAGTCGCCGCCACTG
TCAGTTGCGCTCAGTGGCCAGAGGAACAACAAGGGCAACTCCTCGAACTCAAATGCTTATCGCACATCACCGCCTGCATTAATAAATCTGCGCAA
CACAGCCGCTCCACAGCACTCGTTTCCATCAAAGTCGAGCCCAAAGGTGGAAGCCAATTCAAAGAAATCCCCGCCAGCAGCTGGCTGCCAAGGCA
AAACCAATGGCACTGCCGCATTGGACAAGTCCAAAACGAGTTTGCGCGAGTTTCGGCCAGCAGTGCAGTCGGCTGTAACAGCAACAGCAACCACA
TCGGTAACCACAGCAGCGGGAGCAGGAGCAGGAGCAGGAACAGGAACAGGAACAGCATTAGCCAAGGATGCCGATATACTTGATTTATCAGCTAA
CCCGGGTAGGAGCAACAATGACGCCAAATTGGCGCCCAACTCACCGCCCGCTGGCAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAATAACAACA

Sequence Listing Page 214 of 214

ATAATAATAATAATAACAATAACAACAGCACCAGCAACAGCCTGGAGGCAGCCTTAAACAAAATCAAACAGAATATATCGGCAAACAGCAATGGT
GGACCATCGACCACTTCTGGCAGTAACTCGAATGGTACAACCAACGGCGATGATCTACAGAATCTGCATATGCTCTCGGAATCGGCAACGGCCAG
GGAGAAGATCTCCATAAAGGCCGCCAGCAGTGGAAACGGCAGTGGTAGCACCAGTAGTAGTTCCGCCAAACCCAAGAATGCCAATGCTTTGGTAA
GACCACAGAATGCCTCAGTTCGGAGCATACCCAATCCATCGGCTTTGGCATTCCGCAATCAGCCAGCAGCTGCCAGCACAGCAGCCAGCATTAGC
AAACCGTTGACAGTTCGTGCTGAGGAAAAGCCGAAGGTTTCCACCAGCAATCCGGGATCATTGAGCCCCACCAACACAAGCAGCAGCAGCAGCAG
CAGCTCAAGCGGCAGCTCTGGATGCAGTGCAGCCACCTCGCCGCGGGCAATGACCAAGAAACCCACGACCATCGATCAAGTGGCGGCCAATTTGA
ATATTCGCGCCGAGGCCAAGGCCGCCGCTCTCGCCGAGGAGGCACCACCCGTTCTCAGTTCCAATGCGGCCAAATCCCCGGAGTTGGCCAAAACG
ACCACAGCGGTTGCGTTGAGGCCAGAGCCCAAGGAGACGCCCATTACCGTTTCGGCGGCCAGTACTCTGCTGACCATCCCATCCGCGGTTTCCAG
TGTGTCCGCAGTCCCGGAAACCATGGCCAAGCCACCCGTACAGATTGCCAATGCTCCGGTGGCGAGTTCCGCTTAGTCACAAGCGTTTCTTTGGC
TGTGCGGAACGCAAATGTATCTTGTGGCGCCGCTGGAGAATCTGCGAAATACCGACAGCAACTGAGGTGATGATCAACCGTATAAACAACTCCTA
TAGCGCAAGTTTTCCAAACCTCGCTCCCGAAGATGAAGTGCAATTTAATCAACCATTAGAATGGATCGTAAGCCTTAGAACTAACCCGAACAACA
CTGAGCAATATCTACAACACAGCGGAATGTATCTGTTGGATGCGAAAACCGCATCATTTGCATACATATATGCAAACATTTGCAATCGAATTAGT
ACGCGACTAAATAAATAATCCAAGCAAATTTCAAAAATGCCAGCAACAATATTCATTAATAAATAACCCAACTGTGAGAGAAAGAGAGAAGAAGC
GAGGAGGAGAATAATAATACTAATCAAAAGCGCTGGCGTTCGCTGGCATTTTCGAAAGCAGGCAAAAAAGCAACAACAAAATTAATTATAAAATA
TCAACAGCAAAATATGTGTTAAACCGCGATAAGGTCAGACGAACACAAACACATGCCTTTAGTAGATAGATCTTCTTCGGTTGGCCTTTTGCTTT
TTGGGGAAAGTCCAAGCGTAAACAAGAGAAAAAGATCTCTACTAATAAATAGCAAAATTAATTTCAAATGCGCGATAGTAAAAACCAATTTGTTT
CGAAAAAACAAACGCAGAAGAGGAAAAACCACAAACCGATACGAAAACGGAAATCGCATCAGGAATATTTGATTACAACAACACACACTCAGTGC
CGAAAGTGTTTGGCCCACACCCTGAGGAAAAACTGCCACGAAGTGTGAAAATTCGGTGGTAGCGTTGGTGGTGGTTGGGCTAGCTGCTAGATTTT
TCGAAAGGAACACACTCGCGTATAGCGAAAGATACAGCCCGATACCCGATACCCGATACACACTCACGTTCCTCATCGGGGCGATAAAATTTTAA
CGATTTTGCGCCGCTTTGAGCGAGCGTGTCAGGCATAAAGATACAAAACAATACTTGGGCATATATAAACAAAAGCAAACAAAGCGGAATGAAAA
TAATGAAAATAACAAGCTCGCACTGGCACAATGCGTATATTTCTATACATATACCCAAATAAATATAAACACATATTTATATATACGAATATATA
TATATATATATCTTGTAGATACCTTGTCGCATTAGTTGTTTAAGCGAGTTACGTTTAATTGCAGCACGAATTTTGTACATAAATTTAAAAATCGA
AGCCAGGCGAAAACAAAATGCCAACCCAGCACACAGCACCCAGCAACTTGGAAATGAATTTTAATTTTTTAGAGCTTCGACCAAATGAAATACTA
TACACATAAACACGAACACACACGCATTATGCAAATATTGATAAACTTCTTCTTATATTTACGATATTCGTACACTCGAAAAAGGCTTTAGATTT
TCGTACATTTATTCTCAACTTGCTCTTAGCTGATATTTTTTGTTTTGTTATCTTGTATATGGTCTGTACATATTTTAAGCAAAGAAAAAACTTTA
AAGTTTATGAGGGGAGCAAAAAGAAAAACCCTAAGTTATATGAGTTTCTTAGAGGAATAGCTGGAATTTAGAATTGGTACATGGTGGCAGATCCA
CCCCATTGTTTATTCGTATCTGTATCTTATTTTTGCAACCCCTGTCTGCTGGCAGCATCCCCCTCATGATCGGCGAAAAATTAACATAATTTCCA
GGCAATCAAACAAATTGAAGGCCTCGGATCGACCTCCAGCTATTCCAATAATAACTTTGGCTCCGACTCCTGATTGTTGTATATTTATTTATTCC
TATTATTGAAATATATACATTATCTATATACATATATCTAGTTGTATATGCGAGAAAAGGCTCGACTTATTTAAGCTGATATTGTACTGTTCGGA
TACCTTAACTAATTAAACCTATAAATACTTAAATATAACGCATATATATATATGTTTAGAAATCTGATTGTATGCACATCTGTATGTAATACTGT
TAGAAAACCCTCGAAATGTAATCCAAAAAACAAAAAAAAAAAA
(SEQ ID NO: 395)

Start ATG: 150 (Reverse strand: CAT)

MHLQNTHNTMESNAAMDAASPASRDVRQFHDLITCRLCRGYMIDPTTVDYCYHTYCRSCILKHLLRAVYCPECKASGGKEINELNLKSDDTLRSL
IYKLVPGLYQRECKELADFKEQHDLVDEQTTDEPEFFTTTELISLSLEYHPAMLHQCGPGEVPPTIYLQCAAGLPVELLKRFLCSKYNIETDNGL
VEVEVTYKDEVLPTNFTLMDVAYCYNWSRESPMAFCYRILLYDNEQTKNDENNLSRINQDIEPEHSVRRSKSAKSVTFAEDLESEIDSGSPRSKV
RCKTPPKVSPSSKNKRLTSSKREAEPESPVSNFKSLRSNDMRYSDYAVSKVKSEPEQEQFLLPREREQQPLEANTNIVVSIPPSQLRKSYVDAED
FELKTANRKGVGHLPKLKIELNSMKSKLSMPLSAGPRLEDTSCSLSCSAQQLDLETYAKNIGLKPIEQPLQQSASNPDSKYSPNASPMSSCSSST
NGSSSSLGTADASTSTSTSSSHRKRKKKHSKEPKDANGKRKKLHAEISSQTDGKMKVKITAKPNHKLDFKRSHSLASGELDLQKLKLDSTSTSEA
LNRTLGEEARSINSLVVGGAPTPPPTPTAEPEQQQQQQQQQQQPQQQQQQQQQQQQQQQQFVVLPKIKDLTLPTSPPLPPSLFKAYTPSTTPTAPH
TVAGGKPKQQQQQMPQQPQAVLQQSLAKTNPAKPPLSSNNNRKPNSGHFAVPQAPTHRNMYHMQRYQSTPSSIASAANKMPKRSMSLDESHPAKQ
ARLSQAQAMASSYAAKLHMQTSNQAKSQAAAFLPNPQMRSYGLPDLGSKPTLPMLCPASSSSQVTITPRPRATPSIYSFSEPNIHVPALEIVRLP
VNKQSAGGKGLTMPPLSPPATSSARLMGPPAALPKHAGHGHGAAKRSCQMPTMPMPLPLPLPMPMTTIPAIVKSPPLSVALSGQRNNKGNSSNSN
AYRTSPPALINLRNTAAPQHSFPSKSSPKVEANSKKSPPAAGCQGKTNGTAALDKSKTSLREFRPAVQSAVTATATTSVTTAAGAGAGAGTGTGT
ALAKDADILDLSANPGRSNNDAKLAPNSPPAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNSTSNSLEAALNKIKQNISANSNGGPSTTSGSNSNGTTNGDD
LQNLHMLSESATAREKISIKAASSGNGSGSTSSSSAKPKNANALVRPQNASVRSIPNPSALAFRNQPAAASTAASISKPLTVRAEEKPKVSTSNP
GSLSPTNTSSSSSSSSSGSSGCSAATSPRAMTKKPTTIDQVAANLNIRAEAKAAALAEEAPPVLSSNAAKSPELAKTTTAVALRPEPKETPITVS
AASTLLTIPSAVSSVSAVPETMAKPPVQIANAPVASSA*
(SEQ ID NO: 396)

Name: SUPPRESSOR 2 OF ZESTE PROTEIN
Classification: transcription_factor
Gene Symbol: Su(z)2
FlyBase ID: FBgn0008654

Celera Sequence No. : 142000013384592
CTTGACCAAAAACAAAGTGGCCAAGGTGGCTTGCTTCGCTGAGTGGGTGGATGGTGCAGCAGGGCGCAGATTTGCCGACACTTTTTACTACGCGA
CTTTCGAACTGGAGAAAGCGGCGCGACTCGACGCGAGAAAACGAGAAGCGCGAACGGAGAGACGAGACGAGAGATTTATTTGGCTGCGCGGCTTC
GTCTCTTCGGCTTTTTGGCGCTCACAATTATTGCACCACCACAGGCACTCGCTCACGTACATACATTATACATATACACAGATATCTGTATTGGA
TTTTTTTTCCAAAGTTTGGATTTTGATGATATCCTGCGGGGTATACAGCGATTTTCGAACTGGCTTTGAAACTTGAAACTAAACTTTATGGCCAG
CCAAAAGCACTTTAAGCCTTTTAAGTGTGAAAATTAATATTGCACTTTGAGTTGGTACTGGTTTTCCCTTATGTGTTTTATCGGTTTAGCGGATT
GCATTGGGCAGAATAGAATTTTCGTTTGGACGCGATTTCTGCTCGGAACGCATCCACACTCGCCAGATTCTCGCCACGAACTGAGTGCGCTCTGT
GGGGCCAGATAGCTGCTCTTGGGGCACGATTCCTTGATACCTCGCCATTCGAACTTGCTTCCTCTCAATTCGAATTTGGCCAAAACCGTTGGGGT
TGCTTTGAGCCAGTGATGCCAGATGGGTTCGTTACCCTCTGTTAACCGCTTCCACAACAACGCTAGCGGTTCAGAATGTTGGCAGTTTGCAGAGC
TATCGATATAAAGGTCAAAGTGCAACCGTTCTGAATTGCCGCCCTGTTTTCAAATATAAAGCGGTTTATTTGAATCCTAATGCATTCAACAAGGT
AGTGTCTAAAATGTCCTACAAATAGTATGTTTTCTGGTTATCTTCAGTCGCATATTTTTGTATACTTGTTTCAAGACATGCAATATTTTATGACC
ACATTTACCACGTTGCGCACCTAATGATGAATCCCATTGAAAATGAAACATTTGAATTGATTTCAGTTTTATTTACAAAAGTATATATAGTAGCA
TATGTGCCATAGTATAAGACCACATATACTTACACACACACACACATACATAACCACATAGGAACAGCCATACACAAAATCATAGAATGCCCTTA

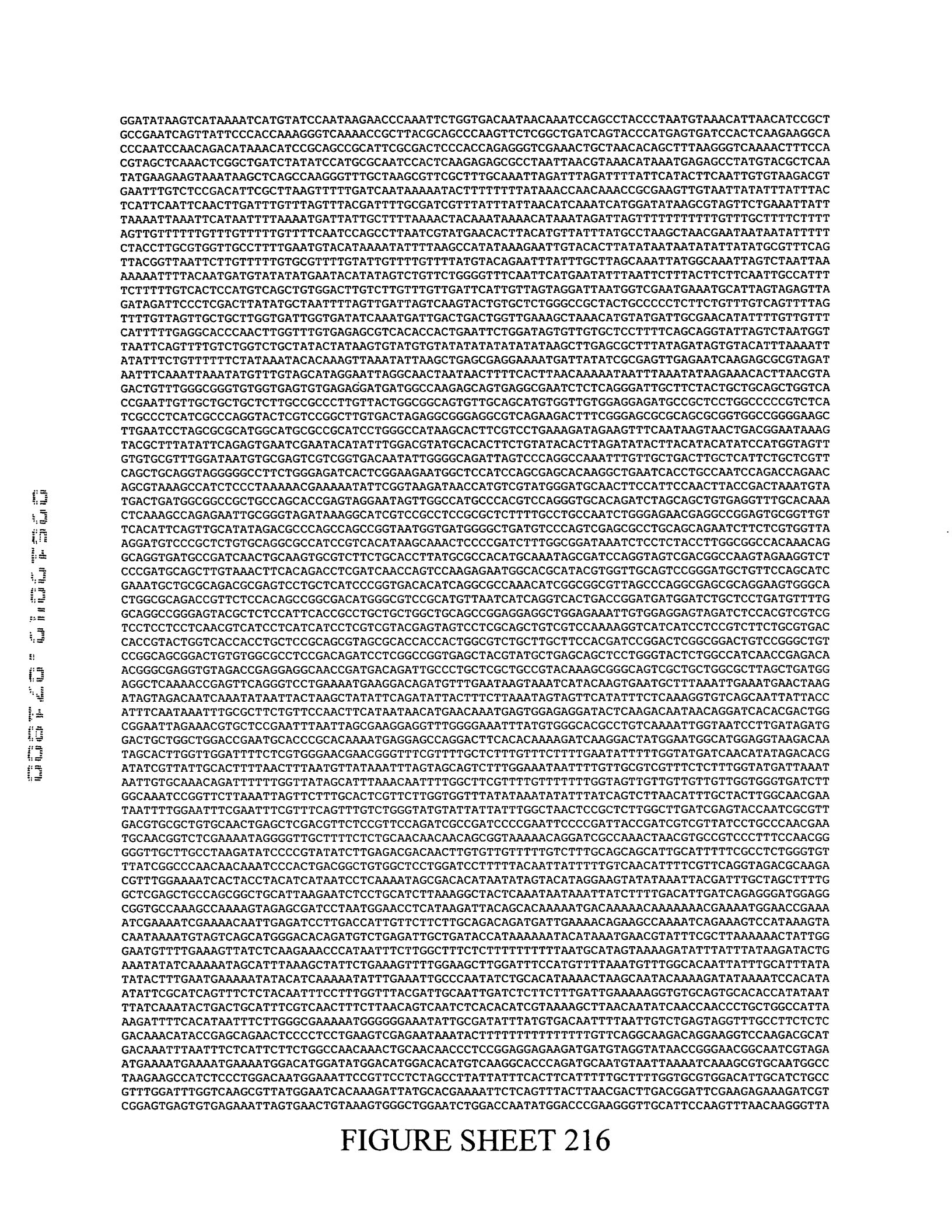
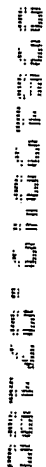


FIGURE SHEET 216



AACTGGGTGGTTGCCCTTAAGCCACCGCCGTCGCCGCTGCCTTCAAGGATTTAAGTCTCAACTCCAAGCAGGCAGCTGCTGCAATCGTCCTTCGC
ATCTCGATCAGCTCCTTCAAAATCGAAGCCCACAAGGAAGGCACCCAAAACATCTCTCGAAATCTCACTGGGAGGGAGACCATGGGTCGCCGGCG
ACAGATGATGCAGTTCCTCAAGTTATGGGTACATACAGAAAGCAGACAAGAAGCAATTCGATTGTTAGGCGACAACCTCTGCTGCGTCGCCGACC
TCAATACTCGATGTCCTGGTGCCCCATTGTGTCGCTCTCCCTCTCCTTTTCGCCTACCCTATAAAGTCCTGCGCTTATGTGTCGTAATCTTTCGA
CGGCCGTCTGCTCGAAACCGAAACACCTTTAGTTTTCAGACCTTGGCGTGGGTCCAGGTGTAACTTTTTCACCGCTGTTTTCGTGTAATATGCTG
CATTGTTGTTTCCATTTATTTTTCTTTTCTTACAGTTTTTTTCTTTTTTTTTCAATTCTCCCCCAAGTCCTTTGATAACATTTAATTTCATACTA
CAATGTGCGGTAGTTGTTAATATTTTTACAGTTTGAAAAGATTATGATTTTCTTGAAATTCAGGATCAAGCTAGAGGTTTTTTCTTCAGATATTT
CATTTTTCATGAAGGACTCATAAAAGTCTGATGATCGTTCAAAATTAGCTAAAGTCCTGTCTACTTTTTGGGACATCGCTGCTGCTCTGCTTTTA
ATAAATGATATGCAAACAACATGCCAGTGGACAAATCCCCGAAGGACCATAACAAACACTCATATTTCAAACCAATTCAACTGACCCCTGGTCAG
TCCAGAAAGGGTTAATCCAACACAACACTTTCGCGGTGACATTGCTGGTTTTATCATCGCGGAAAATGGAAAATTCGGTGGGTCAGGGGGACGTT
GAAATTGCTTGGACATGTAATTAATCATGCAATTGGTTAGATCCATGACAAAACGAATTAAAGCATATCACATTGGTGAAACGGGAGGAGGGTAA
GTGGACAAAGGACAAACCGCGAATGAATTTTGAATGCGAAAAATGAATTTTGATTAATTGTCAGGAAAGACAATTTTCTTTAGGGGATATGCCAA
CTTCTTAGGTGTAAGCCTTTAATAATTGAATATCTCTTGATATATTTACTGCAATTACGTTTTCCCCTGTTTTATCTAATAATTTACCTTTTAAA
ATTATCTGCTCAAAAACTAGTTTCTTATCAGTCGAATCTTAATGTAATTAATCTGAAAACAGATCGCTGCCCAAGTTTACCATTATCTCTTGTTT
ACCTCCAGCTAAATAAAATCCTCTGTAAAATGAAAAAAGAAAACTTTGAATTACAAAGCAGGCGACGCATGATCCCAAATCGGGATGCAATCTGG
GAAAGTGAAACTTGAATTCAGTTTCCCACAATATCCCGATACTGACTTGACAGAAATCAAGACCCACACTTGATTGCATCGAAAGGAAACCCGAG
CGAAAGCAAACCCAACTCCCCTTTTCGGGACAAAAGAAACAAAGAAGTTTCCCAAAAAAAAAAAAATAACAAGGAACTTTCGGCGATTTCATGCCT
GCCATGTAAGGAGTAAGAAAAAGGGGTTTACATTACACTGACAAATTGGTAAAATAATACCATAATTTTGATCCTGTGCCAGCAGCAAAACAAAT
ATTGTATAATATTTCAAGACCGCATTCCGATGCAGACGCGTTCTCCGTGTCCCGAAAAGCAGATGACACAAGAGTTTTAAGAAGGAAAAGCCTGA
TGATTTGCATAAAAGTTTAACGGAAATCTAATGAGCAGACGTCGCAGGATCGGCCAAGGCATTTGCATAAGGATAACATGTCCCGAAACGGGGTA
GCAAAATGCAACCCAGTTGGAAAGAATTTTTTTTGTTATGCTCCGAATCTTCTGCAGAAGCAAATGTCGTCTCGATGAATATTTAATTAGAGACG
AAAAGAAAAGGGAAAAACTCGGCCCAGTGATCCTTGAAAAGGATAAGGCGTTGCTCAACCCCTCCGTCGGTTCGTTCGTGTGTTGCGGTTTCAGC
TCTGTCCCATTCCGGTAGTCACCACGATCCCTTACCCATCACCGTCCCCCCATCCCGATGCCAATCCCTTAAACTGTCTTGATCTAGTTCTTCTG
CCTCAAGCTAACCTATAACTATCGCAATTTCAAATTCTTACCACGGCCCTAACGGACATTTGCCGACGCCTTGACTTTTGGAAAAACCCACCCCT
GGAGAACTCGGACTTGGACTCAAGGTGTGCGCGCATGCGCAACGACGCCTTCTGTCCTTGTTCTGCGTCTCCTGCTCCTGCGCCTGCTTCTGGTC
CGGCTCCTTTGTCCTGGCATGCATATGCTCGGCATACTGCCAAAGACCCCTTCGGGGAATTCCCTTACTCAACAAAGTTCGCCTGAGAGGGGGCC
AGACATTTCCTTGCCATCCACTTTTTTCGTACCAGAATGACATTTGTTTGGCACGGAAGCAGGCGCAAAAACCATTGCAAAAACAAAAAACTCAA
AAAAAAAACAGCAAAAAAAATAACCAAGGCAGATATCATTTGTTTGGCAACAGACTGTTTGTATACCCTGGTCACTACATTTTAATTTTACGATA
TATTCTCAGTACAAACCAAGGCACCTTATAAATAATATAAATTTCTATATTTCCACTTTATCAATAAGATATGCTGAGTTCTAAAACAGTCCTTT
TAACATGCCTAAGATTTAATATATGAAAACTTATAGATATTCATAATCTTGCAAAGATAAAGATACCCATCTAGAGGGTACCAAACTATCAAACA
AGAAAACAATTTCTGCAAGTTCATTGCACGTATAGGAGAATATTCTCTCCCCTACATACATATTTCATATGGCACTGGAGAAAAAAATCCTTTGC
ACCAACACAGCTGCCCATCGTGAGGAGCCGCCAGGAGATGAGAAGGAAGCCATTGTTCTCCGCCTTGATTGCAGCTACTTGAGAGGAGATCTGAC
TTCAAGGCTTCCAAGGATGCTGCTAAATGAGCCCTTTTCAGTAAGTAGCGTTTATTTTTGGGCTCATCTTTGCATTGTGCCCGCGCAAAAGTGCC
AAGAAGTAGCTGTCTACGTGCTCAACGGCTTATTTGGCCAAAACTCAAGCAGCGAAAGATCAAATGAAGATCGGCAGCCAAACGAGTGGAAGCCA
CCAAAGGGCTGTCCATTCAAATGGAAGTACAAATAAAAGATCGTTTGCCAAACATAATAATAAAAATGGAGAATTGTTTAGCGATCGCTGATCAA
TGAAAACAATTGGGAAACTATAATCAAATAGATAAATATATAAAATGGCTATTGCTCAAATTCAAAAAGAAATATCACCTGCACGGTTCAAATAT
GTATGTACATTGTTTAGTTATAATCTCAAATTTACATTATTATTATTAACAGAGTTCACAAGCAATCAGATTATTCAGCTTGGAAATAAATCTTT
GAGCTTATAAACAGCCTAACCTTCAATTAATAGATTAAATTAATAGATTCTTATTTAGGCTAAAATGAAAGTGGCAATCACTGATCGACGAGAAT
TTAGAGAACAGAGAATTCCCAGAGTTCAAGAGTTCGTTAAATAGAAACATTTAATTAATTTCAAATGCATAGGCACTTTTTGAAACACACTAGAG
CTAATCATCGGCTTCCTAGAATGCCAGAATGCCTCTTGCCATTTCCCTGATAAGATTGCAAAAATCAACGAGGTCACATGACATGATAAAGCACT
TCATTCATAAAACTTATCTGCGCTGTGTCTGGCTTTATGTTTAAATTACGATTCGTTTTGGATTACGTACCTCGTTTGAATCGCTGCTTAAACGC
CGTTTACGTTTATTGCCATTGGAAGTCGCGGCTGTGGATGCTGCAAGATTCTGGCTATCACAAGAGCACATCTCGTCGGTTCTGGAGGCTGCTGA
GGTTCCTGGTAGCTCCTCTTCACTTCGTTGCGACGCTGAAGAGAACGATGTTGATGGGATTGGATCTGGATGTGGAAGGATAGCGATTGGGCTAT
CGCTGCTGCTACTGATACTACTGCTGCTGACGACGACGACTATGCTGCTGCTCACTTCTCCGTTGCTGGGGGCGGTTGTGACTATGCTGCCATTT
GGCTCAGTGCTGCTGGTAGAACAAACACTGCAAAAGAAAGTGAGTGGAATTAGCAGTGGGGTACTAAATAATAATACTAAATAATTTAAATTATA
TAGTTGAATGTCCCCAAAGAGCAGCTATTTGATAGAATACTTCAACATAGCTGCCTATATTTTTGTAGATTTAAAAGACATGATTGTATCAAAAA
CCCTTCCATTTAAAGAATCCCCCATATTTTTGTAAACCCAAACCCAAACTCTGGAGCGCAGTTATTTCCAATTTCTCCACTTTTTTTTTTTTTTT
GCAAAATAGAGAAATTCAATATGCCACGGAGGCAGGGCAGCAAATCACATAGGGGCGTTCTAAAATAGATACAAACGAAACGAACATAAATTCAT
TGAATTTTGACACGGCATTCGAATTTCGAATCGCGATGCAAGACTCGAGATTAAGGCGCCCAACGGATATATTAATATTTAACATCCGGGAAATT
GAAATCGAGATGACTGATCGGGGGGGGAAATGGAAATGGAAATGGGATCGTTGTGAGGGCCCCGGGGAAAGCCTTTCCTCCTCGAGATTGAGCAA
TTTTGGCAAATTTGCATGCACATTAGCATAATGCAGGAGGCTGGCAAACGGGAAGAATACAATTTTCCATACTTTCCAAAGGACAGATGTTATAT
CCTTGCGTCGCAACTCTCAAGTGTTGCGATCCAAGCAACTGCACTTTAAGCAATTCGATGCGCGAATTTTTGCAATTTGAGCGAGGAGCTCAGGA
GAACGAGAGAAAAAAAAACGAAATCTAACCCTTGGGACCAAAAACCCTTCTTAAGGAACTCGTGAAAAGGGATAATAGAAAAAAAAAATAAAAAA
GGGCTGCTGCCCATACATAAATTCAAATGCTTTAGCCATTTCTTTCTTGGCCAGAGGCTCGGCATTGCAGCCTCCTGTTTTGATCCTTGCCCTGC
ACTATCGATCGGGTTTAATGGTTTAATGAACAAGAAAAAGTAATCACGTAGTAAATTACGAGGAAATGAAATCGCTTTAAAAATGAGTTATGGCG
AGAAAGGACTAATGGAGCGTACGTGCACGCGGCCTGCAACTTTTTCCCGCTTTCTTTCATTGTACTCAGGGTTTCGGGGTCAGGGGTTTCCAGTC
ATCTCCGCGGCTTAAGGTTCAAACTGAAATTTGTCATTTCGAGGTGAAAGTTTCCTTTCCTTTGCGGCAAATGCAGATACTTTGTTTCGGTTTCG
TTTCCCCTTTTCTATTCCGTTTCAAATCCGAATCCCTGTAGGTAGCAAAAGGCTAGGGTGACTATCTCGGAGATGATATGATGAAAAAATTCGAA
GAAGTATTTCCTGGAATCTGGTCCAGTGGATAATAAGTGGACTATCGAAGGATCGATCTTTCTCACATGATAAATTATAAAGCAACGGCGACTTT
TCGATTAGAAATTAGTTATTTATGCGTTTAACTTGGTATCAACGAAACAGTTATGTTTCGGAATTTATGTGTTTGATCCTAAACTCTTAAGGTTA
CAAGAATTTTGTCATTTTTTGAACATTTTTATGTGAGTTCCTTGTACTACTTGTACTACCATGCCCTCAAAAGTATGCAATGGAATCTGGAAAAC
CTGAACTTCCGTGACATTTTTTTGATAAATTCCGTTATAGATGGCAGGGAAATAGCTTCGCAACACATACCAATAATTATGTCGCACACAAGCTG
ACCACGAAATATGTCCATAAAATGGACTATCACTTAAGTGATCGCAGTGATCAGTGGGTGATGATGATGATGATGATGATGTTGAATGCCAA
AACGGGGACGCAACTGACAAAACCAAATGACTAGGCAATTATGCAATTATGGTCATGCGCAGGCAGCTACTACAAGCAAAAAGAATGAATATATA
GTGCAGGGTGAAAACATATTAAACTCAATTAATTTTTGTCCAGGACATGACTGCAAAAGCCACAAAAAGTGTGTGTCTGCAGTGACAGCATTATC
AAGAGCCGACCAAACAAACCCCCTTCATAACCCAACCCCCTGAATGACCAAACTGACCTGAACCGTCCCACAACTAAACACTTTTCTAATGACAT
TTTCGCGCGCAATTATATACTAATCACACGCAGGACCTCGGAAAGGTCCTGTAAAGGTATGCAAGAGTGTTGAGGAATGCGGCACTTGGTTATCA
ACGCTGCCTCGACTTTAACACCTACAAACAGATGGCTTTTTTTTTTTTGTTTTGAAAATTGACAGTGAAAATGCATTTTAGATTATCGCACTTGA
GTCAGAAGGTTGGAACAGTAGGATCCCGAGTGGTTATAGCTCCTGCGGGTCCAACTTTCCCGCGGCGTATTCGGGCATAACCAGTTGGGCTCTGT
CGCTTTATAATTACGAAATAGCTATTAGATAAACATCACTTTTGGTTAAGAGAATTAAAGGGAGACGCGCTGCCTACCAGGATAGTGTTGTTAGT
GGTTAAAAAGGAAGTCGATCGGATGTCGCCACAGGAAGTCGCCGAGCGTTAGAAACAAATGGTAGCTCAGTCCGTTGGGGAGTCAGTCGCCTCTT

FIGURE SHEET 217

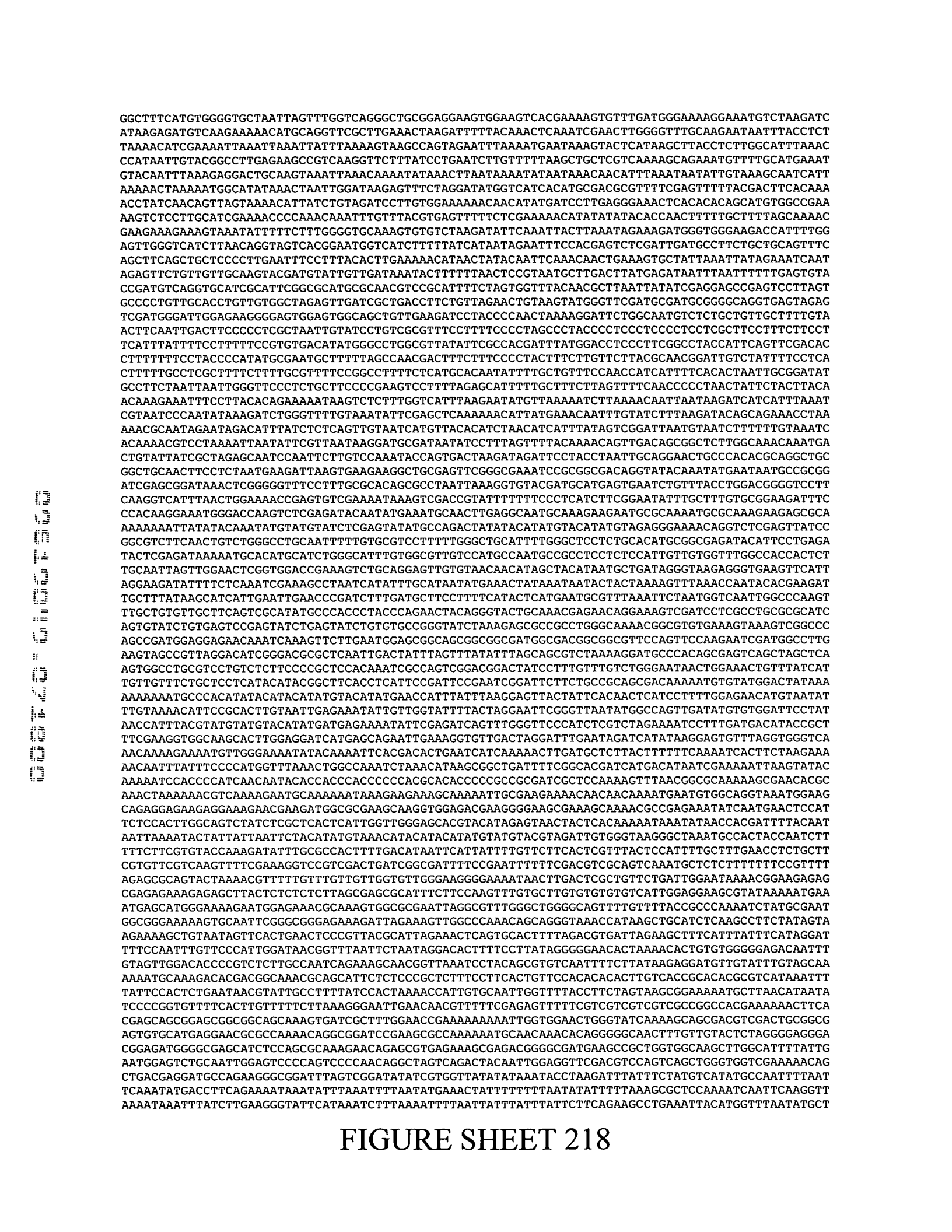


FIGURE SHEET 218

TTTCTAGTAGTTTTTATGAACTGCAGCCAAATAACATATGACAAGATGACTGAGGTCGAACTAGGTGGTAACGCTGCTTTGAAACCAAACAAACC
ACTGCCACTTTGTTGTTTTCATCGATTAACATTCGAGCATTTTTGGCACCAACTTCGAGCGCTTATAAATCAGGTAAGCTAAATGAAAAACCATG
CGTGCCTATAACCAATTGAAAGATCAAAACTCGCAGAATCTGATTTTTCACTAAAATCGAAAATCCCGTTCAATTCGGCCAAATTAGAATCGATT
GAACTTGATGATTTCCCGCGCGCGGGAACCCGACGTCGGCGCGCGCTGCTGACAGCGATGACAGCTGCGCGCGCAAAGAGAAGGCGCGGAAGAGA
GCGCGAGAGGGGCAGGGGAACAGAGAGAGAAAGAGGCAAAAACGTCGACGTCGCTGCTCACGTTTTTTTTCCATTACTTTTCGACTGCTACAATA
TCGATGGAGAAAACGGGGTCTAAAGGAAATGGCTTAAAAAGCAAGTTCACGAACTTTTGAACCCTGCACCTGCTGCAAATCGAATGGGCCAATTG
GCCGGCATCACTCACCTGCTGTTGGGCAGGATTCGGGCAAATTCTCAGCGGGATTGCACACTGAAAAACACACGCGGACTGGAATGGTGATGAAA
AAAATTGCACACACCGCCGCACACATACACACGCACGCCAGCCAGCAAGACAGTATAGCCTCCTTTTTGTCACCTTTTTCGACAGATTTATCGTG
GTTCTGCGGTCTTTTTCACGGCTAGCTCAACCCCACGGCAGTCAAGGCCAATTCGATGCGATCCCCGCGATTTTTCAGCGACTCCAAAGTAACAC
AATGATCGCAAGTGGCACTGTGACGAGATCGAAATCGAGAGAGCGATGAAAGAGCAAAAAAAAAGGCCATAATCATCTGGCCACACGGCGCAAAG
AGAGAGTCGGAGTTTAGTGGCAGCGGCGTTGCCACTACGGCCGATCGCGTTGCGGGATTTTTATTGGCGCGTTATTCAAATTTTGAAAAATAACT
TCTATGTTAGCCTGACTTTTACTGCTCTGCATATTTAGTTCACTATTTTTCCGGGCTGATCATATCTGGAAATCGGGTATTTAAAATAATAAAAG
ATGTGCAACGTGCTTAATGTTAAATGGGGTTTTAGAAAAGAAATTGTATTATATAAATTTTGCTTTGATTGTTCGATTAACGGATATTAAATAAT
TGGATTTTCCGTTGGGAGCGTAATTTGAAACGCATATTTGATACGCTTATATTGTTTTTGTTTTATTGTTATATTCTTGTTTTTATCATGCGACT
ATCTAGTAATTAAATTCAAACAGAATACTCAAGTAAGAATTTTGTATTTTAGGAAATACTTAAAGTATTTTCACTCGATTTAATTTTTGGCGCAC
TTTTCAAACAATAACGGATGTCACTCAAATGATTTAATGGTTTTCAACTTTAATGCTCTTTTTTTGTTGCTTAACTCACATATTGATTTTGTTTTA
TTATAGCAAATTTCGTATAATAAATGTTAGAATTACACGAACACTTTACTTTTCGATTTGAATTTGTTTGATTTTAATCCACCTCACTGAATTGC
AGATTTTTTCGGCGTGCTGTTATTTATCCACAAAATAATAATTTTTAGGCAGTAATAACTAACAATTAGCGAATATTTGTCTTTAGGGAACTTTG
CTAATTTTCATGTTCATGCTAATGTTAGCTATTGGTTTTGAATTTTATATTTAATATTAAAAAGTTAAATAATTAACTTCTGATAAATATTTTTT
AATATAGCTTGTATTTTTAGAACTCTTATTAATTCACTCAATCACTTTTGATAATAAATTTCCTCACACAAAC
(SEQ ID NO: 397)

Exon: 22253..21961
Exon: 15027..14900
Exon: 12092..11756
Exon: 4964..3694
Exon: 3627..3402
Exon: 3284..1701
Exon: 1036..1001
Start ATG: 14919 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT13013
TCACAGTGCCACTTGCGATCATTGTGTTACTTTGGAGTCGCTGAAAAATCGCGGGGATCGCATCGAATTGGCCTTGACTGCCGTGGGGTTGAGCT
AGCCGTGAAAAAGACCGCAGAACCACGATAAATCTGTCGAAAAAGGTGACAAAAAGGAGGCTATACTGTCTTGCTGGCTGGCGTGCGTGTGTATG
TGTGCGGCGGTGTGTGCAATTTTTTTCATCACCATTCCAGTCCGCGTGTGTTTTTCAGTGTGCAATCCCGCTGAGAATTTGCCCGAATCCTGCCC
AACAGCAGTCCTCTTTAAATTGTACATTTCATGCAAAACATTTCTGCTTTTGACGAGCAGCTTAAAAACAAGATTCAGGATAAAGAACCTTGACG
GCTTCTCAAGGCCGTACAATTATGGGTTTAAATGCCAAGAGTGTTTGTTCTACCAGCAGCACTGAGCCAAATGGCAGCATAGTCACAACCGCCCC
CAGCAACGGAGAAGTGAGCAGCAGCATAGTCGTCGTCGTCAGCAGCAGTAGTATCAGTAGCAGCAGCGATAGCCCAATCGCTATCCTTCCACATC
CAGATCCAATCCCATCAACATCGTTCTCTTCAGCGTCGCAACGAAGTGAAGAGGAGCTACCAGGAACCTCAGCAGCCTCCAGAACCGACGAGATG
TGCTCTTGTGATAGCCAGAATCTTGCAGCATCCACAGCCGCGACTTCCAATGGCAATAAACGTAAACGGCGTTTAAGCAGCGATTCAAACGAGGA
CCCTGAACTCGGTTTTGAGCCTCCATCAGCTAAGCGCCAGCAGCGACTGCCCGCTTTGTACGGCAGCGAGCAGGGCAATCTGTCATCGGTTGCCT
CCTCGGTCTACACCTCGCCCGTTGTCTCGGTTGATGGCCAGAGTACCCAGGAGCTGCTCAGCATACGTAGCTCACCGGCCGAGGATCTGTCGGAG
GCGCCACACAGTCCGCTGCCGGACAGCCCGGACAGTCCGCCGAGTCCGGATCGTGGAAGCAAGCAGACGCCAGTGGTGGTGCGCTACGCTGCGGA
GCAGGTGGTGACCAGTACGGTGGTCACGCAGAAGACGGAGGATGATGACCTTTTGGACGACAGCTGCGAGGACTACTCGTACGACGAGGATGATG
AGGATGACGTTGAGGAGGAGGACGACGACGTGGAGATCTACTCCTCCACAATTTCTCCAGCCTCCTCCGGCTGCAGCCAGCAGCAGGCGGTGAAT
GGAGAGCGTACTCCCGGCCTGCCAAAACATCAGGAGCAGATCCATCATCCGGTCAGTGACCTGATGATTAACATGCGGACGCCCATGTCGCCGGC
TGTGGAGAACGGTCTGCGCCAGTGCCCACTTCCTGCGCTCGCCTGGGCTAACGCCGCCGATGTTTGGCGCCTGATGTGTCACCGGGATGAGCAGG
ACTCGCGTCTGCGCAGCATTTCGATGCTGGAACAGCATCCCGGACTGCAACCACGTATGCGTGCCATTCTCTTGGACTGGTTGATCGAGGTCTGT
GAAGTTTACAAGCTGCATCGGGAGACCTTCTACTTGGCCGTCGACTACCTGGATCGCTATTTGCATGTGGCGCATAAGGTGCAGAAGACGCACTT
GCAGTTGATCGGCATCACCTGCCTGTTTGTGGCCGCCAAGGTAGAGGAGATTTATCCGCCAAAGATCGGGGAGTTTGCTTATGTGACGGATGGCG
CCTGCACAGAGCGGGACATCCTTAACCACGAGAAGATTCTGCTGCAGGCGCTCGACTGGGACATCAGCCCCATCACCATTACCGGCTGGCTGGGC
GTCTATATGCAACTGAATGTGAACAACCGCACTCCGGCCTCGTTCTCCCAGATTGGCAGGCAAAAGAGCGCGGAGGCGGACGATGCCTTTATCTA
CCCGCAATTCTCTGGCTTTGAGTTTGTGCAAACCTCACAGCTGCTAGATCTGTGCACCCTGGACGTGGGCATGGCCAACTATTCCTACTCGGTGC
TGGCAGCGGCCGCCATCAGTCATACATTTAGTCGGGAGATGGCTTTACGCTGTTCTGGTCTGGATTGGCAGGTGATTCAGCCTTGTGCTCGCTGG
ATGGAGCCATTCTTCCGAGTGATCTCCCAGAAGGCCCCCTACCTGCAGCTGAACGAGCAGAATGAGCAAGTCAGCAACAAATTTGGCCTGGGACT
AATCTGCCCCAATATTGTCACCGACGACTCGCACATTATCCAAACGCACACAACTACCATGGATATGTATGACGAAGTGCTTATGGCCCAGGATG
CGGCGCATGCCATGCGCGCTAGGATTCAAGCTTCCCCGGCCACCGCGCTGCGCGCTCCCGAAAGTCTTCTGACGCCTCCCGCCTCTAGTCACAAG
CCGGACGAGTACCTGGGCGATGAGGGCGATGAGACGGGGGCCAGGAGCGGCATCTCCTCCACAACCACATGCTGCAACACTGCCGCCAGTAACAA
GGGCGGCAAGAGCAGCAGCAACAATTCGGTGACCAGCTGCAGCAGTAGAAGCAATCCCTGAGAGATTCGCCTCACTGCTCTTGGCCATCATCCTC
TCACACTCACCACACCCGCCCAAACAGTCTACGTTAAGTGTTTCTTATATTTAAATTATTTTTGTTAAGTGAAAAGTTATTAGTTGCCTAATTCC
TATGCTACAAACATATTTAATTTGAAATTATCTACGCGCTCTTGATTCTCAACTCGCGATATAATCATTTTCCTCGCTCAGCTTAATATTTAACT
TTGTGTATTTATAGAAAAAACAGAAATATAATTTTAAATGTACACTATCTATAAAGCGCTCAAGCTTATATATATATATATACACATACACTTAT
AGTATAGCAGACCAGACAAAACTGAATTAACCATTAGACTAATACCTGCTGAAAAGGAGCACAACACTATCCAGAATTCAGTGGTGTGACGCTCT
CACAAACCAAGTTGGGTGCCTCAAAAATGAAACAACAAAATATGTTCGCAATCATACATGTTTAGCTTTCAACCAGTCAGTCAATCATTTGATAT
CACCAATCACCAAGCAGCAACTAACAAAACTAAAACTGACAAACAGAAGAGGGGGCAGTAGCGGCCCAGAGCACAGTACTTGACTAATCAACTAA
AATTAGCATATAAGTCGAGGGAATCTATCTAACTCTACTAATGCATTTCATTCGACCATTAATCCTACTAACAATGAATCAACAAACAAGACAAG
TCCACAGCTGACATGGAGTGACAAAAAGAAAATGGCAATTGAAGAAGTAAAGAATTAAATATTCATGAATTGAAACCCCAGAACAGACTATATGT
ATTCATATATACATCATTGTAAAATTTTTTTAATTAGACTAATTTGCCATAATTTGCTAAGCAAATAAATTCTGTACATAAAACAAAACAATACA
AAACGCACAAAAACAAGAATTAACCGTAACTGAAACGCATATAATATATTATTATATAAGTGTACAATTCTTTATATGGCTTAAAATATTTTATG
TACATTCAAAAGGCAACCACGCAAGGTAGAAAAATATTATTATTCGTTAGCTTAGGCATAAATAACATGTAAGTGTTCATACGATTAAGGCTGGA
TTGAAAACAAAAACAAACAAAAAACAACTAAAAGAAAAGCAAACAAAAAAAAAAACTAATCTATTTATGTTTTATTTGTAGTTTTAAAAGCAATA

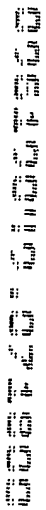
ATCATTTTAAAATTATGAATTTAATTTTAAATAATTTCAGAACTACGCTTATATCCATGATTTGATGTTAATAAATAAACGATCGCAAAATCGTA
AACTAAACAAATCAAGTTGAATTGAATGAGTAAATAAATATATACTTTTGTAAATAAAACTGAAATCAATTCAAA
(SEQ ID NO: 398)

Start ATG: 402 (Reverse strand: CAT)

MGLNAKSVCSTSSTEPNGSIVTTAPSNGEVSSSIVVVVSSSSISSSSDSPIAILPHPDPIPSTSFSSASQRSEEELPGTSAASRTDEMCSCDSQN
LAASTAATSNGNKRKRRLSSDSNEDPELGFEPPSAKRQQRLPALYGSEQGNLSSVASSVYTSPVVSVDGQSTQELLSIRSSPAEDLSEAPHSPLP
DSPDSPPSPDRGSKQTPVVVRYAAEQVVTSTVVTQKTEDDDLLDDSCEDYSYDEDDEDDVEEEDDDVEIYSSTISPASSGCSQQQAVNGERTPGL
PKHQEQIHHPVSDLMINMRTPMSPAVENGLRQCPLPALAWANAADVWRLMCHRDEQDSRLRSISMLEQHPGLQPRMRAILLDWLIEVCEVYKLHR
ETFYLAVDYLDRYLHVAHKVQKTHLQLIGITCLFVAAKVEEIYPPKIGEFAYVTDGACTERDILNHEKILLQALDWDISPITITGWLGVYMQLNV
NNRTPASFSQIGRQKSAEADDAFIYPQFSGFEFVQTSQLLDLCTLDVGMANYSYSVLAAAAISHTFSREMALRCSGLDWQVIQPCARWMEPFFRV
ISQKAPYLQLNEQNEQVSNKFGLGLICPNIVTDDSHIIQTHTTTMDMYDEVLMAQDAAHAMRARIQASPATALRAPESLLTPPASSHKPDEYLGD
EGDETGARSGISSTTTCCNTAASNKGGKSSSNNSVTSCSSRSNP*
(SEQ ID NO: 399)

Name: cyclin E type II
Classification: cell_cycle_regulator
Gene Symbol: CycE
FlyBase ID: FBgn0010382

Celera Sequence No. : 142000013384592
CTTGACCAAAAACAAAGTGGCCAAGGTGGCTTGCTTCGCTGAGTGGGTGGATGGTGCAGCAGGGCGCAGATTTGCCGACACTTTTTACTACGCGA
CTTTCGAACTGGAGAAAGCGGCGCGACTCGACGCGAGAAAACGAGAAGCGCGAACGGAGAGACGAGACGAGAGATTTATTTGGCTGCGCGGCTTC
GTCTCTTCGGCTTTTTGGCGCTCACAATTATTGCACCACCACAGGCACTCGCTCACGTACATACATTATACATATACACAGATATCTGTATTGGA
TTTTTTTTCCAAAGTTTGGATTTTGATGATATCCTGCGGGGTATACAGCGATTTTCGAACTGGCTTTGAAACTTGAAACTAAACTTTATGGCCAG
CCAAAAGCACTTTAAGCCTTTTAAGTGTGAAAATTAATATTGCACTTTGAGTTGGTACTGGTTTTCCCTTATGTGTTTTATCGGTTTAGCGGATT
GCATTGGGCAGAATAGAATTTTCGTTTGGACGCGATTTCTGCTCGGAACGCATCCACACTCGCCAGATTCTCGCCACGAACTGAGTGCGCTCTGT
GGGGCCAGATAGCTGCTCTTGGGGCACGATTCCTTGATACCTCGCCATTCGAACTTGCTTCCTCTCAATTCGAATTTGGCCAAAACCGTTGGGGT
TGCTTTGAGCCAGTGATGCCAGATGGGTTCGTTACCCTCTGTTAACCGCTTCCACAACAACGCTAGCGGTTCAGAATGTTGGCAGTTTGCAGAGC
TATCGATATAAAGGTCAAAGTGCAACCGTTCTGAATTGCCGCCCTGTTTTCAAATATAAAGCGGTTTATTTGAATCCTAATGCATTCAACAAGGT
AGTGTCTAAAATGTCCTACAAATAGTATGTTTTCTGGTTATCTTCAGTCGCATATTTTTGTATACTTGTTTCAAGACATGCAATATTTTATGACC
ACATTTACCACGTTGCGCACCTAATGATGAATCCCATTGAAAATGAAACATTTGAATTGATTTCAGTTTTATTTACAAAAGTATATATAGTAGCA
TATGTGCCATAGTATAAGACCACATATACTTACACACACACACACATACATAACCACATAGGAACAGCCATACACAAAATCATAGAATGCCCTTA
GGATATAAGTCATAAAATCATGTATCCAATAAGAACCCAAATTCTGGTGACAATAACAAATCCAGCCTACCCTAATGTAAACATTAACATCCGCT
GCCGAATCAGTTATTCCCACCAAAGGGTCAAAACCGCTTACGCAGCCCAAGTTCTCGGCTGATCAGTACCCATGAGTGATCCACTCAAGAAGGCA
CCCAATCCAACAGACATAAACATCCGCAGCCGCATTCGCGACTCCCACCAGAGGGTCGAAACTGCTAACACAGCTTTAAGGGTCAAAACTTTCCA
CGTAGCTCAAACTCGGCTGATCTATATCCATGCGCAATCCACTCAAGAGAGCGCCTAATTAACGTAAACATAAATGAGAGCCTATGTACGCTCAA
TATGAAGAAGTAAATAAGCTCAGCCAAGGGTTTGCTAAGCGTTCGCTTTGCAAATTAGATTTAGATTTTATTCATACTTCAATTGTGTAAGACGT
GAATTTGTCTCCGACATTCGCTTAAGTTTTTGATCAATAAAAATACTTTTTTTTTATAAACCAACAAACCGCGAAGTTGTAATTATATTTATTTAC
TCATTCAATTCAACTTGATTTGTTTAGTTTACGATTTTGCGATCGTTTATTTATTAACATCAAATCATGGATATAAGCGTAGTTCTGAAATTATT
TAAAATTAAATTCATAATTTTAAAATGATTATTGCTTTTAAAACTACAAATAAAACATAAATAGATTAGTTTTTTTTTTTGTTTGCTTTTCTTTT
AGTTGTTTTTTGTTTGTTTTTGTTTTCAATCCAGCCTTAATCGTATGAACACTTACATGTTATTTATGCCTAAGCTAACGAATAATAATATTTTT
CTACCTTGCGTGGTTGCCTTTTGAATGTACATAAAATATTTTAAGCCATATAAAGAATTGTACACTTATATAATAATATATTATATGCGTTTCAG
TTACGGTTAATTCTTGTTTTTGTGCGTTTTGTATTGTTTTGTTTTATGTACAGAATTTATTTGCTTAGCAAATTATGGCAAATTAGTCTAATTAA
AAAAATTTTACAATGATGTATATATGAATACATATAGTCTGTTCTGGGGTTTCAATTCATGAATATTTAATTCTTTACTTCTTCAATTGCCATTT
TCTTTTTGTCACTCCATGTCAGCTGTGGACTTGTCTTGTTTGTTGATTCATTGTTAGTAGGATTAATGGTCGAATGAAATGCATTAGTAGAGTTA
GATAGATTCCCTCGACTTATATGCTAATTTTAGTTGATTAGTCAAGTACTGTGCTCTGGGCCGCTACTGCCCCCTCTTCTGTTTGTCAGTTTTAG
TTTTGTTAGTTGCTGCTTGGTGATTGGTGATATCAAATGATTGACTGACTGGTTGAAAGCTAAACATGTATGATTGCGAACATATTTTGTTGTTT
CATTTTTGAGGCACCCAACTTGGTTTGTGAGAGCGTCACACCACTGAATTCTGGATAGTGTTGTGCTCCTTTTCAGCAGGTATTAGTCTAATGGT
TAATTCAGTTTTGTCTGGTCTGCTATACTATAAGTGTATGTGTATATATATATATATAAGCTTGAGCGCTTTATAGATAGTGTACATTTAAAATT
ATATTTCTGTTTTTTCTATAAATACACAAAGTTAAATATTAAGCTGAGCGAGGAAAATGATTATATCGCGAGTTGAGAATCAAGAGCGCGTAGAT
AATTTCAAATTAAATATGTTTGTAGCATAGGAATTAGGCAACTAATAACTTTTCACTTAACAAAAATAATTTAAATATAAGAAACACTTAACGTA
GACTGTTTGGGCGGGTGTGGTGAGTGTGAGAGGATGATGGCCAAGAGCAGTGAGGCGAATCTCTCAGGGATTGCTTCTACTGCTGCAGCTGGTCA
CCGAATTGTTGCTGCTGCTCTTGCCGCCCTTGTTACTGGCGGCAGTGTTGCAGCATGTGGTTGTGGAGGAGATGCCGCTCCTGGCCCCCGTCTCA
TCGCCCTCATCGCCCAGGTACTCGTCCGGCTTGTGACTAGAGGCGGGAGGCGTCAGAAGACTTTCGGGAGCGCGCAGCGCGGTGGCCGGGGAAGC
TTGAATCCTAGCGCGCATGGCATGCGCCGCATCCTGGGCCATAAGCACTTCGTCCTGAAAGATAGAAGTTTCAATAAGTAACTGACGGAATAAAG
TACGCTTTATATTCAGAGTGAATCGAATACATATTTGGACGTATGCACACTTCTGTATACACTTAGATATACTTACATACATATCCATGGTAGTT
GTGTGCGTTTGGATAATGTGCGAGTCGTCGGTGACAATATTGGGGCAGATTAGTCCCAGGCCAAATTTGTTGCTGACTTGCTCATTCTGCTCGTT
CAGCTGCAGGTAGGGGGCCTTCTGGGAGATCACTCGGAAGAATGGCTCCATCCAGCGAGCACAAGGCTGAATCACCTGCCAATCCAGACCAGAAC
AGCGTAAAGCCATCTCCCTAAAAACGAAAAATATTCGGTAAGATAACCATGTCGTATGGGATGCAACTTCCATTCCAACTTACCGACTAAATGTA
TGACTGATGGCGGCCGCTGCCAGCACCGAGTAGGAATAGTTGGCCATGCCCACGTCCAGGGTGCACAGATCTAGCAGCTGTGAGGTTTGCACAAA
CTCAAAGCCAGAGAATTGCGGGTAGATAAAGGCATCGTCCGCCTCCGCGCTCTTTTGCCTGCCAATCTGGGAGAACGAGGCCGGAGTGCGGTTGT
TCACATTCAGTTGCATATAGACGCCCAGCCAGCCGGTAATGGTGATGGGGCTGATGTCCCAGTCGAGCGCCTGCAGCAGAATCTTCTCGTGGTTA
AGGATGTCCCGCTCTGTGCAGGCGCCATCCGTCACATAAGCAAACTCCCCGATCTTTGGCGGATAAATCTCCTCTACCTTGGCGGCCACAAACAG
GCAGGTGATGCCGATCAACTGCAAGTGCGTCTTCTGCACCTTATGCGCCACATGCAAATAGCGATCCAGGTAGTCGACGGCCAAGTAGAAGGTCT
CCCGATGCAGCTTGTAAACTTCACAGACCTCGATCAACCAGTCCAAGAGAATGGCACGCATACGTGGTTGCAGTCCGGGATGCTGTTCCAGCATC
GAAATGCTGCGCAGACGCGAGTCCTGCTCATCCCGGTGACACATCAGGCGCCAAACATCGGCGGCGTTAGCCCAGGCGAGCGCAGGAAGTGGGCA
CTGGCGCAGACCGTTCTCCACAGCCGGCGACATGGGCGTCCGCATGTTAATCATCAGGTCACTGACCGGATGATGGATCTGCTCCTGATGTTTTG
GCAGGCCGGGAGTACGCTCTCCATTCACCGCCTGCTGCTGGCTGCAGCCGGAGGAGGCTGGAGAAATTGTGGAGGAGTAGATCTCCACGTCGTCG



TCCTCCTCCTCAACGTCATCCTCATCATCCTCGTCGTACGAGTAGTCCTCGCAGCTGTCGTCCAAAAGGTCATCATCCTCCGTCTTCTGCGTGAC
CACCGTACTGGTCACCACCTGCTCCGCAGCGTAGCGCACCACCACTGGCGTCTGCTTGCTTCCACGATCCGGACTCGGCGGACTGTCCGGGCTGT
CCGGCAGCGGACTGTGTGGCGCCTCCGACAGATCCTCGGCCGGTGAGCTACGTATGCTGAGCAGCTCCTGGGTACTCTGGCCATCAACCGAGACA
ACGGGCGAGGTGTAGACCGAGGAGGCAACCGATGACAGATTGCCCTGCTCGCTGCCGTACAAAGCGGGCAGTCGCTGCTGGCGCTTAGCTGATGG
AGGCTCAAAACCGAGTTCAGGGTCCTGAAAATGAAGGACAGATGTTTGAATAAGTAAATCATACAAGTGAATGCTTTAAATTGAAATGAACTAAG
ATAGTAGACAATCAAATATAATTACTAAGCTATATTCAGATATTACTTTCTTAAATAGTAGTTCATATTTCTCAAAGGTGTCAGCAATTATTACC
ATTTCAATAAATTTGCGCTTCTGTTCCAACTTCATAATAACATGAACAAATGAGTGGAGAGGATACTCAAGACAATAACAGGATCACACGACTGG
CGGAATTAGAAACGTGCTCCGAATTTAATTAGCGAAGGAGGTTTGGGGAAATTTATGTGGGCACGCCTGTCAAAATTGGTAATCCTTGATAGATG
GACTGCTGGCTGGACCGAATGCACCCGCACAAAATGAGGAGCCAGGACTTCACACAAAAGATCAAGGACTATGGAATGGCATGGAGGTAAGACAA
TAGCACTTGGTTGGATTTTCTCGTGGGAACGAACGGGTTTCGTTTTGCTCTTTGTTTCTTTTGAATATTTTTGGTATGATCAACATATAGACACG
ATATCGTTATTGCACTTTTAACTTTAATGTTATAAATTTAGTAGCAGTCTTTGGAAATAATTTTGTTGCGTCGTTTCTCTTTGGTATGATTAAAT
AATTGTGCAAACAGATTTTTTGGTTATAGCATTTAAACAATTTTGGCTTCGTTTTGTTTTTTTGGTAGTTGTTGTTGTTGTTGGTGGGTGATCTT
GGCAAATCCGGTTCTTAAATTAGTTCTTTGCACTCGTTCTTGGTGGTTTATATAAATATATTTATCAGTCTTAACATTTGCTACTTGGCAACGAA
TAATTTTGGAATTTCGAATTTCGTTTCAGTTTGTCTGGGTATGTATTATTATTTGGCTAACTCCGCTCTTGGCTTGATCGAGTACCAATCGCGTT
GACGTGCGCTGTGCAACTGAGCTCGACGTTCTCCGTTCCAGATCGCCGATCCCCGAATTCCCCGATTACCGATCGTCGTTATCCTGCCCAACGAA
TGCAACGGTCTCGAAAATAGGGGTTGCTTTTCTCTGCAACAACAACAGCGGTAAAAACAGGATCGCCAAACTAACGTGCCGTCCCTTTCCAACGG
GGGTTGCTTGCCTAAGATATCCCCGTATATCTTGAGACGACAACTTGTGTTGTTTTTGTCTTTGCAGCAGCATTGCATTTTTCGCCTCTGGGTGT
TTATCGGCCCAACAACAAATCCCACTGACGGCTGTGGCTCCTGGATCCTTTTTACAATTATTTTTGTCAACATTTTCGTTCAGGTAGACGCAAGA
CGTTTGGAAAATCACTACCTACATCATAATCCTCAAAATAGCGACACATAATATAGTACATAGGAAGTATATAAATTACGATTTGCTAGCTTTTG
GCTCGAGCTGCCAGCGGCTGCATTAAGAATCTCCTGCATCTTAAAGGCTACTCAAATAATAAATTATCTTTTGACATTGATCAGAGGGATGGAGG
CGGTGCCAAAGCCAAAAGTAGAGCGATCCTAATGGAACCTCATAAGATTACAGCACAAAAATGACAAAAACAAAAAAACGAAAATGGAACCGAAA
ATCGAAAATCGAAAACAATTGAGATCCTTGACCATTGTTCTTCTTGCAGACAGATGATTGAAAACAGAAGCCAAAATCAGAAAGTCCATAAAGTA
CAATAAAATGTAGTCAGCATGGGACACAGATGTCTGAGATTGCTGATACCATAAAAAATACATAAATGAACGTATTTCGCTTAAAAAACTATTGG
GAATGTTTTGAAAGTTATCTCAAGAAACCCATAATTTCTTGGCTTTCTCTTTTTTTTTTAATGCATAGTAAAAGATATTTATTTATAAGATACTG
AAATATATCAAAAATAGCATTTAAAGCTATTCTGAAAGTTTTGGAAGCTTGGATTTCCATGTTTTAAATGTTTGGCACAATTATTTGCATTTATA
TATACTTTGAATGAAAAATATACATCAAAAATATTTGAAATTGCCCAATATCTGCACATAAAACTAAGCAATACAAAAGATATAAAATCCACATA
ATATTCGCATCAGTTTCTCTACAATTTCCTTTGGTTTACGATTGCAATTGATCTCTTCTTTGATTGAAAAAGGTGTGCAGTGCACACCATATAAT
TTATCAAATACTGACTGCATTTCGTCAACTTTCTTAACAGTCAATCTCACACATCGTAAAAGCTTAACAATATCAACCAACCCTGCTGGCCATTA
AAGATTTTCACATAATTTCTTGGGCGAAAAATGGGGGGAAATATTGCGATATTTATGTGACAATTTTAATTGTCTGAGTAGGTTTGCCTTCTCTC
GACAAACATACCGAGCAGAACTCCCCTCCTGAAGTCGAGAATAAATACTTTTTTTTTTTTTTTTGTTCAGGCAAGACAGGAAGGTCCAAGACGCAT
GACAAATTTAATTTCTCATTCTTCTGGCCAACAAACTGCAACAACCCTCCGGAGGAGAAGATGATGTAGGTATAACCGGGAACGGCAATCGTAGA
ATGAAAATGAAAATGAAAATGGACATGGATATGGACATGGACACATGTCAAGGCACCCAGATGCAATGTAATTAAAATCAAAGCGTGCAATGGCC
TAAGAAGCCATCTCCCTGGACAATGGAAATTCCGTTCCTCTAGCCTTATTATTTCACTTCATTTTTGCTTTTGGTGCGTGGACATTGCATCTGCC
GTTTGGATTTGGTCAAGCGTTATGGAATCACAAAGATTATGCACGAAAATTCTCAGTTTACTTAACGACTTGACGGATTCGAAGAGAAAGATCGT
CGGAGTGAGTGTGAGAAATTAGTGAACTGTAAAGTGGGCTGGAATCTGGACCAATATGGACCCGAAGGGTTGCATTCCAAGTTTAACAAGGGTTA
AACTGGGTGGTTGCCCTTAAGCCACCGCCGTCGCCGCTGCCTTCAAGGATTTAAGTCTCAACTCCAAGCAGGCAGCTGCTGCAATCGTCCTTCGC
ATCTCGATCAGCTCCTTCAAAATCGAAGCCCACAAGGAAGGCACCCAAAACATCTCTCGAAATCTCACTGGGAGGGAGACCATGGGTCGCCGGCG
ACAGATGATGCAGTTCCTCAAGTTATGGGTACATACAGAAAGCAGACAAGAAGCAATTCGATTGTTAGGCGACAACCTCTGCTGCGTCGCCGACC
TCAATACTCGATGTCCTGGTGCCCCATTGTGTCGCTCTCCCTCTCCTTTTCGCCTACCCTATAAAGTCCTGCGCTTATGTGTCGTAATCTTTCGA
CGGCCGTCTGCTCGAAACCGAAACACCTTTAGTTTTCAGACCTTGGCGTGGGTCCAGGTGTAACTTTTTCACCGCTGTTTTCGTGTAATATGCTG
CATTGTTGTTTCCATTTATTTTTCTTTTCTTACAGTTTTTTTCTTTTTTTTTTCAATTCTCCCCCAAGTCCTTTGATAACATTTAATTTCATACTA
CAATGTGCGGTAGTTGTTAATATTTTTACAGTTTGAAAAGATTATGATTTTCTTGAAATTCAGGATCAAGCTAGAGGTTTTTTCTTCAGATATTT
CATTTTTCATGAAGGACTCATAAAAGTCTGATGATCGTTCAAAATTAGCTAAAGTCCTGTCTACTTTTTGGGACATCGCTGCTGCTCTGCTTTTA
ATAAATGATATGCAAACAACATGCCAGTGGACAAATCCCCGAAGGACCATAACAAACACTCATATTTCAAACCAATTCAACTGACCCCTGGTCAG
TCCAGAAAGGGTTAATCCAACACAACACTTTCGCGGTGACATTGCTGGTTTTATCATCGCGGAAAATGGAAAATTCGGTGGGTCAGGGGGACGTT
GAAATTGCTTGGACATGTAATTAATCATGCAATTGGTTAGATCCATGACAAAACGAATTAAAGCATATCACATTGGTGAAACGGGAGGAGGGTAA
GTGGACAAAGGACAAACCGCGAATGAATTTTGAATGCGAAAAATGAATTTTGATTAATTGTCAGGAAAGACAATTTTCTTTAGGGGATATGCCAA
CTTCTTAGGTGTAAGCCTTTAATAATTGAATATCTCTTGATATATTTACTGCAATTACGTTTTCCCCTGTTTTATCTAATAATTTACCTTTTAAA
ATTATCTGCTCAAAAACTAGTTTCTTATCAGTCGAATCTTAATGTAATTAATCTGAAAACAGATCGCTGCCCAAGTTTACCATTATCTCTTGTTT
ACCTCCAGCTAAATAAAATCCTCTGTAAAATGAAAAAAGAAAACTTTGAATTACAAAGCAGGCGACGCATGATCCCAAATCGGGATGCAATCTGG
GAAAGTGAAACTTGAATTCAGTTTCCCACAATATCCCGATACTGACTTGACAGAAATCAAGACCCACACTTGATTGCATCGAAAGGAAACCCGAG
CGAAAGCAAACCCAACTCCCCTTTTCGGGACAAAAGAAACAAAGAAGTTTCCCAAAAAAAAAAAAATAACAAGGAACTTTCGGCGATTTCATGCCT
GCCATGTAAGGAGTAAGAAAAAGGGGTTTACATTACACTGACAAATTGGTAAAATAATACCATAATTTTGATCCTGTCCAGCAGCAAAACAAAT
ATTGTATAATATTTCAAGACCGCATTCCGATGCAGACGCGTTCTCCGTGTCCCGAAAAGCAGATGACACAAGAGTTTTAAGAAGGAAAAGCCTGA
TGATTTGCATAAAAGTTTAACGGAAATCTAATGAGCAGACGTCGCAGGATCGGCCAAGGCATTTGCATAAGGATAACATGTCCCGAAACGGGGTA
GCAAAATGCAACCCAGTTGGAAAGAATTTTTTTTGTTATGCTCCGAATCTTCTGCAGAAGCAAATGTCGTCTCGATGAATATTTAATTAGAGACG
AAAAGAAAAGGGAAAAACTCGGCCCAGTGATCCTTGAAAAGGATAAGGCGTTGCTCAACCCCTCCGTCGGTTCGTTCGTGTGTTGCGGTTTCAGC
TCTGTCCCATTCCGGTAGTCACCACGATCCCTTACCCATCACCGTCCCCCCATCCCGATGCCAATCCCTTAAACTGTCTTGATCTAGTTCTTCTG
CCTCAAGCTAACCTATAACTATCGCAATTTCAAATTCTTACCACGGCCCTAACGGACATTTGCCGACGCCTTGACTTTTGGAAAAACCCACCCCT
GGAGAACTCGGACTTGGACTCAAGGTGTGCGCGCATGCGCAACGACGCCTTCTGTCCTTGTTCTGCGTCTCCTGCTCCTGCGCCTGCTTCTGGTC
CGGCTCCTTTGTCCTGGCATGCATATGCTCGGCATACTGCCAAAGACCCCTTCGGGGAATTCCCTTACTCAACAAAGTTCGCCTGAGAGGGGGCC
AGACATTTCCTTGCCATCCACTTTTTTCGTACCAGAATGACATTTGTTTGGCACGGAAGCAGGCGCAAAAACCATTGCAAAAACAAAAAACTCAA
AAAAAAAACAGCAAAAAAAATAACCAAGGCAGATATCATTTGTTTGGCAACAGACTGTTTGTATACCCTGGTCACTACATTTTAATTTTACGATA
TATTCTCAGTACAAACCAAGGCACCTTATAAATAATATAAATTTCTATATTTCCACTTTATCAATAAGATATGCTGAGTTCTAAAACAGTCCTTT
TAACATGCCTAAGATTTAATATATGAAAACTTATAGATATTCATAATCTTGCAAAGATAAAGATACCCATCTAGAGGGTACCAAACTATCAAACA
AGAAAACAATTTCTGCAAGTTCATTGCACGTATAGGAGAATATTCTCTCCCCTACATACATATTTCATATGGCACTGGAGAAAAAAATCCTTTGC
ACCAACACAGCTGCCCATCGTGAGGAGCCGCCAGGAGATGAGAAGGAAGCCATTGTTCTCCGCCTTGATTGCAGCTACTTGAGAGGAGATCTGAC
TTCAAGGCTTCCAAGGATGCTGCTAAATGAGCCCTTTTCAGTAAGTAGCGTTTATTTTTGGGCTCATCTTTGCATTGTGCCCGCGCAAAAGTGCC
AAGAAGTAGCTGTCTACGTGCTCAACGGCTTATTTGGCCAAAACTCAAGCAGCGAAAGATCAAATGAAGATCGGCAGCCAAACGAGTGGAAGCCA
CCAAAGGGCTGTCCATTCAAATGGAAGTACAAATAAAAGATCGTTTGCCAAACATAATAATAAAAATGGAGAATTGTTTAGCGATCGCTGATCAA
TGAAAACAATTGGGAAACTATAATCAAATAGATAAATATATAAAATGGCTATTGCTCAAATTCAAAAAGAAATATCACCTGCACGGTTCAAATAT

GTATGTACATTGTTTAGTTATAATCTCAAATTTACATTATTATTATTAACAGAGTTCACAAGCAATCAGATTATTCAGCTTGGAAATAAATCTTT
GAGCTTATAAACAGCCTAACCTTCAATTAATAGATTAAATTAATAGATTCTTATTTAGGCTAAAATGAAAGTGGCAATCACTGATCGACGAGAAT
TTAGAGAACAGAGAATTCCCAGAGTTCAAGAGTTCGTTAAATAGAAACATTTAATTAATTTCAAATGCATAGGCACTTTTTGAAACACACTAGAG
CTAATCATCGGCTTCCTAGAATGCCAGAATGCCTCTTGCCATTTCCCTGATAAGATTGCAAAAATCAACGAGGTCACATGACATGATAAAGCACT
TCATTCATAAAACTTATCTGCGCTGTGTCTGGCTTTATGTTTAAATTACGATTCGTTTTGGATTACGTACCTCGTTTGAATCGCTGCTTAAACGC
CGTTTACGTTTATTGCCATTGGAAGTCGCGGCTGTGGATGCTGCAAGATTCTGGCTATCACAAGAGCACATCTCGTCGGTTCTGGAGGCTGCTGA
GGTTCCTGGTAGCTCCTCTTCACTTCGTTGCGACGCTGAAGAGAACGATGTTGATGGGATTGGATCTGGATGTGGAAGGATAGCGATTGGGCTAT
CGCTGCTGCTACTGATACTACTGCTGCTGACGACGACGACTATGCTGCTGCTCACTTCTCCGTTGCTGGGGGCGGTTGTGACTATGCTGCCATTT
GGCTCAGTGCTGCTGGTAGAACAAACACTGCAAAGAAAGTGAGTGGAATTAGCAGTGGGGTACTAAATAATAATACTAAATAATTTAAATTATA
TAGTTGAATGTCCCCAAAGAGCAGCTATTTGATAGAATACTTCAACATAGCTGCCTATATTTTTGTAGATTTAAAAGACATGATTGTATCAAAAA
CCCTTCCATTTAAAGAATCCCCCATATTTTTGTAAACCCAAACCCAAACTCTGGAGCGCAGTTATTTCCAATTTCTCCACTTTTTTTTTTTTTT
GCAAAATAGAGAAATTCAATATGCCACGGAGGCAGGGCAGCAAATCACATAGGGGCGTTCTAAAATAGATACAAACGAAACGAACATAAATTCAT
TGAATTTTGACACGGCATTCGAATTTCGAATCGCGATGCAAGACTCGAGATTAAGGCGCCCAACGGATATATTAATATTTAACATCCGGGAAATT
GAAATCGAGATGACTGATCGGGGGGGGAAATGGAAATGGAAATGGGATCGTTGTGAGGGCCCCGGGGAAAGCCTTTCCTCCTCGAGATTGAGCAA
TTTTGGCAAATTTGCATGCACATTAGCATAATGCAGGAGGCTGGCAAACGGGAAGAATACAATTTTCCATACTTTCCAAAGGACAGATGTTATAT
CCTTGCGTCGCAACTCTCAAGTGTTGCGATCCAAGCAACTGCACTTTAAGCAATTCGATGCGCGAATTTTTGCAATTTGAGCGAGGAGCTCAGGA
GAACGAGAGAAAAAAAAACGAAATCTAACCCTTGGGACCAAAAACCCTTCTTAAGGAACTCGTGAAAAGGGATAATAGAAAAAAAAAATAAAAAA
GGGCTGCTGCCCATACATAAATTCAAATGCTTTAGCCATTTCTTTCTTGGCCAGAGGCTCGGCATTGCAGCCTCCTGTTTTGATCCTTGCCCTGC
ACTATCGATCGGGTTTAATGGTTTAATGAACAAGAAAAAGTAATCACGTAGTAAATTACGAGGAAATGAAATCGCTTTAAAAATGAGTTATGGCG
AGAAAGGACTAATGGAGCGTACGTGCACGCGGCCTGCAACTTTTTCCCGCTTTCTTTCATTGTACTCAGGGTTTCGGGGTCAGGGGTTTCCAGTC
ATCTCCGCGGCTTAAGGTTCAAACTGAAATTTGTCATTTCGAGGTGAAAGTTTCCTTTCCTTTGCGGCAAATGCAGATACTTTGTTTCGGTTTCG
TTTCCCCTTTTCTATTCCGTTTCAAATCCGAATCCCTGTAGGTAGCAAAAGGCTAGGGTGACTATCTCGGAGATGATATGATGAAAAAATTCGAA
GAAGTATTTCCTGGAATCTGGTCCAGTGGATAATAAGTGGACTATCGAAGGATCGATCTTTCTCACATGATAAATTATAAAGCAACGGCGACTTT
TCGATTAGAAATTAGTTATTTATTGCGTTTAACTTGGTATCAACGAAACAGTTATGTTTCGGAATTTATGTGTTTGATCCTAAACTCTTAAGGTTA
CAAGAATTTTGTCATTTTTTGAACATTTTTATGTGAGTTCCTTGTACTACTTGTACTACCATGCCCTCAAAAGTATGCAATGGAATCTGGAAAAC
CTGAACTTCCGTGACATTTTTTTGATAAATTCCGTTATAGATGGCAGGGAAATAGCTTCGCAACACATACCAATAATTATGTCGCACACAAGCTG
ACCACGAAATATGTCCATAAAATGGACTATCACTTAAGTGATCGCAGTGATCAGTGGGTGATGATGATGATGATGATGATGTTGAATGCCAA
AACGGGGACGCAACTGACAAAACCAAATGACTAGGCAATTATGCAATTATGGTCATGCGCAGGCAGCTACTACAAGCAAAAAGAATGAATATATA
GTGCAGGGTGAAAACATATTAAACTCAATTAATTTTTGTCCAGGACATGACTGCAAAAGCCACAAAAAGTGTGTGTCTGCAGTGACAGCATTATC
AAGAGCCGACCAAACAAACCCCCTTCATAACCCAACCCCCTGAATGACCAAACTGACCTGAACCGTCCCACAACTAAACACTTTTCTAATGACAT
TTTCGCGCGCAATTATATACTAATCACACGCAGGACCTCGGAAAGGTCCTGTAAAGGTATGCAAGAGTGTTGAGGAATGCGGCACTTGGTTATCA
ACGCTGCCTCGACTTTAACACCTACAAACAGATGGCTTTTTTTTTTTTGTTTTGAAAATTGACAGTGAAAATGCATTTTAGATTATCGCACTTGA
GTCAGAAGGTTGGAACAGTAGGATCCCGAGTGGTTATAGCTCCTGCGGGTCCAACTTTCCCGCGGCGTATTCGGGCATAACCAGTTGGGCTCTGT
CGCTTTATAATTACGAAATAGCTATTAGATAAACATCACTTTTGGTTAAGAGAATTAAAGGGAGACGCGCTGCCTACCAGGATAGTGTTGTTAGT
GGTTAAAAAGGAAGTCGATCGGATGTCGCCACAGGAAGTCGCCGAGCGTTAGAAACAAATGGTAGCTCAGTCCGTTGGGGAGTCAGTCGCCTCTT
GGCTTTCATGTGGGGTGCTAATTAGTTTGGTCAGGGCTGCGGAGGAAGTGGAAGTCACGAAAAGTGTTTGATGGGAAAAGGAAATGTCTAAGATC
ATAAGAGATGTCAAGAAAAACATGCAGGTTCGCTTGAAACTAAGATTTTTACAAACTCAAATCGAACTTGGGGTTTGCAAGAATAATTTACCTCT
TAAAACATCGAAAATTAAATTAAATTATTTAAAAGTAAGCCAGTAGAATTTAAAATGAATAAAGTACTCATAAGCTTACCTCTTGGCATTTAAAC
CCATAATTGTACGGCCTTGAGAAGCCGTCAAGGTTCTTTATCCTGAATCTTGTTTTTAAGCTGCTCGTCAAAAGCAGAAATGTTTTGCATGAAAT
GTACAATTTAAAGAGGACTGCAAGTAAATTAAACAAAATATAAACTTAATAAAATATAATAAACAACATTTAAATAATATTGTAAAGCAATCATT
AAAAACTAAAAATGGCATATAAACTAATTGGATAAGAGTTTCTAGGATATGGTCATCACATGCGACGCGTTTTCGAGTTTTTACGACTTCACAAA
ACCTATCAACAGTTAGTAAAACATTATCTGTAGATCCTTGTGGAAAAAACAACATATGATCCTTGAGGGAAACTCACACACAGCATGTGGCCGAA
AAGTCTCCTTGCATCGAAAACCCCAAACAAATTTGTTTACGTGAGTTTTTCTCGAAAAACATATATATACACCAACTTTTTGCTTTTAGCAAAAC
GAAGAAAGAAAGTAAATATTTTTCTTTGGGGTGCAAAGTGTGTCTAAGATATTCAAATTACTTAAATAGAAAGATGGGTGGGAAGACCATTTTGG
AGTTGGGTCATCTTAACAGGTAGTCACGGAATGGTCATCTTTTTATCATAATAGAATTTCCACGAGTCTCGATTGATGCCTTCTGCTGCAGTTTC
AGCTTCAGCTGCTCCCCTTGAATTTCCTTTACACTTGAAAAACATAACTATACAATTCAAACAACTGAAAGTGCTATTAAATTATAGAAATCAAT
AGAGTTCTGTTGTTGCAAGTACGATGTATTGTTGATAAATACTTTTTTAACTCCGTAATGCTTGACTTATGAGATAATTTAATTTTTTGAGTGTA
CCGATGTCAGGTGCATCGCATTCGGCGCATGCGCAACGTCCGCATTTTCTAGTGGTTTACAACGCTTAATTATATCGAGGAGCCGAGTCCTTAGT
GCCCCTGTTGCACCTGTTGTGGCTAGAGTTGATCGCTGACCTTCTGTTAGAACTGTAAGTATGGGTTCGATGCGATGCGGGGCAGGTGAGTAGAG
TCGATGGGATTGGAGAAGGGGAGTGGAGTGGCAGCTGTTGAAGATCCTACCCCAACTAAAAGGATTCTGGCAATGTCTCTGCTGTTGCTTTTGTA
ACTTCAATTGACTTCCCCCTCGCTAATTGTATCCTGTCGCGTTTCCTTTTCCCCTAGCCCTACCCCTCCCTCCCCTCCTCGCTTCCTTTCTTCCT
TCATTTATTTTCCTTTTTCCGTGTGACATATGGGCCTGGCGTTATATTCGCCACGATTTATGGACCTCCCTTCGGCCTACCATTCAGTTCGACAC
CTTTTTTTCCTACCCCATATGCGAATGCTTTTTAGCCAACGACTTTCTTTCCCCTACTTTCTTGTTCTTACGCAACGGATTGTCTATTTTCCTCA
CTTTTTGCCTCGCTTTTCTTTTGCGTTTTCCGGCCTTTTCTCATGCACAATATTTTGCTGTTTCCAACCATCATTTTCACACTAATTGCGGATAT
GCCTTCTAATTAATTGGGTTCCCTCTGCTTCCCCGAAGTCCTTTTAGAGCATTTTTGCTTTCTTAGTTTTCAACCCCCTAACTATTCTACTTACA
ACAAAGAAATTTCCTTACACAGAAAAATAAGTCTCTTTGGTCATTTAAGAATATGTTAAAAATCTTAAAACAATTAATAAGATCATCATTTAAAT
CGTAATCCCAATATAAAGATCTGGGTTTTGTAAATATTCGAGCTCAAAAAACATTATGAAACAATTTGTATCTTTAAGATACAGCAGAAACCTAA
AAACGCAATAGAATAGACATTTATCTCTCAGTTGTAATCATGTTACACATCTAACATCATTTATAGTCGGATTAATGTAATCTTTTTTGTAAATC
ACAAAACGTCCTAAAATTAATATTCGTTAATAAGGATGCGATAATATCCTTTAGTTTTACAAAACAGTTGACAGCGGCTCTTGGCAAACAAATGA
CTGTATTATCGCTAGAGCAATCCAATTCTTGTCCAAATACCAGTGACTAAGATAGATTCCTACCTAATTGCAGGAACTGCCCACACGCAGGCTGC
GGCTGCAACTTCCTCTAATGAAGATTAAGTGAAGAAGGCTGCGAGTTCGGGCGAAATCCGCGGCGACAGGTATACAAATATGAATAATGCCGCGG
ATCGAGCGGATAAACTCGGGGGTTTCCTTTGCGCACAGCGCCTAATTAAAGGTGTACGATGCATGAGTGAATCTGTTTACCTGGACGGGGTCCTT
CAAGGTCATTTAACTGGAAAACCGAGTGTCGAAAATAAAGTCGACCGTATTTTTTTCCCTCATCTTCGGAATATTTGCTTTGTGCGGAAGATTTC
CCACAAGGAAATGGGACCAAGTCTCGAGATACAATATGAAATGCAACTTGAGGCAATGCAAAGAAGAATGCGCAAAATGCGCAAAGAAGAGCGCA
AAAAAAATTATATACAAATATGTATGTATCTCGAGTATATGCCAGACTATATACATATGTACATATGTAGAGGGAAAACAGGTCTCGAGTTATCC
GGCGTCTTCAACTGTCTGGGCCTGCAATTTTTGTGCGTCCTTTTTGGGCTGCATTTTGGGCTCCTCTGCACATGCGGCGAGATACATTCCTGAGA
TACTCGAGATAAAAATGCACATGCATCTGGGCATTTGTGGCGTTGTCCATGCCAATGCCGCCTCCTCTCCATTGTTGTGGTTTGGCCACCACTCT
TGCAATTAGTTGGAACTCGGTGGACCGAAAGTCTGCAGGAGTTGTGTAACAACATAGCTACATAATGCTGATAGGGTAAGAGGGTGAAGTTCATT
AGGAAGATATTTTCTCAAATCGAAAGCCTAATCATATTTGCATAATATGAAACTATAAATAATACTACTAAAAGTTTAAACCAATACACGAAGAT
TGCTTTATAAGCATCATTGAATTGAACCCGATCTTTGATGCTTCCTTTTCATACTCATGAATGCGTTTAAATTCTAATGGTCAATTGGCCCAAGT
TTGCTGTGTTGCTTCAGTCGCATATGCCCACCCTACCCAGAACTACAGGGTACTGCAAACGAGAACAGGAAAGTCGATCCTCGCCTGCGCGCATC

AGTGTATCTGTGAGTCCGAGTATCTGAGTATCTGTGTGCCGGGTATCTAAAGAGCGCCGCCTGGGCAAAACGGCGTGTGAAAGTAAAGTCGGCCC
AGCCGATGGAGGAGAACAAATCAAAGTTCTTGAATGGAGCGGCAGCGGCGGCGATGGCGACGGCGGCGTTCCAGTTCCAAGAATCGATGGCCTTG
AAGTAGCCGTTAGGACATCGGGACGCGCTCAATTGACTATTTAGTTTATATTTAGCAGCGTCTAAAAGGATGCCCACAGCGAGTCAGCTAGCTCA
AGTGGCCTGCGTCCTGTCTCTTCCCCGCTCCACAAATCGCCAGTCGGACGGACTATCCTTTGTTTGTCTGGGAATAACTGGAAACTGTTTATCAT
TGTTGTTTCTGCTCCTCATACATACGGCTTCACCTCATTCCGATTCCGAATCGGATTCTTCTGCCGCAGCGACAAAAATGTGTATGGACTATAAA
AAAAAAATGCCCACATATACATACATATGTACATATGAACCATTTATTTAAGGAGTTACTATTCACAACTCATCCTTTTGGAGAACATGTAATAT
TTGTAAAACATTCCGCACTTGTAATTGAGAAATATTGTTGGTATTTTACTAGGAATTCGGGTTAATATGGCCAGTTGATATGTGTGGATTCCTAT
AACCATTTACGTATGTATGTACATATGATGAGAAAATATTCGAGATCAGTTTGGGTTCCCATCTCGTCTAGAAAATCCTTTGATGACATACCGCT
TTCGAAGGTGGCAAGCACTTGGAGGATCATGAGCAGAATTGAAAGGTGTTGACTAGGATTTGAATAGATCATATAAGGAGTGTTTAGGTGGGTCA
AACAAAAGAAAATGTTGGGAAAATATACAAAATTCACGACACTGAATCATCAAAAACTTGATGCTCTTACTTTTTTCAAAATCACTTCTAAGAAA
AACAATTTATTTCCCCATGGTTTAAACTGGCCAAATCTAAACATAAGCGGCTGATTTTCGGCACGATCATGACATAATCGAAAAATTAAGTATAC
AAAAATCCACCCCATCAACAATACACCACCCACCCCCCACGCACACCCCCGCCGCGATCGCTCCAAAAGTTTAACGGCGCAAAAAGCGAACACGC
AAACTAAAAAACGTCAAAAGAATGCAAAAAATAAAGAAGAAAGCAAAAATTGCGAAGAAAACAACAACAAAATGAATGTGGCAGGTAAATGGAAG
CAGAGGAGAAGAGGAAAGAACGAAGATGGCGCGAAGCAAGGTGGAGACGAAGGGGAAGCGAAAGCAAAACGCCGAGAAATATCAATGAACTCCAT
TCTCCACTTGGCAGTCTATCTCGCTCACTCATTGGTTGGGAGCACGTACATAGAGTAACTACTCACAAAAATAAATATAACCACGATTTTACAAT
AATTAAAATACTATTATTAATTCTACATATGTAAACATACATACATATGTATGTACGTAGATTGTGGGTAAGGGCTAAATGCCACTACCAATCTT
TTTCTTCGTGTACCAAAGATATTTGCGCCACTTTTGACATAATTCATTATTTTGTTCTTCACTCGTTTACTCCATTTTGCTTTGAACCTCTGCTT
CGTGTTCGTCAAGTTTTCGAAAGGTCCGTCGACTGATCGGCGATTTTCCGAATTTTTTCGACGTCGCAGTCAAATGCTCTCTTTTTTTCCGTTTT
AGAGCGCAGTACTAAAACGTTTTTGTTTGTTGTTGGTGTTGGGAAGGGGAAAATAACTTGACTCGCTGTTCTGATTGGAATAAAACGGAAGAGAG
CGAGAGAAAGAGAGCTTACTCTCTCTCTTAGCGAGCGCATTTCTTCCAAGTTTGTGCTTGTGTGTGTGTCATTGGAGGAAGCGTATAAAAATGAA
ATGAGCATGGGAAAAGAATGGAGAAACGCAAAGTGGCGCGAATTAGGCGTTTGGGCTGGGGCAGTTTTGTTTTACCGCCCAAAATCTATGCGAAT
GGCGGGAAAAAGTGCAATTCGGGCGGGAGAAAGATTAGAAAGTTGGCCCAAACAGCAGGGTAAACCATAAGCTGCATCTCAAGCCTTCTATAGTA
AGAAAAGCTGTAATAGTTCACTGAACTCCCGTTACGCATTAGAAACTCAGTGCACTTTTAGACGTGATTAGAAGCTTTCATTTATTTCATAGGAT
TTTCCAATTTGTTCCCATTGGATAACGGTTTAATTCTAATAGGACACTTTTCCTTATAGGGGGAACACTAAAACACTGTGTGGGGGAGACAATTT
GTAGTTGGACACCCCGTCTCTTGCCAATCAGAAAGCAACGGTTAAATCCTACAGCGTGTCAATTTTCTTATAAGAGGATGTTGTATTTGTAGCAA
AAAATGCAAAGACACGACGGCAAACGCAGCATTCTCTCCCGCTCTTTCCTTCACTGTTCCACACACACTTGTCACCGCACACGCGTCATAAATTT
TATTCCACTCTGAATAACGTATTGCCTTTTATCCACTAAAACCATTGTGCAATTGGTTTTACCTTCTAGTAAGCGGAAAAATGCTTAACATAATA
TCCCCGGTGTTTTCACTTGTTTTTCTTAAAGGGAATTGAACAACGTTTTTCGAGAGTTTTTCGTCGTCGTCGTCGCCGGCCACGAAAAAACTTCA
CGAGCAGCGGAGCGGCGGCAGCAAAGTGATCGCTTTGGAACCGAAAAAAAAATTGGTGGAACTGGGTATCAAAAGCAGCGACGTCGACTGCGGCG
AGTGTGCATGAGGAACGCGCCAAAACAGGCGGATCCGAAGCGCCAAAAAATGCAACAAACACAGGGGGCAACTTTGTTGTACTCTAGGGGAGGGA
CGGAGATGGGGCGAGCATCTCCAGCGCAAAGAACAGAGCGTGAGAAAGCGAGACGGGGCGATGAAGCCGCTGGTGGCAAGCTTGGCATTTTATTG
AATGGAGTCTGCAATTGGAGTCCCCAGTCCCCAACAGGCTAGTCAGACTACAATTGGAGGTTCGACGTCCAGTCAGCTGGGTGGTCGAAAAACAG
CTGACGAGGATGCCAGAAGGGCGGATTTAGTCGGATATATCGTGGTTATATATAAATACCTAAGATTTATTTCTATGTCATATGCCAATTTTAAT
TCAAATATGACCTTCAGAAAATAAATATTTAAATTTTAATATGAAACTATTTTTTTTAATATATTTTTAAAGCGCTCCAAAATCAATTCAAGGTT
AAAATAAATTTATCTTGAAGGGTATTCATAAATCTTTAAAATTTTAATTATTTATTTATTCTTCAGAAGCCTGAAATTACATGGTTTAATATGCT
TTTCTAGTAGTTTTTATGAACTGCAGCCAAATAACATATGACAAGATGACTGAGGTCGAACTAGGTGGTAACGCTGCTTTGAAACCAAACAAACC
ACTGCCACTTTGTTGTTTTCATCGATTAACATTCGAGCATTTTTGGCACCAACTTCGAGCGCTTATAAATCAGGTAAGCTAAATGAAAAACCATG
CGTGCCTATAACCAATTGAAAGATCAAAACTCGCAGAATCTGATTTTTCACTAAAATCGAAAATCCCGTTCAATTCGGCCAAATTAGAATCGATT
GAACTTGATGATTTCCCGCGCGCGGGAACCCGACGTCGGCGCGCGCTGCTGACAGCGATGACAGCTGCGCGCGCAAA
(SEQ ID NO: 400)

Exon: 20737..20583
Exon: 15027..14900
Exon: 12092..11756
Exon: 4964..3694
Exon: 3627..3402
Exon: 3284..1701
Exon: 1036..1001
Start ATG: 14919 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT13099
ACTTTGCTGCCGCCGCTCCGCTGCTCGTGAAGTTTTTTCGTGGCCGGCGACGACGACGACGAAAAACTCTCGAAAAACGTTGTTCAATTCCCTTT
AAGAAAAACAAGTGAAAACACCGGGGATATTATGTTAAGCATTTTTCCGCTTACTAGAAGTCCTCTTTAAATTGTACATTTCATGCAAAACATTT
CTGCTTTTGACGAGCAGCTTAAAAACAAGATTCAGGATAAAGAACCTTGACGGCTTCTCAAGGCCGTACAATTATGGGTTTAAATGCCAAGAGTG
TTTGTTCTACCAGCAGCACTGAGCCAAATGGCAGCATAGTCACAACCGCCCCCAGCAACGGAGAAGTGAGCAGCAGCATAGTCGTCGTCGTCAGC
AGCAGTAGTATCAGTAGCAGCAGCGATAGCCCAATCGCTATCCTTCCACATCCAGATCCAATCCCATCAACATCGTTCTCTTCAGCGTCGCAACG
AAGTGAAGAGGAGCTACCAGGAACCTCAGCAGCCTCCAGAACCGACGAGATGTGCTCTTGTGATAGCCAGAATCTTGCAGCATCCACAGCCGCGA
CTTCCAATGGCAATAAACGTAAACGGCGTTTAAGCAGCGATTCAAACGAGGACCCTGAACTCGGTTTTGAGCCTCCATCAGCTAAGCGCCAGCAG
CGACTGCCCGCTTTGTACGGCAGCGAGCAGGGCAATCTGTCATCGGTTGCCTCCTCGGTCTACACCTCGCCCGTTGTCTCGGTTGATGGCCAGAG
TACCCAGGAGCTGCTCAGCATACGTAGCTCACCGGCCGAGGATCTGTCGGAGGCGCCACACAGTCCGCTGCCGGACAGCCCGGACAGTCCGCCGA
GTCCGGATCGTGGAAGCAAGCAGACGCCAGTGGTGGTGCGCTACGCTGCGGAGCAGGTGGTGACCAGTACGGTGGTCACGCAGAAGACGGAGGAT
GATGACCTTTTGGACGACAGCTGCGAGGACTACTCGTACGACGAGGATGATGAGGATGACGTTGAGGAGGAGGACGACGACGTGGAGATCTACTC
CTCCACAATTTCTCCAGCCTCCTCCGGCTGCAGCCAGCAGCAGGCGGTGAATGGAGAGCGTACTCCCGGCCTGCCAAAACATCAGGAGCAGATCC
ATCATCCGGTCAGTGACCTGATGATTAACATGCGGACGCCCATGTCGCCGGCTGTGGAGAACGGTCTGCGCCAGTGCCCACTTCCTGCGCTCGCC
TGGGCTAACGCCGCCGATGTTTGGCGCCTGATGTGTCACCGGGATGAGCAGGACTCGCGTCTGCGCAGCATTTCGATGCTGGAACAGCATCCCGG
ACTGCAACCACGTATGCGTGCCATTCTCTTGGACTGGTTGATCGAGGTCTGTGAAGTTTACAAGCTGCATCGGGAGACCTTCTACTTGGCCGTCG
ACTACCTGGATCGCTATTTGCATGTGGCGCATAAGGTGCAGAAGACGCACTTGCAGTTGATCGGCATCACCTGCCTGTTTGTGGCCGCCAAGGTA
GAGGAGATTTATCCGCCAAAGATCGGGGAGTTTGCTTATGTGACGGATGGCGCCTGCACAGAGCGGGACATCCTTAACCACGAGAAGATTCTGCT
GCAGGCGCTCGACTGGGACATCAGCCCCATCACCATTACCGGCTGGCTGGGCGTCTATATGCAACTGAATGTGAACAACCGCACTCCGGCCTCGT
TCTCCCAGATTGGCAGGCAAAAGAGCGCGGAGGCGGACGATGCCTTTATCTACCCGCAATTCTCTGGCTTTGAGTTTGTGCAAACCTCACAGCTG
CTAGATCTGTGCACCCTGGACGTGGGCATGGCCAACTATTCCTACTCGGTGCTGGCAGCGGCCGCCATCAGTCATACATTTAGTCGGGAGATGGC

TTTACGCTGTTCTGGTCTGGATTGGCAGGTGATTCAGCCTTGTGCTCGCTGGATGGAGCCATTCTTCCGAGTGATCTCCCAGAAGGCCCCCTACC
TGCAGCTGAACGAGCAGAATGAGCAAGTCAGCAACAAATTTGGCCTGGGACTAATCTGCCCCAATATTGTCACCGACGACTCGCACATTATCCAA
ACGCACACAACTACCATGGATATGTATGACGAAGTGCTTATGGCCCAGGATGCGGCGCATGCCATGCGCGCTAGGATTCAAGCTTCCCCGGCCAC
CGCGCTGCGCGCTCCCGAAAGTCTTCTGACGCCTCCCGCCTCTAGTCACAAGCCGGACGAGTACCTGGGCGATGAGGGCGATGAGACGGGGGCCA
GGAGCGGCATCTCCTCCACAACCACATGCTGCAACACTGCCGCCAGTAACAAGGGCGGCAAGAGCAGCAGCAACAATTCGGTGACCAGCTGCAGC
AGTAGAAGCAATCCCTGAGAGATTCGCCTCACTGCTCTTGGCCATCATCCTCTCACACTCACCACACCCGCCCAAACAGTCTACGTTAAGTGTTT
CTTATATTTAAATTATTTTTGTTAAGTGAAAAGTTATTAGTTGCCTAATTCCTATGCTACAAACATATTTAATTTGAAATTATCTACGCGCTCTT
GATTCTCAACTCGCGATATAATCATTTTCCTCGCTCAGCTTAATATTTAACTTTGTGTATTTATAGAAAAAACAGAAATATAATTTTAAATGTAC
ACTATCTATAAAGCGCTCAAGCTTATATATATATATATACACATACACTTATAGTATAGCAGACCAGACAAAACTGAATTAACCATTAGACTAAT
ACCTGCTGAAAAGGAGCACAACACTATCCAGAATTCAGTGGTGTGACGCTCTCACAAACCAAGTTGGGTGCCTCAAAAATGAAACAACAAAATAT
GTTCGCAATCATACATGTTTAGCTTTCAACCAGTCAGTCAATCATTTGATATCACCAATCACCAAGCAGCAACTAACAAAACTAAAACTGACAAA
CAGAAGAGGGGGCAGTAGCGGCCCAGAGCACAGTACTTGACTAATCAACTAAAATTAGCATATAAGTCGAGGGAATCTATCTAACTCTACTAATG
CATTTCATTCGACCATTAATCCTACTAACAATGAATCAACAAACAAGACAAGTCCACAGCTGACATGGAGTGACAAAAAGAAAATGGCAATTGAA
GAAGTAAAGAATTAAATATTCATGAATTGAAACCCCAGAACAGACTATATGTATTCATATATACATCATTGTAAAATTTTTTTAATTAGACTAAT
TTGCCATAATTTGCTAAGCAAATAAATTCTGTACATAAAACAAAACAATACAAAACGCACAAAAACAAGAATTAACCGTAACTGAAACGCATATA
ATATATTATTATATAAGTGTACAATTCTTTATATGGCTTAAAATATTTTATGTACATTCAAAAGGCAACCACGCAAGGTAGAACAAATATTTATAT
TCGTTAGCTTAGGCATAAATAACATGTAAGTGTTCATACGATTAAGGCTGGATTGAAAACAAAAACAAACAAAAAACAACTAAAAGAAAAGCAAA
CAAAAAAAAAAACTAATCTATTTATGTTTTATTTGTAGTTTTAAAAGCAATAATCATTTTAAAATTATGAATTTAATTTTAAATAATTTCAGAAC
TACGCTTATATCCATGATTTGATGTTAATAAATAAACGATCGCAAAATCGTAAACTAAACAAATCAAGTTGAATTGAATGAGTAAATAAATATAT
ACTTTTGTAAATAAAACTGAAATCAATTCAAA
(SEQ ID NO: 401)

Start ATG: 264 (Reverse strand: CAT)

MGLNAKSVCSTSSTEPNGSIVTTAPSNGEVSSSIVVVVSSSSISSSSDSPIAILPHPDPIPSTSFSSASQRSEEELPGTSAASRTDEMCSCDSQN
LAASTAATSNGNKRKRRLSSDSNEDPELGFEPPSAKRQQRLPALYGSEQGNLSSVASSVYTSPVVSVDGQSTQELLSIRSSPAEDLSEAPHSPLP
DSPDSPPSPDRGSKQTPVVVRYAAEQVVTSTVVTQKTEDDDLLDDSCEDYSYDEDDEDDVEEEDDDVEIYSSTISPASSGCSQQQAVNGERTPGL
PKHQEQIHHPVSDLMINMRTPMSPAVENGLRQCPLPALAWANAADVWRLMCHRDEQDSRLRSISMLEQHPGLQPRMRAILLDWLIEVCEVYKLHR
ETFYLAVDYLDRYLHVAHKVQKTHLQLIGITCLFVAAKVEEIYPPKIGEFAYVTDGACTERDILNHEKILLQALDWDISPITITGWLGVYMQLNV
NNRTPASFSQIGRQKSAEADDAFIYPQFSGFEFVQTSQLLDLCTLDVGMANYSYSVLAAAAISHTFSREMALRCSGLDWQVIQPCARWMEPFFRV
ISQKAPYLQLNEQNEQVSNKFGLGLICPNIVTDDSHIIQTHTTTMDMYDEVLMAQDAAHAMRARIQASPATALRAPESLLTPPASSHKPDEYLGD
EGDETGARSGISSTTTCCNTAASNKGGKSSSNNSVTSCSSRSNP*
(SEQ ID NO: 402)

Name: cyclin E type II
Classification: cell_cycle_regulator
Gene Symbol: CycE
FlyBase ID: FBgn0010382

Celera Sequence No. : 142000013384450
TTATACGCTTGTCCTTGATGATGTTGCTATTGCCATAGAGCGGCTTCTTGTAGACTATCTTGGATGCCTCCAAATGGATGGCTAGCAGAAGTGTC
AGCAGCAGCAGGGAATTTTTAAAGGCGCCTGATATATGAAATATATACGATATGAAATGTGTTCTTTAGCTAATATTACTTTCAAAGCTTACCCA
TCTTGGTATCTACGGAAACACTGAATACTTCTGCCTTTGCGCCATCCATTTTATATAAGCCATTTTCTTACTTGGCTTGCAGTTTTTCAAGATTT
CGGTCTTCCATTTTAGTCGGCCCCCAACGAAGTTCAAGTTGTGAGAACCGGCAAAATTGTGTCAGGGTTAAGTCTGATTAAGCAGAATTTTCACA
CAAAGCGAGTGGAATTCATTCATTTGGAGGAAAGTGAGAAGAAAGAAAAAGAATTACTTCCGAAAATTATGCGTAATCAATAAACCCAAAAGTTG
TGTCTTGAGCTGCACAAAGTTTACCTTACCGTTCTAAACTACTTTCCAAAATCTTTTTAAATATCCCGCCAAACTGCAATGAAACTGTTATGATT
ATAATAACATAATGGATAACATAAATAAACGGCCGATTAAACAGCAATTATTATCCAAATTATACAAGTTATAATATGGTAATATTAACAAACAT
TTCAACATAAGCAAAGCTTTGGTTTTTAATCTAATTATAGATTTAATTTAATTTTCATTTTTTGGTTTGTTTTTCGTTAAGTTAGTATTTTTTGC
GCTGTTTATGGAACTTAACAGAAATACCAATCAATATTGGGCGGCCAACATTTGAAATATAAATACAGATTATCGATATGTATCTTGAACGAAGT
TTTAAATGTTTGTTATTTGTTAAACTCAACAATCCTATAGATTTATGCCATAAAAATGTCAAAATTATCGTTGCTTCAAATGATTTAAGTACAAA
ATTCGAGTTTCGATAAACGGTTAACAGTGCCGTACTCACCACGGTGCGCCCAACAGCACGCACACACAGCCGGCTGTGGTGGGTTCGCTGGACAG
GCAGTGTGGTGAATATACTAGTTGCTGGAGCTTGCCGCAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAACAAAACAGATCGAAAAACACAGCAAACAACAAAATTA
TACGCCATTAATTACCCGATAAACTTACCGATGGCCGATAAGCAACGGCTAAGTGATCCGTAACACCCAGCGATAAGATCCAGATAAGATTGGAA
TTAAATTTTGGGTTTGCCATCCGCATCGAAATCGCCGCAATCGGAATTTACTTGTACACCAGCCAACTCGCCGTTCAAGACGTCCAAGTTTTTTT
TAATCCAGAAATCCCATACACTGCCAAAATGCCCGAATATGTGCCGGCACGGGGCTTCAAGGAGATGGAAAATCTGATCAAGCTGTACGAGAACC
AGCGCAGCCCCATCTACATCTACTTCTACGGCGAGAAAGACAAGGACGGACGCAGCTGGTGTCCGGACTGCGTGGCGGGTAGGTGACGAATTCTC
CTCGCCCAGCGGGGCGTTACTAGTCCAGTTGGGCACTCTACATTCTGCTTATCACGCTTCTCATTTGTGGGTTTCAGTTAGTTACTTTCTACCCA
GCTAACTTGAGTTACTTTTGATTTGATTTCGCTCTCCATTGAGAGTTCCATCTACATTGTACATTGTCCTCATCATTTCGATTCATTTCATCGC
AGAGTTATAACATAACATAAAGAAGTGACATACATTAAGTTAATCCCATTATCGCTGATATTTTCCAGCCGAGGAAACTATCATGAGTGCCTTTC
GCAACCACGCGCCGGCGGATTGCATGATCCTGGTGGTGGACGTGGGTAGCCGGGAATCCTGGATAGGCAAGGACAACATGTTCCGAAAGCCGCCA
TACTCGGTGGAAGGCATACCGACCCTTATACGCTGGAAGGGCGTGGAGCGCCTGGATGGGGATCAGCTGCTCAAGTCGAGTCTTCTGGAGCTCTT
TTTCGAGGAGACCGATCCGAAGAAGTCCAATTTTGTCGCCCAATAAAACGCGATTTGGCTTTGGCTTAAACTCACTCCCACTCTCAGTCTCTCTC
TCTATCACTCTCTCTCTCTCTCTCGCTGCGGCTCTCTTTCTCTTTGCTGCTTTGCGCTCAACTCGGTGGAAAGAACGAGTGAAATTGTCGTTG
GGAGGGGTGGTGCTAAAAAAGGGGGGAATGGAGAAATGGGGGAGAACAGAATGAGTGGAGCATTTCTGGCTGGCAGCGCGTCGCTCGGCATTTAC
TCGTTTATTTGCACGCATGTCGTCGACCAGGACGAATCGTTTGGCAGAGCGCGGCTGAAAAAGGAATCGAAAACGGGGCTATAACGGTAATAGCG
GCACACGCGTCCAACGGTAAACACGCGTGCCAACGCGCCATCTCGCTCGCACGCGCTAATGCCGCGATTTAAGTTTTGTTTTATTTTTTGCAAGT
GTTCGAATCAAAAAGCCTAACAAAACACAAAACCCGAAACAGTTCTCAAGAAATACATAGGTAAATGCAAAGTAAGATATGTATATATGTAGCTA
AACATAGCGGAAAAGCGCAGAGTATCATTGAATTTGAAGCACACGACCGCACAGTTTTGCAAGCTGATTAACTGTAAACATGCTGAACATAAACA
ATGGATAAAAAAACATGATAGATCCTGCCTAAAAGTGAATGGTTATAAATTAAGAATGGGCTTGCAACGGTAAATCCTGTTGCGTTTTGCTTTAA
CTGTTTGAAAATAAAAAAAAATATATATTTAATAATAGAATAATAAAAGGTTTCGTAAGTAAAGTAACATCAAAACTAAACTAAAGGTAAATGTA

TAAATTGATCAAATGTTTTAAAAAGTAATACGTTCAATATTTAGCCAATGCAAAACCAGGCAAACGCAATTTACCGTAACTTCTTAGCCAAAAAC
CCTGTTGCTTCGGCCGCGTTGCATATTAATTGTGTGGCAAGACTGTTGCTTCTTCTCGTTCGATTTGTTTGGTAACTTTTACGTTAAATCATTGA
C
(SEQ ID NO: 403)

Exon: 1001..1503
Exon: 1779..2041
Start ATG: 1395

Transcript No. : CT13113
CAACAGCACGCACACACAGCCGGCTGTGGTGGGTTCGCTGGACAGGCAGTGTGGTGAATATACTAGTTGCTGGAGCTTGCCGCAAAAAAAAAAAA
AAAGAAAACAAAACAGATCGAAAAACACAGCAAACAACAAAATTATACGCCATTAATTACCCGATAAACTTACCGATGGCCGATAAGCAACGGCT
AAGTGATCCGTAACACCCAGCGATAAGATCCAGATAAGATTGGAATTAAATTTTGGGTTTGCCATCCGCATCGAAATCGCCGCAATCGGAATTTA
CTTGTACACCAGCCAACTCGCCGTTCAAGACGTCCAAGTTTTTTTTAATCCAGAAATCCCATACACTGCCAAAATGCCCGAATATGTGCCGGCAC
GGGGCTTCAAGGAGATGGAAAATCTGATCAAGCTGTACGAGAACCAGCGCAGCCCCATCTACATCTACTTCTACGGCGAGAAAGACAAGGACGGA
CGCAGCTGGTGTCCGGACTGCGTGGCGGCCGAGGAAACTATCATGAGTGCCTTTCGCAACCACGCGCCGGCGGATTGCATGATCCTGGTGGTGGA
CGTGGGTAGCCGGGAATCCTGGATAGGCAAGGACAACATGTTCCGAAAGCCGCCATACTCGGTGGAAGGCATACCGACCCTTATACGCTGGAAGG
GCGTGGAGCGCCTGGATGGGGATCAGCTGCTCAAGTCGAGTCTTCTGGAGCTCTTTTTCGAGGAGACCGATCCGAAGAAGTCCAATTTTGTCGCC
CAATAA
(SEQ ID NO: 404)

Start ATG: 395

MENLIKLYENQRSPIYIYFYGEKDKDGRSWCPDCVAAEETIMSAFRNHAPADCMILVVDVGSRESWIGKDNMFRKPPYSVEGIPTLIRWKGVERL
DGDQLLKSSLLELFFEETDPKKSNFVAQ*
(SEQ ID NO: 405)

Celera Sequence No. : 142000013384645
TAAGATCAAATAACAATATTTAACTATGGCGCCACGTTTGACTTACCTCGGATAGCAATCTCTTGAGGCCCTCGACCTCATCCTCGCCGGCGTTT
AGCTCGCCACCGGGCAATTTGAAGAACGTGGTGCCCAGCTGCAGGAGCAAGACATGTGGCAGTCCGTGCTCGTGGACCAGAAGCACTCCCTCGAC
GGAGCGCCGCATTCCGATCCGGTCGAATTCCTCGCGCATCCGCTGGAATCGGGATGGCACCGACGGATCCTTCTCAAAGAGCGGCTCCTTGGTGC
CGAATGTGTAGTTCGTAAGGGGGTATCTGAAACAATCGATCGATCTATGATGTGCGTCTATGAATGAAATGTGTTGTACCCACAAGTTGATGGTG
CGATTGATGGTTAGCGCCTGGTTGGTGTACTTCTGGGTACCGTTGTTATTGCTGCTGGCTGCATCCGCTTGGCCTTGGCTTCCGCGGCGCGGCCA
ACCGGAGCCCGATTTGTTTGAGACTTGCGAGGACGCCATTTTGTTATACACACACCCCTGTGGGAAAATTTGCGGGACAAGCTGGCCGACTTTCT
ACCAAATCCTTTGGTTGTGCGTTGGAAACTTGTATTCCAATAATATTATAATCCTTAACTGTTTATTTACAAGTTATACTATAAATGTAAACCCG
TTTTAAGCCGCTTAATTACACTTTTCTGTCCAGCGCTTGTGCAAAAAAATTAACCGGCTGGACGAGGGCTGCACGTGAATTGATTGATGATGAGC
AGAACTGGTTCGTTGAACTAGATTATGGAATTAATCGATTTCGTACTTTGTGTGAAATAAACTTGTAATGACCTTTTGCTTAATATTTATTAAAG
ATTTATTCAATTTTTTGTTTTATTTTTAAATGCAGTTTTAAATTATTGTTTGTTTACATATGTAACGACAGCCCTGGTGTTTCTTGTCTAATGGC
AACGCTCTGAAATTGCGCAGCAACCCCATCTGGCCACACTGACCCATTAGTTTTTTGTTTATGTTGGGTTGTCGGAAAAATCGGCTGTTTTCCGT
GTGTCCGTCTGCCATGAAAAGCTGCTAAAAAGCTAAATATAAAAATCAGCGCAGCACACACGTTCCGCTGCCTGCATTGTTTGCCCATTCTAATG
GGAAATTATGTGAGTGCGAGTCAGGAAAACGCATCGTGTGTGTATATATACATATATACATAAGTATGTAACTGCGCCCGTTTGTTTGTGTGTGT
TTTTGTGTGCATGGTGCAATGGAAAAGTGATTATTATAAATGAAAATCAGTGAAATGTGTAAGTGTGGCACCGCAAACGCTTTGAACTTTTCCAT
TTTCATGTTTTCACCTTGTCTTCTCTTCTCTTCTTCACCCACCTCCCCCGTAGTCAACCAACTCCCACTTGTGCGTGTGTAGGAAGGCAGAAGGG
TGTTTTGCATTCGTGTGCGTGCCAGATAAAAAGACTTTGAATTTCTGGAGGATATTAGTGTCAACTGTGTGGGGTATAATACGCCGTAGGCCCTA
ATATGCAGGCAAGTCCATTAATTACGCCAAAGGTCACAGGTTAGGCACGCAGCCAGGATCCAAGGAGCAATAATAATGTTGTATGAAGGCGACCT
GTAAGCGAGAGCGAGAGAGCTGGTGTTTTGGTGTGAGTGCGTGGTAGAACAAAGAGGACGAAAAACACGGCTAACGAATTCGCCGCACGACACAC
TCGCCGCATGGCGAATTCAAACGTATCCCAGTGAACGAATGAGAAACAAAAGGATATCTTATTGAAACTGATTAAACTAAAGACTGCCGAATAGT
TATATAAAATCCAAAACCATGTCTGCGGCCGAACTCGAGGCGGAGGCTTCAGCCCAGGAGCAACAATCCCAGCAACAACAACAAAATCAATCACA
AAGCGAGGAGATAAATACAAACACTGCCATCAATGCAAATGCAACCACAACAAATAGCTACAACAATAATTTAGATACGGAAACCCAGCTTCAGA
TGCACCAGGATCCGCAGCAGCAGCAGGAACTCGAGGGCAATAGCAACAATGGCATCACAGGACTCGGCCTCAGTCTGATGAACTCCTCACCGCCG
CCGCACAGCTACCGACATTCGCGGGCCTATCGCCACTTCAAGAATCCGCCACAGCCCCACATGTGCATCCGCACCACCACGGAGGCGGGCGAGGA
GCTCTTCATCAATGTCCTCAGCTGGACGCGCATTGTGATACCGCAGGAGCCCAGCGATCCCATTCCCCTTTACGGAGGCATGCGGGTAAGATTCC
TTAGATTAAGTGTCCTCAAACATTCACGTCGGTGTTTCCTTTATTAGTTATTTATGTTAATGTTCTTATTCATTAAGGTACCGCCTGGCAGCCCA
CGCAGTCCTCCCATTGTCTTTGCCGTAATGGCCAATCCGGAGGTGCTCAAAGACTCCGGACGTCACAGCAAAGATCCTGAGGAGCGACGAGCTAT
GGTGGAGCTGATGTGCGACTTTGTGGAGGCTATGAATCCAGGCGTGAAATTAGTCAGGTATATAATAACACTATTAGTTTACTGCCCGATTAAAA
ACAAGAATAAAAATATATGTAATACATCTCCAGAAACGCCGTAATACTCAAGGATCGCGATATCTCCGGCGAGCTGAAGGATGTCTGGAATGCCG
TTCAGGCGCAGCGCGATCGCGAGAGGGAGGAGCAGATGATGCAGCAGCGCCAGCAGCAGCACTACCAGAACATCACCACGCAACAGATGTTTCCC
AAATCGCCGGATGCATCGCGGGCAGCTAGTGCTGGTGCTGCAGTGAACGAGGCCAGCTCGCCGCCGGCTCACTTGTCTGAGCCGCTGCTGGTAGA
GCAGGGAAATGGCAATGGCAATGGCATCACCCTGGCCGTGTTTGCCCAGCAGCTGGACAACAAAGTGGCCAGCGAGCAGGGTGAGCAGCAGGAGC
AATCGCCAGTTTCGGAGGATGCTTGCGTGGATCAAACGGATGCAGGCAGCTCGCTGAATGGATCAACAACTGTGCTGGACAATCAGCCGGTGGCA
GTGGAGAACGAACCAGAAGTAAAGGTTGCACCACCGGCAGCCACAAATGGTGCTAGCACTCCCACACCCAGCCACGCAACACCCACAGTAACAGC
CACAGCCACATCATCGCCCAGTCCAACTCCAACTCCCGTTGTTGCTCCCGTCGTTACAGCAACTCCTCCACCTGCTGCTCCCGCAAAGAAGGAGA
AACTGGGCGGCTTCCTGCCCAACGGCTGCATCTTCCCGCGCTTCAAGAACAACAAGCACAAGGACAAGGACAATAGTCACAAGGAGGGCAAGAGC
AAAGAGAAGACCCTGCTGAATGCGCTGAAAAAGAGCAAAGAGAAGAAGGTGGCGCCCAGTGAACAGCCGACAGAAAAAGCCGCCGCCTCGGACAA
CGGAACAACGCAGTACGAGAAGAACTGCATCAACAATCTGGAGTGCGAGGTGCAGAAGCTGGACTTGAACAGCGGCACCAATGGCGACAATAGCA
TGTTCATCAAGCTGAAAGTTTCGCCGGCCAATGCCACAGCAGCGGCAGCGGCGGCCAAGTAGAGATAATCCTGAATTTACACACAAAAAAAAAAT
AAATAAAATCTCGTAGGTAAGTGGGAAGTTAGGACGATAGAGAGCCAGAGGAGGCGGCACTCTACCAGTGAACAGTGTCACTGTGTCAGCACTTA
GGGCTTAGAGTCGTGGATAGAGTCGTGTAGCATATACAAGATTTATATATACAGATATATATACAAGCATTCACACACCCGTTTTTACACCGTTG
GTCAATTTTTTGGATAGCCACTCAGAACCAGGACTAGATGAACTAACAGTTGTGCCATGCTCCAGCTCATAGACATTTATAGACGACAGCGCTTC

TCCCAGGATCTTCCCCGGCATTTAACTGACAGAATGATAAACGTATTTACATAGTTCAATATATGTATGATTCGCATACAGTTTGCCTTATATAC
AACAAGCCCGAGAGAGCGACAAGAACCTAGCAAGAACCAGTTGATAAACACGAGAATAAATGTATTTAAAAACATAATCGTCGAATGAAACTCAT
GCGCCAAATGAACTTACCAGACTAACTACTAGCTCCATTCCCAAATTGTCACATCATCTCATCGTGAACCATACACCCACCAGGCATTTGCCCAT
CGATTCATCCATCCATCCATCCATCCATCCATCCATCCATCCATATCCATATCCATATCCGTGCAAAAGTATTAAGAAACTTCGCAGATCCAAGA
ACCCTAACCCTGGATCGATTGATCTCCACGCTTTGAAGTTGAGGGGCAGTGAAAACAGCGGAGGGAGTTTTAAAGCCGGCTCTTTAGTGCCACGA
CTAACTTATGTACCTTAGTATAGCCGAATGCGAAAACAGTATACAGATCCGCAATGTCGCTATTATGATTTATATTTTAAAGTTTAACTTTTAGT
TTCCCCTTTTGGATACCGAAACGGGGAAACTACATTTCATTCTATTTATTTTCCGTTCGTGCTTGTTGTGTTGTAATTGTGTAATACTACTGTTG
GAATTTTTAACTTTTAC
(SEQ ID NO: 406)

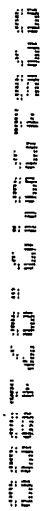
Exon: 1001..1293
Exon: 1384..2270
Exon: 2358..2527
Exon: 2599..3577
Start ATG: 1824

Transcript No. : CT13259
TTTTTTGTTTATGTTGGGTTGTCGGAAAAATCGGCTGTTTTCCGTGTGTCCGTCTGCCATGAAAAGCTGCTAAAAAGCTAAATATAAAAATCAGC
GCAGCACACACGTTCCGCTGCCTGCATTGTTTGCCCATTCTAATGGGAAATTATGTGAGTGCGAGTCAGGAAAACGCATCGTGTGTGTATATATA
CATATATACATAAGTATGTAACTGCGCCCGTTTGTTTGTGTGTGTTTTTGTGTGCATGGTGCAATGGAAAAGTGATTATTATAAATGAAAATCAG
TGAAATGTTCAACCAACTCCCACTTGTGCGTGTGTAGGAAGGCAGAAGGGTGTTTTGCATTCGTGTGCGTGCCAGATAAAAAGACTTTGAATTTC
TGGAGGATATTAGTGTCAACTGTGTGGGGTATAATACGCCGTAGGCCCTAATATGCAGGCAAGTCCATTAATTACGCCAAAGGTCACAGGTTAGG
CACGCAGCCAGGATCCAAGGAGCAATAATAATGTTGTATGAAGGCGACCTGTAAGCGAGAGCGAGAGAGCTGGTGTTTTGGTGTGAGTGCGTGGT
AGAACAAAGAGGACGAAAAACACGGCTAACGAATTCGCCGCACGACACACTCGCCGCATGGCGAATTCAAACGTATCCCAGTGAACGAATGAGAA
ACAAAAGGATATCTTATTGAAACTGATTAAACTAAAGACTGCCGAATAGTTATATAAAATCCAAAACCATGTCTGCGGCCGAACTCGAGGCGGAG
GCTTCAGCCCAGGAGCAACAATCCCAGCAACAACAACAAAATCAATCACAAAGCGAGGAGATAAATACAAACACTGCCATCAATGCAAATGCAAC
CACAACAAATAGCTACAACAATAATTTAGATACGGAAACCCAGCTTCAGATGCACCAGGATCCGCAGCAGCAGCAGGAACTCGAGGGCAATAGCA
ACAATGGCATCACAGGACTCGGCCTCAGTCTGATGAACTCCTCACCGCCGCCGCACAGCTACCGACATTCGCGGGCCTATCGCCACTTCAAGAAT
CCGCCACAGCCCCACATGTGCATCCGCACCACCACGGAGGCGGGCGAGGAGCTCTTCATCAATGTCCTCAGCTGGACGCGCATTGTGATACCGCA
GGAGCCCAGCGATCCCATTCCCCTTTACGGAGGCATGCGGGTACCGCCTGGCAGCCCACGCAGTCCTCCCATTGTCTTTGCCGTAATGGCCAATC
CGGAGGTGCTCAAAGACTCCGGACGTCACAGCAAAGATCCTGAGGAGCGACGAGCTATGGTGGAGCTGATGTGCGACTTTGTGGAGGCTATGAAT
CCAGGCGTGAAATTAGTCAGAAACGCCGTAATACTCAAGGATCGCGATATCTCCGGCGAGCTGAAGGATGTCTGGAATGCCGTTCAGGCGCAGCG
CGATCGCGAGAGGGAGGAGCAGATGATGCAGCAGCGCCAGCAGCAGCACTACCAGAACATCACCACGCAACAGATGTTTCCCAAATCGCCGGATG
CATCGCGGGCAGCTAGTGCTGGTGCTGCAGTGAACGAGGCCAGCTCGCCGCCGGCTCACTTGTCTGAGCCGCTGCTGGTAGAGCAGGGAAATGGC
AATGGCAATGGCATCACCCTGGCCGTGTTTGCCCAGCAGCTGGACAACAAAGTGGCCAGCGAGCAGGGTGAGCAGCAGGAGCAATCGCCAGTTTC
GGAGGATGCTTGCGTGGATCAAACGGATGCAGGCAGCTCGCTGAATGGATCAACAACTGTGCTGGACAATCAGCCGGTGGCAGTGGAGAACGAAC
CAGAAGTAAAGGTTGCACCACCGGCAGCCACAAATGGTGCTAGCACTCCCACACCCAGCCACGCAACACCCACAGTAACAGCCACAGCCACATCA
TCGCCCAGTCCAACTCCAACTCCCGTTGTTGCTCCCGTCGTTACAGCAACTCCTCCACCTGCTGCTCCCGCAAAGAAGGAGAAACTGGGCGGCTT
CCTGCCCAACGGCTGCATCTTCCCGCGCTTCAAGAACAACAAGCACAAGGACAAGGACAATAGTCACAAGGAGGGCAAGAGCAAAGAGAAGACCC
TGCTGAATGCGCTGAAAAAGAGCAAAGAGAAGAAGGTGGCGCCCAGTGAACAGCCGACAGAAAAAGCCGCCGCCTCGGACAACGGAACAACGCAG
TACGAGAAGAACTGCATCAACAATCTGGAGTGCGAGGTGCAGAAGCTGGACTTGAACAGCGGCACCAATGGCGACAATAGCATGTTCATCAAGCT
GAAAGTTTCGCCGGCCAATGCCACAGCAGCGGCAGCGGCGGCCAAGTAG
(SEQ ID NO: 407)

Start ATG: 734

MSAAELEAEASAQEQQSQQQQQNQSQSEEINTNTAINANATTTNSYNNNLDTETQLQMHQDPQQQQELEGNSNNGITGLGLSLMNSSPPPHSYRH
SRAYRHFKNPPQPHMCIRTTTEAGEELFINVLSWTRIVIPQEPSDPIPLYGGMRVPPGSPRSPPIVFAVMANPEVLKDSGRHSKDPEERRAMVEL
MCDFVEAMNPGVKLVRNAVILKDRDISGELKDVWNAVQAQRDREREEQMMQQRQQQHYQNITTQQMFPKSPDASRAASAGAAVNEASSPPAHLSE
PLLVEQGNGNGNGITLAVFAQQLDNKVASEQGEQQEQSPVSEDACVDQTDAGSSLNGSTTVLDNQPVAVENEPEVKVAPPAATNGASTPTPSHAT
PTVTATATSSPSPTPTPVVAPVVTATPPPAAPAKKEKLGGFLPNGCIFPRFKNNKHKDKDNSHKEGKSKEKTLLNALKKSKEKKVAPSEQPTEKA
AASDNGTTQYEKNCINNLECEVQKLDLNSGTNGDNSMFIKLKVSPANATAAAAAAK*
(SEQ ID NO: 408)

Celera Sequence No. : 142000013384676
CTTTTCACCGAATACCACACAAAGCTGACGACGGGATGTTTCGCCACCCGTACTTCTCCCTTAGGGGTGGTTTCCTGTCACGAGCACAGGGTTGC
TAAATGCGCGGCAAAGGCGGCCGAAAGTCCTGTGCTCGGCTTGAGAGCTCCACTGGCGAAATGTTTGTTTTTATTGATATTAATTTTTCTTCTGC
TTCTCCTCCTCCTTCAGCTGTTTCTCCCTGAGCTTTTCCTCCTTCTTCAGCTGTTTCTCCCTTAGCTTCCGCTCTTTCTCCCGCTTCTTCACGAT
TGCGGGATCATCGCTGTCCTCATTGGGGTCCTTCTCCTCCTTCTTCACCTCTTCATCGGGAATTTGTTCAAGACCCTATAGAGAAAGAAGCTTTA
CACCTGAGGCAGCAAAAAAAAATCTGTAAGGAACTACAGGAAAAACCAAAAACGACCATTTCAACTATCACTTCCGAACTGCACGTTTCGTTTAT
TCACTTTTGCACTTAAGCTTAAACGGAAAACTTTACTTAATTAAAATTAGTTCGTTTTCTCATCCGGTATGGCATCCAGACCCTGCAAGAAGATT
GGTTCGGTTTTTTGTAAATGATTTAAGCTTATAACTCTTCGAATAAGCGTAAAAAAAATGGATGGTATGAATTCGTAGGAAATAAAGTAACATTAA
CTACCGCCACCAATGATCAATAAACAATAAAAACGAAATTAACCAAGAAAACTAAGATTTTAAATGCAATTACCTTATAATATAGAAAACTTTAA
AACTAATATTTTATTAGTGAAGAAAGCTAGTTCATAACACCAAAAACAATCTATTTAACATACTTCAGAGAAAAACATAAACAACGAAACCAAAA
TGAGCGTGCATAATAATGAAGTGCGTGCTGTGAGATAACAAAACTGCTGCCAAAAATAGGGTAAAAACGTGATGGTTGGCCTGCCGCACAAAAAT
CAGTTGTAGGCAGGCCAGACTATAGCACAACACTTACGTTCATCTTGTAGGGATTGTCGGTCAGTCGGAAATCGCGCTGGTACATAACTCGGCTG
AAACGCTCGTCCATGTTGCGCCGGAAAGCCTGTTGAGCAAACGATTAGCAAACAATTAGTAACTCCGTAGTGTTCCGTCGAACTCGTTGCGAAAA
GCAGGCGGTTAAATAATGTTTAACAGATTCCGATTGGTGCACAAACAGCTGCGGTTATATAAGAATTTCGGGCTGCTGGGCCAGAAGGCCAGCGT
GGGACTCACATTGCCGATCATCAGCTTGTCCAGGCCGTACATGGCGTATATGGGCACCGAGAGGAGCGTGGTGATGATCACCGCACCAGGTAGGA



TTTCGAACCACATATTGTCAATGGAAATAGATTGTTATGATATTTACTGCAAGACGACACCCAGTGTGACCGTGGATAGTCCGTTCCAATATACA
GGTAGCCTTACAAAATATACCAAAAACTTGAATGTTGAACTAGAGGTGGGCCAGTAACGATAAGAAAGTAACGGTGACTGAATTCTATTCTGCTA
CTGCGTTTAGAAAAACGTCAATGTTGATTTGAAAATAGTTTTTGACCAATAGTTGGCTTAAATAATTTGTAAATAGATCTGATATATCTAGTAGA
GCTGATAAATGTACGCAATGTTTATAATCAATTTCAAAGCTCGAAAGTATATAGAAAACAAATTCCAGTGTAAAGCTGCGTGACCGTTTTACGCT
CTATTCGGGTTGGTATTTTTCCCAATGCACTTTTCGTACATCCAGCTGGACCATTTTTTTGCACTCAGATCTCGGTCTTACCAATCCGATTCTTC
ATTGAACAGCTACGAAGGAATTCGCAGAGAGTTCTGAGCGCAGCAATAGCAGCAAGAAGACTACCAACAAAGAGCAGAGCGACAAATCAGCGGAG
AGCAGGATGGCCACCAGCGGTATTGTCGAGTCATTTCCCACGGGCGCACTGGTGCCCAAGGCGGAGACGGGAGTCCTGAACTTTCTGCAGAAGTA
CCCGGAGTACGATGGACGCGACGTCACCATAGCCATCTTCGATTCCGGCGTCGATCCCCGGGCAACGGGACTGGAGGTGAGTTGGCACTTTTTCG
CACTCTCTATACCGGTTACAAAGAACTTGTACAGTTATTCTTCCAATATTTACAATATTTCGTCTTACCTATTCTATTACGATTTAATCCTTCTA
CTGTGTCACGACTGCTTCTTACTCCCGTTTCTCATTATAACCGATCCAATTTCAATCTGCTCCTACGCAACAGACGCTGTGCGATGGAAAGACCG
TTAAAGTAATAGAGCGGTACGACTGTTCCGGATGCGGCGACGTGGACATGAAGAAGAAGGTGACGCCGGACGAGAACGGCAACATTAAGGGCCTG
TCCGGAAACTCGCTCAAGCTGAGTCCGGAGCTGATGGCTCTGAACACAGATCCGGAGAAGGCGGTGCGGGTAGGCCTCAAGAGCTTCAGCGATTT
GTTGCCCTCCAAGGTGCGGAACAACATTGTGGCCCAGGCCAAGCTGAAGCACTGGGACAAGCCGCACAAGACGGCCACTGCAAACGCCAGTCGCA
AGATTGTTGAATTTGAGTCACAAAATCCAGGTGAGCTAAGTGATTGATTACTTGAGGCAAAATTACCAACAACATATGTATCTTTGCAGGAGAAG
CCTCAAAACTGCCCTGGGACAAGAAGATATTGAAAGAGAATCTAGACTTTGAGCTAGAGATGTTGAATAGCTACGAGAAGGTGTACGGCGACATT
AAGACCTCCTACGATTGCATCCTTTTTCCCACGGCCGACGGATGGCTGACAATCGTCGACACCACGGAGCAGGGCGATCTGGATCAGGCTCTGCG
CATTGGCGAGTATTCCCGCACGCACGAGACCCGCAATGTGGACGACTTTCTTTCCATATCGGTAAACGTCCACGACGAGGGCAACGTACTGGAGG
TGGTCGGCATGAGCTCACCCCACGGCACCCACGTATCGTCTATTGCCAGCGGCAACCATAGCTCCCGGGACGTGGATGGCGTGGCGCCGAATGCT
AAGATCGTTTCTATGACCATCGGTGATGGTCGACTTGGGTCTATGGAGACCGGCACGGCACTAGTGCGTGCCATGACTAAGGTGATGGAACTATG
TCGCGATGGCAGACGCATCGATGTGATCAACATGAGCTATGGCGAGCATGCCAATTGGTCAAATTCCGGGTAAGCAAGTGCGAAAGGCCGGCGGA
ACTAATCCCAAAGTTGGTGATGTCTTTTAGTGTGTCTGGGTCAGGGTCTGGGTCGGATGAAATGCGTCGCAGAAGAAAGATGTGTGCGTCTAGGT
AAATTTCATGAGAAATCCAAATATTCACACAGTCCAATCCTCTTGTCTTCGACACGTTCCAGCCGACACACACCTAACTGATAACCATCAAAATT
CATGAAAAAATACCTAATCTATATCTCTAATCTCTTGCAGCCGCATTGGGGAGCTCATGAACGAGGTTGTCAACAAGTATGGCGTGGTGTGGGTG
GCATCGGCCGGCAACCATGGTCCGGCACTTTGTACTGTGGGAACTCCGCCGGACATCAGCCAGCCCAGTTTGATCGGCGTGGGCGCGTACGTATC
ACCCCAAATGATGGAGGCCGAGTATGCGATGCGAGAAAAGCTGCCCGGGAACGTGTACACCTGGACATCGCGAGATCCCTGCATCGACGGAGGTC
AAGGCGTTACCGTATGCGCTCCGGGCGGAGCCATTGCGTCCGTGCCACAGTTTACTATGAGCAAGTCCCAGCTGATGAACGGTACCAGCATGGCG
GCACCTCACGTCGCCGGCGCAGTGGCGCTGCTCATCTCCGGTCTGAAGCAACAGAACATCGAGTATTCGCCGTACAGTATTAAGCGAGCGATCAG
CGTCACTGCCACCAAACTGGGCTATGTAGATCCCTTTGCTCAGGGCCATGGCTTGCTCAATGTCGAGAAGGCATTCGAGCATTTGACGGAGCACC
GCCAGTCCAAGGATAATATGCTCAGGTGAGTGCTGTGGAACGCCAGATCTCAGGATCTCTAAACAAAAAACGATTAAATTTCGCGTTCGCATTCA
CACTAGCTGAGTAAGGGCTAACTTGTTTTATAATTTAGTAGGTATATCGTTAAGATGACCGAATAGTAAACAATTGTCAAAGCAATCTTGTAAAA
TTCCAACCAAATAATAAATTTCTTTCGTTTTAATCTTATAGGTTCTCCGTGCGCGTGGGCAACAACGCAGACAAGGGCATTCATTTGCGTCAGGG
CGTGCAGCGTAACTCCATCGATTACAACGTTTATATAGAGCCCATCTTCTACAATGACAAGGAGGCGGGTGAGTAGAGACTATAGAGACCCAATT
CCAGCTCTTACCGTTCCAATTTTACAGATCCCAAGGACAAGTTTAACTTCAATGTACGGCTAAATCTGATTGCCTCGCAGCCGTGGGTGCAGTGT
GGAGCTTTCTTGGATCTCAGCTATGGCACCCGCTCCATTGCCGTGCGCGTCGATCCCACTGGACTCCAGCCAGGCGTTCACAGCGCTGTGTAAGG
GACTCTTGAGCCAAAAACGCTTCCCCTTCTAATCGCATTTATAAAAATTTATCCAGGATTCGGGCTTATGACACTGACTGCGTACAGAAGGGTTC
TCTCTTTGAGATTCCTGTCACGGTGGTGCAGCCCCATGTGCTGGAGTCGGATCAGAACACGCCCGTCTTCGAACCCGCCTCTTCCAAGGGAGACA
ACAGCGTGGAGTTTCAGCCAAACACCATTCAAAGAGACTTCATCCTGGTGCCAGAACGTGCTACTTGGGCGGGTGAGTGTTATTCCCTGAAATAT
GTTCACAAAGTGAGTCACACTTCATCCTTATGCAGAGTTGCGTATGCGTATAACCGATCCCAATCGTGGCGAGGACATTGGAAAGTTCTTTGTAC
ACACGAACCAACTTCTTCCCAAGCAATCCTGTCGTAAGCTTGAGACCATGAAGATCGTATCGGTTGGCTCGGAAAACGAATCTATAATGGCTTTT
AAAGTTAAGGTTGGTAAATCGATTGAAACCTTTCCAAGTCATTATACTGATTAAAACCCACATTTGTATGACAGTCTGGCAGGATTCTGGAGCTA
TGCATTGCCAAGTACTGGTCCAACTACGGCCAGAGTCACCTGAAGTACAGCTTGCGTTTCCGTGGCGTGGAAGCGCACAATCCCAATGCCTGTGA
GTCATTTGTAAAATGGTAATAGCTTTTGTTGAACTAAAGAAACCATTGTTTTGTAGACGTCATGCATGCGGGCAGGGGAATTCATAAGCTGGAGA
TTGAGGCCCTGGTTGCCGAGGATGTGCAGCCCCAGCTACAGCTAAAGAATGCCGAAGTGGTGCTAAAACCGACCGAGGCCAAGATCTCGCCGCTA
AGCGCCACACGAGACGTCATCCCAGATGGACGTCAGGTGTATCAGAACCTGCTGGCCTTTAACTTGAACGTGGCCAAGGCCGCAGATGTGTCGAT
ATACGCACCGATCTTTAACGACTTGTTGTATGAAGCGGAGTTTGAGTCACAGATGTGGATGCTTTTTGATGCAAACAAGGCCCTGGTGGCCACCG
GCGATGCTCACTCCCACACTTCCTTCACAAAGCTCGATAAGGGCGAATACACAATCAGACTGCAGGTGCGTCACGAGAAGCGCGACCTGCTGGAG
AAGATCTCGGAGGCAAATCTGGTGGCCTCATTCAAGCTGACTAGCCCCCTCACCCTTGATTTCTATGAGAACTACAATCAGTGCATAGTGGGAGG
TCGTAAATACGTCTCGAGTCCGCTAAGGCTGTCCACTCGGGTGCTTTATATCGCTCCTATTACCCAAGAGCGACTTACCAAGGCCAATCTGCCCG
CTCAATGCGCCTGGCTGAGCGGCAATCTGGTATTCCCGCAAGATGAGGTCGGACGGCGAGTGGCTCAGCATCCATTTACTTACATCCTCAATCCC
GCTGAGAAAAAGTCACACACGAATGGCTCGAGCAACGGTTCCAGCGCTGCAGGATCCACAGCTACGGCAGCTGCTGTCACCACTGCTAATGGCGC
AAAACCGAAAGCTCCGGCGACTCCACAAGCGGCCACCTCAGTGACCAATCCTGCGGCCGGCGATGGAATTTCTGTTCAGAACGACCCGCCTGTGG
ACAGCAGTGGGAGTCCCGCCTCACCCAAAAAGGCAAGGCCAATGCCGACGATTATGCCGAAAGTTTTCGCGACTTTCAATGTTCGGCAGATTGTC
AAGTGTGGTAGGATTTTAAAAAATAGAGCACTATTTTCTGATTAGTTTAACATACGATCCTCTTACAGAACTGGAAATGGCAGAGAAAATCTATA
ATGATGTAGTCGCTGCCCATCCCAAGCATTTGCAGGCAAACCTGCTACTTATCCAGAACATCGAGTCCAATCAGCTGAAGTCGCAACTGCCGCTG
ACTTTCGTCAATGCTCAAAAGACATCGCCACCAGAGGCAGGCGAGAGCGCCGACAAGCAAAAGGAGGATCAAAAGAAAGTACGAAGCGCCCTGGA
GCGAATTGTTAAGCTGGCCGACAAGGTGATCCAGGAGACCGATTCCGAGGCACTGCTCTCCTACTACGGTCTGAAGAACGACACTCGTGCCGATG
CAGCCAAGATAAAGACGTATGTTGTTTAATTGGGTTAGGCATTCCAGTCAGAAATGAATTCTTTTCTTCTTTAGCAACATGGACAAACAGAAAAA
CACTCTCATTGAGGCGCTAAGCAAGAAGGGCATTGCTGTGGCAAAGCTGGCTGTATTAGACGACTGTATCAAGGATAGCCTGGCTGAGATCAACG
AGCTGTATACCGAGATTATCAAGTTCGTGGACGCCAACGACTCCAAGGCCATCCAGTTCGCTCTGTGGCACGCCTATGCCCATGGCCACTACGGT
CGCATGTACAAGTATGTGGTTAAGCTAATCGAGGAGAAGCGAACCCGCGATCACTTCGTGGAGCTGGCCGCCATCAACGGCGCCCTGGGTCACGA
GCACATCCGTACTGTCATCAACCGTATGATGATCACTGCCTTTCCCAGCAGCTTCCGTTTGTTCTGAGCACTTTCCGACAGAATACGCAACAAAT
ATTCACGCTTCGAAGCGATCATTGTTTTGTATAACTAATGTAATCCATATGTATATGAATAAATGCTATTAACTGAAATTCAATATTGTTAGTCA
TTTCATTAAAACTAAATTATTAAATTTAACTAAGATTAATGATCGATTGATTTTCCGGTAAGAAAAAAGGAAATGAGAATTGAACAATTTTATTA
AGGAGTGAATTTTAAAATCCCGCCAAACCGTTACGATGTTGAACATAGCATTTTCCAGCACTGGTGCCTGGTAATTGAGCCGACTCCGCGTGACG
GTCATACTTATTGCAGCAAAAAAACAAAAAACAATGCAGACGCACACGAGAGTGTAAAATGGGTAAGTTTGACAGAAAAAGAGCTGTTTAAAACT
GGAAAATTGTCTTATTGTGCGGCTAATAATATGAACTCGTGGGTGACATGTGAAAAGTGCAAGAATAACGACTTCCAACTGCAGTTTCCTGCTAC
GTAGTTGCGATGAGGCTTCCGCCTGCGTGTGCAAGTGTGTGTGTGCGTGTATGTATTGGCCGATCGATTTTATTTTGCATATTCAAGGACAGCGA
AGTCCTGCGGGAAAGTGCGGCCGGGATTAGAGGAAACGGGAATCGGGGCGGCGCCGGAAACTAGAGCGAGCTCCCGTTCCCAAGCCGAATGACTC
AGTAATCGCCCATGAAATCCCCGGAACGATATCAGCTTACAATCTGTGTACATGCATTTGTTGCTTAAGTTCCACCCCGCATCCCAGTCCCGCTT
TCACTCCCACTCCAACCTACCCCTTGCCCACCCACTGTGTCAACTCCGGAGAGGACAAACAATGGCCCCTTGCAGCCGGATGACAAATGCGGGTG
CAGCGACATCAAGAAAGAACCTTCGAATTTGGTGACGCGACTATCAGATACTCTTACTTTCTTCGTTTGCCTATGAAGTTCATTATCATTTTTGT

GTCATTAAAGCGATTTATAATTAGATCAATCAGACTAATTCAACGTATTGTGACTTATAAATCAGTATAACCTATGAAAGTTTTTTTTAACCACCC
ATTAATTTCTGGTTAGGATTCAATTGAAGT
(SEQ ID NO: 409)

Exon: 1001..1324
Exon: 1815..2071
Exon: 2259..2595
Exon: 2655..3204
Exon: 3461..4015
Exon: 4222..4343
Exon: 4398..4554
Exon: 4617..4822
Exon: 4881..5044
Exon: 5110..5221
Exon: 5282..6277
Exon: 6339..6666
Exon: 6725..7200
Start ATG: 1907

Transcript No. : CT13277
GGATTGTCGGTCAGTCGGAAATCGCGCTGGTACATAACTCGGCTGAAACGCTCGTCCATGTTGCGCCGGAAAGCCTGTTGAGCAAACGATTAGCA
AACAATTAGTAACTCCGTAGTGTTCCGTCGAACTCGTTGCGAAAAGCAGGCGGTTAAATAATGTTTAACAGATTCCGATTGGTGCACAAACAGCT
GCGGTTATATAAGAATTTCGGGCTGCTGGGCCAGAAGGCCAGCGTGGGACTCACATTGCCGATCATCAGCTTGTCCAGGCCGTACATGGCGTATA
TGGGCACCGAGAGGAGCGTGGTGATGATCACCGCACCAGCTACGAAGGAATTCGCAGAGAGTTCTGAGCGCAGCAATAGCAGCAAGAAGACTACC
AACAAAGAGCAGAGCGACAAATCAGCGGAGAGCAGGATGGCCACCAGCGGTATTGTCGAGTCATTTCCCACGGGCGCACTGGTGCCCAAGGCGGA
GACGGGAGTCCTGAACTTTCTGCAGAAGTACCCGGAGTACGATGGACGCGACGTCACCATAGCCATCTTCGATTCCGGCGTCGATCCCCGGGCAA
CGGGACTGGAGACGCTGTGCGATGGAAAGACCGTTAAAGTAATAGAGCGGTACGACTGTTCCGGATGCGGCGACGTGGACATGAAGAAGAAGGTG
ACGCCGGACGAGAACGGCAACATTAAGGGCCTGTCCGGAAACTCGCTCAAGCTGAGTCCGGAGCTGATGGCTCTGAACACAGATCCGGAGAAGGC
GGTGCGGGTAGGCCTCAAGAGCTTCAGCGATTTGTTGCCCTCCAAGGTGCGGAACAACATTGTGGCCCAGGCCAAGCTGAAGCACTGGGACAAGC
CGCACAAGACGGCCACTGCAAACGCCAGTCGCAAGATTGTTGAATTTGAGTCACAAAATCCAGGAGAAGCCTCAAAACTGCCCTGGGACAAGAAG
ATATTGAAAGAGAATCTAGACTTTGAGCTAGAGATGTTGAATAGCTACGAGAAGGTGTACGGCGACATTAAGACCTCCTACGATTGCATCCTTTT
TCCCACGGCCGACGGATGGCTGACAATCGTCGACACCACGGAGCAGGGCGATCTGGATCAGGCTCTGCGCATTGGCGAGTATTCCCGCACGCACG
AGACCCGCAATGTGGACGACTTTCTTTCCATATCGGTAAACGTCCACGACGAGGGCAACGTACTGGAGGTGGTCGGCATGAGCTCACCCCACGGC
ACCCACGTATCGTCTATTGCCAGCGGCAACCATAGCTCCCGGGACGTGGATGGCGTGGCGCCGAATGCTAAGATCGTTTCTATGACCATCGGTGA
TGGTCGACTTGGGTCTATGGAGACCGGCACGGCACTAGTGCGTGCCATGACTAAGGTGATGGAACTATGTCGCGATGGCAGACGCATCGATGTGA
TCAACATGAGCTATGGCGAGCATGCCAATTGGTCAAATTCCGGCCGCATTGGGGAGCTCATGAACGAGGTTGTCAACAAGTATGGCGTGGTGTGG
GTGGCATCGGCCGGCAACCATGGTCCGGCACTTTGTACTGTGGGAACTCCGCCGGACATCAGCCAGCCCAGTTTGATCGGCGTGGGCGCGTACGT
ATCACCCCAAATGATGGAGGCCGAGTATGCGATGCGAGAAAAGCTGCCCGGGAACGTGTACACCTGGACATCGCGAGATCCCTGCATCGACGGAG
GTCAAGGCGTTACCGTATGCGCTCCGGGCGGAGCCATTGCGTCCGTGCCACAGTTTACTATGAGCAAGTCCCAGCTGATGAACGGTACCAGCATG
GCGGCACCTCACGTCGCCGGCGCAGTGGCGCTGCTCATCTCCGGTCTGAAGCAACAGAACATCGAGTATTCGCCGTACAGTATTAAGCGAGCGAT
CAGCGTCACTGCCACCAAACTGGGCTATGTAGATCCCTTTGCTCAGGGCCATGGCTTGCTCAATGTCGAGAAGGCATTCGAGCATTTGACGGAGC
ACCGCCAGTCCAAGGATAATATGCTCAGGTTCTCCGTGCGCGTGGGCAACAACGCAGACAAGGGCATTCATTTGCGTCAGGGCGTGCAGCGTAAC
TCCATCGATTACAACGTTTATATAGAGCCCATCTTCTACAATGACAAGGAGGCGGATCCCAAGGACAAGTTTAACTTCAATGTACGGCTAAATCT
GATTGCCTCGCAGCCGTGGGTGCAGTGTGGAGCTTTCTTGGATCTCAGCTATGGCACCCGCTCCATTGCCGTGCGCGTCGATCCCACTGGACTCC
AGCCAGGCGTTCACAGCGCTGTGATTCGGGCTTATGACACTGACTGCGTACAGAAGGGTTCTCTCTTTGAGATTCCTGTCACGGTGGTGCAGCCC
CATGTGCTGGAGTCGGATCAGAACACGCCCGTCTTCGAACCCGCCTCTTCCAAGGGAGACAACAGCGTGGAGTTTCAGCCAAACACCATTCAAAG
AGACTTCATCCTGGTGCCAGAACGTGCTACTTGGGCGGAGTTGCGTATGCGTATAACCGATCCCAATCGTGGCGAGGACATTGGAAAGTTCTTTG
TACACACGAACCAACTTCTTCCCAAGCAATCCTGTCGTAAGCTTGAGACCATGAAGATCGTATCGGTTGGCTCGGAAAACGAATCTATAATGGCT
TTTAAAGTTAAGTCTGGCAGGATTCTGGAGCTATGCATTGCCAAGTACTGGTCCAACTACGGCCAGAGTCACCTGAAGTACAGCTTGCGTTTCCG
TGGCGTGGAAGCGCACAATCCCAATGCCTACGTCATGCATGCGGGCAGGGGAATTCATAAGCTGGAGATTGAGGCCCTGGTTGCCGAGGATGTGC
AGCCCCAGCTACAGCTAAAGAATGCCGAAGTGGTGCTAAAACCGACCGAGGCCAAGATCTCGCCGCTAAGCGCCACACGAGACGTCATCCCAGAT
GGACGTCAGGTGTATCAGAACCTGCTGGCCTTTAACTTGAACGTGGCCAAGGCCGCAGATGTGTCGATATACGCACCGATCTTTAACGACTTGTT
GTATGAAGCGGAGTTTGAGTCACAGATGTGGATGCTTTTTGATGCAAACAAGGCCCTGGTGGCCACCGGCGATGCTCACTCCCACACTTCCTTCA
CAAAGCTCGATAAGGGCGAATACACAATCAGACTGCAGGTGCGTCACGAGAAGCGCGACCTGCTGGAGAAGATCTCGGAGGCAAATCTGGTGGCC
TCATTCAAGCTGACTAGCCCCCTCACCCTTGATTTCTATGAGAACTACAATCAGTGCATAGTGGGAGGTCGTAAATACGTCTCGAGTCCGCTAAG
GCTGTCCACTCGGGTGCTTTATATCGCTCCTATTACCCAAGAGCGACTTACCAAGGCCAATCTGCCCGCTCAATGCGCCTGGCTGAGCGGCAATC
TGGTATTCCCGCAAGATGAGGTCGGACGGCGAGTGGCTCAGCATCCATTTACTTACATCCTCAATCCCGCTGAGAAAAAGTCACACACGAATGGC
TCGAGCAACGGTTCCAGCGCTGCAGGATCCACAGCTACGGCAGCTGCTGTCACCACTGCTAATGGCGCAAAACCGAAAGCTCCGGCGACTCCACA
AGCGGCCACCTCAGTGACCAATCCTGCGGCCGGCGATGGAATTTCTGTTCAGAACGACCCGCCTGTGGACAGCAGTGGGAGTCCCGCCTCACCCA
AAAAGGGCAAGGCCAATGCCGACGATTATGCCGAAAGTTTTCGCGACTTTCAATGTTCGCAGATTGTCAAGTGTGAACTGGAAATGGCAGAGAAA
ATCTATAATGATGTAGTCGCTGCCCATCCCAAGCATTTGCAGGCAAACCTGCTACTTATCCAGAACATCGAGTCCAATCAGCTGAAGTCGCAACT
GCCGCTGACTTTCGTCAATGCTCAAAAGACATCGCCACCAGAGGCAGGCGAGAGCGCCGACAAGCAAAAGGAGGATCAAAAGAAAGTACGAAGCG
CCCTGGAGCGAATTGTTAAGCTGGCCGACAAGGTGATCCAGGAGACCGATTCCGAGGCACTGCTCTCCTACTACGGTCTGAAGAACGACACTCGT
GCCGATGCAGCCAAGATAAAGACCAACATGGACAAACAGAAAAACACTCTCATTGAGGCGCTAAGCAAGAAGGGCATTGCTGTGGCAAAGCTGGC
TGTATTAGACGACTGTATCAAGGATAGCCTGGCTGAGATCAACGAGCTGTATACCGAGATTATCAAGTTCGTGGACGCCAACGACTCCAAGGCCA
TCCAGTTCGCTCTGTGGCACGCCTATGCCCATGGCCACTACGGTCGCATGTACAAGTATGTGGTTAAGCTAATCGAGGAGAAGCGAACCCGCGAT
CACTTCGTGGAGCTGGCCGCCATCAACGGCGCCCTGGGTCACGAGCACATCCGTACTGTCATCAACCGTATGATGATCACTGCCTTTCCCAGCAG
CTTCCGTTTGTTCTGAGCACTTTCCGACAGAATACGCAACAAATATTCACGCTTCGAAGCGATCATTGTTTTGTATAACTAATGTAATCCATATG
TATATGAATAAATGCTATTAACTG
(SEQ ID NO: 410)

Start ATG: 417

MATSGIVESFPTGALVPKAETGVLNFLQKYPEYDGRDVTIAIFDSGVDPRATGLETLCDGKTVKVIERYDCSGCGDVDMKKKVTPDENGNIKGLS
GNSLKLSPELMALNTDPEKAVRVGLKSFSDLLPSKVRNNIVAQAKLKHWDKPHKTATANASRKIVEFESQNPGEASKLPWDKKILKENLDFELEM
LNSYEKVYGDIKTSYDCILFPTADGWLTIVDTTEQGDLDQALRIGEYSRTHETRNVDDFLSISVNVHDEGNVLEVVGMSSPHGTHVSSIASGNHS
SRDVDGVAPNAKIVSMTIGDGRLGSMETGTALVRAMTKVMELCRDGRRIDVINMSYGEHANWSNSGRIGELMNEVVNKYGVVWVASAGNHGPALC
TVGTPPDISQPSLIGVGAYVSPQMMEAEYAMREKLPGNVYTWTSRDPCIDGGQGVTVCAPGGAIASVPQFTMSKSQLMNGTSMAAPHVAGAVALL
ISGLKQQNIEYSPYSIKRAISVTATKLGYVDPFAQGHGLLNVEKAFEHLTEHRQSKDNMLRFSVRVGNNADKGIHLRQGVQRNSIDYNVYIEPIF
YNDKEADPKDKFNFNVRLNLIASQPWVQCGAFLDLSYGTRSIAVRVDPTGLQPGVHSAVIRAYDTDCVQKGSLFEIPVTVVQPHVLESDQNTPVF
EPASSKGDNSVEFQPNTIQRDFILVPERATWAELRMRITDPNRGEDIGKFFVHTNQLLPKQSCRKLETMKIVSVGSENESIMAFKVKSGRILELC
IAKYWSNYGQSHLKYSLRFRGVEAHNPNAYVMHAGRGIHKLEIEALVAEDVQPQLQLKNAEVVLKPTEAKISPLSATRDVIPDGRQVYQNLLAFN
LNVAKAADVSIYAPIFNDLLYEAEFESQMWMLFDANKALVATGDAHSHTSFTKLDKGEYTIRLQVRHEKRDLLEKISEANLVASFKLTSPLTLDF
YENYNQCIVGGRKYVSSPLRLSTRVLYIAPITQERLTKANLPAQCAWLSGNLVFPQDEVGRRVAQHPFTYILNPAEKKSHTNGSSNGSSAAGSTA
TAAAVTTANGAKPKAPATPQAATSVTNPAAGDGISVQNDPPVDSSGSPASPKKGKANADDYAESFRDFQCSQIVKCELEMAEKIYNDVVAAHPKH
LQANLLLIQNIESNQLKSQLPLTFVNAQKTSPPEAGESADKQKEDQKKVRSALERIVKLADKVIQETDSEALLSYYGLKNDTRADAAKIKTNMDK
QKNTLIEALSKKGIAVAKLAVLDDCIKDSLAEINELYTEIIKFVDANDSKAIQFALWHAYAHGHYGRMYKYVVKLIEEKRTRDHFVELAAINGAL
GHEHIRTVINRMMITAFPSSFRLF*
(SEQ ID NO: 411)

Name: tripeptidyl-peptidase II
Classification: peptidase
Gene Symbol: TppII
FlyBase ID: FBgn0020370

Celera Sequence No. : 142000013385212
ACAAACTATATTTCTTAATGTCTCGACTCGCTAGTTCAGTCTGAAATAGGGCTGCTGGTATCTGCCTATGGGCATCCGATCCTTGGTCCTCAGTC
GTCGCACTGCCTCTCGTATGAATTTGGGCTGCAGGGCACCGGATTCACCTTGGGCCTCCATCACGTCGAGGGCTTCCTCCACAACCTCGCCGACG
AAGACCTTCGCAATGCCGGACATGGCTATCACAACATTCTGGGACACGGAACAGCCGGTGATAGTTTGCATTAGACGCTTGACGGCGGCCTTGGG
AAAGGCAGAGCGACGATACATTTCGTAGCGATCCAGCTGTTCTTCCGTAAAGTTGGAAACGAGAACCCTGGAGTGGAATAAAATAGTTTTTATAG
GATTACCCCTTCGAATCGCTTTAAGCTAACTTACTGCATTCGTTCGCGCTCCTCCTCCTCCAGTTCCTTCTTCGTCTTGAGCTTTTTGTGCGCCG
GCTCGCCAGAGTCACCATCTCCGTCCGTGTTCTTGTTGTCGTTGTCCCCATCCGCATCCTTGCCATCACGATCCGCATCGTTTCCCGGATCCGAG
GTGTCGCTGTCCTTCCGCTCGCCGGAGGCCGACTGGAAGAATTTCAGGTCGACATCGTCGCCGTCGCTTAGGGAGTTGCTTTTTTGCTGCGTGGG
AAAGAGGATTTCGTCCATTTAAATGAAATTTGAAAAGCACCAGCGAATAATAAACAAAATCAACCAGGGATGGAGTTGCACCATATTCGCTTTTT
GCAACACTCAAAAGTTCCGCACCACATAATAGATGAATATAATTCAAAATATCGGATTAAATATATTAAAGGTATATCATAGTTGTTTATAAGGT
GGCTTTGAGATTTTAATAAATAATAAATATATAAATATACAATATTCGATAAACTTTTATTTTTGTAGTGTTTTTTTTTTCTTCAAATTAGTGCT
CAAAGTCAAATTATGTAAATTTCAAATTGAACATTCACTGGTTCCGATAGTCCACAGCACGTTTTACAGCACTGGCCTCTGACACCTCGTGTTTT
TGTTCTTTTCTCCGCATCGCCATCGCCAGGCAAGAGTGCGCGCTACATTTTCGTTTATTTCATCGTTCAGCCAGCAACCAAGGCACTGCGAAATG
TCTGCAACCGAGACTCTGAATGTGGAGGCGGCAACGCCCGAGATCGGCGAGGAGGTCAAGAAACAAAAGAAGCCCAAGCCGAACAACAAGAAGCT
CCGCCAAGGTGAGTGACCTCATGCGAGCAGTGCACTGTGGTAATTGCATTTGCACGACCCTCTCCGCCTCAACCACCCACCACCCACTGAACTAA
CCACTTGCCCACAGAAGCGGCAGCCAAAATAGCCTCCGGAGAAGGCGGCGACGAGGAGCTGACCACAAACGGAGATGCCAAACCGGCAACACCGG
CCGCTCAGCCGGCAAAGAAGAAGGGGAACAAGGGCAAGAAAAGCGGTCAGACTGATCCGCCCACCATACCCATTGCTAAGCTTTATCCGGACGGC
AACTTCCCCGAGGGCGAGATCGTGGAGCACCCCACGCCCAAGGATATGCCCGACGATCGTACGGCCAAGGACCGATTCACATCGGAGGAGAAGCG
TGCTCTGGACCGTATCAACACGGACATCTACCAGGAATTGCGCCAGGCGGCTGAGGCCCATCGTCAGACGCGTCAGTATATGCAGCGCTACATTA
AGCCGGGCATGACCATGATCCAAATCTGCGAGGAGCTGGAGAACACTGCTCGGCGCCTGATCGGCGAAAATGGTCTGGAGGCTGGTTTGGCCTTC
CCGACTGGTTGCTCTCTTAACCATTGCGCCGCCCACTACACGCCCAATGCCGGAGACCCCACTGTACTGCAGTACGACGATGTGTGCAAGATTGA
TTTTGGTACCCATATCAAGGGGCGGATCATTGATTGCGCCTTCACCCTGACCTTCAACAACAAGTACGACAAGTTGCTGCAGGCCGTCAAGGAGG
CCACCAACACGGGCATCAGAGAGGCGGGCATCGATGTGCGCCTATGCGACATCGGCGCCGCTATCCAGGAGGTCATGGAGTCGTACGAGATCGAG
TTGGACGGCAAAACATATCCCATCAAGGCGATTCGCAACTTAAATGGACACTCCATCAGCCCGTACCGTAAGCAAAAATCTATTTATTATAAATA
TTTTAAATATGCTTATGCTTTCCTTAATATTTTTTGTTTAAATTTATTGTGATTTGTGCAAACACTTAATGAAGTCTAAAATTAAATTCTCAGGC
ATTCATGCTGGAAAAACGGTGCCCATTGTGAAAGGCGGAGAGTCCACTCGCATGGAGGAGGATGAATTCTACGCCATTGAGACGTTCGGCTCGAC
GGGTCGCGGTCTGGTCCATGACGATATGGACTGCTCGCATTACATGAAGAACTTTGATCTGCCGTTTGTGCCGCTGCGCCTGCAGTCATCCAAGC
AGCTGCTTGGCACCATCAACAAAAACTTCGGCACCCTGGCCTTCTGCAAGCGTTGGCTGGACCGCGCCGGTGCCACGAAGTACCAGATGGCTCTC
AAGGATCTGTGCGACAAGGGCATTGTGGAGGCTTATCCGCCGTTGTGCGACATTAAGGGCTGCTACACGGCTCAGTACGAACACACAATTATGCT
GCGACCCACCTGCAAAGAAGTCGTTTCCCGTGGCGACGACTACTAGTGGGATGAGGAACTGGACAGTGACCGATTTTCGGCGATGTATGGCTTGC
ATTATATACGGTTTTTGATATAAGTTCATTCTATTGTTGATTTTTTGTGAGCATGCGCCAACCGAATTATATATACAATGTATTATGCTCAGAAT
ATAAGCGGAGTGAGATTATTTTCGAAGTTGTTCTTGTCTTGGCAGATTGCTACGGAGCTCACGCCAGTAAAGTGAATAGTTGTGATTGATAGGCT
CCTTATCTAATAAGAATGACCTGTATATGTAGACAAATCCTTTGCCTGTAAGATAGTACAGGATCTCTATGTAACTGACTATGCTGAAACCGTAC
ATAAGCGAGAGAATGCCTCCAAAGCGATCTAAAGGGTTAGTTAATATTTTTTAACTACTCGTCTTAGTTATTTACTGTACTCACTTAGCAGAACA
ACCCAACTGCTAACCATTTGAGATTTTGTGGCTTGGGCAAAGCGCAGTTTAAAGAAAAGCTTTATAATGGCTAATGGTCGCTCGTTGGTCAATCC
CTTTCTAAAATATTCGATATTCATTATTTATCAAAGAAATTGTGGTACATCACTTACAGCAACCCGGTAAAGTAACCACTGCTATTATAAGTCCG
TCTCAAAGGAGCCACGTTGGTGGTGATACTCATGCTAACTCCGTTGCAGGTGGGCAAACAGTGCTCGCACTGCCTCTGGACCAAGTTCTCTTCCT
TGTTCTGCAGGTAGGCGAAGTCACTGTAGCCATACCAAATGCTCTTCCATCTCATTAGGCATGGAAGATCGGGAAGCATACAATAGTCGAGATCC
ATGGAACTGCCGGTCAAGGGCGGAGATACACAGCCGCAATGATCGATCATGCTCTTCATGCGGCATACCAGAAGGCACTCGTCCAGGGAGTAGTA
CGATCTGTAGGAACGATGTTCACCAGGTATTCCGCGGATTGGTTTCTAATTACTTACTGGTTCAGCAACCGCATGCCTTCTTCGGGATAGTAACA
ACGTCGTATATGTGGCGGGACTCCGCGAACCCCATCGCCTGAACTAAAAAAACATCGGCTGGATGGGAATCTCCACTATGCTGTAGTGATCCACCA
GCACCTCTCCCAAAGTCGTAGACTGAATGGTGGCGTAGTCCTCTTGGGGGAAAATTATGAGCTAAGG
(SEQ ID NO: 412)

Exon: 1001..1243
Exon: 1345..2157

Exon: 2279..2867
Start ATG: 1138

Transcript No. : CT13300
TCCACAGCACGTTTTACAGCACTGGCCTCTGACACCTCGTGTTTTTGTTCTTTTCTCCGCATCGCCATCGCCAGGCAAGAGTGCGCGCTACATTT
TCGTTTATTTCATCGTTCAGCCAGCAACCAAGGCACTGCGAAATGTCTGCAACCGAGACTCTGAATGTGGAGGCGGCAACGCCCGAGATCGGCGA
GGAGGTCAAGAAACAAAAGAAGCCCAAGCCGAACAACAAGAAGCTCCGCCAAGAAGCGGCAGCCAAAATAGCCTCCGGAGAAGGCGGCGACGAGG
AGCTGACCACAAACGGAGATGCCAAACCGGCAACACCGGCCGCTCAGCCGGCAAAGAAGAAGGGGAACAAGGGCAAGAAAAGCGGTCAGACTGAT
CCGCCCACCATACCCATTGCTAAGCTTTATCCGGACGGCAACTTCCCCGAGGGCGAGATCGTGGAGCACCCCACGCCCAAGGATATGCCCGACGA
TCGTACGGCCAAGGACCGATTCACATCGGAGGAGAAGCGTGCTCTGGACCGTATCAACACGGACATCTACCAGGAATTGCGCCAGGCGGCTGAGG
CCCATCGTCAGACGCGTCAGTATATGCAGCGCTACATTAAGCCGGGCATGACCATGATCCAAATCTGCGAGGAGCTGGAGAACACTGCTCGGCGC
CTGATCGGCGAAAATGGTCTGGAGGCTGGTTTGGCCTTCCCGACTGGTTGCTCTCTTAACCATTGCGCCGCCCACTACACGCCCAATGCCGGAGA
CCCCACTGTACTGCAGTACGACGATGTGTGCAAGATTGATTTTGGTACCCATATCAAGGGGCGGATCATTGATTGCGCCTTCACCCTGACCTTCA
ACAACAAGTACGACAAGTTGCTGCAGGCCGTCAAGGAGGCCACCAACACGGGCATCAGAGAGGCGGGCATCGATGTGCGCCTATGCGACATCGGC
GCCGCTATCCAGGAGGTCATGGAGTCGTACGAGATCGAGTTGGACGGCAAAACATATCCCATCAAGGCGATTCGCAACTTAAATGGACACTCCAT
CAGCCCGTACCGCATTCATGCTGGAAAAACGGTGCCCATTGTGAAAGGCGGAGAGTCCACTCGCATGGAGGAGGATGAATTCTACGCCATTGAGA
CGTTCGGCTCGACGGGTCGCGGTCTGGTCCATGACGATATGGACTGCTCGCATTACATGAAGAACTTTGATCTGCCGTTTGTGCCGCTGCGCCTG
CAGTCATCCAAGCAGCTGCTTGGCACCATCAACAAAAACTTCGGCACCCTGGCCTTCTGCAAGCGTTGGCTGGACCGCGCCGGTGCCACGAAGTA
CCAGATGGCTCTCAAGGATCTGTGCGACAAGGGCATTGTGGAGGCTTATCCGCCGTTGTGCGACATTAAGGGCTGCTACACGGCTCAGTACGAAC
ACACAATTATGCTGCGACCCACCTGCAAAGAAGTCGTTTCCCGTGGCGACGACTACTAGTGGGATGAGGAACTGGACAGTGACCGATTTTCGGCG
ATGTATGGCTTGCATTATATACGGTTTTTGATATAAGTTCATTCTATTGTTGATTTTTTGTGAGCATGCGCCAACCGAATTATATATACAATGTA
TTATGCTCAGAATATAAGCGGAGTGAGATT
(SEQ ID NO: 413)

Start ATG: 138

MSATETLNVEAATPEIGEEVKKQKKPKPNNKKLRQEAAAKIASGEGGDEELTTNGDAKPATPAAQPAKKKGNKGKKSGQTDPPTIPIAKLYPDGN
FPEGEIVEHPTPKDMPDDRTAKDRFTSEEKRALDRINTDIYQELRQAAEAHRQTRQYMQRYIKPGMTMIQICEELENTARRLIGENGLEAGLAFP
TGCSLNHCAAHYTPNAGDPTVLQYDDVCKIDFGTHIKGRIIDCAFTLTFNNKYDKLLQAVKEATNTGIREAGIDVRLCDIGAAIQEVMESYEIEL
DGKTYPIKAIRNLNGHSISPYRIHAGKTVPIVKGGESTRMEEDEFYAIETFGSTGRGLVHDDMDCSHYMKNFDLPFVPLRLQSSKQLLGTINKNF
GTLAFCKRWLDRAGATKYQMALKDLCDKGIVEAYPPLCDIKGCYTAQYEHTIMLRPTCKEVVSRGDDY*
(SEQ ID NO: 414)

Name: methionine aminopeptidase
Classification: peptidase
Gene Symbol: und
FlyBase ID: FBgn0025117

Celera Sequence No. : 142000013384676
TGTCCTTAGCCTCGGCCATAGCGGAGGAGAATGAATCCCCGAGAGGTGTCTCGGTTGAACGGTGGGAACTGAAGAAGGCGGCGTTGGCGAAGACG
CTGCTGATTTGTTTGCCTGTTGACCGACGAGCGACAACTGTGCTCATTTATCAGCTGCCGGCCAACTCAAAAGCTCCGCTGCGCACGGAAAGCTT
TCGCTTGCGATCAGCTGTTTTTGCAGCTTTGCCTTTTGCGCCCGCCATTCGCGTATGTAAACAACATAGCGAAAATTGCTGTAATTGCATGTTTT
TGTCGCCAAATGTTGCGTATTCGCACTGATAGCACCGCACCCAAGTTCATAGTACGTATACGCTCAATTGGCGCTGATTGCCGGCTGGCATATCG
GCATCGAAATCAGAGCGCTATGTGCACAAACATCATGATTTGGGGTCGTCGTTGTCAAGTTCATCAGTGAAGGAGGATGAATCGAATGCACAAACATGGGTTTGAA
AGTCGAAGGGTTATGATTATTGCTCACAGATTAGGTCGCCACTCGGAAACAGCTCTGCTCCACTGGCAATCAAATCGTTTCAAAGCATTTCCATT
CCATCTGGCTTATTCCACATATTAGTTATTATTAAGCGTGTGATGTGTATCTTAATTGTCATGCAAGAAAAACATAAATAAATAATGAATGTTTC
TTTGTGGAAGTTGTTCTTGTAAATTTTACAACAAATGCCACATAATATTACCCTTATCTTTATCGGGATATTCAAAAACGTTTGCGATTGCGCAG
GCGATAAGAAACACCAATAAAAGGGCACGTAACTACCAAATAAACTTAATAGTTTTATTTAACCAGCTCTGTTATCTATAACGTGTAATCTTTGA
AAGTTTTCCTAGACTTAAAATTTTTCATTAAAATGCAATGCAACAAAGTGCAAAGAGCAAGTGCAAGGCTAGCTATTAACTTAAACAATTCATAC
TGGACTGGTCGTGAAGAAGTGATGAAAAAATGATGGGGCCAGCAGGCCTTAAAACTTAACAGCAAGGCCATTGTCGAAAGAAGATCATTCCTTTC
CAACAACAAGGCTTATAGGACGGAGCTGGAAACACTCTCGATGACCTCAAACGCATTGTCTATTTCCGAACTCTCCAGCAAACGGTTGACAGCAA
TGCGAATGCTGGGACGGACTGGTTGGCGTTCCCTGTTCTGCAGGTAGGCAGCCTGTACCACAGCCACTCCACGAGCAATGCACTGGGAAAAGTGA
GTAGAAATGTATAGTTTTCATAATTGCATGGGGAAATAAAATGCCTACCTTATCAGCCAGCTCTGTTAGAAGTTTCAGTTCCTTGTCAAAGTTCT
CGGCGGGCTGGGCAAGATACAAGTGCTTCACTGGTGACACCTCATCGCCGCGCAGGGTTAGCTTGCTGAATCGCAAAAACTTCTGGTGCAACGTC
TTAGACTTTGCCTGCAGCTGCTCGAAGATTTGTGGTTCTCGTTCGAAACGATCCAACGCTGAAATAGCCGCCTGGGTGAGCATGGGCGGCAGCGA
GGCCGAGAAGATGTAGCCCAAGCCAGAGAGGCGCTGGTGCTCGGCTATGAAGTGCGAGCCAACACAGAAGCCACCGACTGTTGCCATCGAACCCT
CCATGCCGGCCGATATCAGATCGACTTCATCACGCTAAAAGAAAAATACCAGTTATAATTTTAGTTTTTCTTTCCGGTTTACCACCTACATCGAC
ATTAAAGTGCTCCGTAACTCCGTGACCACCCTGGCCCAATGTGCCAAAGGAGATGCTTTCGTCGATGAACAAACGCAGCTTGTACTTCTGACGCA
AGGCCACCAGGTCGGGAAGTGGGCAAATCTCGCCCGTATTCATATAGATACCCTCGGCGACGAGGAAGCGACGTGTCTTAGCCGCCTTTTTCGGA
TTTTTCTGGTCTCGTTTTTCTTGCTCAATCAGCAGACGTTCTAGATCCTCAACGTCATTGTGCTTAAAGAAAACGATTGTGCTTCGTGAAGCATC
CAGACCCTTCTGAATGGCAAAGTTGACAGCCTCATCCCTACAAATAACAAGTAATTAGTCGCCAATCTGAGTAGGTGAAGTAGACAATCCTACAC
AAAGATAAGGTCGCCACGTTTGGCATACGCCGGAATGGCACTGGCCACGGTCGAGAAGCCGTAGGAATAGACAATGGCCTCCTCCAGGCCCATGA
ACTTGGCAATACGATCCTCCAGGTCCAGATGCACGTCCATAGTGCCGTAGAAGCCCCGAGGTCCGCAAGATCCAACTCCGTACTTGCGCAGCGAC
TTGCAGGCCTCCTCCAGTATCTCCTGGTCCTCGAGGAAGCCAAGATAGTTGTGAGAGCCAAGATTTAGGCAGTCGTGTCCATCGACCTGGATGCG
CTTGCCCACCCTGGACTGCACAACGCGGGTGTGCAGCAGGGGATGATTGGGATCGGTGTCGGCCACCAAGGGCTCTGGTTCATAGTCGGCGATTA
TTCGGTCTTCCTCCTCCTTGGTCAGCTGTCGGCGACGACCTCCTCCTCGTCTGTGGAGCAGCAACCAAATCACGGTTATGAGCAGTAGGGTCTCC
AAGACGAGAGCAAACGTGGGGGTCTGTGGAAGGAGTAGAAACTGGAGTAAGCTAAATGTGGTGAAAAAGGCGAATGCAAACTTACGTTTCGGAAA
ATACTGCCGATTTCGTTGAACAATTGGATGGCCACCATTTTGACAGTCTGGTTCCGTGCCCTTTCTGTGAAAAATCAATTGAAACCGCCTTAATT
CCCTGAAGTTATGTGTCATCTAGCCGACGCTTTCTTATCGCGGGTATGCCCCATACATATGTAGAATTGAAGCATTCGACCATACGGTACGGAAA
TCTTTTCAATTGGGTGTGTATGCTGACATAGGCTAATTGCCAGTGGGCGAAAAATGTGCAACCACGCCCTTCTCCAACATTCTCTTACATTAAAT

ATCCATTTAAATCGAGCACTCACCACAAAACTCAGTTAACTATAGGCAAAATGCGTGAAATATCCGCCGAAACAGATGGATGAACGAATGTACTA
AAAAATACCAATACGCGGATATCTTTAAGATGTGCGCCAAATTGGCGGCGATGGAGGAACAGTGGAATATGGAACTAGGGGACGTTTTTATTTAT
TTTTTGTTATTCAAAAACCTGGTCCTGTCGACCTGTCCCGCCCACCTGCCCCACCGACCTGTCCCGCCGATCTGACCCACCGACCTGTTCCGCTG
ACGTGTCCCACTGACCTGTCCCACCGAGCTGACTCGCTAACAACAAAATACAACAAGTTACAACAGATTTTAAATTTTTATTAAAAATTACCTAG
ATTTTATCAATATTTTTATGATACTGAACTCAAATAAACTTGCTACGTAACGGTTCTTTTCTAGTTATCATTTCAAATATATGATCGATTACTAT
TTTATATCGATAGGCAGAGCAGCGATCGCAGTGTGACCGTGCGGTGGGAAATAACGAAATCGAATTCAATTCAAACCGCCGATCCATTCAGTTTC
CATTGAACTGCTGCTGCGATCGGTCAACCGATGTGAATGAGCCGCGTTACTGGCGCCATCTGAAATTCGAGTTCGCGAGATAAAAACCGCGAGAA
GACAAAGAACACCGCAAAAAGCCGATGTAAACAAAGAGATATAGTTAGTTCTGCATTTTGCAAGAAAACTTTATCACATTACACGCGAATCGAAA
CGGATACTTGTATGTGCACAAAGTGAAATCAGCTGGACAACAAGAGTATTTTGCAATTGCCTTGGTTTATTTTCAGCCACTTGCGGCTGTCGTTT
TCTGTGAAATTAACACTTTTTTCTATTGGCAGTGATGGGAAGTGTATATTTGGGTGTACCTGGCTGGTAGTCTAGATACAACAATTTACGCTATG
TGTCGCGATCTAGTCTAGGTACAAGTATTCACTCTTCCTTGCAAATGTCCTTGTTTTAATATATAGTAAATTCTATTGCATTTCATATAATTATT
TACTATTTACCTATATCACTATTCAAT
(SEQ ID NO: 415)

Exon: 3017..2969
Exon: 2724..2651
Exon: 2588..2089
Exon: 2032..1705
Exon: 1649..1284
Exon: 1222..1001
Start ATG: 2698 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT13338
TTTCGGCGGATATTTCACGCATTTTGCCTATAGTTAACTGAGTTTTGTGAAAGGGCACGGAACCAGACTGTCAAAATGGTGGCCATCCAATTGTT
CAACGAAATCGGCAGTATTTTCCGAAACACCCCCACGTTTGCTCTCGTCTTGGAGACCCTACTGCTCATAACCGTGATTTGGTTGCTGCTCCACA
GACGAGGAGGAGGTCGTCGCCGACAGCTGACCAAGGAGGAGGAAGACCGAATAATCGCCGACTATGAACCAGAGCCCTTGGTGGCCGACACCGAT
CCCAATCATCCCCTGCTGCACACCCGCGTTGTGCAGTCCAGGGTGGGCAAGCGCATCCAGGTCGATGGACACGACTGCCTAAATCTTGGCTCTCA
CAACTATCTTGGCTTCCTCGAGGACCAGGAGATACTGGAGGAGGCCTGCAAGTCGCTGCGCAAGTACGGAGTTGGATCTTGCGGACCTCGGGGCT
TCTACGGCACTATGGACGTGCATCTGGACCTGGAGGATCGTATTGCCAAGTTCATGGGCCTGGAGGAGGCCATTGTCTATTCCTACGGCTTCTCG
ACCGTGGCCAGTGCCATTCCGGCGTATGCCAAACGTGGCGACCTTATCTTTGTGGATGAGGCTGTCAACTTTGCCATTCAGAAGGGTCTGGATGC
TTCACGAAGCACAATCGTTTTCTTTAAGCACAATGACGTTGAGGATCTAGAACGTCTGCTGATTGAGCAAGAAAAACGAGACCAGAAAAATCCGA
AAAAGGCGGCTAAGACACGTCGCTTCCTCGTCGCCGAGGGTATCTATATGAATACGGGCGAGATTTGCCCACTTCCCGACCTGGTGGCCTTGCGT
CAGAAGTACAAGCTGCGTTTGTTCATCGACGAAAGCATCTCCTTTGGCACATTGGGCCAGGGTGGTCACGGAGTTACGGAGCACTTTAATGTCGA
TCGTGATGAAGTCGATCTGATATCGGCCGGCATGGAGGGTTCGATGGCAACAGTCGGTGGCTTCTGTGTTGGCTCGCACTTCATAGCCGAGCACC
AGCGCCTCTCTGGCTTGGGCTACATCTTCTCGGCCTCGCTGCCGCCCATGCTCACCCAGGCGGCTATTTCAGCGTTGGATCGTTTCGAACGAGAA
CCACAAATCTTCGAGCAGCTGCAGGCAAAGTCTAAGACGTTGCACCAGAAGTTTTTGCGATTCAGCAAGCTAACCCTGCGCGGCGATGAGGTGTC
ACCAGTGAAGCACTTGTATCTTGCCCAGCCCGCCGAGAACTTTGACAAGGAACTGAAACTTCTAACAGAGCTGGCTGATAAGTGCATTGCTCGTG
GAGTGGCTGTGGTACAGGCTGCCTACCTGCAGAACAGGGAACGCCAACCAGTCCGTCCCAGCATTCGCATTGCTGTCAACCGTTTGCTGGAGAGT
TCGGAAATAGACAATGCGTTTGAGGTCATCGAGAGTGTTTCCAGCTCCGTCCTATAAGCCTTGTTGTTGGAAAGGAATGATCTTCTTTCGACAAT
GGCCTTGCTGTTAAGTTTT
(SEQ ID NO: 416)

Start ATG: 76 (Reverse strand: CAT)

MVAIQLFNEIGSIFRNTPTFALVLETLLLITVIWLLLHRRGGGRRRQLTKEEEDRIIADYEPEPLVADTDPNHPLLHTRVVQSRVGKRIQVDGHD
CLNLGSHNYLGFLEDQEILEEACKSLRKYGVGSCGPRGFYGTMDVHLDLEDRIAKFMGLEEAIVYSYGFSTVASAIPAYAKRGDLIFVDEAVNFA
IQKGLDASRSTIVFFKHNDVEDLERLLIEQEKRDQKNPKKAAKTRRFLVAEGIYMNTGEICPLPDLVALRQKYKLRLFIDESISFGTLGQGGHGV
TEHFNVDRDEVDLISAGMEGSMATVGGFCVGSHFIAEHQRLSGLGYIFSASLPPMLTQAAISALDRFEREPQIFEQLQAKSKTLHQKFLRFSKLT
LRGDEVSPVKHLYLAQPAENFDKELKLLTELADKCIARGVAVVQAAYLQNRERQPVRPSIRIAVNRLLESSEIDNAFEVIESVSSSVL*
(SEQ ID NO: 417)

Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384826
TCAATATAAAACAAAAGAGAAAAGCTTGCAAGGGAATTATTAAGATGCCTGCAAATGACAAGTATGCAAATCGTTATCTAAATATTTATACATAT
ATTGATTATTGCAATTGCATCTAAACGAAATTCATGTTTAATGTTTTTGATTGTAAAATCCAATGGAGGACCGCAAGAGCAGAAATCTCATTAAA
TAATAGACAAATAATTAGACAGATCCACAAAATCTCCTTGATTAATCACTGTTGAGCAACTTAAAATTTATTAACGATAGGAAAAATTTCCCTAT
TGAAGAAAACGAAGCAAAAATTTCAGAATATTATTATACTTATAGCAGAATTTTTTGAATGATTCTGGGTAATATTACGTTTCGTTTGTGTACCA
TAGATAAACTGAGAGGGGCTACTTCATGTTGTGCCGCTTCCTGAAGAGAAAGCGATCTTTGTAGCACCAAGTATTAACTAATCTGAAGCAGCAGC
AGCAGTAGCCGCCAGCCATAAATCTGCTAATGACTCTCTTCAAATGCGAGACGGCTGCCGATAAAGAACAAAGAATTGTAAACTAAAATATACAC
TATATAGATACTGATACTGAAAACCGATAATGGAAACTGACATCAAATACTTATTACCATTAAACTCTCGATCCTTTCGTAAAAACCAATGTGCA
TGACAGCTGGAAATTTAGGCATTTCCAAAGTGCAATAGTTAAATGTTACAAAATTCCACACAAATTCCATTTAACACTCACAGACAAAACAAAAG
CAACTGCAAGAGCAAGAAAACCAAGCCACAACTACATATAGCAAGTGCAGGAATTTAACTGTAAACGTAAACCAATATGTATTTAAATAAATATA
AATTGAAACCATTTGAAAGGTGTTTAAAACGTTTCCACGATCTGGATATAAACACTTGGCAAGCACAGTTGTATTTTACGTATTTATCTTTATTA
CGATTAGCGCACGGGTTAACATAGGACCTAACAATAATTTTAGATTTAAATCAAATTTCATTTAACTTAAATCTCGCATTAATGTTGACCGAACT
CAATTCGGTAACCAGATACTTAAAAGAGAATGGTATCTCGATCATCGATACAGAACTGTTATCCCCGCACAAGCGACACGTATCTGGCTGAGAAG
AGAGTCCTCCCGTCTCATTTCGCTTAACAATGCGTTGCAGAGGCGCCAGAATGGAGCCGCACTTGTGGCACACCAGGGTGTGCGTCTTATCGGAG
TTGTGGAACAAGCGATCCTGCAGCAGGAAAGCAGCACCGTGAGAGATCAAAGCATCCCGTTCCATCTCACCGAATCTGACGCCTCCACCGCGTTT
TCTGCCCTTAATTGGCTGATGGGTCCGAGCTTCCACCGCTCCCGTAGATCTTACTTGCCACTTGTCAAACACCATGTGCCGAAGACGCTGGTAAT
GCACCACTCCAAAAAATATGTCAGCAGTCATCTCGCGGCCATCTACGCCGGAATACAGCCTCTCCGTTCCGTAGTAATTGTAACCCCCAGCCTCT

AACATTTTGCCAAAATAGTCAATAGCAGTATTCTCTTCGGAGAAGCGAAAAGGCGTGGCATCGTAAACATTTCCGTGGATTGCAGCCCCCTTTCC
CGCCATCGTTTCTATCATCATGGCGATTGTCATTCGGGAGGGGAAGCCGTGGGGATTGAACACAATGTCTGGAATCAAACCAGATTCCGTAAATG
GCAAGTCCTCTGCAGGATATTTTTGTGAGCAAATTCCTTTCTGACCAGCTCTTGATGCAAACTTGTCTCCAATAGTGGCAGGTCGTGGAACCCTC
AGTGTGATGGCCACCATTTTTTTTGGCGACAAATCGAAGCTTCCCAACTGTCGGATGCTCTCTACTATGCAATCCTCCTTTTCATCCATTTTCAC
AACTTTATAAGTGGCGACCTCTCCGTCAAAGTAACAGTACAGGGGCGAACCATAGCTCAATTTGGAGCCCGGATGTGGAAGACCATCCGTGTCAA
GATGCTTTATTAACTCCGGCATGTGTGGATGCCTTGCGAAGTAACTGCTCTTCTTGTCCAACGTCAAAAACTTTGTTTTGTAGATACTTCCATAG
GCGAATCCTCGTTCATAAGCAGCCTTGTTGATGATCATAGCATCTTCCATGTCGTAGCCCGTGTAGGAAATGACAGCTACAATAGCATTTGTGCC
CATTGCAAAGTCATCCAGCTGGATGTTGTCGTAGTGTACTGGTCGGAAGAGAGGAGTCCCTGGCGTCTGAAGGCGGTATAACTTGTTGGCCGCTT
GCTTAGGCCAATTCAAGCATGGCGTTCCCATCGTCTGTTTTCCCATCTGACACTGGTACATGTTACGTGGCGATTGATTGTAGTCCGGCATGGGT
ATCAAGTTGGCCAAGTTGCTCATGAAGTGGGTCTTAGCCAACTCCAAATGAGTGGTGAAGTCAGGATACATTTCCTTTGCATCGATGGCGATCTC
CATATAAAGCTGTTCCAGTGTTCCGATGTACTCCACCCTTTTCCACTTTAGGTTCCAAACGGGCCTCATCATCCTGGCAGGACCCGTTGCAATGT
AAAGCCCTGGAAACTGACCGTTCTTCTTGAAGGGTATAAAGCCGATTTCCATCATCTGGGGAAGGGTGCCGAATATCTTCCCGTAGCGCAATTCG
TCAACTATTTTTTCGGCTTCTGATTGATGAATGTGACCCAAGTGTTTGCCATCTAGGAAGACGACGTAAAGTTTTTCGCCCAAATATCTTCGGTT
TGACAAGGGCATCATGCCCATATCTATAAGATGCTTGGGAATGGCCTGAAAAAAAAAAGTAATCGGTTAAAATTTCTAATAAAGTCTACCATTAGC
TGTACCCACCTTCACCAACTTGGGATCGGGACGCATCGAAATCTCGCAAGTTAGAGTCAAATGATTTAACAGTCCGCACGGTGTGCCATCAGGAG
TGTGCACTGGACAAATAAAACCCCAGGCATCCGGGAGCAGCTGCCGCGCCTCAGTGGTTCTCATCGTTGTAAAATAGGAACCACGGTGGATGGCG
CGAAAGTGGGACATGTAACGCATCCTGTTAATGTTCTCCGCCATAATGACTAATCCGCTATTTTGCATTAATCCCAGGCCAGTGCGACTCGCAAT
ATTTCCAGTTGCTAAAAACGACTCTATGGCCCGGCCAACTCCTCCTGCTTGTCGCATGCACTGCGTCATCACAGCACTGGTAACTAGGGCATCAG
GTGAAGTCAGTTTTTTTTGAAGGCAACGTCGGACTTGCGAGACCCAGGATTCGACTCGCTCACTTAGGTATTTCTGATAGAGATGGCCTGGCAGA
AGCACTTCCTGCATCATAGCTGAGTCGACGTTCTCCACTTTGTACTTGCCCTGTGCGCATTGGAAAAGCTTCTGAATCATAAACACAATCAACTG
GAACTTATCCTCATAGGTATCCAGGTGAATCATTACTCGCTCCCTAAGAATAAAGTCTGTGACATCATCATCCGGTTGCCATTCCGGAACTTCTG
GGAAGCGGGCACGGAACAGATTGCCAATGAAGCTCTTGCACTGGGCGTGCGTATAGACGTTTTCATTTTGAACTTCCCTCAACATGGCTTGCACG
CAGGACACATAGTACTGGTCGGACTCGTAGCCTTGCACCAATCTGTTGTATATTTCCTCATCTGTATAATCCATTAGGCACTTGAGGATCAGGCA
AACTGGTACGTATGATAGTCTCTTGACGTGAGAAAACATAAACTTTGCAGTTCCATTGTTTAAATAATGTACTACATTGCTCAGGGATGATTCGT
CCTCACGGACCGTTTGCACTAACATACCCAAATCGCTAAAATTCTGTCCACGATCCTTCCAGGATGAACGTTTTACACATATGGGATGGTTCCTC
CGGGTCATGATCAACATACGTACAATCTTCTCATTTCCTCGGATCACAAAAATGCCCCCCCACTCGCTGTCGTGCTCTCCATGTTTTACCATTTC
TTCCGGAGTAGCCTGTCCCAGATTGCAGGCTTTGGAGCGCAACATGATGGGCACTTCTCCTAGGTCCATGTTTATGGGAGTCTTTTGCACTCCAT
TGACACTCCACCCCAATCGGACCGAGCACATTCCCGAGTAGGAGACATGGAGCTGCCTGGAGTCCGTGGGGTAAATCTCTCGGGTGCGCACATCA
ATCACATCTTGCGGCACCTTTGGCTTCGCTATCCATATTGATTCTACTTTCATTGAAATCTTTTCGCCGGCAGGACTCAGCCAGTGGTTCGGGAT
CATGTGTTTGGCCGAGTTATCCAGTCCCACGGTCAGCATCTCGTCGAAGGAATCCACATGTGGACCTCCCAAATTGGCCAAATGCTAGCCATAGA
AGTAAATCTATTAGCACGAAACCTTGCTATAGGTACAAGATTGATATTTACCCTGCTGAGTTTTTTAGGTATCTGCTTAAACTCCGGGCGGGAAT
TGGTCAGCACTGGAATGGTCTTCATTTGTTGCATCTCCTCCAGCATGTTGTAAGTATTATTCTTTCAGAATGCCGACCAAAAATATTAAGAAACC
TATTGCCTTCCTTCGCACGTGTTGTTTGGAATCGAACCGTTTTGAATGCGAACCAGTCAGTGGTGAGGCAGTCGCAAAGAACTAGTTCATATATT
ATATTGTTCATATAACTGAATGAAATAAGAATATAGATGATTGGGATAAAAATTTTCGGTAAATAAAGAACCATCACTAAAAATTTGTATTCAGA
TTAATAGAACACACTAAAATAACCTTAAAGTTCGGTGAATTGTCGTATGGTTCCGATTCGTGTTCAGCTCATCTTTAAATAACTGGGCTGCCAAC
CGAATGCAAGGAACAGCTGATATGTGCGCGCTTGATAAGCCTGATAACCCAATTTTGAATTGTATCCAAGTTGTATAAAAGCAAATATAATTTAT
TTGCAACGTCTGACATATTGTGCACATACGGCAATAACCATTTAGCATTTGCAAAGGCATCCGGTATGTAGAACACAACTCCTGCGGAAATGAGA
CTTTGCAACAGGATGTGCCAACGTGTTGCTCTGGCAATGAAGTTGTTGCATTGTTGTGAGCCACATAGGTGGCGTATGTATGCACATATGTATGT
ATGTGCATATTAATCTGAAGCACCCTCCCCAAAATACGCCATCTAAAGCTTCTAAGAAGCAGTTTTGTCGAATACTTGGGCTTAAACCCCACTGA
CTGGCACATTAATGTCTAATGACTGCGAGAATATGAAAATTTTACTAACATTATATTTCGTCTTAAGATAGGTGTTAATCAAGGCTGATGCCAGA
TTTCTTAATTTTTCTTGTATTGGAATTGCCAAATTACTTTGTTGGGTTTTAACGTGAAAACATGAAGTGGTTGTGGGAACATCAAGAAAATATCA
TCAATTTGAGATGGTTCAGGGGCTAATGGAAAAGGAAAGAACCCCAATCTGAACGCAGTCACTCCGGTTTATTATTCCATTATAATGAACACAAT
GGATTTCTTGCAACTTATTTTGGGCAGAGCGTCCTTGATGCCTGGTTCTTGTATCCTTGCTACTTTCAACTTTCGCTGCA
(SEQ ID NO: 418)

Exon: 4590..4422
Exon: 4359..2860
Exon: 2800..1001
Start ATG: 4511 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT13358
TCCAAACAACACGTGCGAAGGAAGGCAATAGGTTTCTTAATATTTTTGGTCGGCATTCTGAAAGAATAATACTTACAACATGCTGGAGGAGATGC
AACAAATGAAGACCATTCCAGTGCTGACCAATTCCCGCCCGGAGTTTAAGCAGATACCTAAAAAACTCAGCAGGCATTTGGCCAATTTGGGAGGT
CCACATGTGGATTCCTTCGACGAGATGCTGACCGTGGGACTGGATAACTCGGCCAAACACATGATCCCGAACCACTGGCTGAGTCCTGCCGGCGA
AAAGATTTCAATGAAAGTAGAATCAATATGGATAGCGAAGCCAAAGGTGCCGCAAGATGTGATTGATGTGCGCACCCGAGAGATTTACCCCACGG
ACTCCAGGCAGCTCCATGTCTCCTACTCGGGAATGTGCTCGGTCCGATTGGGGTGGAGTGTCAATGGAGTGCAAAAGACTCCCATAAACATGGAC
CTAGGAGAAGTGCCCATCATGTTGCGCTCCAAAGCCTGCAATCTGGGACAGGCTACTCCGGAAGAAATGGTAAAACATGGAGAGCACGACAGCGA
GTGGGGGGGCATTTTTGTGATCCGAGGAAATGAGAAGATTGTACGTATGTTGATCATGACCCGGAGGAACCATCCCATATGTGTAAAACGTTCAT
CCTGGAAGGATCGTGGACAGAATTTTAGCGATTTGGGTATGTTAGTGCAAACGGTCCGTGAGGACGAATCATCCCTGAGCAATGTAGTACATTAT
TTAAACAATGGAACTGCAAAGTTTATGTTTTCTCACGTCAAGAGACTATCATACGTACCAGTTTGCCTGATCCTCAAGTGCCTAATGGATTATAC
AGATGAGGAAATATACAACAGATTGGTGCAAGGCTACGAGTCCGACCAGTACTATGTGTCCTGCGTGCAAGCCATGTTGAGGGAAGTTCAAAATG
AAAACGTCTATACGCACGCCCAGTGCAAGAGCTTCATTGGCAATCTGTTCCGTGCCCGCTTCCCAGAAGTTCCGGAATGGCAACCGGATGATGAT
GTCACAGACTTTATTCTTAGGGAGCGAGTAATGATTCACCTGGATACCTATGAGGATAAGTTCCAGTTGATTGTGTTTATGATTCAGAAGCTTTT
CCAATGCGCACAGGGCAAGTACAAAGTGGAGAACGTCGACTCAGCTATGATGCAGGAAGTGCTTCTGCCAGGCCATCTCTATCAGAAATACCTAA
GTGAGCGAGTCGAATCCTGGGTCTCGCAAGTCCGACGTTGCCTTCAAAAAAAACTGACTTCACCTGATGCCCTAGTTACCAGTGCTGTGATGACG
CAGTGCATGCGACAAGCAGGAGGAGTTGGCCGGGCCATAGAGTCGTTTTTAGCAACTGGAAATATTGCGAGTCGCACTGGCCTGGGATTAATGCA
AAATAGCGGATTAGTCATTATGGCGGAGAACATTAACAGGATGCGTTACATGTCCCACTTTCGCGCCATCCACCGTGGTTCCTATTTTACAACGA
TGAGAACCACTGAGGCGCGGCAGCTGCTCCCGGATGCCTGGGGTTTTATTTGTCCAGTGCACACTCCTGATGGCACACCGTGCGGACTGTTAAAT
CATTTGACTCTAACTTGCGAGATTTCGATGCGTCCCGATCCCAAGTTGGTGAAGGCCATTCCCAAGCATCTTATAGATATGGGCATGATGCCCTT
GTCAAACCGAAGATATTTGGGCGAAAAACTTTACGTCGTCTTCCTAGATGGCAAACACTTGGGTCACATTCATCAATCAGAAGCCGAAAAAATAG
TTGACGAATTGCGCTACGGGAAGATATTCGGCACCCTTCCCCAGATGATGGAAATCGGCTTTATACCCTTCAAGAAGAACGGTCAGTTTCCAGGG

CTTTACATTGCAACGGGTCCTGCCAGGATGATGAGGCCCGTTTGGAACCTAAAGTGGAAAAGGGTGGAGTACATCGGAACACTGGAACAGCTTTA
TATGGAGATCGCCATCGATGCAAAGGAAATGTATCCTGACTTCACCACTCATTTGGAGTTGGCTAAGACCCACTTCATGAGCAACTTGGCCAACT
TGATACCCATGCCGGACTACAATCAATCGCCACGTAACATGTACCAGTGTCAGATGGGAAAACAGACGATGGGAACGCCATGCTTGAATTGGCCT
AAGCAAGCGGCCAACAAGTTATACCGCCTTCAGACGCCAGGGACTCCTCTCTTCCGACCAGTACACTACGACAACATCCAGCTGGATGACTTTGC
AATGGGCACAAATGCTATTGTAGCTGTCATTTCCTACACGGGCTACGACATGGAAGATGCTATGATCATCAACAAGGCTGCTTATGAACGAGGAT
TCGCCTATGGAAGTATCTACAAAACAAAGTTTTTGACGTTGGACAAGAAGAGCAGTTACTTCGCAAGGCATCCACACATGCCGGAGTTAATAAAG
CATCTTGACACGGATGGTCTTCCACATCCGGGCTCCAAATTGAGCTATGGTTCGCCCCTGTACTGTTACTTTGACGGAGAGGTCGCCACTTATAA
AGTTGTGAAAATGGATGAAAAGGAGGATTGCATAGTAGAGAGCATCCGACAGTTGGGAAGCTTCGATTTGTCGCCAAAAAAAATGGTGGCCATCA
CACTGAGGGTTCCACGACCTGCCACTATTGGAGACAAGTTTGCATCAAGAGCTGGTCAGAAAGGAATTTGCTCACAAAAATATCCTGCAGAGGAC
TTGCCATTTACGGAATCTGGTTTGATTCCAGACATTGTGTTCAATCCCCACGGCTTCCCCTCCCGAATGACAATCGCCATGATGATAGAAACGAT
GGCGGGAAAGGGGGCTGCAATCCACGGAAATGTTTACGATGCCACGCCTTTTCGCTTCTCCGAAGAGAATACTGCTATTGACTATTTTGGCAAAA
TGTTAGAGGCTGGGGGTTACAATTACTACGGAACGGAGAGGCTGTATTCCGGCGTAGATGGCCGCGAGATGACTGCTGACATATTTTTTGGAGTG
GTGCATTACCAGCGTCTTCGGCACATGGTGTTTGACAAGTGGCAAGTAAGATCTACGGGAGCGGTGGAAGCTCGGACCCATCAGCCAATTAAGGG
CAGAAAACGCGGTGGAGGCGTCAGATTCGGTGAGATGGAACGGGATGCTTTGATCTCTCACGGTGCTGCTTTCCTGCTGCAGGATCGCTTGTTCC
ACAACTCCGATAAGACGCACACCCTGGTGTGCCACAAGTGCGGCTCCATTCTGGCGCCTCTGCAACGCATTGTTAAGCGAAATGAGACGGGAGGA
CTCTCTTCTCAGCCAGATACGTGTCGCTTGTGCGGGGATAACAGTTCTGTATCGATGATCGAGATACCATTCTCTTTTAAGTATCTGGTTACCGA
ATTGAGTTCGGTCAACATTAATGCGAGATTTAAGTTAAATGAAATTTGA
(SEQ ID NO: 419)

Start ATG: 80 (Reverse strand: CAT)

MLEEMQQMKTIPVLTNSRPEFKQIPKKLSRHLANLGGPHVDSFDEMLTVGLDNSAKHMIPNHWLSPAGEKISMKVESIWIAKPKVPQDVIDVRTR
EIYPTDSRQLHVSYSGMCSVRLGWSVNGVQKTPINMDLGEVPIMLRSKACNLGQATPEEMVKHGEHDSEWGGIFVIRGNEKIVRMLIMTRRNHPI
CVKRSSWKDRGQNFSDLGMLVQTVREDESSLSNVVHYLNNGTAKFMFSHVKRLSYVPVCLILKCLMDYTDEEIYNRLVQGYESDQYYVSCVQAML
REVQNENVYTHAQCKSFIGNLFRARFPEVPEWQPDDDVTDFILRERVMIHLDTYEDKFQLIVFMIQKLFQCAQGKYKVENVDSAMMQEVLLPGHL
YQKYLSERVESWVSQVRRCLQKKLTSPDALVTSAVMTQCMRQAGGVGRAIESFLATGNIASRTGLGLMQNSGLVIMAENINRMRYMSHFRAIHRG
SYFTTMRTTEARQLLPDAWGFICPVHTPDGTPCGLLNHLTLTCEISMRPDPKLVKAIPKHLIDMGMMPLSNRRYLGEKLYVVFLDGKHLGHIHQS
EAEKIVDELRYGKIFGTLPQMMEIGFIPFKKNGQFPGLYIATGPARMMRPVWNLKWKRVEYIGTLEQLYMEIAIDAKEMYPDFTTHLELAKTHFM
SNLANLIPMPDYNQSPRNMYQCQMGKQTMGTPCLNWPKQAANKLYRLQTPGTPLFRPVHYDNIQLDDFAMGTNAIVAVISYTGYDMEDAMIINKA
AYERGFAYGSIYKTKFLTLDKKSSYFARHPHMPELIKHLDTDGLPHPGSKLSYGSPLYCYFDGEVATYKVVKMDEKEDCIVESIRQLGSFDLSPK
KMVAITLRVPRPATIGDKFASRAGQKGICSQKYPAEDLPFTESGLIPDIVFNPHGFPSRMTIAMMIETMAGKGAAIHGNVYDATPFRFSEENTAI
DYFGKMLEAGGYNYYGTERLYSGVDGREMTADIFFGVVHYQRLRHMVFDKWQVRSTGAVEARTHQPIKGRKRGGGVRFGEMERDALISHGAAFLL
QDRLFHNSDKTHTLVCHKCGSILAPLQRIVKRNETGGLSSQPDTCRLCGDNSSVSMIEIPFSFKYLVTELSSVNINARFKLNEI*
(SEQ ID NO: 420)

Classification: enzyme
Gene Symbol: RpI135
FlyBase ID: FBgn0003278

Celera Sequence No. : 142000013384281
ATGTGGAATAAATTAATTATATTAATACGCTGGAACCACACAACATGCGCCCAAAACGATGATGATAATGATGATGGTGTGCAGGTGGTTCCGCT
CTTTTCATCTTGTAGTTGGTGTTGTTGTTGATTTTGTTGTGCTGCACTCCAAACTTCCACCACTCGCACTTGCACTTTCGCTGCTGCTTCCTCGA
CTTCTCCTCCTCCTCCTCCAGCAGAATCAAGACCATCCCGATCCTGATCCTCTTGCCCAGACAAGCGATCCTTCTTAGAAGCACTTGCGGTGCAC
AATGGAGGGGCCGGACTCGTCGTACTCCTGCTTGGAGATCCACATCTGCTGGAAGGTGGACAGCGAAGCCAGGATGGAGCCACCGATCCAGACAG
AGTACTTGCGCTCTGGCGGGGCAATGATCTTGATCTTCATGGTCGACGGTGCCAGGGCGGTGATCTCCTTCTGCATACGGTCGGCGATGCCAGGG
TACATGGTGGTGCCACCGGACAGCACGGTGTTGGCATACAGATCCTTACGGATATCCACATCACACTTCATGATGGAGTTGTAGGTGGTCTCGTG
GATGCCGCAAGCCTCCATTCCCAAGAACGAGGGCTGGAACAGGGCCTCGGGGCAGCGGAAACGCTCGTTGCCGATGGTGATCACCTGTCCGTCGG
GCAGCTCGTAGGACTTCTCCAACGAGGAGCTGCTGGCAGCGGTGGCCATCTCCTGCTCAAAGTCGAGGGCAACATAGCACAGCTTCTCCTTGATG
TCACGGACGATTTCACGCTCAGCGGTGGTGGTGAAAGAGTAACCGCGCTCGGTCAGGATCTTCATCAGGTAGTCGGTCAAATCGCGACCAGCCAG
ATCCAGACGCAGGATGGCATGGGGAAGGGCATAACCCTCGTAGATGGGCACGGTGTGGGAGACACCATCGCCGGAGTCCAGAACGATACCGGTGG
TACGACCGGAGGCGTACAGCGAGAGCACAGCCTGGATGGCCACATACATGGCGGGTGTGTTGAAGGTCTCGAACATGATCTGGGTCATCTTCTCA
CGGTTGGCCTTGGGGTTCAGCGGGGCCTCGGTCAGCAGCACGGGGTGCTCCTCGGGTGCCACACGCAGCTCATTGTAGAAGGTGTGGTGCCAGAT
CTTCTCCATATCGTCCCAGTTGGTCACGATACCGTGCTCAATGGGGTACTTCAGGGTGAGGATACCACGCTTGCTCTGCGCCTCATCACCCACGT
ACGAGTCCTTCTGGCCCATGCCGACCATCACACCCTGGTGACGGGGACGTCCCACAATCGATGGGAAGACGGCGCGGGGAGCATCGTCTCCGGCA
AATCCGGCCTTGCACATGCCAGAGCCGTTGTCGACAACCAGAGCAGCAACTTCTTCGTCACACATTTTGTAAGCTGCAATGGAAAGAATGCGGAT
TTCCCATTAGTTTTTGGTTACCTTATTTGGTAATGTAGAAATGGCAAAAAAAAAAACTGAGAATTTGCGTGGTTTCCTTGGACTGCGCTGGTCTAC
CAAAGTACAATTGTCATAACAAACTAACTTGTTTTTCGTGTACAATTAAAAATCACTCAATGCAATGTACGTTTTTTTAGTACAAAATTTTAATC
TTGGACAAAAAAAATTTCATAAAAAAATACTTTTCCGATTGAAAACTGATTTTCACTTGCGATCGAATTGTAATAAGAAATTAAAAGAACAGTTA
CAAAATAGAAGGCCCCGCCCCGAAAAATTAAAACCACAATACGAATATGCCGAAAAGGGAGGGGAGAAGCTTCTAGACGACACTTAACGAATGCC
GGTGCAAAAGAAAGCCGCAAAGAGAGCACAGTTGCCTGTGTGTATGCGCCCTTAAAATGGCGGCTGCCTAAAACTCGAATTGGAACCCGAAATTA
ACATTACAAAATAAAAAAAAAAAAAAAACACTAAACGCACTCTAGAAAATTTAACAATTAAGAGCCACGAAACTTTTCAAAGCTAGTTAAACTTTA
CCTTTTTGTTCGATTTAACAAATTCAAGGCGTGAAAACTACTGTAAACGCAAGTGGCGAGGCTGAGCTAAGCGACCGCACGGTTTGAAAGGAATG
ACTGGAATAAACCGACTGAAAGTGGCTGGTGAATGTTGAATGCCAGTTAACTGCGTTTTTCAATCGCTGCCTGCGTCGACGTCGCCATAGGCGTC
GCTCGCTCTCGCCATCTCGCTCGCTCCGCGCCATGGTCGCTATGGGTGCGAAGGAGAGCGCTGGTGTGTTGAATTGCGGCGGCCAAGTTTTGTGA
CCATATATGGTCATGTTTCGAGGCGAAAAGCAAACCGTCGTCTGGCTTTCGCTCTCTCACACACACATACACTCTCTCTCGTTATTTTGCGCGTG
AGTGTGTGTATATGAACGAATGCTCGAAGGTTTTCTCCATTTTTGCAACTACAACTTTGAAAAACCGGCAAAAATTTCTGCTTCAGCCAAAACGG
CTGCCTACGTCACTATTTTCAAGAACCTGATCTAGTTTTACAGATTATAATATGCATATACTGTATGTATGTACATTTATGGATGATCTGGTGTT
TTAGGGCGTGGGAAAAAAAGAAAGTGTTGGCGAATTGATTTGCAATTCGTAATTTGGCATATCTTTGGGTGAAATCGTGACACGCCCACATCAGC
GAGCTTGGCTTTAAACACTATATTAGATCCTAACATTTGAGTTGGGGCTATTGAATTGCTTTGGTTTTTATAATTTCGTATAATTTGTATGTATA
TATCCTGAAATCTGCAGTTGTAATCCTGATTCTTGAGTTATGGTATTTGAAACCCTGGTTTTGTTAATTTTGATGTCTTTCGACCTATTGGTATT

TTGATTGACAATTTAGGGCCAAACTTGGGTATTTTTGGAGTTTTGGTCAATACAATAACTCTTTAGCTCGTGGCTAGTATTTTTTGATCACTTTC
AGCACTGGCACATAAAAAAATGTTTTGTTTACAAAAAAAATCACACATTTTCCGCGGCTTTTCTCGATTATTGCTTTTTCTTGGTGGGAGTGGTT
CGATGGTGTTTTGTTGTTGGGAAGGGGAAAGCTACTTACATTTGGTGTGTTTTATTAAAATTAATTAAATAAATATAAATTAAGTCTTTCGGTTT
GGTGTCTCTGGATTAGACGACTGCTGGCTGATGGAGCGGCTTTGTGTCGGGAGGAGTATCCACACAGCACAAGAACTCAAACGGTAGTGATATGA
AAACTGGTCCCGCAGCCCGTTTTATAAAGCCCGCTTAGCGCTAAAACCTTATCAGCCGCAATGCTCTCCGCTCTCAAGTCGCGTTCAAAACTTTT
ACCATATATGGGTATGAATTGTTCGCCGATTGGGTTTTCATTTACGGAGAATTTCCTCCGCAACTGGGTGTTCGTGCTTGTGTGTGTCTTGTATA
TCGCCATGAAGAGTGTACTTCCATGGGTCCTATCAGTTGCGGCATGTGATTCAATTTGGGGGTTACTCATATTCGATACTTCAGCTGGTTATCTT
TATGCTGTGATGGTCACGGTGCTTTTACACATTTTTTCCCCAACTACTCATTGTATGCCAAAACATACATATGTACATGTGTTTATAGTGGGTTT
ATTAGTAATGTCCAGCGATATTAAAACATTACAGTTAAATAATATTCATATTAGCTTACGTTTACTGCTATCTGCACTTCAAATTGGTTATTCCA
GGGACATTTTGTGCAACACACATCTTCTAGTAGGGCATTCACTAGTCGTAGAAAACACACCTAACTTAAGCCGGTTTTAACAATAACGGCGAAAC
AGCTGCCAGACGAGAGAAAAGTACACAGCAAGAAGCATTTCTATAATGATGCCGTCCTAAATATGCAGCATTTTTGCTCAAATTGATCATTTCGT
TGCATCGCTCAGGTGGTATAGTATTTGGCTATTGAATGTGATTGCTATCTTAATAGTTTTGAATAGTAATAGTGCAAATATTCATTCATAAAAAA
TAGGTAATCGATTTTTTCAGTGCAGTCTATGCGTTTGCGCAACAGAGACGAAGAGAGAGACGCCTCACACACAAGCACATGCGGTCTAAGCTGCT
CTCCCTCTTTTTCTCTCTCTCTCTGGCTTGCGGCAGTTTTCCAGAGGCTGTGACTCAGTAAGCATTTCTTGTTGTTACCCTAACGATAAGCGTCC
GATTCCTAATTCTCTTTCAAATAATTTGTT
(SEQ ID NO: 421)

Exon: 3210..3080
Exon: 2113..1997
Exon: 1395..265
Start ATG: 1395 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT13368
TTCTTGTGCTGTGTGGATACTCCTCCCGACACAAAGCCGCTCCATCAGCCAGCAGTCGTCTAATCCAGAGACACCAAACCGAAAGACTTAATTTA
TATTTATTTAATTAATTTTAATAAAACACACCAAATACTTTCAGTCGGTTTATTCCAGTCATTCCTTTCAAACCGTGCGGTCGCTTAGCTCAGCC
TCGCCACTTGCGTTTACAGTAGTTTTCACGCCTTGAATTTGTTAAATCGAACAAAAAGATGTGTGACGAAGAAGTTGCTGCTCTGGTTGTCGACA
ACGGCTCTGGCATGTGCAAGGCCGGATTTGCCGGAGACGATGCTCCCCGCGCCGTCTTCCCATCGATTGTGGGACGTCCCCGTCACCAGGGTGTG
ATGGTCGGCATGGGCCAGAAGGACTCGTACGTGGGTGATGAGGCGCAGAGCAAGCGTGGTATCCTCACCCTGAAGTACCCCATTGAGCACGGTAT
CGTGACCAACTGGGACGATATGGAGAAGATCTGGCACCACACCTTCTACAATGAGCTGCGTGTGGCACCCGAGGAGCACCCCGTGCTGCTGACCG
AGGCCCCGCTGAACCCCAAGGCCAACCGTGAGAAGATGACCCAGATCATGTTCGAGACCTTCAACACACCCGCCATGTATGTGGCCATCCAGGCT
GTGCTCTCGCTGTACGCCTCCGGTCGTACCACCGGTATCGTTCTGGACTCCGGCGATGGTGTCTCCCACACCGTGCCCATCTACGAGGGTTATGC
CCTTCCCCATGCCATCCTGCGTCTGGATCTGGCTGGTCGCGATTTGACCGACTACCTGATGAAGATCCTGACCGAGCGCGGTTACTCTTTCACCA
CCACCGCTGAGCGTGAAATCGTCCGTGACATCAAGGAGAAGCTGTGCTATGTTGCCCTCGACTTTGAGCAGGAGATGGCCACCGCTGCCAGCAGC
TCCTCGTTGGAGAAGTCCTACGAGCTGCCCGACGGACAGGTGATCACCATCGGCAACGAGCGTTTCCGCTGCCCCGAGGCCCTGTTCCAGCCCTC
GTTCTTGGGAATGGAGGCTTGCGGCATCCACGAGACCACCTACAACTCCATCATGAAGTGTGATGTGGATATCCGTAAGGATCTGTATGCCAACA
CCGTGCTGTCCGGTGGCACCACCATGTACCCTGGCATCGCCGACCGTATGCAGAAGGAGATCACCGCCCTGGCACCGTCGACCATGAAGATCAAG
ATCATTGCCCCGCCAGAGCGCAAGTACTCTGTCTGGATCGGTGGCTCCATCCTGGCTTCGCTGTCCACCTTCCAGCAGATGTGGATCTCCAAGCA
GGAGTACGACGAGTCCGGCCCCTCCATTGTGCACCGCAAGTGCTTCTAA
(SEQ ID NO: 422)

Start ATG: 249 (Reverse strand: CAT)

MCDEEVAALVVDNGSGMCKAGFAGDDAPRAVFPSIVGRPRHQGVMVGMGQKDSYVGDEAQSKRGILTLKYPIEHGIVTNWDDMEKIWHHTFYNEL
RVAPEEHPVLLTEAPLNPKANREKMTQIMFETFNTPAMYVAIQAVLSLYASGRTTGIVLDSGDGVSHTVPIYEGYALPHAILRLDLAGRDLTDYL
MKILTERGYSFTTTAEREIVRDIKEKLCYVALDFEQEMATAASSSSLEKSYELPDGQVITIGNERFRCPEALFQPSFLGMEACGIHETTYNSIMK
CDVDIRKDLYANTVLSGGTTMYPGIADRMQKEITALAPSTMKIKIIAPPERKYSVWIGGSILASLSTFQQMWISKQEYDESGPSIVHRKCF*
(SEQ ID NO: 423)

Name: ACTIN
Classification: cytoskeletal_structural_protein
Gene Symbol: Act5C
FlyBase ID: FBgn0000042

Celera Sequence No. : 142000013384645
GGAAAGAATTTTGGTTGGATTCAAATACGAAGCAGCTTTGGTAACAACTAAGGTTCTGGGTTAGTCATGATTCACCAACAGGTTAGACTTAGTTT
TGTGGCAAAATTTAACCAATGACGTCCAAGTTCTAACTAAAGTAATATCGTTACTTTGTTATTTTATTTTTGGATATTCTCGAAAGTTTCTGGAA
TTCTCAAGAAAACTTAAACAATATAGAGTCGCATTATATGGAAAACTCATTGATTCATTCTTATGTTTGTTATTTTGTTATTAAATTCCAATTGA
TGATGCCAGTGTCTAAATAAAAACGAAGACCTAATTTTCAACCAAAAATCAGGTTTTCTGGGCTTGTCCGTATTAAACATTTTTGATAATTATTT.
ATAATATATTGTTATTTTTTGCTGGCTTCAAAACATCAACAAATTGTGTATGATAAATGACGATGACGTTGTTGTTGATGGCGATCGCGCTGTGG
GAATCAGATGAAATGTCAATTAAGTTTGCATTTATATCTTTGATTGAAGCTCTAAGATTTGCTTTGCCATTTTATGCGGAAGTTAAGCTCGGTCA
GTTCTTGAAAAAGTTCCCATGGGAGCAAGTTATTTGTTTTTTGACAATAAGAAGCGTTTATTTAAAATGGCTTATTATGGCCTCAATGATTCCTA
ATAGGCGTAACTTACTGGTTATAAACTTGTTTAATATCGTTTCATTTTAAACCTGGATGACAGAAAATGAATTTCGGTTCAAATACAAATATTAC
AATAGAAAGTATGATATTTAGCTCCGATAAACATTTAACAATTTTAGTATTTTAATGGTGAAATGGTAAATTCCGCGCATGAAAAGAGATAGAAG
AGATGACATATATGGAAACCTTAAAAACGTAACGGTTGCTTGGGTTTTATAACAATCAGTCAGTGACAGGCATTTCCAGAGTTGCCCTGTTCAAC
AATCGATAGCTGCCTTCGGTCGCTCGTCACTAACTTTCCTTTAGGCAACGGCCACACTGTCTGGCCACCAAAATCCCAAACTTAATTAAAGAATT
AAATAATTCGAATAATAATTAAGCCCAGTAACCTACGCAGCTTGAGTGCGTAACCGATATCTAGTATACATTTCGATACATCGAAATCATGGTAG
TGTTGGAGACGGAGAAGGTAAGGCGAGAAACGGCGAGCCGCATGGTTTCGATTTCGGCTGAGCCGTGGCAGGAACAACAAAAACAGGGTTGTTGC
ACAAGAGGGGAGGCGATAGTCGAGCGGAAAAGTGTGCAGTTGGCGTGGCTACATCATCATTGTGTTCACCGATTATTTTTTGCACAATTGCTTAA
TATTAATTGTACTTGCACGCTATTGTCTACGTCATAGCTATCGCTATCTCTGTCTGTCTCTATCAAGCTATCTCTCTTTCGCGGTCACTCGTTCT
CTTTTTCTCTCCTTTCGCATTTGCATACGCATACCACACGTTTTCAGTGTTCTCGCTCTCTCTCTCTTGTCAAGACATCGCGCGCGTGTGTGTGG

GTGTGTTCTTCTTTAGCTACATATACATAAATAGGAGAGCGGAGAGACAAATATGGAAAGAATGGAAAAAGAGTGAATTACTGCAATTAACCAGT
CGCGAACAGTTAAATCATATTTTTGTCGGCCATTGCAGTAAATAAACCGTTGGCTTTCCCTCTTCACTTTCCACCTCCTTTCTTTGACGTTAATT
TTTTTCAGTTAATCGCGCCGCTGCTTTGAACTCGAACACGAATTTTAGCCGCAACATAAAATAAAATCAAGTAACTCTTTTAACTCAAATATAAA
ACAACAATTCCAATTCTTTCAACAGGCAATCTGTGTTTTTATGTCAGATACGTGCGCGTGTGTGTGTGTGCTGTAATTCCATCGCCCCTTTCGAT
TCCGAGTTCGTTAGGAACAGCATTAGTTCGCCTATTTTAGTAGTAGCCTAGTCCGATTTTAAGTGAAACAGGATACTCCAACACCATATACTCAA
TAATTAGTTACAACACCCACTCAACCATACAGCAACAACAAGTTTAACGAGTTTTTTGTATTATCATTACTTAGTTTTTTGGTTAATAATACACA
AGTGAAGAGCGAACTGCAGGGGAGCGAGATATCACGAAACAATCCAAAATCCACACACACTCAAACAGAAATCAAAAGCTTCGCTCTCTCGCACA
CACACGCACCAACCAACTATCAACTATCACAAACACCGCGACAGAGAGAGAGCGGCAAGTGAATCACGGCGAATCGAAACCGATCCGAACCCACT
CCGGAGCCGAAAAAGAACTGATCCTACCATCAAACGCATCCAATAAACACGGCCGCCAACATGCAGAGCGACTTTCACAGAATGAAGAACTTTGC
CAATCCCAAGTCCATGTTCAAAGTAATACTCTCAGTGCGCCTGTCGCTAAGCCAAGCTAATCTAATCTTCTGATTCCCCTTCCCATCCATTGCCA
TCTTCTCCCGCAGACCAGCGCCCCCAGCACCGAGCAGGGTCGTCCGGAACCACCAACTTCGGCTGCAGCGCCCGCCGAGGCTAAGGATGTCAAGC
CCAAGGAGGACCCACAGGAGACTGGTGAACCAGCAGGCAACACTGCAACCACTACTGCTCCTGCCGGCGACGATGCTGTGCGCACCGAGCATTTA
TACAAACACCCGCTCATGAATGTCTGGACGCTGTGGTACCTTGAAAACGATCGGTCCAAGTCCTGGGAGGACATGCAAAACGAGATCACCAGCTT
CGATACCGTCGAGGACTTCTGGAGCCTATACAACCACATCAAGCCCCCATCAGAGATCAAGCTGGGTAGTGACTACTCGCTATTCAAGAAGAACA
TTCGGTGGGTTTGCTGTTTATTGCAATTCTGCCAAGATAACCTTTACTAACTGATATCTCATTTGCAGTCCCATGTGGGAGGATGCAGCCAACAA
ACAGGGCGGTCGTTGGGTCATTACCCTTAACAAAAGCTCCAAGACCGATCTGGATAACCTATGGCTCGATGTGGTAAGTGCACAAAGAAACGAGT
GGTGAGCGGATGGTCTATTTATAGTGAATGTACATTCTTGAAATGCAAAAATATAGAAATAGGTGTATGATTTTGCAATATAAATTATAACTTAT
AGAAAATATCAGCTAAAAATACGCTAGTGCTAGCTTTTGTCTTAGGAACATTCAATAGTGAGCTTATATCATAAATATTTTTCGCATATGAGTAA
CTACAACTGTTTTGCCTTCCAGCTGCTCTGCCTGATTGGTGAGGCCTTCGATCACTCTGATCAGATCTGCGGCGCTGTTATAAACATTCGCGGCA
AGAGCAACAAGATATGTAAGTTTTCACGCACACCCAACTTCAGCGGAATTCCTTTGTTTAACGATTAATGCTTTCCAGCCATCTGGACTGCCGAC
GGAAACAACGAGGAAGCTGCCCTTGAGATTGGTCACAAGCTGCGCGATGCCCTGCGTCTGGGACGCAACAACTCGCTGCAGTATCAGTTGCACAA
GGACACGATGGTCAAGCAGGGCTCCAACGTGAAATCGATCTACACTTTGTAGGCGGCTAATAACTGGCCGCTCCTTATTCGGTCCGATCCCACAC
TGATTATTTTGTCTTTCATTTATTTATCGTTATAAGCAACAGTAGCGATTAATCGTGACTATTGTCTAAGACCCGCGTAACGAAACCGAAACGGA
ACCCCCTTTGTTATCAAAAATCGGCATAATATAAAATCTATCCGCTTTTTGTAGTCACTGTCAATAATGGATTAGACGGAAAAGTATATTAATAA
AAACCTACATTAAAACCGGATACTTTTGATCTTTGATTTTGGAGATATTTTAAAATAGAAAAAAGTTAACCTATATTGTTTTTGGGATAATTACT
TGTTGTATTACTAAAACGAGCTTGTATCCTAATATGGGCACCTAAAGCAAAACTTCCAAATTTGGAATTCAATTTGTTGCTAAAAATACGTTAGC
AATTTCTAGGGTGGCCAAAAAAAAATGTGTATCGATATATCGATAGGTTTCCTAAATAGACATTAAAATAATTTTAGCTTTTTACTTATATTGTT
AGAGTAAATACGTTTGTATTTAAAAAATAAGTCAGTATTTTTTTTTTATTAACCTATTATTGAATTTTATATGAGTGAGAGCTTTTCCATTCAGC
CAAGAACGGTCACACTGCATGTGACATGTTTCAATTGTGTAGGCGCAGTCACACTGGTCGCGTCGCTCGTAGATATCGTGTAAGGATATGTCTCC
GTGTTTAGCTAAATAAAATACATAAAATATATGTGCAATTCTAACAAGCATAGCCATTTAGCGTAGAGTAGTGGAACGAACAGCTCGTACCGGGC
CAGTAACAACAAATTAACAAGCAAACGCACTAAAGTTTGTCGCGGAATAAAGATATAATAATAGACCAGCTAACCAACACAAACAAACACACACA
CGGCCAGAAGTTCGTTGGCGTTGAAAGGGAAAAATGAAACGAAATGAAAGGAGAATAACAGTGCAATAGATTCGGTTTACATTGTGCAAAAAATC
GAAGTAGCCCCTGCCAACAGGGTCGCTAAAAATAAAGAAGGCGACAGCCTCTGTTTATCGTTGGGAATAAACAAATATATGGCCAGCGGAGGAGA
ATCATAACAAAGGCGCAAGACTAGCCAGCATAAAAGACAAAGGAGCTCTCCTCCCCCGCGTCCGCCACCCCCCTCCCTTTTTGGGGTTGAAAACC
CCCCACGCGTTGCGGTGCAGCATCGCCCCGACTATGCGATACCCTGCAATCGAGTTTATAGTGCTATAG
(SEQ ID NO: 424)

Exon: 1001..1157
Exon: 2070..2397
Exon: 2484..2854
Exon: 2919..3018
Exon: 3253..3340
Exon: 3404..3819
Start ATG: 2341

Transcript No. : CT13384
GCCACACTGTCTGGCCACCAAAATCCCAAACTTAATTAAAGAATTAAATAATTCGAATAATAATTAAGCCCAGTAACCTACGCAGCTTGAGTGCG
TAACCGATATCTAGTATACATTTCGATACATCGAAATCATGGTAGTGTTGGAGACGGAGAAGTTTTTTGGTTAATAATACACAAGTGAAGAGCGA
ACTGCAGGGGAGCGAGATATCACGAAACAATCCAAAATCCACACACACTCAAACAGAAATCAAAAGCTTCGCTCTCTCGCACACACACGCACCAA
CCAACTATCAACTATCACAAACACCGCGACAGAGAGAGAGCGGCAAGTGAATCACGGCGAATCGAAACCGATCCGAACCCACTCCGGAGCCGAAA
AAGAACTGATCCTACCATCAAACGCATCCAATAAACACGGCCGCCAACATGCAGAGCGACTTTCACAGAATGAAGAACTTTGCCAATCCCAAGTC
CATGTTCAAAACCAGCGCCCCCAGCACCGAGCAGGGTCGTCCGGAACCACCAACTTCGGCTGCAGCGCCCGCCGAGGCTAAGGATGTCAAGCCCA
AGGAGGACCCACAGGAGACTGGTGAACCAGCAGGCAACACTGCAACCACTACTGCTCCTGCCGGCGACGATGCTGTGCGCACCGAGCATTTATAC
AAACACCCGCTCATGAATGTCTGGACGCTGTGGTACCTTGAAAACGATCGGTCCAAGTCCTGGGAGGACATGCAAAACGAGATCACCAGCTTCGA
TACCGTCGAGGACTTCTGGAGCCTATACAACCACATCAAGCCCCCATCAGAGATCAAGCTGGGTAGTGACTACTCGCTATTCAAGAAGAACATTC
GTCCCATGTGGGAGGATGCAGCCAACAAACAGGGCGGTCGTTGGGTCATTACCCTTAACAAAAGCTCCAAGACCGATCTGGATAACCTATGGCTC
GATGTGCTGCTCTGCCTGATTGGTGAGGCCTTCGATCACTCTGATCAGATCTGCGGCGCTGTTATAAACATTCGCGGCAAGAGCAACAAGATATC
CATCTGGACTGCCGACGGAAACAACGAGGAAGCTGCCCTTGAGATTGGTCACAAGCTGCGCGATGCCCTGCGTCTGGGACGCAACAACTCGCTGC
AGTATCAGTTGCACAAGGACACGATGGTCAAGCAGGGCTCCAACGTGAAATCGATCTACACTTTGTAGGCGGCTAATAACTGGCCGCTCCTTATT
CGGTCCGATCCCACACTGATTATTTTGTCTTTCATTTATTTATCGTTATAAGCAACAGTAGCGATTAATCGTGACTATTGTCTAAGACCCGCGTA
ACGAAACCGAAACGGAACCCCCTTTGTTATCAAAAATCGGCATAATATAAAATCTATCCGCTTTTTGTAGTCACTGTCAATAATGGATTAGACGG
AAAAGTATATTAATAAAAACCTACATTAAAACCGG
(SEQ ID NO: 425)

Start ATG: 429

MQSDFHRMKNFANPKSMFKTSAPSTEQGRPEPPTSAAAPAEAKDVKPKEDPQETGEPAGNTATTTAPAGDDAVRTEHLYKHPLMNVWTLWYLEND
RSKSWEDMQNEITSFDTVEDFWSLYNHIKPPSEIKLGSDYSLFKKNIRPMWEDAANKQGGRWVITLNKSSKTDLDNLWLDVLLCLIGEAFDHSDQ
ICGAVINIRGKSNKISIWTADGNNEEAALEIGHKLRDALRLGRNNSLQYQLHKDTMVKQGSNVKSIYTL*
(SEQ ID NO: 426)

Name: eIF4E
Classification: translation_factor
Gene Symbol: eIF-4E
FlyBase ID: FBgn0015218

Celera Sequence No. : 142000013384826

CCCGATGATGTAGATTTTAAGGACAGCGGAAAAATAAGCTCCTTGAAGGCCCTGGGTCCATTTATAGCCGGCAAGGAGAATAGCCGCAACACGGT
TTACCTCAGCGATGTTCCGGATATTTGCAAGGATAAGCCGTGCATGCTGGGCGTGGACGAAGCAGGGCGTGGTCCCGTCCTGGGACCTATGGTAT
ATGGGATCTCCTACTGTCCACTGGAAAGTAACAAGGCTTTAGAGGACCTGGGATGCGCCGATTCCAAACAACTAACCGAGGGGAAACGTGATATC
ATATTTAACGATATCAACACCAAGGAATATGCGACCAGTTGCGTTGGCTGGGCCGTGGAGATCATATCGCCGAACACGATCAGCACCAGCATGTA
CCGGCGGTCGAAGTGCTCCCTGAACGAAGTTTCCATGGACTCGGCCATGGGCCTTATCCAACAGGCGATCGATGCGGGCGTCAATATAGCCGAGG
TTTATGTGGATACGGTGGGTCCGCCGGAGAAGTACCAGGAGAAGTTGCTCAAACGTTTCCCCAGCTTTAAAATCACCGTGGCGAAAAAAGCTGAC
TCCACCTATCCAATAGTCTCTGCTGCTAGTATATGCGCCAAAGTTACCCGTGATCATGCCCTCAAGGTGTGGAGCTTCCCCGAGGGCTTGGTCAT
TAAGGACAACGAGTTCGGCAGTGGATATCCGGGAGATCCGGTCACAAGAAGATTTCTGACCGAGTACATCGATCTAGTGTTTGGATTTCCACGAC
TTGTGCGCTTCAGTTGGTCCACCGCGGAAAACGCACTGGCGGACAAGGCCTATGACATGGAGTTCGACGAGCCGGATTCCGAGAAGCCCAAGTAC
GCCGGCACCAAGCTCACAAAGTTCTTTAAGGGCACAACAAAATCCGGCGAAATAATTCGCGAGGAGTGCCGCTTCTTTAAGCAACGCCATCTGGA
AAGTGTCATGGAGTTTTAGCAACAAATGAAAATAAAATTAAGTTCAGGAGTATCTATATTTACAAAGAATAAAGTTTAATTTAAGTACTTTAGTA
TTAAATTTTAAAATGCTAAAATACAAAAAACACCCAGGCCCAAAACGAAAACAGATTAATTTTTATCTTTAATGTATTTTTGCTGATGTTCTTGT
GTTTCCGCCAATCTCGTGTTCTTAATAATTACGTTCGATTACTGACTACGTGGGACTGCAGTTACACTGTTCTGAATGTATGCGTGAATCGGTCT
GATCTGATCTCTTGGCATCCCTTTTTTGGAGGACAACTGTGGAATTGGGTAAAGGACTTTTGGTGGGGAGGGCGGGGAGTTGGCTGGCATCTTTG
ATCGATACAATAACAAAATGCAAAGTTATACTAAACGATTTTCGTATAAAAAGGGACGACCTTAGAAACATGGAGCTTATGATTAAGATTAAAAT
GAGGCGAGTCGCATCCCGCTGATCTGAAGAGAACAACAACCATGTTGAAGCCCCCAAAAATCCCAGGTGCATATCGATATTTTGTGACTCGAAAC
TAAGCGTACGAAATAGACGTGGACAAAAGCGGGAGGATCTCATCTCAAGAGGTATACCTTAAAGAACTAATTAGAATTTAAAGCAATTACAAATA
CGATTGCAGGGCGGGATAGCTAAGAAAGGAGTTACCTAAGGTCCGGACTCCAGATCCAAATCGACTTATGTTGGTAGAATTGTAACTGATCATAT
TTCACTTCTTTAAAAAATATAGTTAAATGCAATTTTTGAATCAAAAGTAAAAACTTCTCGTTCCGTAAGAAAGTGAAAAACTACCGATTTCATTT
TTACCAAATAATGAGCTGGAAAAGGAATCTTGACTATTTTAAGCGTTGGCTCAATACACGAAATCCAGTTGTGGCTGCTCCGGCAATCAGAACTT
TCGCAGGTCCAACACGAAAACGCTACCGTCGGAGGCACTGGCACCCACCTTAGTGCCCTTGGAGTTCCAGCACACCTCAAAGATTCCGCCCGTGC
CCTTGTAACTGTGCACTAGCTGTCCCGTTTGCGTGCTCCAAATGTGTACGCACTTGTCGAAGCTGCCGGAGGCCAAATGCTTTCCATCCGGACTG
AAGGCCACCGAATAGACTGGCTCTGTGTGCTTGGTGAGCGTGTGGATACAGCTGCCCCTCTCCACGTCCCACAGTCTTACCGTGGAATCGAACGA
AGCGGATGCGAGGATCAGGTTTGTGTTTGGATTATTGGTTCCCGGCCCCGTGGGCGACCATTTTATCGTATAGATCTCCTTTGAGTGAGCCTGCA
GATCGTGGCAGCAACGATCTCGGTTCATGCTCCAGATCTTGAGGGTCATGTCATCAGAGCAGGACGCCAGCAGTTGGCCCTGCGGACACCACTTG
ATTGCATTCACCTCGTTTGTGTGTCCTTTAAAGGTCTTGATGGGTTCATTTACACCCAACCGGCACACATGTATCCGCTGATCCGTACTGCAAGA
GGCAAAGGCCTGGTTTGTCTGCCAGTCCACATCCAAGGCTGGAGCACTGTGAAAGGCAAATTGCTGGGTGCATTGGCCCGTGGATGCGTCCCAGA
TGATCGTCGTCTTGTCCACGCCAGCCGAGAGGATGTAGTTGCCGCACTTGTTCCACTTCAGAGCAAAGATCGGACCCTTGTGTTGTCCCAAAGTA
GAAGCAAGTCGACCGTCGGTTTTCCAAATTCGGGCGTAACCATCGTAGCTGCCGGTGGCGAGCAAGGAACCATCGCACTGCAAAAACGAGAATAG
ATTAAGTAAGGATCAGAAATCAAACTTTGCAAGGCTTAAGTGCCAAGATCTTCGACTTACATTCCAGTCCAGAGAGGTGACGTCCTTGTTGCTAG
GCACCTCAGCGCCGCCTTTCTGGATGCAGTGGCGCAGCACCAACTGGTTGGAGTTAGTGTTTGCATCGGACATGTCCCATATCCTAGCAGTGCTG
TCTCCCGAACCGCTTGCCAGTAAATCCCGGCTAGGATTCCATGCGCAGATAAACACCTCGCTTTCGTGGCCGCGTAATACACGAGCCTTGGATTC
GGGTATTTCGATGTTCTCGTCAATGTCCATGGGAACAAGAGCTGCGGGAGTCCCAGCACCTCCGCTGGTAGACGAGGAGATGGTTCCACTGGGAG
CAGAGCTTTGAGCATTGGACGAACCAGACTGCACGTTGTTTCCTTGGGCTCCTACGCGAATCGTAACCGCTCCACTTGGCGCCTTTGATCCTGTT
GCAGTCGAAGCTCCGCCCGATGCTGCTGCGTCCGGATTGGAGGTTGATACAGTTCCACCAGCGGGCGTCAGCCCGCTTGTAGGTTGTTCTACGCT
GCTGGAAGTGCTGCTATTGCCATTTGTGGATGTTGAGGAGGCTGCATCATCGGTACTGGTAGCATTTGCATTGCCTGCATTGCCACTAGATGAGC
TTCCCGCTTCATTCGAGTTCTGGGATTTCTTTTGACTTGCCCCAGGTGCTGCCAAATCTCCACCAGCTGGTGTGCTTGTGCTATTAGATCCTCCA
GTACTGGCCTGGTTCCCTCCAGCTCCATTGTTTCCGGCGTATGTGCCGCCAGCATTATTTGCCGCATTTCCACTGGAGTCTACCTCGCTTGCCGA
CTGATCGGTTGGTGTGCTTGTGCCCGTGGTGCTGCCAGCAATTTTGTTTCCACCTGCTGAGCCCGCCACTCCGGTACCCGGTTCTATTTTTATCT
CAGGCTTGGCATTGTTGTTCTGGTTGCCACCGGCAGGGGCAGAAGAGTCGACTGCCCCGGGTTTTCCCGGCTCTGTTTTCACAATGGGCTTGAGT
GGCTTCACCTCCGGCATGACAGCGTCTATTAGAGAGAGTCCTTCAATGGGTCGCGCCACCTCGCCGTCTTCGCCTACGCTCCACTCCACTTCAGT
GTACAGAAGACCCTTCTGCAGGATGGTGAGCAAAGCGGCAGGTGGAACCAATGCGCCATTGATATTACTTTGCGAGATGTGTGACTCAATGCCAA
ACACGTAGGCCGAGTGCAGAAAGCCTAGAAAACGGGATTGCATGAGATTAGGGCGGGCTGTTATCTTGCGATTGGAGGGTTTTACTCACCCGACT
CCTGCAGGTATCGGTAAACCAGAAAGTTCACCTCGTCGCTGGAAAAACTCATGACGGAACGCGGTTGGCTCCTTCTCCTACTACTAGCGCACTCC
AAAATCCACTCCTATCTCCAATGCCAATTATGTTTTTACGGTGCGAAAATCGGAACTGTGCTGCGTAACACATGCGTCTGCATTCGGCACGCTTA
TCACTTCGGCGCAAGCCACGGTATCCGGTGCTACTCCTGGTACTTGGATCGATCTGGTCGGTCCTGTGTTTTCAATTCTGCCAGTTTGCTGCTTG
CCGCAAGAGCACTTCACATATTTTTTCCACAAATAAAACCGAGGGATCGAAAACGCGTTTCTGAAACGCGCAAAAAAAATGGCGGAGTAATCTCAA
GGTGTGCGCTGCGAGAGGTTGCGCAGCCTTGTGTTTTGTGACGTCACAAGTTTTGACAACAACTTAATCAAATTTGAGTCATATTTTTGTATTGC
ACCAAGCGTTACCTTAAAGGATAGAACGGAAATTTATTAGCCATAAAAACAATTAAGAAGATATTTTTGGATTTCTGCTTGGAGCAAAAGGTAAA
AAATTCTTAAAGCGAATTGTCGTCTCTCTTCGTCCATCCCTGTGTACCCATCCCTCGAAGTAATCATTGTATTTCAACCCAACGCTCTACTGGTC
ACACCAATCGTTCCACCCGCGCCCGCTAGATGGCTCCACTCTTAGGCAGCGAGAGCGAAGAAAAATCAATAGAAATTTTCATTTTAGTGAATTGC
CCTGCACTTGGTAATAGTTAACAAACAAATTAGCGGCAAATCAGCGAGGCGAAGCTCCAGCGAGTTGGAGTTCCATAAAGTGCAACACGCAGGGT
CAAACATTCCGCAGCCAACACCCCGGATTCCGATTCCAAGCGAAGCCAACTTCAGAAGTCAGAGATTACTCTCTCTGCTCCGCCACAGAAATTCC
GCAACGCTAACCGATTTTGTCCGCTGGCGAGTAAAAAAAATCGGAAAAGTAAGCTCAAAAAAAAAGAACAGCTAACATACGCCCATTAATGTTTT
TGGAGGCTTCTTCGGTGCTTTTTTTTTTGGGCAAAACGCCCTCGTCATCCAGCGGTGAAAAAAGTGACGTGACATGAAAGCAAAGAAAGAAGAGA
ACCGAAGAGCGCAGTGAAAAACAGAAAATAAAACGAAACGGAAAGCAAAGTAAAAAGTATACTACAGAAACAAAAGCCGGTGGTCGCGCAAATCC
AAATAATAATGCCCAAGTGCACATCGACTTCGCCAGGCGATAAAAAGTGGGCGAGCGAGGTCACAGAATCTTTATCAACGGGCAAAACGCTGCCA
AGTTGAAAATAAATCGGTTGCCAAAAATGCGGGGGTACAC
(SEQ ID NO: 427)

Exon: 4455..4080
Exon: 4014..2816
Exon: 2737..1001
Start ATG: 4137 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT13462

TCCGCCATTTTTTTGCGCGTTTCAGAAACGCGTTTTCGATCCCTCGGTTTTATTTGTGGAAAAAATATGTGAAGTGCTCTTGCGGCAAGCAGCAA
ACTGGCAGAATTGAAAACACAGGACCGACCAGATCGATCCAAGTACCAGGAGTAGCACCGGATACCGTGGCTTGCGCCGAAGTGATAAGCGTGCC
GAATGCAGACGCATGTGTTACGCAGCACAGTTCCGATTTTCGCACCGTAAAAACATAATTGGCATTGGAGATAGGAGTGGATTTTGGAGTGCGCT
AGTAGTAGGAGAAGGAGCCAACCGCGTTCCGTCATGAGTTTTTCCAGCGACGAGGTGAACTTTCTGGTTTACCGATACCTGCAGGAGTCGGGCTT
TCTGCACTCGGCCTACGTGTTTGGCATTGAGTCACACATCTCGCAAAGTAATATCAATGGCGCATTGGTTCCACCTGCCGCTTTGCTCACCATCC
TGCAGAAGGGTCTTCTGTACACTGAAGTGGAGTGGAGCGTAGGCGAAGACGGCGAGGTGGCGCGACCCATTGAAGGACTCTCTCTAATAGACGCT
GTCCAATGCCGGAGGTGAAGCCACTCAAGCCCATTGTGAAAACAGAGCCGGGAAAACCCGGGGCAGTCGACTCTTCTGCCCCTGCCGGTGGCAACCA
GAACAACAATGCCAAGCCTGAGATAAAAATAGAACCGGGTACCGGAGTGGCGGGCTCAGCAGGTGGAAACAAAATTGCTGGCAGCACCACGGGCA
CAAGCACACCAACCGATCAGTCGGCAAGCGAGGTAGACTCCAGTGGAAATGCGGCAAATAATGCTGGCGGCACATACGCCGGAAACAATGGAGCT
GGAGGGAACCAGGCCAGTACTGGAGGATCTAATAGCACAAGCACACCAGCTGGTGGAGATTTGGCAGCACCTGGGGCAAGTCAAAAGAAATCCCA
GAACTCGAATGAAGCGGGAAGCTCATCTAGTGGCAATGCAGGCAATGCAAATGCTACCAGTACCGATGATGCAGCCTCCTCAACATCCACAAATG
GCAATAGCAGCACTTCCAGCAGCGTAGAACAACCTACAAGCGGGCTGACGCCCGCTGGTGGAACTGTATCAACCTCCAATCCGGACGCAGCAGCA
TCGGGCGGAGCTTCGACTGCAACAGGATCAAAGGCGCCAAGTGGAGCGGTTACGATTCGCGTAGGAGCCCAAGGAAACAACGTGCAGTCTGGTTC
GTCCAATGCTCAAAGCTCTGCTCCCAGTGGAACCATCTCCTCGTCTACCAGCGGAGGTGCTGGGACTCCCGCAGCTCTTGTTCCCATGGACATTG
ACGAGAACATCGAAATACCCGAATCCAAGGCTCGTGTATTACGCGGCCACGAAAGCGAGGTGTTTATCTGCGCATGGAATCCTAGCCGGGATTTA
CTGGCAAGCGGTTCGGGAGACAGCACTGCTAGGATATGGGACATGTCCGATGCAAACACTAACTCCAACCAGTTGGTGCTGCGCCACTGCATCCA
GAAAGGCGGCGCTGAGGTGCCTAGCAACAAGGACGTCACCTCTCTGGACTGGAATTGCGATGGTTCCTTGCTCGCCACCGGCAGCTACGATGGTT
ACGCCCGAATTTGGAAAACCGACGGTCGACTTGCTTCTACTTTGGGACAACACAAGGGTCCGATCTTTGCTCTGAAGTGGAACAAGTGCGGCAAC
TACATCCTCTCGGCTGGCGTGGACAAGACGACGATCATCTGGGACGCATCCACGGGCCAATGCACCCAGCAATTTGCCTTTCACAGTGCTCCAGC
CTTGGATGTGGACTGGCAGACAAACCAGGCCTTTGCCTCTTGCAGTACGGATCAGCGGATACATGTGTGCCGGTTGGGTGTAAATGAACCCATCA
AGACCTTTAAAGGACACACAAACGAGGTGAATGCAATCAAGTGGTGTCCGCAGGGCCAACTGCTGGCGTCCTGCTCTGATGACATGACCCTCAAG
ATCTGGAGCATGAACCGAGATCGTTGCTGCCACGATCTGCAGGCTCACTCAAAGGAGATCTATACGATAAAATGGTCGCCCACGGGGCCGGGAAC
CAATAATCCAAACACAAACCTGATCCTCGCATCCGCTTCGTTCGATTCCACGGTAAGACTGTGGGACGTGGAGAGGGGCAGCTGTATCCACACGC
TCACCAAGCACACAGAGCCAGTCTATTCGGTGGCCTTCAGTCCGGATGGAAAGCATTTGGCCTCCGGCAGCTTCGACAAGTGCGTACACATTTGG
AGCACGCAAACGGGACAGCTAGTGCACAGTTACAAGGGCACGGGCGGAATCTTTGAGGTGTGCTGGAACTCCAAGGGCACTAAGGTGGGTGCCAG
TGCCTCCGACGGTAGCGTTTTCGTGTTGGACCTGCGAAAGTTCTGATTGCCGGAGCAGCCACAACTGGATTTCGTGTATTGAGCCAACGCTTAAA
ATAGTCAAGATTCCTTTTCCAGCTCATTATTTGGTAAAAATGAAATCGGTAGTTTTTCACTTTCTTACGGAACGAGAAGTTTTTACTTTTGATTC
AAAAATTGCATTTAACTATATTTTTTAAAGAAGTGAAATATGATCAGTTACAATTCTACCAACATAAGTCGATTTGGATCTGGAGTCCGGACCTT
AGGTAACTCCTTTCTTAGCTATCCCGCCCTGCAATCGTATTTGTAATTGCTTTAAATTCTAATTAGTTCTTTAAGGTATACCTCTTGAGATGAGA
TCCTCCCGCTTTTGTCCACGTCTATTTCGTACGCTTAGTTTCGAGTCACAAAATATCGATATGCACCTGGGATTTTTGGGGGCTTCAACATGGTT
GTTGTTCTCTTCAGATCAGCGGGATGCGACTCGCCTCATTTTAATCTTAATCATAAGCTCCATGTTTCTAAGGTCGTCCCTTTTTATACGAAAAT
CGTTTAGTATAACTTTGCATTTTGTTATTGTATCGATCAAAGATGCCAGCCAACTCCCCGCCCTCCCCACCAAAAGTCCTTTACCCAATTCCACA
GTTGTCCTCCAAAAAAGGGATGCCAAGAGATCAGATCAGACCGATTCACGCATACATTCAGAACAGTGTAACTGCAGTCCCACGTAGTCAGTAAT
CGAACGTAATTATTAAGAACACGAGATTGGCGGAAACACAAGAACATCAGCAAAAATACATTAAAGATAAAAATTAATCTGTTTTCGTTTTGGGC
CTGGGTGTTTTTTGTATTTTAGCATTTTAAAATTTAATACTAAAGTACTTAAATTAAACTTTATTCTTTGTAAATATAGATA

(SEQ ID NO: 428)

Start ATG: 319 (Reverse strand: CAT)

MSFSSDEVNFLVYRYLQESGFLHSAYVFGIESHISQSNINGALVPPAALLTILQKGLLYTEVEWSVGEDGEVARPIEGLSLIDAVMPEVKPLKPI
VKTEPGKPGAVDSSAPAGGNQNNNAKPEIKIEPGTGVAGSAGGNKIAGSTTGTSTPTDQSASEVDSSGNAANNAGGTYAGNNGAGGNQASTGGSN
STSTPAGGDLAAPGASQKKSQNSNEAGSSSSGNAGNANATSTDDAASSTSTNGNSSTSSSVEQPTSGLTPAGGTVSTSNPDAAASGGASTATGSK
APSGAVTIRVGAQGNNVQSGSSNAQSSAPSGTISSSTSGGAGTPAALVPMDIDENIEIPESKARVLRGHESEVFICAWNPSRDLLASGSGDSTAR
IWDMSDANTNSNQLVLRHCIQKGGAEVPSNKDVTSLDWNCDGSLLATGSYDGYARIWKTDGRLASTLGQHKGPIFALKWNKCGNYILSAGVDKTT
IIWDASTGQCTQQFAFHSAPALDVDWQTNQAFASCSTDQRIHVCRLGVNEPIKTFKGHTNEVNAIKWCPQGQLLASCSDDMTLKIWSMNRDRCCH
DLQAHSKEIYTIKWSPTGPGTNNPNTNLILASASFDSTVRLWDVERGSCIHTLTKHTEPVYSVAFSPDGKHLASGSFDKCVHIWSTQTGQLVHSY
KGTGGIFEVCWNSKGTKVGASASDGSVFVLDLRKF*

(SEQ ID NO: 429)

Name: transducin (beta) like 1 protein
Classification: signal_transduction
Gene Symbol: ebi
FlyBase ID: FBgn0023444

Celera Sequence No. : 142000013384830

ACCTTCTCCCAGATTTTTGTTGGAACTTATAGCCGTTTCCAGGAAAAGACTCGAGCAGGGAGATTAAGTGCATGTCGCAATCGAAGAGAACGTTG
GCAGATTTGACCATTGTTATTTGAGGCTTCATCGACACTTTGATTAACTTTAGTTATTTTCTATGAACTGTATCTGTGTTGTGGGTTGCTAATTG
TTTGAAACTTCTTTCTTGCAGACGTCGATGAGGCCTCCAAGAAGGAGATCAAGGACATTCTGGTGCAGTACGACAGAACCCTGCTGGTCGGCGAT
CCGCGTCGCTGCGAGCCCAAGAAGTTCGGCGGTCCAGGTGCCCGTGCTCGCTACCAGAAGTCGTACCGTTAAACTACTCTGTCTGGTTTTCAATT
TGGATTAGAGCTATTTTTTACAATTTGAAAATGGTTTGCACGCACGTGCGAATAAAACGGAATAATTAACTGTACAAACGAGTAGTTTTGTTCTA
TAAAGTGGGTGAAATATGTATAACAAAACCTTTTTTGGAACTAAGTGACGGTTTCCAGAAGAATTGAGTTTTCGAAAAATTAATTTTTGAAGCAG
ATGATATTCAGTTTGAGAACATAATTTTATAAAGAGGTGTTTATATCTTGGAAGGAGTAATATTTGAAAATTCTTGAACAATGTTCGGTAGGTTT
GCGCCTCTGCTAAGAACAATCACTGAGTATGGTATCTTTTTGGTATTTAATTAGATGGACTTATTTCTGAACTCCGCCAACGGCCACTCTATAAT
GCAGCCATCGTTTGTTTTTCAAAACGTATAGCTAAATTTCGGGTTAATAATATCTATCAAATGTTTATTTGAAAATTTAAAATTCTACAAGTAAT
TTTTTCCCCTATAAGCACTTATATATATATTTATTTTTATATTCATATTTTATTCCTTTGCAAATTTTTTCGACTTAAGATTTCCTCGAATTTCC
CACTGCAGCTACAAAGTAGCTAAGTTGCCTACACAGCCACGTAGTTAGTCATGGGAGCTTTGTTTGGAAAAACCAGCAAAAAGACGGCTCCTAGT
CGGATCACCGACCAGGACAAGGCGGTTCTGGTAAGTTGGTGGTAACTGAGTAGCCAGAAAGTTTGCCCAAACACTTAGCCACTTCCCCATTGCAG
CAATTGAAGCAACAGAGGGATCGTCTGAAGCAGTACCAAAAACGCATCGAGACGCAGTTGGAGAATGATCGCCTCCTGGCAAGGAAGTGCCTACA

GCAAGGTCGCAAGGAGTATGTGTCATACCCATATGTGATCTAAACATGTTCAACTAAACCGATTGCTTTCATTTTAGCCGGGCCAAGCTGCTGCT
GCGCAAGAAGAAGTACCAGGAGAGTCTGCTGACCAATGCCGACAAACAGCTGGAAAACCTGGAGAAGCTGGCTGCGGACATTGAGTTCGCCCAGG
TGGAGATGAAGGTGCTGGACGGCCTCAAAGCGGGCAATGCTGCTCTGAAGAAGGTGCACGAAATGCTTGACATCGACGAAGTTGAGCGAATCATG
GACGAGACACGCGAGGGCATCGAAAAGCAGCAGGAAATAGACGCCATACTGACGGATGTGCTGACCACGCAGGACGAGGAGGACGTTTTGGCCGA
GCTGGATGCCCTGGAGGCGGAGGAAGAGCAGCAGAAGGGTGCACAGCTGCCGGATGTGCCCACCGAAGATCTGCCCATTCCCGCTGAGATCGAGT
CCGTCGAGGAGCCGGCAAAGACCAAAGCAACCAAGAAAGTCCTGGTGGAGGCATAGAACCTATAGTAAAACGAAACCAATGCCATTTTGTATGTA
TATATGTCGTTCAACTAAATTTCTCGATAAGTCCAATGTGAAATACATATTTTAATAGATTATGCTTGACTAAAGAACACATAGACTCGCATGTC
TACTTGTGTATTGTCTTTGTTGATCGACGCAGGTCCTCCTTCACCTTGCTGCGCAGCATCTTATTGGTCTCGTTCAGCTTCTCGATCTCCTCAAT
CAGGATCACGTTCTCCTTGAACAGCTTGTCGTACTTCTTCTGCACGGATTTGTCCTCGGCCACCGACTTGTATCGGTCCAGAACATTCTCGATCT
GCCTGCGCTGCCGCATAAACTCGTCCCTGACCTCCGCGTCCAGAGTGACGAATCGCTTTAGCTCGTCGTCGGAGGCGTGTTTGCGGAACAGTTCT
TTCACCGCCTTCTTGAGGGCCTCGGCCGAGTTGATCTCCCCGGCCACGTAGTAAATATCCGAGCAGATGGAGTGCAGGCACTCCCGAGAAGCCTT
TGCCCGATGTCGCTCCGTCCGAAGTTCGGCCACATTACTGAGGTATTTATCCCGCATCTCCTTTAACTGCAGCTCCAACTGCACGTTGTTCTGAT
TGAGACCCTCCAGCTCCGCTTCCATTTCGATGATGTGCTTGCGCTTGTCGTTGATCTGAAACTCACGCGGCTCAATCTGCGCCTTGAGCTCGGCA
ATCTTGTGGCCCAGCACCTGCTTGTACTTGTCCAGCTCCTGGTTCTTGTGCAGCAGGTCTTGGATGCGTTTTTCCTTGCCGTTGATGGCGTAGTC
GCGATCGGCAATGTCCTTCTGTAGATCCTCGATGTTGCGCATCTGTTTCTGGATGTTGCGCTGCGACTTGTGGTGCTCCTCCTTTAGGATCTCAA
CTTCCTCTAGGAGATTGTCAATCTCTCGGCTCTGCGACTCGAATTTCTTCTGCAAGACACCCGCTTTACCTCGCCACATTTGGGTTTCATTTCGC
TCAGTGGTCAA
(SEQ ID NO: 430)

Exon: 1001..1075
Exon: 1141..1250
Exon: 1313..1766
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT13482
ATGGGAGCTTTGTTTGGAAAAACCAGCAAAAAGACGGCTCCTAGTCGGATCACCGACCAGGACAAGGCGGTTCTGCAATTGAAGCAACAGAGGGA
TCGTCTGAAGCAGTACCAAAAACGCATCGAGACGCAGTTGGAGAATGATCGCCTCCTGGCAAGGAAGTGCCTACAGCAAGGTCGCAAGGACCGGG
CCAAGCTGCTGCTGCGCAAGAAGAAGTACCAGGAGAGTCTGCTGACCAATGCCGACAAACAGCTGGAAAACCTGGAGAAGCTGGCTGCGGACATT
GAGTTCGCCCAGGTGGAGATGAAGGTGCTGGACGGCCTCAAAGCGGGCAATGCTGCTCTGAAGAAGGTGCACGAAATGCTTGACATCGACGAAGT
TGAGCGAATCATGGACGAGACACGCGAGGGCATCGAAAAGCAGCAGGAAATAGACGCCATACTGACGGATGTGCTGACCACGCAGGACGAGGAGG
ACGTTTTGGCCGAGCTGGATGCCCTGGAGGCGGAGGAAGAGCAGCAGAAGGGTGCACAGCTGCCGGATGTGCCCACCGAAGATCTGCCCATTCCC
GCTGAGATCGAGTCCGTCGAGGAGCCGGCAAAGACCAAAGCAACCAAGAAAGTCCTGGTGGAGGCATAG
(SEQ ID NO: 431)

Start ATG: 1

MGALFGKTSKKTAPSRITDQDKAVLQLKQQRDRLKQYQKRIETQLENDRLLARKCLQQGRKDRAKLLLRKKKYQESLLTNADKQLENLEKLAADI
EFAQVEMKVLDGLKAGNAALKKVHEMLDIDEVERIMDETREGIEKQQEIDAILTDVLTTQDEEDVLAELDALEAEEEQQKGAQLPDVPTEDLPIP
AEIESVEEPAKTKATKKVLVEA*
(SEQ ID NO: 432)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384676
TACGCCTTGCAGTGGACGAAGTGGTCAAGGCCACCATGGCGACAATTACAACGACATCGCCCAATGAAACCCGCCAGGCGACTGACCATTTGACT
CCGGTGGCCTCGCGTCAAGAATTGAAAGATCAGCTCCTACAGCGTAGCAAGGAGGACAAGATGCGGCATCAGCTGAACACGCCCACCACCCAATT
CGGACGAGCTCTACAAAAGACTCTGCAGCTTATCGAAACGCAGATTGTACAGGATCATCTCCGTGCGCTGCAGGATGCACCACCTATTCACGAAC
TTTTTGTGTTCAGCGACATTGCTACCGTGCGGCGAAACATAATTGGTGCTCCGCGGGCTGCACTGCACACTGCCCTGAATAATCCACATTTTTAC
ATGCAGTGCAAGTGCTGCGAGCTACAAGATCAATCACTGCTGGTTGGCACACTGCCCGATCTCTCCGTGGTTTACAAGCTGCACCTGGAGTGCGG
TCGCATGATCAACCTTTTCGACTGGCTGCAGGCCTTTCGATCTGTTGTGAGCGACAGCGACCACGAGGAAGTGGCCCAGGAACAAATCGATCCCC
AGATCCAGTGAGTAAAAAAATGGATTTCTCTCTGTAATATCATCAATTTCATTTGGTTTTCCTTTCAACCAGGGCCCGATTCACGCGTGCCGTAG
CCGAGTTGCAGTTTCTGGGGTACATTAAGATGTCGAAGCGCAAGACGGATCATGCCACTCGATTAACCTGGTAGCTCGCTCGGGCTATGAATAAC
CAAAATCCCTTAGGTATTTTTATCTTTTCTATTTATTTATATTGGGGCAAATTTCATGTGTGGGACGTTATGAATAAATAAAACATCAATCGATT
TGTCTACTCTGTACGAAATGCATTAACTTTGTTTGCGAGTGAAGCGCGTTCTTGTATTTTTTAAGTAAAGCCCAGCAGCTGGCAAGGCAAGCGTA
CTAAATATCAATTACCAGTCTTCCCGACTAGCGGTTACCACGTTCCCTGTTCACATTAGTTTCAGAGTCTCGATGGCGGCAGCGATGCGTTCGAT
CTCTGCCCGCGACTCGCAGAGTTTTGTCTCGTTGGCCTCCTGCACCTCGGCGGGAACCTTAGTTGCGTAGTCGGCGGCCTGGATGGCCTGAGTTA
GCTTGCCCACCGTCTGCACCAGCTGGTCGCTCTTCTTCTGCAGCTTGGCTATCTCCTTGTCCGCCTCCACGAGTCCCTTGAGCAGCAGGTGCACC
TCGCACTGGCCCGTCACGGTGAGGATCGCACAGCCCTGCGGTGCGGGACTGTCAAAGACCACATTGGAGCAGTAGGAGATTGTGGCCAGATCGCT
GGCGTAGCGTTTGAGTATTTCACTGGGCACCGAATCCGTGCATACTATATACACCTCGGTTTTAACCTTGTTGGGCAGATTATAGTCGGAACGGG
CAGATCGGATGATTCGCGCCGCCTTCTGCACAAATTCAACGTCCGATTCTATCTTTGTGCTGCGCCAGGATGTATTGCCTAGTTATGAGGAAGTT
AAATTTATTTGAATTCTATCATCATGAAGAAATCAAATGCGACTTACTGGGATAGCTAGCCACGCAAATGCTAGGAGCGGGATTTGCCCTCGGAA
GCCGCTGGTAAAGTTCCTCCGTGATGAAAGGCATGAACGGGGAGAGTAAGCGCAGTCCATAATCTAGACATACGTAGAGCGTGCGCCTTGCGGCG
GTCTGCTGCTCCTCGCTGCCGCTCTGGAAGATCGGCTTCAGACACTCCAAATACACGTCGCACAGATCGTAGAGCCAGAATGCGTAGCAGGCGCT
GGTCGCTGCAGCAAAGTCGTACGACTCAAAGCCGGTGTTGCAAGCTTCTATGGCAGCTGCCAAGCGTGACAGGATCCAGGCGTCCATCTGGTTGA
TCGCTGCAGACGCACTTAGCTCCGTGTCAAACTTCTCAGAGCCGGTGAAGTACAGCAGGGCGAACTTGGTGGCGTTCCACAGCTTGTTGCAGAAG
AAACGATATCCCAGAACGCGATTGATGTCCAGGTTGATGTCGCGCGCTTGCGTGATATAGGCGCACAGCGCGAATCGAAGTGCATCCGAGCCGCA
CTCGGGAATTCCCTGCGGATAATCCTGTTTCTGTCCAGCCTTAGCCTTTTCGATCTCCCGAGGATCCAGGTTGGAGCCCACAAGTTGAGCATGCA
GTCCCTCGAGCGTAATGCCACGAATAACATCCATAGGATCGATAACATTTCCCAGGGACTTGGACATTTTGCGTCCGTGCGCATCCCTCACCATG
GGGTGAAGATAGACCTCCTTAAACGGCAGTTTGCCCAGCAGCTTCTGTCCAAAGAATACCATGCGAGCCACCCAGAAGAAGAGAATGTCGTGACC
CGTCTCCAACAGCGATGTGGGATAGAACGTTTGCAGATCCTTAGTTTGGTCTGGCCAGCCAAAAACGGAGAAGGGAAAGATTCCCGAACTGAACC

ATGTGTCCAGGACATCTTCGTCTTGTTTCAGTACTATCTTGCTGGCGTCCACTCCAAAACGTTCGGCTGCCTTGGTCAGAGCCTCCGCTTCGCTG
CGTGCTACAATCCAGTACTGCTCGTCGTCGTTCTAAAAATGAAACAAATAGGAAAATTTTAATTTGTCTAATTTAAAAGTGTTGTCTATAATTTA
TAGAGTTATGTTTTGGTTTTTTACGCACCACACTTCCATGAGCAGACTAAGATATCCAACGAAATATATTACCCATACAAATTATTATTATCCAA
AGTAGATTTACTCACCGATCCAGTTTGAAGAGAAGGGTCGGTGAAGCTGACATGGTATGCCGGAATCCGGTGACCCCACCACAGCTGCCTCGACA
CGCACCAGTCGCGAATACCGTCCATCCAGTGGTACCACGTCTTGGTGTGATGCTCCGGAATGATCTTTAGTTCTCCGGAGCGCACTGCCTCAGTG
GCAGAGGCTGCCATGTCCGAGCAACTAACATACCACTGCGGCTTAATCAGCGGCTCCACCACGTCCTTGGAGCGACTGCAGATGGGCACCACCAT
CGGGTTGTTCAATGTCTCGCGGTATAGATTCAGGGCCTTAAGCTTCTCCAGGATTTTCTTGCGGCACTCGAACCGCTTCATTCCAGTAAACTCTC
CGTAGTCGCCGATTATGTAGCCGTCGTCGTTGAAGATTGTAATGAAGGGCAAATTGCAGCGCTTGCCCACCTCGTAATCGTTGGGATCGTGGGCT
GGGGTGATCTTCACAGCACCCGTACCGAAAGCCATGTCCACGAACTCGTCACAGACGATTGGCAGGCGGCGCGTGGAGAACGGATGGACTACGAA
CTTGCCATGCAGGTGCTTGTACCGATCGTCTTGGGGATGCACAGCCACAGCAGTATCGCCCAGCATAGTCTCGATACGGGTGGTGGCTACAATGA
TCTCTTCGTCACTGCCTTCCACCTTGTAGGCGAACTTTATTAGAACACCAAATTCCACTTTGTCCTCGTATCCGGGAATGGAGAGGAATGTGCGA
CCGGGAATCTCCACCTTGTCCACTTCAATGTCCGAAATAGCCGATCGTAGGGTGCACGACCAATTGACCAGTCGGGAGCTACGGTAGATGCTGCC
CTCCTCGTGCAATCGGACGAAAGCCTCGGTAACGGCGCGACAGAGCTTGGGGTCCATGGTGAAGGCCACTCGGGTCCAGTCATAGGAGGAGCCCA
GGGACTTCAGCTGCTCATAGATGCGACCGCCCTTTTCCCGGCGCCAGTCCCAGATGCGCTCAATGAACTTTTCGCGACCTAGGTCGTGCCGCGAT
AGCTTCTCGTCGCGCCACAATAGCTTCTCTACCACCACCTGGGTGGCGATGCCGGCGTGGTCGCAACCAGGCACCCATAGAGTGGTTCGTCCCTT
CATGCGGTGGTAGCGCGTGATGGCGTCCTCGATGGCGTTGGTCAGGGCGTGACCCAAATGCAGAGAGCCCGTCACGTTTGGTGGTGGAATGATCA
TCACAAACTTGCCATTGGGATTGGGGGCGTCTATGGATGCGCGCTAAATGTTCAAAGAGTATTAGAAACCAGCATTTAACCAAAACCAAGGATAA
ACTCACTCCGTACTCGGGCGTGAAGAAGCCCTCCTTCTCCCACCAGCTGTACCACTGTGCTTCCACATACCGTGGACTGTAGGCATCCGGCAAGG
CTCCACTCAGATCCTTCTTCTCACCGGGCGCGGTTTGGGCCGTGTACACGGCAGCCTCTTTCACCTCCTTGGTGCGCTTCTGCAAAGTAAAGTAA
TTCGAGCATTACATATAAGTAGCACTCGCTTTCACCAGTAACAATGGGCAGCAATTACTGCCTCTCACTTGGCCACATAACCTCGATTTGAGATC
ACAAAATAGGAGGCACTTTTGGGATGGATTTTTCACTAACCTCGGGCTTCTCCTTCTTCTCACCCGCTGCTGGAGCAGCCGCAGCCTTCTTGTCC
AGCTTCGCCTGCAGCTTGGCCAGCTTCTCCGCCTTCAGACGCTCCTTTTCCAGTTGCTTGGCCGTCTTGGGAGGATCACCCCCGGCTCCGGCTGG
TGCGTTGGCATCGTTCTGCTGTTCAGCCTCGGGCATTTTTCAGTTGATCTCAGGATTAAATCTGGATAGTGCAACTGTAAGTTAAATGACGAAAT
GGACGAAGTACATTACTCACATGCAGTTAGACTGGAGTCGCAGAAAAACATATGAAAACGTGTGCAGTTTGGGACCAGGGTTGCCAACAGATATT
ATTATTTTGAATTCCATTTGGCACATAACATTTAATCATTTTTAAAAGGTATAAAAACTGAATTTATGATTTATATTAAGTGTATTTTAAAATTC
TTATGTAAGATTAATATTTTGTATACATAAATTCTTTAATATTCATTTATTTTTAAACGGAAAAACAATAGAATTTTATCACCTTTTAAAATATA
AGGTGCTTCAAATATTTAGAAATCAATGATAATATATTTTACGATAACTAAATACGACTATATTTTAACATGTTGTATAAATATTTTAAAAGTTT
TTAAATTTTTCCAGTATGAAAAAGATTTAAATTATATAAAACAATCTGAAATTGCTTACTCCGGAATCAAAACTTAAATGGTCAAGTTATTCCAA
AATATATTTTTTATATCTTAAATGCTTTATTTTGTTAAAAGCTTTAACGAAAATGTAGTTTAACAGCACTGTCGGAATTCGATAGGCCTGCTCAA
AATTTAGATTGCGTTATCGCTGCAATCTGGTCACACTTACAGTCGTGTTTTTTGGTGTTTTTGTATGGGAAGATTTTTGCGAAAAATAAATTCAG
AAGCTAGTGTATTGTGTGTTGTTCCTTTGTGAAATGTAAAGTGGGACGAACATCAGAGATCGGTAAATACTATCACAGTGTACCACCCCATAAAA
TGACAAACTATTCCGTTTAGTGTAAGTGCTCCCATTCGAGTGTGTGTCCATTGGACTGCAGAGGAAGCGTCTGATAAGCAGCCATCTTCCTATAA
GAATGGCAAGGAAATTCCTGCCAAATTTATATAAATTCTAAGAACTACTGTCGTGCAGCGATAGCATGGCCGTTCTAGCCGCTCACGAGATCGAA
AAACAATAGGTTTAGCAACACAACAACAACAACACACTCGCAGACATGTGCAACCGAAAGCTAAT
(SEQ ID NO: 433)

Exon: 4670..4411
Exon: 4259..4092
Exon: 4033..2771
Exon: 2597..1568
Exon: 1503..1001
Start ATG: 4596 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT13504
TAATGTACTTCGTCCATTTCGTCATTTAACTTACAGTTGCACTATCCAGATTTAATCCTGAGATCAACTGAAAAATGCCCGAGGCTGAACAGCAG
AACGATGCCAACGCACCAGCCGGAGCCGGGGGTGATCCTCCCAAGACGGCCAAGCAACTGGAAAAGGAGCGTCTGAAGGCGGAGAAGCTGGCCAA
GCTGCAGGCGAAGCTGGACAAGAAGGCTGCGGCTGCTCCAGCAGCGGGTGAGAAGAAGGAGAAGCCCGAGAAGCGCACCAAGGAGGTGAAAGAGG
CTGCCGTGTACACGGCCCAAACCGCGCCCGGTGAGAAGAAGGATCTGAGTGGAGCCTTGCCGGATGCCTACAGTCCACGGTATGTGGAAGCACAG
TGGTACAGCTGGTGGGAGAAGGAGGGCTTCTTCACGCCCGAGTACGGACGCGCATCCATAGACGCCCCCAATCCCAATGGCAAGTTTGTGATGAT
CATTCCACCACCAAACGTGACGGGCTCTCTGCATTTGGGTCACGCCCTGACCAACGCCATCGAGGACGCCATCACGCGCTACCACCGCATGAAGG
GACGAACCACTCTATGGGTGCCTGGTTGCGACCACGCCGGCATCGCCACCCAGGTGGTGGTAGAGAAGCTATTGTGGCGCGACGAGAAGCTATCG
CGGCACGACCTAGGTCGCGAAAAGTTCATTGAGCGCATCTGGGACTGGCGCCGGGAAAAGGGCGGTCGCATCTATGAGCAGCTGAAGTCCCTGGG
CTCCTCCTATGACTGGACCCGAGTGGCCTTCACCATGGACCCCAAGCTCTGTCGCGCCGTTACCGAGGCTTTCGTCCGATTGCACGAGGAGGGCA
GCATCTACCGTAGCTCCCGACTGGTCAATTGGTCGTGCACCCTACGATCGGCTATTTCGGACATTGAAGTGGACAAGGTGGAGATTCCCGGTCGC
ACATTCCTCTCCATTCCCGGATACGAGGACAAAGTGGAATTTGGTGTTCTAATAAAGTTCGCCTACAAGGTGGAAGGCAGTGACGAAGAGATCAT
TGTAGCCACCACCCGTATCGAGACTATGCTGGGCGATACTGCTGTGGCTGTGCATCCCCAAGACGATCGGTACAAGCACCTGCATGGCAAGTTCG
TAGTCCATCCGTTCTCCACGCGCCGCCTGCCAATCGTCTGTGACGAGTTCGTGGACATGGCTTTCGGTACGGGTGCTGTGAAGATCACCCCAGCC
CACGATCCCAACGATTACGAGGTGGGCAAGCGCTGCAATTTGCCCTTCATTACAATCTTCAACGACGACGGCTACATAATCGGCGACTACGGAGA
GTTTACTGGAATGAAGCGGTTCGAGTGCCGCAAGAAAATCCTGGAGAAGCTTAAGGCCCTGAATCTATACCGCGAGACATTGAAACAACCCGATGG
TGGTGCCCATCTGCAGTCGCTCCAAGGACGTGGTGGAGCCGCTGATTAAGCCGCAGTGGTATGTTAGTTGCTCGGACATGGCAGCCTCTGCCACT
GAGGCAGTGCGCTCCGGAGAACTAAAGATCATTCCGGAGCATCACACCAAGACGTGGTACCACTGGATGGACGGTATTCGCGACTGGTGCGTGTC
GAGGCAGCTGTGGTGGGGTCACCGGATTCCGGCATACCATGTCAGCTTCACCGACCCTTCTCTTCAAACTGGATCGAACGACGACGAGCAGTACT
GGATTGTAGCACGCAGCGAAGCGGAGGCTCTGACCAAGGCAGCCGAACGTTTTGGAGTGGACGCCAGCAAGATAGTACTGAAACAAGACGAAGAT
GTCCTGGACACATGGTTCAGTTCGGGAATCTTTCCCTTCTCCGTTTTTGGCTGGCCAGACCAAACTAAGGATCTGCAAACGTTCTATCCCACATC
GCTGTTGGAGACGGGTCACGACATTCTCTTCTTCTGGGTGGCTCGCATGGTATTCTTTGGACAGAAGCTGCTGGGCAAACTGCCGTTTAAGGAGG
TCTATCTTCACCCCATGGTGAGGGATGCGCACGGACGCAAAATGTCCAAGTCCCTGGGAAATGTTATCGATCCTATGGATGTTATTCGTGGCATT
ACGCTCGAGGGACTGCATGCTCAACTTGTGGGCTCCAACCTGGATCCTCGGGAGATCGAAAAGGCTAAGGCTGGACAGAAACAGGATTATCCGCA
GGGAATTCCCGAGTGCGGCTCGGATGCACTTCGATTCGCGCTGTGCGCCTATATCACGCAAGCGCGCGACATCAACCTGGACATCAATCGCGTTC
TGGGATATCGTTTCTTCTGCAACAAGCTGTGGAACGCCACCAAGTTCGCCCTGCTGTACTTCACCGGCTCTGAGAAGTTTGACACGGAGCTAAGT
GCGTCTGCAGCGATCAACCAGATGGACGCCTGGATCCTGTCACGCTTGGCAGCTGCCATAGAAGCTTGCAACACCGGCTTTGAGTCGTACGACTT
TGCTGCAGCGACCAGCGCCTGCTACGCATTCTGGCTCTACGATCTGTGCGACGTGTATTTGGAGTGTCTGAAGCCGATCTTCCAGAGCGGCAGCG

AGGAGCAGCAGACCGCCGCAAGGCGCACGCTCTACGTATGTCTAGATTATGGACTGCGCTTACTCTCCCCGTTCATGCCTTTCATCACGGAGGAA
CTTTACCAGCGGCTTCCGAGGGCAAATCCCGCTCCTAGCATTTGCGTGGCTAGCTATCCCAGCAATACATCCTGGCGCAGCACAAAGATAGAATC
GGACGTTGAATTTGTGCAGAAGGCGGCGCGAATCATCCGATCTGCCCGTTCCGACTATAATCTGCCCAACAAGGTTAAAACCGAGGTGTATATAG
TATGCACGGATTCGGTGCCCAGTGAAATACTCAAACGCTACGCCAGCGATCTGGCCACAATCTCCTACTGCTCCAATGTGGTCTTTGACAGTCCC
GCACCGCAGGGCTGTGCGATCCTCACCGTGACGGGCCAGTGCGAGGTGCACCTGCTGCTCAAGGGACTCGTGGAGGCGGACAAGGAGATAGCCAA
GCTGCAGAAGAAGAGCGACCAGCTGGTGCAGACGGTGGGCAAGCTAACTCAGGCCATCCAGGCCGCCGACTACGCAACTAAGGTTCCCGCCGAGG
TGCAGGAGGCCAACGAGACAAAACTCTGCGAGTCGCGGGCAGAGATCGAACGCATCGCTGCCGCCATCGAGACTCTGAAACTAATGTGA
(SEQ ID NO: 434)

Start ATG: 75 (Reverse strand: CAT)

MPEAEQQNDANAPAGAGGDPPKTAKQLEKERLKAEKLAKLQAKLDKKAAAAPAAGEKKEKPEKRTKEVKEAAVYTAQTAPGEKKDLSGALPDAYS
PRYVEAQWYSWWEKEGFFTPEYGRASIDAPNPNGKFVMIIPPPNVTGSLHLGHALTNAIEDAITRYHRMKGRTTLWVPGCDHAGIATQVVVEKLL
WRDEKLSRHDLGREKFIERIWDWRREKGGRIYEQLKSLGSSYDWTRVAFTMDPKLCRAVTEAFVRLHEEGSIYRSSRLVNWSCTLRSAISDIEVD
KVEIPGRTFLSIPGYEDKVEFGVLIKFAYKVEGSDEEIIVATTRIETMLGDTAVAVHPQDDRYKHLHGKFVVHPFSTRRLPIVCDEFVDMAFGTG
AVKITPAHDPNDYEVGKRCNLPFITIFNDDGYIIGDYGEFTGMKRFECRKKILEKLKALNLYRETLNNPMVVPICSRSKDVVEPLIKPQWYVSCS
DMAASATEAVRSGELKIIPEHHTKTWYHWMDGIRDWCVSRQLWWGHRIPAYHVSFTDPSLQTGSNDDEQYWIVARSEAEALTKAAERFGVDASKI
VLKQDEDVLDTWFSSGIFPFSVFGWPDQTKDLQTFYPTSLLETGHDILFFWVARMVFFGQKLLGKLPFKEVYLHPMVRDAHGRKMSKSLGNVIDP
MDVIRGITLEGLHAQLVGSNLDPREIEKAKAGQKQDYPQGIPECGSDALRFALCAYITQARDINLDINRVLGYRFFCNKLWNATKFALLYFTGSE
KFDTELSASAAINQMDAWILSRLAAAIEACNTGFESYDFAAATSACYAFWLYDLCDVYLECLKPIFQSGSEEQQTAARRTLYVCLDYGLRLLSPF
MPFITEELYQRLPRANPAPSICVASYPSNTSWRSTKIESDVEFVQKAARIIRSARSDYNLPNKVKTEVYIVCTDSVPSEILKRYASDLATISYCS
NVVFDSPAPQGCAILTVTGQCEVHLLLKGLVEADKEIAKLQKKSDQLVQTVGKLTQAIQAADYATKVPAEVQEANETKLCESRAEIERIAAAIET
LKLM*
(SEQ ID NO: 435)

Name: valyl-tRNA synthetase
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384624
TAGTGGCAAAGACTATATTGATTTATGTTTAATCTATGTTCGAGAACGAAGCGCATCGAAATGCTTTTAAGACGTATTACACAACCAACTGTAAT
TATTATCTGATATTTTCAAAGATTTTAAACAACTTTTATACGTAAACAAAAATCACATAAAAATTAAAAAAAAACAACAAAAACGAAACGAAAAA
CATTTATTTCAAAATAAACGAATCGAGACAGTGAGGCGTGGGGCAGTCTGCGATAATATGCAGGGCGGTCAAACCTACAGATATAATTACAAATA
TTGATGTGCATACAATAAACTTATGCCTTTCCCTACAACCCGAAAAGTCCTCTTCCTTGGCCCGGAATCGAAAAAAATGTCAAAAAAGAAACAAA
AATGGGCCAACACAGCTGGCGAGGCGAAAGCGAAAAGTTGCCAGCATATACACAAATATATTTCTGTAACTTCTATAATACACCAAGCGCCTGAT
AAGCGCTAAAGAATAATATCTAAAACGAAAACGGATCAAAAACAAAGTACTTCAATGAGAAATAAAACGATATTTAAAGAATTCAAACTACCATG
TTCTAACGGGATGAATTGGGCGTTGGGTATTTATATTTTGAAACCTATAAACTTATATTCGTATTAAATACCAATGTATTATTATTTGTTATTTC
GCCTTTCTAGGGCGAAATAACAAAGACAATGCTTTTTTCCCTTTCAGATTACCCTTTTATAGAAAAGCAACAAAAAATTAATCTGTAATTAATT
TTATATAATATTGATTTTACGGCTATAAACAAAAGTTTGTCAACAAGTTTACAATTTTCGAATCTTTAATGTTTATATTAATATTATAAAGCCAT
AAAAGGATTGGTAATTTTTTAATTTAAAATTCAATTTTAGTGTTGTGCTTAGCTAACGAGCCTTTACAACACTGCCCGCCAGCAATGCGATACTT
GTATCGAGCCGTCGTCTATCGAAACGTCGGCCAATCGAAATTGTTCATCCCTGGAAGAAGACAAGAAAAAAATAATATATAATAATAGAATATTC
CACCGTGATAATATTGCCAAGCATTGTTTTCCGCGTCTTTGCCGTCGGTAATTGGGCAACAGTCAGAACGACCAAAAAGCCGAAGGGCCCCGAAC
AGCAGGATAATCGGCAGAAAGTACGAGGCATCATCGACAGGCCAACTAAACCACAACGACAACCACATCCGCAGTCAAATCCCAATCCAAATCCA
CGTCCAAATCCCATTTCGAGTGAAACAGCGAGTGAGACAGCGAAATGCCACTGTTCGGGAAGTCACAGAAGTCGCCAGTGGAGCTGGTCAAGTCG
CTGAAGGAGGCGATCAACGCCCTGGAGGCGGGCGACCGCAAGGTGGAGAAGGCGCAGGAGGACGTCAGCAAGAACCTGGTCTCGATCAAGAACAT
GCTGTACGGTAGCAGCGATGCCGAGCCGCCGGCGGACTACGTGGTGGCCCAGCTGTCCCAGGAGCTGTACAACAGCAACCTGCTGCTGCTGCTCA
TCCAGAACCTGCACCGCATCGATTTCGAGGGCAAGAAGCATGTGGCGCTCATTTTCAATAATGTGCTGCGCCGCCAGATTGGCACCCGTTCGCCC
ACCGTCGAGTATATATGCACGAAGCCGGAGATCCTGTTCACCCTGATGGCCGGCTACGAAGATGCGCATCCGGAGATCGCACTGAACTCCGGTAC
CATGCTGAGGGAGTGCGCCCGGTACGAGGCGCTGGCCAAGATCATGCTGCACTCGGATGAGTTCTTCAAGTTCTTCCGCTACGTGGAGGTTTCCA
CCTTTGACATTGCCAGCGATGCCTTTTCTACGTTCAAGGAGCTGCTCACGCGCCATAAGCTGCTGTGCGCGGAGTTTCTGGACGCCAACTACGAC
AAGTTCTTCTCGCAGCACTACCAGCGCCTGCTCAACTCGGAGAACTATGTGACGCGGCGTCAGAGCTTGAAGCTGCTTGGGGAACTGCTGCTGGA
CCGGCACAATTTCACCGTGATGACGCGCTACATATCCGAGCCGGAGAACCTCAAGCTAATGATGAACATGCTCAAGGAAAAGTCGCGCAACATTC
AGTTCGAGGCGTTTCACGTCTTCAAGGTGTTCGTGGCCAATCCCAACAAGCCGAAGCCCATTCTGGACATCCTGCTGCGCAACCAGACGAAGCTG
GTCGACTTTCTGACCAACTTCCATACGGATCGCTCCGAGGACGAGCAGTTCAACGACGAGAAGGCCTATCTGATCAAGCAGATAAAGGAGCTGAA
GCCGCTGCCCGAGGCTTAGTTGGACCTCCACCTCGGCTCCAACTTCAGCTCCAACTCCAGCTCCAGCGTCCCGGGGGCAAAAGGACCGTAGCCAG
AAGCCAGAAGCGATCGATACGGAAGCAGAGAGAGCGATGGTGGGTTAGCAGGATGTGAACATGTTTTGTGTGTGGGTTAAAGCAAATATATATTA
TATACTATATTTTGTGACGCTGATGACTCTACACTTGTGAGTAACTAAACAATAATTTAGACAACAACAAAAACAACACTGATGATGATAATGAT
AAAAATAACGATAAAGCGAATTAGAAAACAAGAAAAAGTACGAGTAAATAGCGTAACGCCGAAAAATAAAACTGTACCGAGAGTTTCGAATTTAA
CATAGCCACATTTAGACATTCTGGGCCTAGAGATCCGCTATCCTATTATACAGATATGTTTAACCATTCGTCGATCCTCCGCGAAGTAATCCCCC
TTCCTTTCCAGACCCTTTTTTTCGATATCCATTTAACTAGTTGTTGTATTTAAAATTTGATCGTTTTTGAAACGAGATATCCCTTCACCGCCTTG
ACCTGCCACGCCCCTTTTGCGCCCCAAAAAAAAAAAACTGAAGATTCACAATGAGTTTTGACTTAAAAATGTAATTCCACGCAAAATTCATGAAA
AGAACGAAAACTAAATACTGCATAAAAATAATAATAATTCATAGTGATAATTGTCTGTGCATCCTTCGGCATGGACTCTACTATATATACACTGA
TATATATATATAGAAAGAGCAAGAGAAAGAAAAAGAGAGAGAAAGCATTCAACACACACACACTACACACATGCATACGTACATAGTTAAAAG
GGAAGTAAAACAAGAAACAACAACATTGCAAGCAACATAATAACTATACGATTATTATAATTTATATTATTCCCAAATTAAAGATAACAGCCAAA
CAAATCAGCAGTTTTTCCACTGTGGGCGGTGGTTTTCTCAGGGGGCGTGCAGCTCCCCCCTGAGTCATGTGCAAAAAATCGTGCCAGGGCGGCAA
CCTCACCCAAAAAACGTCGATCAAGGGCTGGGGAGATGATTCACACGCTGGGAATGCCACCGAAACCAAAAGAGATTTCAAATCACGTTTCAAGG
TGTGCCTAAATGAGTAAATGAGTCCATTCCAGGACTCAGCCTGCTGTAGGAATCCCATGAAGGAGTTTTCAAATGTGTGCAGGCTTCTACTTTAA
TCGTTGTCGACTAGGTTTTATTACAATTATCTTAATAAATGAATTCGAGAGTTCTTAGGCTAGCTACATATGTATATATTAAGGATGGCTACATC
TATCGTCGCTTCTTCTTCTCCAGCTTACGAATCTTGTGCAGGCGCGTCCGGACCGGCTCGCCCTCCCGCTCCGTCACTTCGCCGGACTCCGGATT
ACTTTGGCCATCCGGGTTATTCTCCATCAATACTGCGGCCGAAATGCAAACGAACTGGAAGAGAGCACCCACATAAAGCCCGTATCGGATTAGCA
AGCTGAAGATGTCCTCGTCGCCGTACTTGTCCAGGGCTGCGGCGGCGCCCAGACTGTCCGCGGAAGCCGACATCGCTGCGCTGGTATTGTTTATA

AACAAAACCCGCGAGGATTAGACAAAAAAAAATAACAACTACAAAAAGTTTGTTTTTTGTATTGGGTAGAGATGGTACCCTGAACCAACAGTTCA
GGTGGAAACTATCGATAACTTTTTTAGGTCAAAGTTTTAAGGTTGTTAGCTCATTAACGGCAAGTATTTAAAGGCTTGCACAAAATCTTCGCTTG
ATTTTATTTAAATTCAATTACCTGGATTATTAAATACATTTTATAAAGTTTAACACTAGTGAAATAAATATCCCATCCCCAACACATTCTTCAGG
GTTACCGTTTAAGGTATGTTCAAAACTTTATGGTATATTCCGGAGCCCTAC
(SEQ ID NO: 436)

Exon: 1001..3231
Start ATG: 1280

Transcript No. : CT13526
CTGGAAGAAGACAAGAAAAAAATAATATATAATAATAGAATATTCCACCGTGATAATATTGCCAAGCATTGTTTTCCGCGTCTTTGCCGTCGGTA
ATTGGGCAACAGTCAGAACGACCAAAAAGCCGAAGGGCCCCGAACAGCAGGATAATCGGCAGAAAGTACGAGGCATCATCGACAGGCCAACTAAA
CCACAACGACAACCACATCCGCAGTCAAATCCCAATCCAAATCCACGTCCAAATCCCATTTCGAGTGAAACAGCGAGTGAGACAGCGAAATGCCA
CTGTTCGGGAAGTCACAGAAGTCGCCAGTGGAGCTGGTCAAGTCGCTGAAGGAGGCGATCAACGCCCTGGAGGCGGGCGACCGCAAGGTGGAGAA
GGCGCAGGAGGACGTCAGCAAGAACCTGGTCTCGATCAAGAACATGCTGTACGGTAGCAGCGATGCCGAGCCGCCGGCGGACTACGTGGTGGCCC
AGCTGTCCCAGGAGCTGTACAACAGCAACCTGCTGCTGCTGCTCATCCAGAACCTGCACCGCATCGATTTCGAGGGCAAGAAGCATGTGGCGCTC
ATTTTCAATAATGTGCTGCGCCGCCAGATTGGCACCCGTTCGCCCACCGTCGAGTATATATGCACGAAGCCGGAGATCCTGTTCACCCTGATGGC
CGGCTACGAAGATGCGCATCCGGAGATCGCACTGAACTCCGGTACCATGCTGAGGGAGTGCGCCCGGTACGAGGCGCTGGCCAAGATCATGCTGC
ACTCGGATGAGTTCTTCAAGTTCTTCCGCTACGTGGAGGTTTCCACCTTTGACATTGCCAGCGATGCCTTTTCTACGTTCAAGGAGCTGCTCACG
CGCCATAAGCTGCTGTGCGCGGAGTTTCTGGACGCCAACTACGACAAGTTCTTCTCGCAGCACTACCAGCGCCTGCTCAACTCGGAGAACTATGT
GACGCGGCGTCAGAGCTTGAAGCTGCTTGGGGAACTGCTGCTGGACCGGCACAATTTCACCGTGATGACGCGCTACATATCCGAGCCGGAGAACC
TCAAGCTAATGATGAACATGCTCAAGGAAAAGTCGCGCAACATTCAGTTCGAGGCGTTTCACGTCTTCAAGGTGTTCGTGGCCAATCCCAACAAG
CCGAAGCCCATTCTGGACATCCTGCTGCGCAACCAGACGAAGCTGGTCGACTTTCTGACCAACTTCCATACGGATCGCTCCGAGGACGAGCAGTT
CAACGACGAGAAGGCCTATCTGATCAAGCAGATAAAGGAGCTGAAGCCGCTGCCCGAGGCTTAGTTGGACCTCCACCTCGGCTCCAACTTCAGCT
CCAACTCCAGCTCCAGCGTCCCGGGGGCAAAAGGACCGTAGCCAGAAGCCAGAAGCGATCGATACGGAAGCAGAGAGAGCGATGGTGGGTTAGCA
GGATGTGAACATGTTTTGTGTGTGGGTTAAAGCAAATATATATTATATACTATATTTTGTGACGCTGATGACTCTACACTTGTGAGTAACTAAAC
AATAATTTAGACAACAACAAAAACAACACTGATGATGATAATGATAAAAATAACGATAAAGCGAATTAGAAAACAAGAAAAAGTACGAGTAAATA
GCGTAACGCCGAAAAATAAAACTGTACCGAGAGTTTCGAATTTAACATAGCCACATTTAGACATTCTGGGCCTAGAGATCCGCTATCCTATTATA
CAGATATGTTTAACCATTCGTCGATCCTCCGCGAAGTAATCCCCCTTCCTTTCCAGACCCTTTTTTTCGATATCCATTTAACTAGTTGTTGTATT
TAAAATTTGATCGTTTTTGAAACGAGATATCCCTTCACCGCCTTGACCTGCCACGCCCCTTTTGCGCCCCAAAAAAAAAAAACTGAAGATTCACA
ATGAGTTTTGACTTAAAAATGTAATTCCACGCAAAATTCATGAAAAGAACGAAAACTAAATACTGCATAAAAATAATAATAATTCATAGTGATAA
TTGTCTGTGCATCCTTCGGCATGGACTCTACTATATATACACTGATATATATATATAGAAAGAGCAAGAGAAAGAAAAAGAGAGAGAAAGCATTC
AACACACACACACACTACACACATGCATACGTACATAGTTAAAAGGGAAGTAAAACAAGAAACAACAACATTGCAAGCAACATAATAACTATACG
ATTATTATAATTTATATTATTCCCAAATTAAAGATAACAGCCAAAC
(SEQ ID NO: 437)

Start ATG: 280

MPLFGKSQKSPVELVKSLKEAINALEAGDRKVEKAQEDVSKNLVSIKNMLYGSSDAEPPADYVVAQLSQELYNSNLLLLLIQNLHRIDFEGKKHV
ALIFNNVLRRQIGTRSPTVEYICTKPEILFTLMAGYEDAHPEIALNSGTMLRECARYEALAKIMLHSDEFFKFFRYVEVSTFDIASDAFSTFKEL
LTRHKLLCAEFLDANYDKFFSQHYQRLLNSENYVTRRQSLKLLGELLLDRHNFTVMTRYISEPENLKLMMNMLKEKSRNIQFEAFHVFKVFVANP
NKPKPILDILLRNQTKLVDFLTNFHTDRSEDEQFNDEKAYLIKQIKELKPLPEA*
(SEQ ID NO: 438)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: Mo25
FlyBase ID: FBgn0017572

Celera Sequence No. : 142000013384676
ATTAACCTCCATGGTTTTTATCTTCTTGCCAAGTGCCTTATTCTCAACCTTTAGCGCTTCAATTTCGGCCAGTGCCTTTTCGTATTTGGCTTCCC
ATGCCTGTAGCTCCTTGGTATTCTGTGAGATGGTAAATGGGTAACTCTGCTGAAAGGACGTATTCCTGCACAACTTACACGATCTTCGGCCTTCT
GAAAGTCGTCCAAATCATCGTAGATGTCCAGTTCAAGGGATCTGTCCATTTGGTCAGGCTTCTTTGAACCTGCAGGCTCTATATCGTACAAATCG
TGATAGATATCCAAATCCATGGATTTATCCTTAACGTTGGACTTCATCCCGCCCGCGTCCTGGTCTTCCAAATCCATCAAGTCCTCCAGAGCTTC
GGGCAGCACCAGTTCTCCGCCAGATTTCGTGGCATATGCAGGCGTTTCCATACCAATCGCTTACGTTTCTTCTTGGCTGCCCTTTAAACAAGGAT
ACATAAAATGAATTGTTAGAGTTACTGTTTTTTAATGGAGCTACTTTATTGATTACCTGTTCAGTCATAAATTGATCAAAATTCGAAACACAAAA
GAATTTCAATGTTCTTGATTTTTGTTTCAGGGAATAAAAGTTCCACTAAAGCTCAATGGTCACTGTCCTGAGCATTTCCTCCAAACTGGCGTGCA
ATTTGTTTCCCTGCCGTGTATTTGTATAAATGTAATTATTATTATTATTCTATTTAATATTGTTAGAAAATCCCGTGTTGCCGCCAATCGATAAC
AGAAGATGCAGTTGATTATCGGAAGCAACAGCTGACCGGCTGAAAATGTGGCAACCCTGATAGTGGATATCGATATCCAGCAGCAACATTTGGCG
CCAAAACGAATATTTTAAAAATTTTATTATGCACTTACGTGTTTTCCCAAGAATATAATTTTAAAATCAATCTAGTTCCCATTTCGTATTACTGT
ACACTTAAATTCGTTAAAAAAAAACATCACAATACAAACAATAATACTCGAGAAACACTACACAATGGCAGACATTCCGGAAAAAAGTTCTTACT
ACAAGAAGGAAAGAAGAAAGTTCGCTCTGATCACTTACCTACTAACCGCGATATTCCTGATCCTTGCGCTGTTGCAATGGGCCACTTTCCGCTTT
GTGTACGTATGTATTTTCACATTACTTCATCCTCACTGCACTTTTTCTTAATTTTCAGAAATTTTCTAAGGGAATTTTTTACTTCGTACCATTGG
TTGAGCTGCCTTTTTTTTGGAATAGGCCTGATACTCCTCGTACTTTTCATATTTTTCGAGGTACTGCGCTTTAATAAAATGGTAAACTGGTTGTT
TGCCTTTCTAATTGTAAGTCTACAATGTGAAACATAACCTGGGTGGCAGTATGAACTTATTCTTTCCAGTTTGAATGCATTGTACTGGGGATTGC
ACCGCTGGTTGCCCGCCACTACAAGTATCAGTTTCTCTTCAGCTTCCTTATATGGACCGTAGCATTGGCGCTTTTTTATTGTCTGTGGTTCCTTTC
TTCCGGTAAGAAGAGTCCACATGAAAGCCATTTGATTCAAATCTGAAGCTTCACATTTTTATTGTTATCCCCTTAAGCTGGATCTTACTTTGGAT
GTTGTGGTGCTATTTGTGCTTGCAGTGGTTTCCATTATCGGCGCCATATACTTCGTGATGCTCTACATCGTGGCTAATGTCGCATACTCGTTTAT
AATCGCCCGTTGCTTTATAGTGATCAGCATCTTGATGGTTAGTACTGAGTCATACATTTTTGAATTAGTTTCTGTCATTTAGTTTCCTCCTTACA
GTTTGTCATGTATCACGCGCAGATTATAAACGGTGGAAGGTTCGCCGAGATGCGCACGAAGGACTACTTCCTGGCAGCCATCATACTGTTCCTCG
ATTTCCTGCTCCTCTATCTTTTCTCATTCCAAGTGGCCCCAAAATGGTCGGATCGTTGCGATGGCGAACGTTCAAAAAACTTGGTGCTGTTCACA

GAAACTACGACGAATTCGTATCCACCAAAATGGTGGCGTACGAGCACGAAGGGTATGATTTCTTATTATTAGTTCATGTTAGATGAAATATTCAA
TTAATTTATACTTTTCACACTTGTTTTCAAAGATACCCCCTAAAGTCGTTAGCCAACACTGCCGCCCGTTTGGCGCCAAACACAACAGCCAGCTG
ATTTCATTTCGCGTTCCTACCGGTGAAGAAACTTTAATTGGCACAGAGCTGACCTAAACAAATAAATAAATAAACGCAACCCGGCGACTTAAAGA
CTCCACGACATCGGGCCGCAGTGCAAAGCCAGCGATGGATCCCACCATTTCAGTGTCCAAGGTGAGTGGCTTCGGCTTCCAAACTGGACATAGAT
GTTTAACTACTTATTTTTGTTGTCTGCAGGGCTGTTTTGTCTACAAAAATGGCGCTACGAGAGCAGGGAAAAAGGCGGCCAGCAAACGGAAGCGT
CCTGCCGCAGAATCCAGTAGTCTTCTTGGCAAAGAGGTAGTGCAGCAGCCCTTCTATGAGGAATATCGCAAGGCCTGGAATCAGATAAACGATCA
CATTGCCGACCTGCAGCACCGCAGCTATGCCCGCACTCTGGAGCAACTGGTGGACTTTGTGGTGGGGCAGGCAGAGCGCGACACCCCGGACGAGG
TGCTGCCCACCGCCGCCTTGCTAACGGGCATTAATCAGCCGGATCATCTCAGCCAGTTCACGGCACTTACCCAGCGACTCCATGCCCAACGTGCT
GCAATGGTATGTGTGCTGCAGTCCAGGGATTGCGCCACTCTCAAGGCGGCCGTTGAGACATTGGTTTTCGGGCTCGTAGAAGATAATGCAGAAGT
GGAGCAAATGGAAGACGAGGACGAGGACGAGGATGGTGCCGAACGGGATCGCAAGCGGCTACGTCGCTCGCAGTGCACCATGAAGCAGTTGAAGT
CTTGGTACACGAACAATTTTGACTCGGAACAGAAGCGCCGCCAGCTGGTCGTCATCCTTCCCGACTTTGAGTGCTTTAACGCAAGCGTGCTGCAG
GATCTTATTCTAATTTTGAGCGCTCACTGCGGCTCGCTTCCATTCGTCCTGGTCCTGGGAGTGGCCACGGCCATGACAGCTGTCCATGGGACACT
ACCATACCACGTCAGCAGCAAGATTCGTCTAAGGGTGTTCCAGACTCAAGCTGCTCCCACGGGCCTTAATGAGGTAATATTCCTTAACTCTGTGC
TAGTTTATGTACTAATCGGTTTTCTAACAACCTTTAGGTGCTGGATAAAGTTCTGCTGTCGCCCAAGTACGCTTTCCACCTGTCGGGAAAGACAT
TCAAGTTCCTGACGCACATCTTCCTATACTACGACTTCTCCATCCACGGCTTTATTCAGGGCTTCAAGTACTGCCTGATGGAACACTTCTTTGGT
GGGAATGCCTTTGCTCTTTGCACAGACTACAGCAAAGCATTGGGACGCATAAAGCAGCTGACCCACGAGGATATGGAAACCATCAGAAGGCTCCC
ATCGTTTCGTCCGTACGTCGAGCAGATCAATGATTGCAAACGCATCATAGCCGTGCTCACGGACGATGACTACCTAAAGAAGAAACTGCCGCAGT
TGCTGCGCGACTGCCTGCTCCACTTCCTGCTTTTCCGCTGCTCTCTGGAGTTCCTTACAGAGCTGGTTGGTGATTTGCCGCGCTGTCCGCTGGGA
AAGCTACGCCGGGAACTGTACGTCAACTGTCTTAATCGTGCGATCATTTCGACGCCGGAGTACAAGGAGTGCCTGCAGATGCTAAGCTTTCTGTC
CAAGGACGAATTTGTTGCTAAAGTGAATCGAGCCCTGGAAAGAACCGAACAGTTCCTGGTTGAAGAAATTGCTCCGCTGGAATTGGGCGAGGCCT
GCACTGCTGTGCTGAGACCTAAGTTAGAAGCTATACGCCTTGCAGTGGACGAAGTGGTCAAGGCCACCATGGCGACAATTACAACGACATCGCCC
AATGAAACCCGCCAGGCGACTGACCATTTGACTCCGGTGGCCTCGCGTCAAGAATTGAAAGATCAGCTCCTACAGCGTAGCAAGGAGGACAAGAT
GCGGCATCAGCTGAACACGCCCACCACCCAATTCGGACGAGCTCTACAAAAGACTCTGCAGCTTATCGAAACGCAGATTGTACAGGATCATCTCC
GTGCGCTGCAGGATGCACCACCTATTCACGAACTTTTTGTGTTCAGCGACATTGCTACCGTGCGGCGAAACATAATTGGTGCTCCGCGGGCTGCA
CTGCACACTGCCCTGAATAATCCACATTTTTACATGCAGTGCAAGTGCTGCGAGCTACAAGATCAATCACTGCTGGTTGGCACACTGCCCGATCT
CTCCGTGGTTTACAAGCTGCACCTGGAGTGCGGTCGCATGATCAACCTTTTCGACTGGCTGCAGGCCTTTCGATCTGTTGTGAGCGACAGCGACC
ACGAGGAAGTGGCCCAGGAACAAATCGATCCCCAGATCCAGTGAGTAAAAAAATGGATTTCTCTCTGTAATATCATCAATTTCATTTGGTTTTCC
TTTCAACCAGGGCCCGATTCACGCGTGCCGTAGCCGAGTTGCAGTTTCTGGGGTACATTAAGATGTCGAAGCGCAAGACGGATCATGCCACTCGA
TTAACCTGGTAGCTCGCTCGGGCTATGAATAACCAAAATCCCTTAGGTATTTTTATCTTTTCTATTTATTTATATTGGGGCAAATTTCATGTGTG
GGACGTTATGAATAAATAAAACATCAATCGATTTGTCTACTCTGTACGAAATGCATTAACTTTGTTTGCGAGTGAAGCGCGTTCTTGTATTTTTT
AAGTAAAGCCCAGCAGCTGGCAAGGCAAGCGTACTAAATATCAATTACCAGTCTTCCCGACTAGCGGTTACCACGTTCCCTGTTCACATTAGTTT
CAGAGTCTCGATGGCGGCAGCGATGCGTTCGATCTCTGCCCGCGACTCGCAGAGTTTTGTCTCGTTGGCCTCCTGCACCTCGGCGGGAACCTTAG
TTGCGTAGTCGGCGGCCTGGATGGCCTGAGTTAGCTTGCCCACCGTCTGCACCAGCTGGTCGCTCTTCTTCTGCAGCTTGGCTATCTCCTTGTCC
GCCTCCACGAGTCCCTTGAGCAGCAGGTGCACCTCGCACTGGCCCGTCACGGTGAGGATCGCACAGCCCTGCGGTGCGGGACTGTCAAAGACCAC
ATTGGAGCAGTAGGAGATTGTGGCCAGATCGCTGGCGTAGCGTTTGAGTATTTCACTGGGCACCGAATCCGTGCATACTATATACACCTCGGTTT
TAACCTTGTTGGGCAGATTATAGTCGGAACGGGCAGATCGGATGATTCGCGCCGCCTTCTGCACAAATTCAACGTCCGATTCTATCTTTGTGCTG
CGCCAGGATGTATTGCCTAGTTATGAGGAAGTTAAATTTATTTGAATTCTATCATCATGAAGAAATCAAATGCGACTTACTGGGATAGCTAGCCA
CGCAAATGCTAGGAGCGGGATTTGCCCTCGGAAGCCGCTGGTAAAGTTCCTCCGTGATGAAAGGCATGAACGGGGAGAGTAAGCGCAGTCCATAA
TCTAGACATACGTAGAGCGTGCGCCTTGCGGCGGTCTGCTGCTCCTCGCTGCCGCTCTGGAAGATCGGCTTCAGACACTCCAAATACACGTCGCA
CAGATCGTAGAGCCAGAATGCGTAGCAGGCGCTGGTCGCTGCAGCAAAGTCGTACGACTCAAAGCCGGTGTTGCAAGCTTCTATGGCAGCTGCCA
AGCGTGACAGGATCCAGGCGTCCATCTGGTTGATCGCTGCAGACGCACTTAGCTCCGTGTCAAACTTCTCAGAGCCGGTGAAGTACAGCAGGGCG
AACTTGGTGGCGTTCCACAGCTTGTTGCAGAAGAAACGATATCCCAGAACGCGATTGATGTCCAGGTTGATGTCGCGCGCTTGCGTGATATAGGC
GCACAGCGCGAATCGAAGTGCATCCGAGCCGCACTCGGGAATTCCCTGCGGATAATCCTGTTTCTGTCCAGCCTTAGCCTTTTCGATCTCCCGAG
GATCCAGGTTGGAGCCCACAAGTTGAGCATGCAGTCCCTCGAGCGTAATGCCACGAATAACATCCATAGGATCGATAACATTTCCCAGGGACTTG
GACATTTTGCGTCCGTGCGCATCCCTCACCATGGGGTGAAGATAGACCTCCTTAAACGGCA
(SEQ ID NO: 439)

Exon: 1001..1142
Exon: 1199..1343
Exon: 1400..1525
Exon: 1598..1747
Exon: 1807..2047
Exon: 2123..2341
Exon: 2405..3208
Exon: 3268..4505
Exon: 4571..5236
Start ATG: 2315

Transcript No. : CT13534
AGAAACACTACACAATGGCAGACATTCCGGAAAAAAGTTCTTACTACAAGAAGGAAAGAAGAAAGTTCGCTCTGATCACTTACCTACTAACCGCG
ATATTCCTGATCCTTGCGCTGTTGCAATGGGCCACTTTCCGCTTTGTAAATTTTCTAAGGGAATTTTTTACTTCGTACCATTGGTTGAGCTGCCT
TTTTTTTGGAATAGGCCTGATACTCCTCGTACTTTTCATATTTTTCGAGGTACTGCGCTTTAATAAAATGGTAAACTGGTTGTTTGCCTTTCTAA
TTTTTGAATGCATTGTACTGGGGATTGCACCGCTGGTTGCCCGCCACTACAAGTATCAGTTTCTCTTCAGCTTCCTTATATGGACCGTAGCATTG
GCGCTTTTTATTGTCTGTGGTTCCTTTCTTCCGCTGGATCTTACTTTGGATGTTGTGGTGCTATTTGTGCTTGCAGTGGTTTCCATTATCGGCGC
CATATACTTCGTGATGCTCTACATCGTGGCTAATGTCGCATACTCGTTTATAATCGCCCGTTGCTTTATAGTGATCAGCATCTTGATGTTTGTCA
TGTATCACGCGCAGATTATAAACGGTGGAAGGTTCGCCGAGATGCGCACGAAGGACTACTTCCTGGCAGCCATCATACTGTTCCTCGATTTCCTG
CTCCTCTATCTTTTCTCATTCCAAGTGGCCCCAAAATGGTCGGATCGTTGCGATGGCGAACGTTCAAAAAACTTGGTGCTGTTCACAGAAACTAC
GACGAATTCGTATCCACCAAAATGGTGGCGTACGAGCACGAAGGATACCCCCTAAAGTCGTTAGCCAACACTGCCGCCCGTTTGGCGCCAAACAC
AACAGCCAGCTGATTTCATTTCGCGTTCCTACCGGTGAAGAAACTTTAATTGGCACAGAGCTGACCTAAACAAATAAATAAATAAACGCAACCCG
GCGACTTAAAGACTCCACGACATCGGGCCGCAGTGCAAAGCCAGCGATGGATCCCACCATTTCAGTGTCCAAGGGCTGTTTTGTCTACAAAAATG
GCGCTACGAGAGCAGGGAAAAAGGCGGCCAGCAAACGGAAGCGTCCTGCCGCAGAATCCAGTAGTCTTCTTGGCAAAGAGGTAGTGCAGCAGCCC

TTCTATGAGGAATATCGCAAGGCCTGGAATCAGATAAACGATCACATTGCCGACCTGCAGCACCGCAGCTATGCCCGCACTCTGGAGCAACTGGT
GGACTTTGTGGTGGGGCAGGCAGAGCGCGACACCCCGGACGAGGTGCTGCCCACCGCCGCCTTGCTAACGGGCATTAATCAGCCGGATCATCTCA
GCCAGTTCACGGCACTTACCCAGCGACTCCATGCCCAACGTGCTGCAATGGTATGTGTGCTGCAGTCCAGGGATTGCGCCACTCTCAAGGCGGCC
GTTGAGACATTGGTTTTCGGGCTCGTAGAAGATAATGCAGAAGTGGAGCAAATGGAAGACGAGGACGAGGACGAGGATGGTGCCGAACGGGATCG
CAAGCGGCTACGTCGCTCGCAGTGCACCATGAAGCAGTTGAAGTCTTGGTACACGAACAATTTTGACTCGGAACAGAAGCGCCGCCAGCTGGTCG
TCATCCTTCCCGACTTTGAGTGCTTTAACGCAAGCGTGCTGCAGGATCTTATTCTAATTTTGAGCGCTCACTGCGGCTCGCTTCCATTCGTCCTG
GTCCTGGGAGTGGCCACGGCCATGACAGCTGTCCATGGGACACTACCATACCACGTCAGCAGCAAGATTCGTCTAAGGGTGTTCCAGACTCAAGC
TGCTCCCACGGGCCTTAATGAGGTGCTGGATAAAGTTCTGCTGTCGCCCAAGTACGCTTTCCACCTGTCGGGAAAGACATTCAAGTTCCTGACGC
ACATCTTCCTATACTACGACTTCTCCATCCACGGCTTTATTCAGGGCTTCAAGTACTGCCTGATGGAACACTTCTTTGGTGGGAATGCCTTTGCT
CTTTGCACAGACTACAGCAAAGCATTGGGACGCATAAAGCAGCTGACCCACGAGGATATGGAAACCATCAGAAGGCTCCCATCGTTTCGTCCGTA
CGTCGAGCAGATCAATGATTGCAAACGCATCATAGCCGTGCTCACGGACGATGACTACCTAAAGAAGAAACTGCCGCAGTTGCTGCGCGACTGCC
TGCTCCACTTCCTGCTTTTCCGCTGCTCTCTGGAGTTCCTTACAGAGCTGGTTGGTGATTTGCCGCGCTGTCCGCTGGGAAAGCTACGCCGGGAA
CTGTACGTCAACTGTCTTAATCGTGCGATCATTTCGACGCCGGAGTACAAGGAGTGCCTGCAGATGCTAAGCTTTCTGTCCAAGGACGAATTTGT
TGCTAAAGTGAATCGAGCCCTGGAAAGAACCGAACAGTTCCTGGTTGAAGAAATTGCTCCGCTGGAATTGGGCGAGGCCTGCACTGCTGTGCTGA
GACCTAAGTTAGAAGCTATACGCCTTGCAGTGGACGAAGTGGTCAAGGCCACCATGGCGACAATTACAACGACATCGCCCAATGAAACCCGCCAG
GCGACTGACCATTTGACTCCGGTGGCCTCGCGTCAAGAATTGAAAGATCAGCTCCTACAGCGTAGCAAGGAGGACAAGATGCGGCATCAGCTGAA
CACGCCCACCACCCAATTCGGACGAGCTCTACAAAAGACTCTGCAGCTTATCGAAACGCAGATTGTACAGGATCATCTCCGTGCGCTGCAGGATG
CACCACCTATTCACGAACTTTTTGTGTTCAGCGACATTGCTACCGTGCGGCGAAACATAATTGGTGCTCCGCGGGCTGCACTGCACACTGCCCTG
AATAATCCACATTTTTACATGCAGTGCAAGTGCTGCGAGCTACAAGATCAATCACTGCTGGTTGGCACACTGCCCGATCTCTCCGTGGTTTACAA
GCTGCACCTGGAGTGCGGTCGCATGATCAACCTTTTCGACTGGCTGCAGGCCTTTCGATCTGTTGTGAGCGACAGCGACCACGAGGAAGTGGCCC
AGGAACAAATCGATCCCCAGATCCAGGCCCGATTCACGCGTGCCGTAGCCGAGTTGCAGTTTCTGGGGTACATTAAGATGTCGAAGCGCAAGACG
GATCATGCCACTCGATTAACCTGGTAGCTCGCTCGGGCTATGAATAACCAAAATCCCTTAGGTATTTTTATCTTTTCTATTTATTTATATTGGGG
CAAATTTCATGTGTGGGACGTTATGAATAAATAAAACATCAATCGATTTGTCTACTCTGTACGAAATGCATTAACTTTGTTTGCGAGTGAAGCGC
GTTCTTGTATTTTTTAAGTAAAGCCCAGCAGCTGGCAAGGCAAGCGTACTAAATATCAATTACCAGTCTTCCCGACTAGCGGTTACCACGTTCCC
TGTTCACATTAGTTTCAGAGTCTCGATGGCGGCAGCGATGCGTTCGATCTCTGCCCGCGACTCGCAGAGTTTTGTCTCGTTGGCCTCCTGCACCT
CGGCGGGAACCTTAGTTGCGTAGTCGGCGGCCTGGATGGCCTGAGTTAGCTTGCCCACCGTCTGCACCAGCTGGTCGCTCTTCTTCTGCAGCTTG
GCTATCTCCTTGTCCGCCTCCACGAGTCCCTTGAGCAGCAGGTGCACCTCGCACTGGCCCGTCACGGTGAGGATCGCACAGCCCTGCGGTGCGGG
ACTGTCAAAGACCACATTGGAGCAGT
(SEQ ID NO: 440)

Start ATG: 997

MDPTISVSKGCFVYKNGATRAGKKAASKRKRPAAESSSLLGKEVVQQPFYEEYRKAWNQINDHIADLQHRSYARTLEQLVDFVVGQAERDTPDEV
LPTAALLTGINQPDHLSQFTALTQRLHAQRAAMVCVLQSRDCATLKAAVETLVFGLVEDNAEVEQMEDEDEDEDGAERDRKRLRRSQCTMKQLKS
WYTNNFDSEQKRRQLVVILPDFECFNASVLQDLILILSAHCGSLPFVLVLGVATAMTAVHGTLPYHVSSKIRLRVFQTQAAPTGLNEVLDKVLLS
PKYAFHLSGKTFKFLTHIFLYYDFSIHGFIQGFKYCLMEHFFGGNAFALCTDYSKALGRIKQLTHEDMETIRRLPSFRPYVEQINDCKRIIAVLT
DDDYLKKKLPQLLRDCLLHFLLFRCSLEFLTELVGDLPRCPLGKLRRELYVNCLNRAIISTPEYKECLQMLSFLSKDEFVAKVNRALERTEQFLV
EEIAPLELGEACTAVLRPKLEAIRLAVDEVVKATMATITTTSPNETRQATDHLTPVASRQELKDQLLQRSKEDKMRHQLNTPTTQFGRALQKTLQ
LIETQIVQDHLRALQDAPPIHELFVFSDIATVRRNIIGAPRAALHTALNNPHFYMQCKCCELQDQSLLVGTLPDLSVVYKLHLECGRMINLFDWL
QAFRSVVSDSDHEEVAQEQIDPQIQARFTRAVAELQFLGYIKMSKRKTDHATRLTW*
(SEQ ID NO: 441)

Name: Origin recognition complex subunit 3
Classification: DNA_replication_factor
Gene Symbol: lat
FlyBase ID: FBgn0005654

Celera Sequence No. : 142000013384826
ATTAATTTGTCCAGTTACGGAATCATATTCGGCTATTCCATGATAGCTTTTGCCAGTGTCTTTCTCATCACCGGCATCACGCTGACTGTGACGAA
AAAGTGGGTGCGGCGAACTCCCGAGGATGAGGACATACTTACCAACTAGAGCAAAATAGTTTTTAAGCTTTGCCAAAGTGCCAGGAATTGTTAAC
TCTCCTAGTTCATTCTGATAGTCGCCCGTCAAATGCTGTTCTTTGTCAGTTATGCGTTATGTAATATGTAAGTGATACGAATCGACGTTCGTCTT
GCAGTTTGTGATAGCAAAACCTACTCTAAAAAAAAAAACTAAAAACTACTCTAACTCTAAAAAAAAAACCTTACTCTATCTGCATATTACACGAAT
CATTCACAAGTTGAAACTTTCTGTTTGAGACTTAAGTTATCGTACTTGATAAACAATACTTCATACAACTAAAACACTCCGTGCATTTTATTTTA
ACGTTTTTATTTGAATTTTCATTTATTTTGAAAAGATAGTTTTTTACAATTTCTGTATGCTTTTCTGCAGGACTTTTACTTATCGTATACGATTG
TTGGATGCTTTAACGATTTGCTTTATAAATGCATTATTCAAATGTTGTTTTGTAAATTAATAAATAAAAATAATTGTATACGTATATATATTTTAT
TTATATATATGTATATATATTGGTGTATATGTAAGATATATGGCAAAAATTTTACATTTTCTCAAAGATCACATTCCTCAATTTAGCCATAGACT
TTTAGTCGAGAAAAATCTACGCAAATATTTGTGACATCCATCAAAAACTCAAATTAATTTTTGCACGCACACTAACACATCCAAAAAAACAGTGG
GGGATTATTAATCGAACAAAAAATAATAAACAAAGTGGATACAAAAAATAAATGATAATCATCTCTCGCTTATTACTATGGTGGGGATGGAGGGC
AAGTCTAGGCACTCTTGAAATTCTTTAGTTCCCTTCGTCCAGCGATCGGAGCAAGCAAACCCATTTCAAACCATTTCATAGCCGATTTGAATGCT
TTTCACTTGATTCTACCGCTGGCCCGATTCGTTGTGAGTATGTGTGTGTGTGTATAAAGAGCGACGTTGCTACGTACTAAAAAATTTGCATAGTA
TATGTTGCGTTGTTCTTGGTGACTAAAATAGTTATAAATTTAGTATAAGTTTAAATAAAAATCAATCACAGTTGTTTGGGCGGAAGTAGTTAGTT
TTAAGTATTCGCATTTCTGGCCTAACTAAGTATTTGCAGCTAAGACTAAAGATCTACGATGTAGTTTAGTAAATTAGGTAGTGGTCGTATTTTAT
ACTTGAGTATTGTTGCTTCCCATTTTGATAAGCTTCCTCTCTATTTCCGATGTTGTGTCATGTTGTGGTCTGTGCTGTGGTTACGTTACCAATTC
CCTTAAGTGACTAGACTGGGTTCTGATTATTTGAATGTGTATTTTGAGGTTACGTTGCTCACGTCCTGTAGGCTTAAGTATTGACTCTGTGATAT
TCAGTTGTTTCAGTGGCTCGTGTATTTTACCATCTGAAGTTGGTGGACCTGCTAGTTTGTGTTTTTCTAAAAAACTGTCTTCGCTAGTTAAATGC
ATGTTAGTTCCTACTAAATAGCTATTGTTTCTGCTGTTCTGACAAATGGTTTCTCACGGTGGGTTTTCGTTTACATTTACCCTTTTGTGCCCGGC
GAATCTTTACCCTTCGAAACACTGTGATCGAATTTATATAACGCTACACCACCCGATCTATGCAAATTTCCGAACGCAGAATTAGCTCTTCACCT
GGGCACACTCATACATCAGCACTTCGAACAGCAATCGAACTAGAGAGAAGAGTGTCGTATTGGACCCCCAATGTCCACTTCCGTTCCGGTTTCCA
ATTAGCTTGTCGAGTCTAGCTGGTCTTGTTGTGCTGCTGCTGCTGCTGTTGCTTCATCATGACAGCGGGATCGATCACGTAGTTGTTGGCCT
CCGCCAATTGTTGGACAGGTAAAGGCGGCAGTTTGTCCTGCGGATGACGGTGGCTTACGGTAGATCCTTTTCTGGCCTTGCTTAGGGTTCCTGCT

Case 1:20-cv-00840-BKS-CFH Document 1-1 Filed 07/24/20 Page 244 of 244

CCTGCAGAGGAGTTGGCAACTCCATTTGTGGTGGCACCTGAAGGTTGCGCACTGGAAGTGGGCATCTCCTGGCCAGTCTTCGGATTTATAACAAC
CTTAGTCTGTTTCAGCAAGGAGCGATCGTTGCAGAGCGCCGAGATCAGCGGCAGATCTAGATGCTTGCTCTTCTCCCGAAGAAGCGCAATGTCTA
GCGCTTGGGCCTGTGCCTGGGCATGAGACTGGGCTACCATTGAAGCCTGCAGCTGGGCCAAAATGCTGTTGTTTCCCCGGTTCAATCCCAGACCA
AGACCCAAGTCAGGTCTCGGACGCTCACCTGCCCACTGGGCGCCGCTGGAGGTCTTTGTTAGCGGTGAGTTCGCATGATGCGGATTCAACGTTGG
GGGTTTTCGTGGTGGAATCGGGCTCATCCTGCTAGGAATTGGCTTAGAGGGTACTGAAAATCGGAGAGATTAATAAGATATCGAAATGAATCTAA
ATGTAAAGTTACTCACTTGGAGGTGGCTTTTCACTGGGCGCCGGCATGGGTGGTTTCTTTAGCCGTCTGTTTACATACGGTGGTGGTGGCGGCGG
TGGCAGTCGTTTTCCCTTGGGCAGCAAATCTAGTGAGTTCAGAATATTGTCATCTGATCGCGATCGCGCAAACATCGAGGAAGACGAGGAGCCAG
CCCCCGCCGCAGCAGCTGCTGCTAGAGCAGCCGGGTGAAGGGGAGGAGGCGGTGGAGGCTCATACGAGGAGCATAGGCTGGCCATCGAAGGAGAG
TACAGGGGTGAGTATCCGGGTCCTGGAAGCTGCACATATGTATCCGATAGATTTTGGGTGGATGCATATCGTGAGTGGGTCGACAGAGTCAGTGG
TAGGTAGGGGGTGCTTCTGTAAATCGCCGGCGACACCTGCATGGCCAGATATGGGTGGTGCGGTGGGGGTGGTGCTGCTTGGGCCATTGCCGCCA
GTAAGGATCCCTGTTTGGCATCCAGATACTCTTGCTGGCTTACAGCTGGATCCTGGATGGGGTAAATTACGTAATCCACATCGCTGTAAAGCTGC
TGCTGGTAGAGCTCCAATTGTTTTCTAGCCATTTCCCTCTCGTAAAGGTGACTCGCCAAATGGGGGTGATTCGGTGGGGGCGGTGGTGGAGGCTG
CCGCGGCAAACTGGGCGGTGGTGGTGCCAGGAACTGCCGAGGTTTAATAACCGGTAGTAGTACACATGACTGCTGATGATGCAGTGATGCCGTGC
TCTTGTGCAGACCGTAAGGAACTATTCCAATGGCTGCCGATCCAGAATGTCGGTGGTGTGACGGCACGTGATGATGGTGCAGTGAAGCCTGGGAT
CCGCCGGCATAGTTGGAGTTATGCAGCGATTGCTGACTCAACTGATGGCTGCAAACCGATCCATTGGAGGAGGCAACTGATGAACAATGGTGCGG
TGCCGCGTAACTTGGCTTGGCCCCATCGGGAATCAGGCTGGTGTGGGCTTTCAGAATACTAATCTGTGGCCTGGTGGTGATAAATCTGGCTGTAA
CCTCCTCGGACTTTAAAGAACTCATCGAGCCGGCAGCACTGGGCGCAGGATGTGCCGACGAACTGACAGATATCAGGGATGTGGGTCTAGGCTTG
CTAGAGATGGAATATGGCGGTGGATCTCTTCGTCGAATAGCCGGCGGTGGGGCTGGAATTGGTGCTGGCGGTACCGGTGGACTACATGGCGGTGA
ATCTGGTTTGGGAGCTACCACAGCTATAGGTTTAGGGATAGGTTTGGCGATAGGTGGGCCACAGAGACCAGTTTTCTCATGCCTAGCACTGTAGG
GTGGTGGTGGTGCTGGTGGTTGGTCTACCTCCTCTTCTCCTTGATCTCCTAGTGGTAACGTCACGTAATCACAGTCCGAGTGAAGGCTACTAGAT
ACTGTTTTCCGACTGGGGTAGGTCCCCCTGCCCACAATCAAATTGGTTAACTCTTCTGCGGAGAGCAAGGAATGTTTGTTGTCTGTTGGATCGCT
GCCATCGCCTCTAAAGGAACTCCCTGTGCTGACGTTAGAATCCGATCGCGGTCTGAAGTCTTCTTTCTTTTTTCCATCTACGGAATCAGAATGTT
GCACGTGGGTTTCTTCTAGTTTTTGGGGCTGGAACATCCCGTAGTGCGAACTCTTTTCCGACTCGGCGATCTCCGATGATTGTCCAGTTAGCTCA
CTGCTGTGCATGGTGTAAACGCCTGAGGTTTCCGTGGGTGGAGCTCCGTGCGCCAAAGTATAAACCCCAGATGCGCCCGATACACTCTCCGTTTC
TTCTCTTGCCGATGTGGAGAGAAAATCGTCGGGACTCGTTTCGCTCAAGGCCGAGTTTTGAGCGGTGTGACTAAAGCCAAGCTCCAAACTAGATG
AAGTGGAGTGCACAGGTATGGGAGCACCTGAAGAGGAAGCGCCTGCTCCATTTACAGGAGATGTTACCACCACAGTGCTACAAGTGGATGAGCAC
TGAGAGCCGATGTTATGCTGCGAACTGGGTGAATCAGTGGCGGTAGATGAATCATTGGCAGTTGTTCCCATGGAATTTCTCTGAACAGAGGAGTT
CGTGACGATCGTGGCCCCGTTAGAACTCGCGTCTTGTGGCCTCACACTCAAGGCAGCCAGTTGTTCTTCCAAATCCTTCAGAGACATCTGACCCA
CGCTCGAAGTTTGTCTGCTCACACTGGGTCTGTCCAAAAGATGAGCCAAGGCCAAACTTTCCGTTGACGGAGCAGCTAAGGGTGCTGGTGGTGTA
TTGATCATGATCTCCAGCTCGTCTTCGGAGTGCACTCGATCACTTACTATCCCAGAGGTTGTGTTGGAGCTGGTACTCGAGATAACCGATATTCG
CTGCTCGTTTTTACTTTTGTAGGGCAAGAGCAGACTTCTGGAACAAGCGTAGCTGGCATGTAGCCTTTGTGATTCGGCAGCCTCCTCCTCCTCGC
GTTTGGATACCTCCTTTAGCCTGGCAGCCAGTTTCATGCTCCACTGATGTGTATCCTTGCAGAGGGTCAATAGGAGTTTATTTTTCTCATCGGAT
GCGGCGTACAGGGTGATTCGGCTCTCTCCAGATCGTATTTCAAACTTTTTCCGCTCGAAGGAGAGCTTCGTGATATTCGGCCACAGAAAGGTTGT
GGTTTCGGGATTGGAAGAGCTGTTGGTAGACTCTCCTCCCAGAATCTTGATTCCCTTGGCATAGACCACAAACCAGGCACTACCAGATCCCTGCT
CGCTTTTGGCCAATCGCATCCTGTAGGTATGGGCATTGATGGTTTCATGAAGACTGCATGCCTGTTGAATATATAGCAGCTCCGCCTCTGCCGTG
GCCATGCCCAAATGCTCCCGATGACAGGCTCTCATTGCACTTCTCGCCCAGGGAGTGTGCAGTCCACTGGGTAGGTAATCCTCGATCCGGTAGTA
ATCTGCTCCATTCGGTGGCAGGCTGGGTGGTAATGGTATTGTTTCTCTCTTTGATGTGGACGCCACATATGTCGAGAGTCTAAGCATCCTCTCAT
TAGCACGTTTGCTGATCTTGGGTAATGTAGTGGTGGCACTTAGACCTCTTCCTCCGTTAGAAGGAGATGCCGATGTCTCCTCTCCTGAATCATCC
TTGGAATTACTCGTGCCCGGAGGAGCATCACCCAGGTCCGCCTGAAGAGCAAGTCCAGCAAGGAAGACCAGTGCCTGCTCCGCCTGTTCTCTCGG
CAAATCGCGCTGCAAGATGTTGTGGCGCAGCTGCAGGTAGTAATTATGGCGGGACGTCTCATCTTTCAGCATGAACGGGCTCTCGATGTAGAACT
GCACGCGAAAGTGTAGCTCCAGGAGCGGTCGTCCGTTGGCATCCAGCCCCTAAATAAAGACATGTCGCATTACTTAACACATCATGATAATTACT
TTTTTAATAAATATTTACGTGGGTGTGCGATGATCGCCAGCTCTTTGGGCCATATTTTGAGAGCTTGCTCTCGGGATCTGCGAACATGTACTCGC
CATCTGCAACATACGAAACAAGAGATTGGTTATAAAAATGGTTTGATTGATCAGATTTTGGGTCTGCTATTCCATCGAACATTCTTTTTTTAATT
TCAATTTTTTTAAAAGTTAAAACGGAGGTGCATTCATTAAGGATATATAAATAACCAAACAGAGACCTACAACTGCTTTCATTGAAATATCAAAT
TACTTGTCAAGTCGGATGCCATGCCTTGGCTGAATTTCCGGTTGGGCTAAGGAACTTTTTGGCGCGCAGCCGCCAAGGTCGCTAATCAAAATTTT
AAATGAACTTTCGGCTATGCAAGAGGGAGCGCTCCTCTTGCGTCCCAAATCGGGCTCAAATCGGATCGAGACCCCGACCAGACTTCTGTCAGTTT
GTCAGGCAATAAACAAGCAACCCATTGACATCAACAAGAGTCAGAGACTCCAGCAGATGAAGACGATGATGATGACGACACGTCAGGTTGTCAGA
GGCCCATTGCCTGATGCTCGAAGACGAGACCGGTACCGGACCGCGCTACATAGCTCCGACCCGAGCCAAGCAGAAGGGCCCAAGGGCATGTCGGC
GGTGCTCGAGAAGGCAGAGAAAAAACAACAGCGAAATCAACACACACTTCATCGAACGAAAAATTGGAATTCCTGCATACAAAATGAAGAGCAGC
AAGATGAAAAATAATAATTATGAAAAAAGCAGGCAGGCAGGTTGAAGGAGGCCATGGAATAGAGGCACCTCAGCATCGAATCCACAACACAGCAG
CAGCAGCTACAATATCATAATAATCATCAGCGGCCGAATAAGTGCCTATCAATGACGACGTCGTCGACGCAAAGCTGGAATGGAAGTGGCAACAA
GTGGATGGCCAGGGGAGTAGAGCTCTTCGAGTTTGGTTCACTCAAAAAAATGATTAGGGAATACTAGCAAATATTTTGTTGCCAAACCTAATCA
CCCCCCACAAGTTTGTTCTGGGAAAGTTTTGCCGTAGCATAGAGCGTTGTTCAGTTTATTTGGATTTACGAGAAAACCCATTTCTTTTGCACAGT
GTAGAAACGGAGTCGAAGCGAGAGCGAGTGTTGCATACCAAGCCCAAAACGCAGCATCGAACAAAACCCGCAGAGAAAGAGGAAAAAACAGGTAG
AAAGACAGGTAAGCAGCGCTGGAAAAAAGAGGCAGCTGAAACCCAAGTCGTTCGGTTTTTAGCCGCAGTTTTTAGACTCCAGCCTCAAAACTCAA
AGCGATTTCTTTTCGCATTCAAATTTCACTCCACTCCAGAAGTTTTCGGCCAAAGGCTCTCCAATGGAATTCGTTCTTGTGCACGTATCGGAATC
CTGGTATTCTACGAGCTGCGGGCAGGTGTTAGGGCCAAAACAGTCGGATCTCGGGAAGCCACTCGTCTACGGCGGCCTGATGTGATGGATCCTCA
CGCAATCCCAGCGTTCCATTCTACCTTGCCCGCTCCCAACGGCAAAGACCTAATAATTAACATATTTTCCATCGCATTCCTCAACGCTCACAATT
AACACGCACGCACTCGGTTTTTGGAGAAGGTTTCGAGGGGCAGCGAAATAAATCTTCAATTTGAAACACATGCAACACAAATTACAGCCTCAAA
AGCAAAGGCAGCTGGCCAGGCAGAGGCAGAGGCGGGGGCAGGGGCAGAGGCAAGGCTCATCAAGCAGAGGAATTCCTGAGGTAATGGCAGGAGAA
GGAGGAGGAGGTGGGGGGCAGGAGATGGAGTCTTAAGTTGAAGATGGAGAAAGAGAATGAGACGCAGTCAGGGACAGCTGCGCCCAATCCCATGC
CATGGCTTGGAATTCTTCAGATTCAGATTTATTTTCAAGAAGGTCGCAGTCCGAGCTGAAGTGGCCATAATAACCAAAAAAAAAAAAAAAAAATTT
CGCAGGCGAAACTAAGCGAAAAACTACTCCTGGCTTTAACGTAAGACTAAGACTTGTGAAATATTAATATATTAATTAATAACAATAGAATGCTA
GAGGACAGACCACCATTAGAGAATATTAACTTCAATATATGTTAAAAGCCCACAAAGTCCAATAAGTTTATAAAAACAAAATATAAAATATTTTT
AAATTGCCAACTTCGGATATACCCGGTAAGTTGGATGTGGAGGCTACAGGGTATCCTAAGAATGGGCAGCAACATAAATTTATGTGTGTGTCTGT
GCATCGAAACTGGCTAAGGAAAAGAAGAACGAAAGACGAAAAAAAAAAAACGTAAAAACCAAAAGAATTTTAATTTCCGATGTTATCAGATGCACG
CAGCCCAAAGAGGAGAGGCGGCAGCTCCAGGGGATCAGGGGATGGACAGCCGATGCAAGGCCGAGTGTTCACGTCCAAAGATTGAAGACGAAGAC
GAAACAGCCAACGCCGTATAATAATGATTATGAGCCATTAACATTAAATGGAAAAGAAAATGCTGGTCTACAGATTTCAGCTACAAAGGGGGTGG
GGCTCCACAAAAAAGGGTGGGGAAAATCATGAGCCCGGAGCCAAGGGGGAGCGAAAAATGTGCTTTTCTGGCCCGGAATGCAGCTGAGGAGTGGA
ATTCAAGGAATGCGACAGCCTAAAAATAACACCAAAAGGGGAGAATGTCGCTTGGTAGATGACCACTGGATGACAATGTTGCCAAATGGCCATCG
GCCCAGTGCCACTTAAAGTGCTGCGATCTCAAGGAGCAGCTTAAATTTGCATGAAAATGCAATTTATTGACACTGGGCGGCCATAAAATGTAAAT

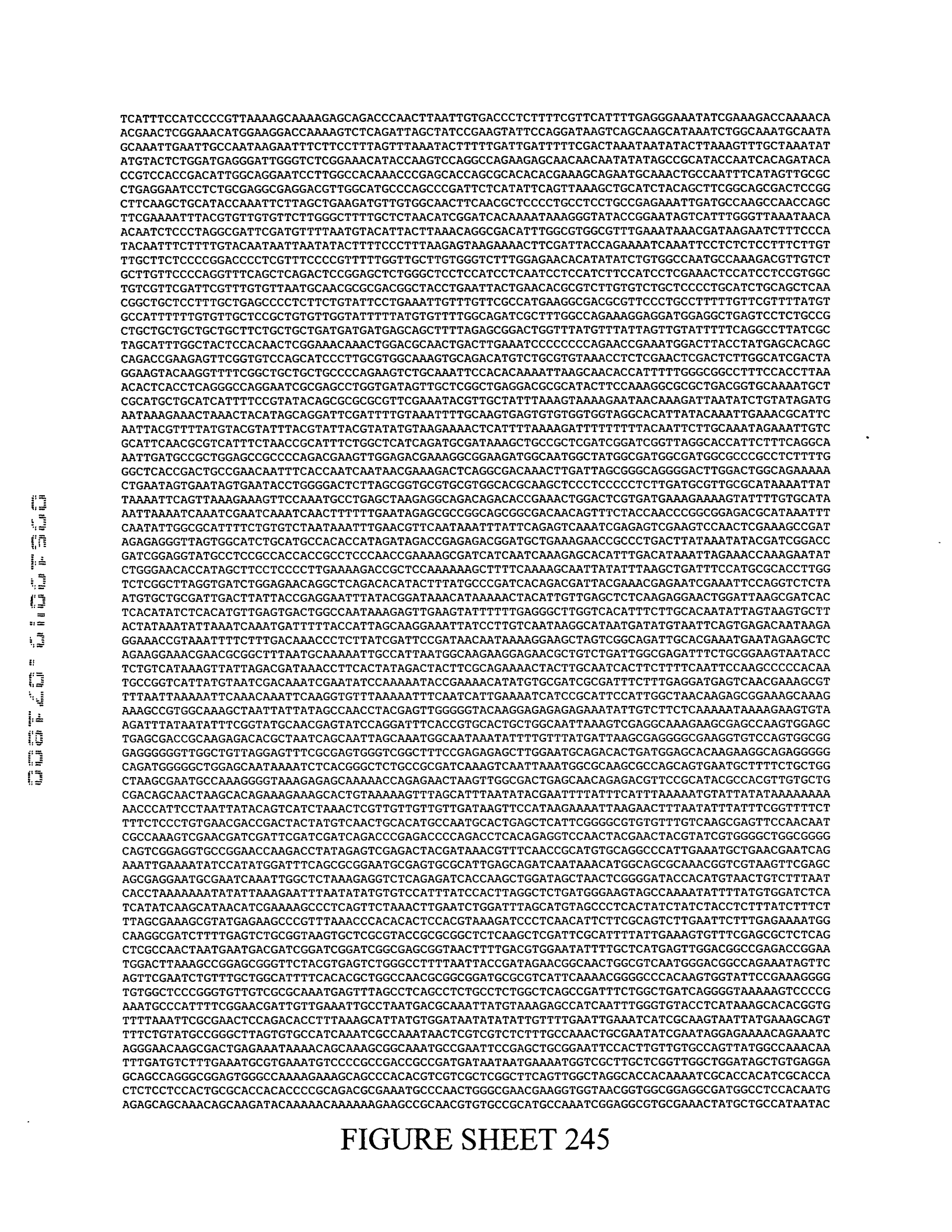


FIGURE SHEET 245

CGTAGAAAAATTAGCAGTCCATACAGGGTATCTTGGGTTAAATGAATGCGCTATAATACGAGTAACCAATAATTCTAAAGTTTAAGGTATTTTGA
TTATGGCTAGAATAATTCTTTGACCAATTCTAAGTAAAGAGGCTTTTAAGTTTTTGCCTATCTGGCAATATGTTGTTGAAACAATATTTTTTTAC
GAGCATAGAGATAAGTACATTTTTTTAATCCTCGAAGGTCGTTCATTAGTGTATCCTCTATATCTCTGAGCCAGCCTCGACTCCGATTGTCATTC
GAAATTTGTTTAATTTGTTGTACATTTTAATTGCCTGAATTGTTCGAGGCAATGAGCAACCAGAGTTTTCAATGTTCGCACACGCATATCAACTG
CGTGCAGGAATTTCAGTTTACGAAATTAATATTTTGAGTTTGTATGATCATTGCTGTTGCTGTTGTCAGCTTCAATGCAAAAGCCCATTGCCTGA
GGTCAAGTGTGATGTGGAGATCAAGAGATACGCACGGAGATGGAGATGTAGACGTCAGTGCTCAATCGAAAAAACCACAAGCGAACTAAAACTAC
GATCCGGGGAATACATGTGTACTTGCCGAGATATAGATACGTCTGTCCGCAGATACAGTTACCCATATGTATATGATTGCCTGGTGGCAAAATCG
TTTAACGATTAGCGTTTAACCGCTTAAAGCTTATCGACTGATACCCAAAGCGTGTGTTTTCACCCGTTTGTTTATCTTTCGCTGATTTACATTCA
AGATGTCTGATTGCCAAGCGGTTTCTGATTTCAGCAATTGTTCCAGGGATCCCGATGGACGGTTGAAATTCCAAACCCGGGAATAACAATAGAAC
TCTGTGGAGCTTCCATTTTCACTTAATTGCATCGCCGTCGATCGTTCTGACAACCGTTTAAGTCGCCTATTAGCCATAGAACCTATCAAATTGAC
TAGCTCACTTGGAAATTGGATCCCGAGATAAGTGAAACCCTGTGCAAAGATACTTTAGGGCCGCATAGAAAATGTCAAAAAAAATTAATTAAATG
TGACCGGTATTTAAAAAGTCGGTCAGGCCTACTATATAACTACATATGTATGCACATGTGAATGTACATATATATTTGACACAATAGTACTCTAA
ACAGCTTCCCCATTTCAATATACCCTCCGTAGAGTGTCAAGTTTGACTGACATTTGATATTCCATGGCCCGAAATGGGTTAATTGCACAATTCGC
TGAATTTTTGACTCTTAGCGGGACGCAAAAAAAAAAATTTAAAGAAAAAAGCTGGCGACAACAACGAAATGTTAAACAATCGTTGGACGTTGGCG
ATTTTATGGTTGACAGATAAGAAATTTGCTGGCATTTGTTTTGTTTGCCGTTTTCAGGGAGTCATTAAAATTCCGGGGAAATGGCCCCATATGGG
TACACCACTCTATATCTGCACGTGTATCTGTCCTTTTCTTACCTTAAGCCGCTGCAGAAGTCGGCATTGTTAATGCTGTATCTGTATCTGCTTCT
GTTTCGGTTTCGCGTAATCCACAATAACTGGCTTTTTAATTTTGGTTTGGTAGTTTTGTTTAACTAAAGCTCACTCTTCGTGCACTCTTAAAACC
GATCTATTGATTTGGCTATCGATAAGTGCCTAACAGTAAAATTTTCGTTTCGTTGTTGTTACTTTCTGACCTCTTCCACTTCCACGACGCGCGCT
GCGACTGCGCAGTCAACAGCGATCGGGTCGCATTCCAGCGTCGCACATACTTTAATCAAAACTCACTAACACCAGAACAATTGCACACGCGGGCG
AGCGCAACTGAGAGTATCTGTGTGCGTGGAGTCGTTGTTGTTGCGCGAAAGAATGCCGTTTGCTGGGTTGTTGTTTTTGCTGTTGCTGACTGCTT
TATTTGTTGTAGTTGTAGTTTCCAGTGGGCAGTTGTTGTTGCGGCTGAATTTTTTCTTTTTGACCAGCACCAACTTTTCGGAGTTGACTTCAGCT
TTTTTACACTACTAGTCGTAGATATTTTCGTGGTTTTAAGGCGCGTTTTCCCAAAATCAGAACTAGTTGCACCAACACCAACAAAAATCACTTTT
GTAATTGAGGCGAGTGCGAAAACGAAGCGCGCTGTTTTTGTTTCAGTGAAAACCGAACTTCACTTTAAGCAACTGAATCTGTGTAGCTCTGTGTG
TGTCTGGGCGATCTGGTGTGCGTGCGGTGTGCATTTAAGATCTGAAGAACAACTTTTCCGAATGTTAGGTCTCGAATAAATTCATTAAACCGAAT
TTATATTTCCCAGTGGAAAGCACATGCTTTGCTGTCCCGACGATCTGTTCGGTTACCGTTGACGTTTAGCGATATACTGATTTTGCCCCTGCTCA
GCGAAACCGAACACAACGAAGATCGAGTCGAGATTTCGTTAAAACTTAACGAAGCCGCGTTTAACGAAAAGAGAGCCCAAGAGAGAATTCGAATT
CGAAAGAAGCGCACACAGCGATACACAAACCCGATGGCAACAACAACAACGGCTACGAAAATGTAAATAGCAATAAGCAATAAAAGAAAAACAAA
CTTCAAAGGAGAATCCCAGTAGCCAACTACATAGTGTGTGCGTCCGTGTGAGTAGTGGAATTCCAATGGCTTATCTCGCGAGACGACGATTCCGA
TTCTCAAGGGCTTAAAGGATACCCTGTTAGGATAGCAGATTTAAGTAAAATGCATATGAGAATTTTAACAAAGGTACCTTTCTTTCTAATTCTGC
TTTTTATCACATGCTATCTTGTAGTTTACATTGTATATTACAATTACATTATGAGTTCTATCTTTTGGCATTCACTTTTTGCCAAACTATGGCGG
AAGCCTATTGGATTCAAATCTAGCTTTCAGTATCCCTGCGCTAGCCATCGATGCGACTATCTTATAAATAAACTCTCTGGGCAAAACTCCAGATA
CAGATGCACTGGACGAGGGAGAATCGGAATCGGAACTTGAGGGTCTGAAGACTCTGCCTCTATCGGCGTCCTCTGCTGCTACGATATCGTCACTT
GGGCGCATTCCTCAGCATAATGTGAGCTTGATTTGCTGGATTCTTTTTGCTCCCTCTTCCCTCTTTTTCTCTTCTTTAGATTTCCTCCTTTTCAT
TTCCCCTCCTCCACCTCTTCAACCATCATTTGCTTCAAATATGCGGCATACACACGCCCCACGAAAGGGCGGGGATCAGTGTAAGCCAAGTAAGG
TTTTAACCAGTTCGTCCAAGGGGCTACTTAGAAAAATCCACAGAAAACAAAATTTAGATTATATGGAAAAAAGTCTAAATGATATAAAAATCGTA
ACTA
(SEQ ID NO: 442)

Exon: 17909..17048
Exon: 10785..10649
Exon: 10583..10438
Exon: 6083..6004
Exon: 5939..2582
Exon: 2523..1001
Start ATG: 10740 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT13612
AACAGATCGTCGGGACAGCAAAGCATGTGCTTTCCACTGGGAAATATAAATTCGGTTTAATGAATTTATTCGAGACCTAACATTCGGAAAAGTTG
TTCTTCAGATCTTAAATGCACACCGCACGCACACCAGATCGCCCAGACACACACAGAGCTACACAGATTCAGTTGCTTAAAGTGAAGTTCGGTTT
TCACTGAAACAAAAACAGCGCGCTTCGTTTTCGCACTCGCCTCAATTACAAAAGTGATTTTTGTTGGTGTTGGTGCAACTAGTTCTGATTTTGGG
AAAACGCGCCTTAAAACCACGAAAATATCTACGACTAGTAGTGTAAAAAAGCTGAAGTCAACTCCGAAAAGTTGGTGCTGGTCAAAAAGAAAAAA
TTCAGCCGCAACAACAACTGCCCACTGGAAACTACAACTACAATTACATTATGAGTTCTATCTTTTGGCATTCACTTTTTGCCAAACTATGGCGG
TTCGCGCAACAACAACGACTCCACGCACACAGATACTCTCAGTTGCGCTCGCCCGCGTGTGCAATTGTTCTGGTGTTAGTGAGTTTTGATTAAAG
TATGTGCGACGCTGGAATGCGACCCGATCGCTGTTGACTGCGCAGTCGCAGCGCGCGTCGTGGAAGTGGAAGAGGTCAGAAAGTAACAACAACGA
AACGAAAATTTTACTGTTAGGCACTTATCGATAGCCAAATCAATAGATCGGTTTTAAGAGTGCACGAAGAGTGAGCTTTAGTTAAACAAAACTAC
CAAACCAAAATTAAAAAGCCAGTTATTGTGGATTACGCGAAACCGAAACAGAAGCAGATACAGATACAGCATTAACAATGCCGACTTCTGCAGCG
GCTTAAGCAACGTATTTCGAACGCGCGCGCTGTATACGGAAAATGATGCAGCATGCGAGCATTTTGCACCGTCAGCGCGCCTTTGGAAGTATGCG
CGTCCTCAGCCGAGCAACTATCACCAGGCTCGCGATTCCTGGCCCTGAGACTTCTGGGGCAGCAGCAGCCGAAAACCTTGTACTTCCTAGTCGAT
GCCAAGAGTCGAGTTCGAGAGGTTTACACGCAGACATGTCTGCACTTTGCCACGCAAGGGATGCTGGACACCGAACTCTTCGGTCTGGCTGTGCT
CATAGATGGCGAGTACATGTTCGCAGATCCCGAGAGCAAGCTCTCAAAATATGGCCCAAAGAGCTGGCGATCATCGCACACCCACGGGCTGGATG
CCAACGGACGACCGCTCCTGGAGCTACACTTTCGCGTGCAGTTCTACATCGAGAGCCCGTTCATGCTGAAAGATGAGACGTCCCGCCATAATTAC
TACCTGCAGCTGCGCCACAACATCTTGCAGCGCGATTTGCCGAGAGAACAGGCGGAGCAGGCACTGGTCTTCCTTGCTGGACTTGCTCTTCAGGC
GGACCTGGGTGATGCTCCTCCGGGCACGAGTAATTCCAAGGATGATTCAGGAGAGGAGACATCGGCATCTCCTTCTAACGGAGGAAGAGGTCTAA
GTGCCACCACTACATTACCCAAGATCAGCAAACGTGCTAATGAGAGGATGCTTAGACTCTCGACATATGTGGCGTCCACATCAAAGAGAGAAACA
ATACCATTACCACCCAGCCTGCCACCGAATGGAGCAGATTACTACCGGATCGAGGATTACCTACCCAGTGGACTGCACACTCCCTGGGCGAGAAG
TGCAATGAGAGCCTGTCATCGGGAGCATTTGGGCATGGCCACGGCAGAGGCGGAGCTGCTATATATTCAACAGGCATGCAGTCTTCATGAAACCA
TCAATGCCCATACCTACAGGATGCGATTGGCCAAAAGCGAGCAGGGATCTGGTAGTGCCTGGTTTGTGGTCTATGCCAAGGGAATCAAGATTCTG
GGAGGAGAGTCTACCAACAGCTCTTCCAATCCCGAAACCACAACCTTTCTGTGGCCGAATATCACGAAGCTCTCCTTCGAGCGGAAAAAGTTTGA
AATACGATCTGGAGAGAGCCGAATCACCCTGTACGCCGCATCCGATGAGAAAAATAAACTCCTATTGACCCTCTGCAAGGATACACATCAGTGGA
GCATGAAACTGGCTGCCAGGCTAAAGGAGGTATCCAAACGCGAGGAGGAGGAGGCTGCCGAATCACAAAGGCTACATGCCAGCTACGCTTGTTCC
AGAAGTCTGCTCTTGCCCTACAAAAGTAAAAACGAGCAGCGAATATCGGTTATCTCGAGTACCAGCTCCAACACAACCTCTGGGATAGTAAGTGA

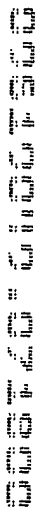
TCGAGTGCACTCCGAAGACGAGCTGGAGATCATGATCAATACACCACCAGCACCCTTAGCTGCTCCGTCAACGGAAAGTTTGGCCTTGGCTCATC
TTTTGGACAGACCCAGTGTGAGCAGACAAACTTCGAGCGTGGGTCAGATGTCTCTGAAGGATTTGGAAGAACAACTGGCTGCCTTGAGTGTGAGG
CCACAAGACGCGAGTTCTAACGGGGCCACGATCGTCACGAACTCCTCTGTTCAGAGAAATTCCATGGGAACAACTGCCAATGATTCATCTACCGC
CACTGATTCACCCAGTTCGCAGCATAACATCGGCTCTCAGTGCTCATCCACTTGTAGCACTGTGGTGGTAACATCTCCTGTAAATGGAGCAGGCG
CTTCCTCTTCAGGTGCTCCCATACCTGTGCACTCCACTTCATCTAGTTTGGAGCTTGGCTTTAGTCACACCGCTCAAAACTCGGCCTTGAGCGAA
ACGAGTCCCGACGATTTTCTCTCCACATCGGCAAGAGAAGAAACGGAGAGTGTATCGGGCGCATCTGGGGTTTATACTTTGGCGCACGGAGCTCC
ACCCACGGAAACCTCAGGCGTTTACACCATGCACAGCAGTGAGCTAACTGGACAATCATCGGAGATCGCCGAGTCGGAAAAGAGTTCGCACTACG
GGATGTTCCAGCCCCAAAAACTAGAAGAAACCCACGTGCAACATTCTGATTCCGTAGATGGAAAAAAGAAAGAAGACTTCAGACCGCGATCGGAT
TCTAACGTCAGCACAGGGAGTTCCTTTAGAGGCGATGGCAGCGATCCAACAGACAACAAACATTCCTTGCTCTCCGCAGAAGAGTTAACCAATTT
GATTGTGGGCAGGGGGACCTACCCCAGTCGGAAAACAGTATCTAGTAGCCTTCACTCGGACTGTGATTACGTGACGTTACCACTAGGAGATCAAG
GAGAAGAGGAGGTAGACCAACCACCAGCACCACCACCACCCTACAGTGCTAGGCATGAGAAAACTGGTCTCTGTGGCCCACCTATCGCCAAACCT
ATCCCTAAACCTATAGCTGTGGTAGCTCCCAAACCAGATTCACCGCCATGTAGTCCACCGGTACCGCCAGCACCAATTCCAGCCCCACCGCCGGC
TATTCGACGAAGAGATCCACCGCCATATTCCATCTCTAGCAAGCCTAGACCCACATCCCTGATATCTGTCAGTTCGTCGGCACATCCTGCGCCCA
GTGCTGCCGGCTCGATGAGTTCTTTAAAGTCCGAGGAGGTTACAGCCAGATTTATCACCACCAGGCCACAGATTAGTATTCTGAAAGCCCACACC
AGCCTGATTCCCGATGGGGCCAAGCCAAGTTACGCGGCACCGCACCATTGTTCATCAGTTGCCTCCTCCAATGGATCGGTTTGCAGCCATCAGTT
GAGTCAGCAATCGCTGCATAACTCCAACTATGCCGGCGGATCCCAGGCTTCACTGCACCATCATCACGTGCCGTCACACCACCGACATTCTGGAT
CGGCAGCCATTGGAATAGTTCCTTACGGTCTGCACAAGAGCACGGCATCACTGCATCATCAGCAGTCATGTGTACTACTACCGGTTATTAAACCT
CGGCAGTTCCTGGCACCACCACCGCCCAGTTTGCCGCGGCAGCCTCCACCACCGCCCCCACCGAATCACCCCCATTTGGCGAGTCACCTTTACGA
GAGGGAAATGGCTAGAAAACAATTGGAGCTCTACCAGCAGCAGCTTTACAGCGATGTGGATTACGTAATTTACCCCATCCAGGATCCAGCTGTAA
GCCAGCAAGAGTATCTGGATGCCAAACAGGGATCCTTACTGGCGGCAATGGCCCAAGCAGCACCACCCCCACCGCACCACCCATATCTGGCCATG
CAGGTGTCGCCGGCGATTTACAGAAGCACCCCCTACCTACCACTGACTCTGTCGACCCACTCACGATATGCATCCACCCAAAATCTATCGGATAC
ATATGTGCAGCTTCCAGGACCCGGATACTCACCCCTGTACTCTCCTTCGATGGCCAGCCTATGCTCCTCGTATGAGCCTCCACCGCCTCCTCCCC
TTCACCCGGCTGCTCTAGCAGCAGCTGCTGCGGCGGGGGCTGGCTCCTCGTCTTCCTCGATGTTTGCGCGATCGCGATCAGATGACAATATTCTG
AACTCACTAGATTTGCTGCCCAAGGGAAAACGACTGCCACCGCCGCCACCACCACCGTATGTAAACAGACGGCTAAAGAAACCACCCATGCCGGC
GCCCAGTGAAAAGCCACCTCCAATACCCTCTAAGCCAATTCCTAGCAGGATGAGCCCGATTCCACCACGAAAACCCCCAACGTTGAATCCGCATC
ATGCGAACTCACCGCTAACAAAGACCTCCAGCGGCGCCCAGTGGGCAGGTGAGCGTCCGAGACCTGACTTGGGTCTTGGTCTGGGATTGAACCGG
GGAAACAACAGCATTTTGGCCCAGCTGCAGGCTTCAATGGTAGCCCAGTCTCATGCCCAGGCACAGGCCCAAGCGCTAGACATTGCGCTTCTTCG
GGAGAAGAGCAAGCATCTAGATCTGCCGCTGATCTCGGCGCTCTGCAACGATCGCTCCTTGCTGAAACAGACTAAGGTTGTTATAAATCCGAAGA
CTGGCCAGGAGATGCCCACTTCCAGTGCGCAACCTTCAGGTGCCACCACAAATGGAGTTGCCAACTCCTCTGCAGGAGCAGGAACCCTAAGCAAG
GCCAGAAAAGGATCTACCGTAAGCCACCGTCATCCGCAGGACAAACTGCCGCCTTTACCTGTCCAACAATTGGCGGAGGCCAACAACTACGTGAT
CGATCCCGCTGTCATGATGAAGCAACAGCAGCAGCAGCAGCACAACAAGACCAGCTAGACTCGACAAGCTAATTGGAAACCGGAACGGAAGT
GGACATTGGGGGTCCAATACGACACTCTTCTCTCTAGTTCGATTGCTGTTCGAAGTGCTGATGTATGAGTGTGCCCAGGTGAAGAGCTAATTCTG
CGTTCGGAAATTTGCATAGATCGGGTGGTGTAGCGTTATATAAATTCGATCACAGTGTTTCGAAGGGTAAAGATTCGCCGGGCACAAAAGGGTAA
ATGTAAACGAAAACCCACCGTGAGAAACCATTTGTCAGAACAGCAGAAACAATAGCTATTTAGTAGGAACTAACATGCATTTAACTAGCGAAGAC
AGTTTTTTAGAAAAACACAAACTAGCAGGTCCACCAACTTCAGATGGTAAAATACACGAGCCACTGAAACAACTGAATATCACAGAGTCAATACT
TAAGCCTACAGGACGTGAGCAACGTAACCTCAAAATACACATTCAAATAATCAGAACCCAGTCTAGTCACTTAAGGGAATTGGTAACGTAACCAC
AGCACAGACCACAACATGACACAACATCGGAAATAGAGAGGAAGCTTATCAAAATGGGAAGCAACAATACTCAAGTATAAAATACGACCACTACC
TAATTTACTAAACTACATCGTAGATCTTTAGTCTTAGCTGCAAATACTTAGTTAGGCCAGAAATGCGAATACTTAAAACTAACTACTTCCGCCCA
AACAACTGTGATTGATTTTTATTTAAACTTATACTAAATTTATAACTATTTTAGTCACCAAGAACAACGCAACATATACTATGCAAATTTTTTAG
TACGTAGCAACGTCGCTCTTTATACACACACACACATACTCACAACGAATCGGGCCAGCGGTAGAATCAAGTGAAAAGCATTCAAATCGGCTATG
AAATGGTTTGAAATGGGTTTGCTTGC
(SEQ ID NO: 443)

Start ATG: 908 (Reverse strand: CAT)

MRAFCTVSAPLEVCASSAEQLSPGSRFLALRLLGQQQPKTLYFLVDAKSRVREVYTQTCLHFATQGMLDTELFGLAVLIDGEYMFADPESKLSKY
GPKSWRSSHTHGLDANGRPLLELHFRVQFYIESPFMLKDETSRHNYYLQLRHNILQRDLPREQAEQALVFLAGLALQADLGDAPPGTSNSKDDSG
EETSASPSNGGRGLSATTTLPKISKRANERMLRLSTYVASTSKRETIPLPPSLPPNGADYYRIEDYLPSGLHTPWARSAMRACHREHLGMATAEA
ELLYIQQACSLHETINAHTYRMRLAKSEQGSGSAWFVVYAKGIKILGGESTNSSSNPETTTFLWPNITKLSFERKKFEIRSGESRITLYAASDEK
NKLLLTLCKDTHQWSMKLAARLKEVSKREEEEAAESQRLHASYACSRSLLLPYKSKNEQRISVISSTSSNTTSGIVSDRVHSEDELEIMINTPPA
PLAAPSTESLALAHLLDRPSVSRQTSSVGQMSLKDLEEQLAALSVRPQDASSNGATIVTNSSVQRNSMGTTANDSSTATDSPSSQHNIGSQCSST
CSTVVVTSPVNGAGASSSGAPIPVHSTSSSLELGFSHTAQNSALSETSPDDFLSTSAREETESVSGASGVYTLAHGAPPTETSGVYTMHSSELTG
QSSEIAESEKSSHYGMFQPQKLEETHVQHSDSVDGKKKEDFRPRSDSNVSTGSSFRGDGSDPTDNKHSLLSAEELTNLIVGRGTYPSRKTVSSSL
HSDCDYVTLPLGDQGEEEVDQPPAPPPPYSARHEKTGLCGPPIAKPIPKPIAVVAPKPDSPPCSPPVPPAPIPAPPPAIRRRDPPPYSISSKPRP
TSLISVSSSAHPAPSAAGSMSSLKSEEVTARFITTRPQISILKAHTSLIPDGAKPSYAAPHHCSSVASSNGSVCSHQLSQQSLHNSNYAGGSQAS
LHHHHVPSHHRHSGSAAIGIVPYGLHKSTASLHHQQSCVLLPVIKPRQFLAPPPPSLPRQPPPPPPPNHPHLASHLYEREMARKQLELYQQQLYS
DVDYVIYPIQDPAVSQQEYLDAKQGSLLAAMAQAAPPPPHHPYLAMQVSPAIYRSTPYLPLTLSTHSRYASTQNLSDTYVQLPGPGYSPLYSPSM
ASLCSSYEPPPPPPLHPAALAAAAAAGAGSSSSSMFARSRSDDNILNSLDLLPKGKRLPPPPPPPYVNRRLKKPPMPAPSEKPPPIPSKPIPSRM
SPIPPRKPPTLNPHHANSPLTKTSSGAQWAGERPRPDLGLGLGLNRGNNSILAQLQASMVAQSHAQAQAQALDIALLREKSKHLDLPLISALCND
RSLLKQTKVVINPKTGQEMPTSSAQPSGATTNGVANSSAGAGTLSKARKGSTVSHRHPQDKLPPLPVQQLAEANNYVIDPAVMMKQQQQQQQHNK
TS*
(SEQ ID NO: 444)

Name: expanded
Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: ex
FlyBase ID: FBgn0004583

Celera Sequence No. : 142000013383801



TAGTCCTACCGTATTGGTTGAATCCGGAGAGATTGTAGGCCCATCTGCCCAGATTTGCTGTGGGGAAAAATTCGCATTACATATTTACGTAATCA
TAATATTCCGGCGTACTGCACTACGAAATTTGTTGCATGCAACGTGAGTCCGATTGTTGCCCGTTCGTATTACTTACAGAGAACTGCGGGTCCCT
TTCTGGCAATATAGTTCGACATGGTTTACGTAAAATCAGAAGTCGGGAAAGAGATATTCCTCCAGCCTTTTTATTTTAGGTATGAGAACGTTGGA
GATGGGTCTCTCGATAGCTATCGCACCCCGTTATCGATCAACGAGCACTACGGTTGCGTTTGTACAAATCGATTTCCGAAATGTAATACAGACAC
ACTGCACCTATCGATATATCGCACTCAAGAAAATTCGTTATTCTTTAGTTTTAGAGCTATTAAATATATTATCTTTTAACATTTTACCCTTTTGT
ATTTGTATTTAGATTGTTCAAAAACTTGGTGGAGACGGCAACCGAACTACAGTATAATTACATCTCCAAAGTTGGTCATTTTGCAATAACTTTTT
GTATAAAGTAAATAAAATCAATTCAAATTCTTGTAAACCCATTTAAGCCCATGTAAAAATCCGCCTTCATAAACAAAATACTTGTAGTTTATCAA
ACCGAATGATTGTGGCTTTCTCCTTTTGTAATTTGTTATGGGAAACACTCAAAAAAGGTTTTTAATTTGGGTTAAGTTATAATTTATGTTAACCA
ATAACCTCGATTAAATTAATTATAAAAATGATGCCTGAAGATATACAACTTTCACTTAACTTGCAACACGGGTATTGTATATTAAACAGCAAACA
AAAAAGGCAAAAATGTTGGTAATTAGCGGAGTGCTTCGACAAGCGGAAATCCCTACTTCTCATTTAAATAATATTTCCCCAATTTTTTGCGATAA
GCCCCCGCCAACGGTAAACCCTTCATTAAAATGATTGATAGCGTTTTTATTTTAAAGTACATACCTTCGCTTTATTATGACTACAAAATATCAAT
TTATACAAATTAAAGAACATATACAAATTCTTTATATATACAGTGCCCTCCCTTAAGAGTGAACACTCGAATATGTGAACTTTTTAGTAAAAGTG
AACGATTAATTTATGAAATTTTAGAAACTTTCGCTTAACTTAGTAAAAAAATTAAATTTTTTCAAACGTGGTGTTTTTGAAAAATATATTAAATT
GTTTATTTTTTCTGTGATTCGTTATAGTGAACAAATTCGATTCAGTGCACACCCTTGGTTCTCAATAGTCCACTGTTTCGAGTGAGCACTGTACA
TACACTAAGGCTGGCACGAACACGACACTAATTTAAGTTTGTTTCGGTTTTTGTTTCTGATTTCTGAACACACGTTATATATATACATATGTATA
ACATTGAGACCCGTTCCAGCCTTAGTTTATACATATATCACTGGGCACATAATGTAACTCCCAATGCGCTGAGTGGCCGGGAGAGAGAAATC
ACTTATTGTTCTTAGCTGCAGTCAATGACAAAAACTCCACCTTTCGAGCCAAGTACTCATTATAACGAAGAAATGCATAGCTAAATGGGGCGAAT
AAAAAATTGGTCATTAGTATCGATTGGTTGTAAGGGTCGTAATTGGGGGAAAAAAGGAATTGCAGGGTGCACAATAATATAATAAATCCATTATA
ATGGCCGTCTAATGGTTGTTGATGGATCTTATCAAACAAAACTGATATATATACTGATGATATATATCTATATATCTAAAGGATTTATCATCTAA
TTGCATCGTGCATTCCCAACTCAAAGTTACAGTCCATATACTATGCAACACGCACCCTACGTAGTCGAAATCGATAGTGGAATGCTCGGCTTGCA
ACAGGGACCACACCGTCCAAAAGATATGCGATGCCAGCGCAAACTGATTGACCTGGACATAGAGCAGTTCGACTTCGTCGTTTTGAATGTTGCTG
CGCTGTAGGTACTCCTCAAGGTAGACCCTCAGCCACTGGAGCTGGAACTCGCGCTTCGGATAGCGCGAATAGTCGACCTCATCCACGCCGCACAT
CTCCGCAAAGTGGTTGCCAATGTCGAAGGCCTGGAAATTGTAATCGGCATACTCGTAGTCGATGAAGTTCACCGTATTCAGGCTCTGCGTATAGA
TCACATTTCCCAGCAGAAGATCGTTGTGGGAGAAGACAATCGGACTGTCCAGAGCCTCGAGGTATTCATATAGCTTGTTGAACTCCTCGCGCAGG
CGGCCGATAGGTAGAAACGTTTCTTTCACTCTGCAAATTGCAAATCAAACAATGAGCGAATGAACAAAGGACCGAAGATGCAAAGGATGTCTGGT
GTCGTTACCTTTTGTGTTTTTCAGCATCACTAAAACGTTCAGGTACTAAATCAAGAAAGCTCTGCGTCTTCTTCCAAATCATCGGCATGGGTTTG
GTCGCCGAACTATCCCCGTGCTTTCTCACCTTGCGATGCATCTCGGCCATGCGACGGGCGACCAAGGGCCAAATTTCTGGACAGAGCACACTGTC
CGTATTCAGGGTGGTTCCAGGTACGTATTCGTAGACGAGACCGTTCTTGAACGTGGCATACAGCGATGGCGCTAGCCCATACGTATGCAGTAGAA
GAAAGTTTTGCGTCTCCGCCTTGCGATCTATCAGTAGGTCCGTTTTGTTACCGTATATCCTGACGAGCACTACGTTATCGGAGTACTGTACAGGT
GACCCGTCGTCCGCTGCCCGATCGTCTGTGAACTCATCATCGTCCTCCTTCTCAATGATGACTGGATCCTCGGACTGAACGGGCGACAAACCCTG
CGTCTTGATAGGTAAATACGATCCGCCGTTCTCATCGTTCAGTTTGGAGATCTCCTTATGAAAACATCCGACCAGTTTGTTTGTGATGCCATCGG
TAAAACTCTAAAATAAGCACACAGAGAACAGCACCATTAAATCGTATACATAAAAACATAATACTCATCGATGTAGATCCAGTGAATGGGTTAGG
ATGGATTAATTAGTAGAGTAGCTACATGATTTGTGTGCTTTGTTTATTGTAAGTGAAGTTATTGCATCATCACCTAATACCAATTGCTATACGGT
AAGGTTCATTAGTAGCATTCAATGGAACGGTTTCGGGAATTCGCCTTTTAAGCCACAGCTCAAGAGCTACAGTAAAGGGCTTATGGCCACTTCCT
TATCGACTCCACATGCTTCTTATGTACATATGTATGTACATATATAAAAGAGTGAAGCACATGGGTGATAAACTTTGTGACACCAGCTATTTGCG
TGCTAAGCGTCTCAGAAAGACCACCTTCGTCTTGAATTATATACGCATACGGTGCTTTTTATAATGAAAACACAGAAACAGATAAGATAATGAAT
TGCTAAACAATTTAAATTCATATAATTCAAAGCGAAAAAGCCCAGAATGTGTGAAAGGTGAATGAAATAAAAGTGCGAAAATAGTAATTAGTTCA
TTTCAATCACTTCGATCTGCCCTGGTTTTATTCATTCACTGAGAAAAGTTTATTTATTGCATTTAATCAATATTTCCCAGTTATTTTCCCTTTGC
TCAGTGTTCAATGCACTTAAGATTAAAGTAGTGCTGTACAAACACGTGTGTTTCAGATCGCTGGCGATATAGTAAATTTTCCACTTCATATATAG
AACGACGTCTCTAGCGGCTATAAAAATGTCAATAGTTAACCCATTACTCGCATGACAGTTGTGAGGCATAAATAACCGTGAAACTTGAAGTAAAA
CTTAAACATTTGGTTTATGGTTGAGAAACGCTGCCTATGACGCCATGGTCCATGAATCAACTCAGATTTGTGCAAGTATTCATAGTATTCATAGT
AGTCATATTGTAGCATTTATTATCACAATTTCGCCTGACTGGCGCCAAAGATTTGTGACTCCCCATAAGGATGCCTCCCCTCCACTTGAATCCTG
AATCACGCGACAAATTATCTATAGCTTAGAAAACGGACATGACACGATTTAGACTGTGTACCATGTACCCATGTACTATGTACACCACTCGCTGA
TCAAGGGATGAACCACGTTTTATTGCCCACCAGCGATTTGGCAAGACTCAGCACTTGGCAATTCCGACTGGAGCTGCCATAAAGCTGATAAGTGA
GTTACGGACAAGCTGTGTACACCAATTAGACGTCATGCCTATGGTGCGGCATATACAGATAGCGAGGTCAAGGCGTACAAGTGGCTTCCGATAAG
GCAAAAACGCCCCATTTCAAAAAAACCGGAGTGATTAAAGGCAGCCTCAGGCATTTGTACATACATACATCAATCATACTCCTCTAACTCGACAG
CGTGAAATTATCAAATCGGGCCAAACGAAATCAAGCCCCTAAAAAGCGAGGGAAAAAACGTTTTTTTTTCGGATCATCCGTAAATTACGGACGGA
CGGACGGATGGACGGTGTGTCGGTAATGGTTATCTGTAAAAACACTCGAGTCAATGCACCTGCTGTCAACACCTTCTATGTCAGGCATTTAAAGT
ATTGTGGTAATTAGAGAACGTGCGATTTCATTAGAACTAAGGCGACTAATTGGCACGAAGGCCTATTTCTTGGCTCACACCCGTTTCCAACCCGC
TCCGTTTGGTAGGGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGGGCACTTATTATTATTTTCCCCCCCGGAGTCGAGGGCTAGATTAGCAGCAAACTGGT
TTCTACTGCGACGCGGGGTCTGAAGTCTCCATAGTTCGCTTGGCGACTCGGAAACTCAGAAACGCTGTCCTAATACACCAACACCAGCGTAGTGA
ATAATGTTAATTTCGAATAACAATCCTATGCGTCTCTCTTCATTGATATAACAAAGTCTATTTACAATTATCATGGCGGCGCAGCAGCGAATA
TATATATATAATTACTATTTGAAGGTTGGCTGTTGTGCAATAACCCTGTTTCAAACAATGTTAGCAACTACTACGACTCTATATCTCTATATATA
TGTATATGAATGTATATAGTAAAGTATATATCCCACGTTCCGCACACCAGTTAGTGATCGTAATAAATGATAAGGAAACATACAGCGTCATCATC
ACCATCGCATTTTGGGCCGGATAACGATCTTCGATCTGCGGAACTACCCTGATCTGATGGAGAATGTAGAGAATATGACATTGATGGTTTCGTTT
TTTTGCATTGTATAGTGTGTTGTTTGGCTGGTGATTTAATTTGATTTGCTTTGATTTGATTGTTGGTATAATGATATTGTAGGGGGGTTATAATT
TTGAATGTTTTGATGAGGTTTACGTTACCTTAAACTCGACGTGGCTGAGGTCCCAGGTCGGTCGTATAACCTTCAACAGTTCCTTGGCCCCTTGA
ATTACGTCGGCCTCCTCAACAAATATGGGTACAAATGGTACAATTGCCTCTTTTCTGGATTTATCCTCCGGTTTGGCTCGAATATCGCGCGAATT
TTGTTCGTTTTCGTTTTTGTTTTCGCTCCCGCTTGGATTTGGATACGAATTGGAATTCGAATGTGAATTCAATTGGTTCTGGACCTGGTTCGATT
GCGATAGCGATAGCGTTTGCTGATTGACCGTCTGACGAACTAAGGATAAAGAATCTTTCATCACTTTGGGGTTGCCGCCACTTGTTGAAATCTGT
CCTGTGTAACTGTTGCTCTTGGTTTCTGTGCCCATTCTATTGTATTATATATGTGAAATACGAAAGTGTCAGGTCGGGTCATACATATAGAACGA
CAATAACATCAGCATGTAAAATGAGTAGGTAGGTAGGCGGTAGTTAAAAGCTAATCATCCGAATGCAAAACCAACCGAGAACCCAACCAAACCAG
CAAAGATATCCTCTCACCCCCCCACGCAACGAACCGCAGCCAAATGAAAAATTAAAAAACCCAGTAAGTATACTACGTCCATGTCCTCTCACTCA
TGCGCACCGAAACCAGAGTTTTGGATGGAGATGACCGCACCCAGTTAGTAGGATCTGCGTACCATGTGGGAAATAGCCCAAACACATCCACTTCA
CCACCACACGAATGAAACATTATTGTATCGTTCATACTAAATTTAATCTCAGTTTAAGGTTTATTTGTTTATATATCAGATATAGAAGATTGTGC
CAAAGTAAAGCAAAATCTACCTCCTAAACAAAAACTTATCTACATAATGATCAACACTTTTAGAGTCCCAAATGTGTAATTAACAATTATACGAG
AAAATATTCGCTAATTTGACAAGCAAATAATATATATGTACGTATATTCCATAAAAAATGATTACGGAAAATAAACCTTGAAATTGTGATAGTCA
ATTCGTTAACTGGTTTTCGCTTGATACAGGAAGTTCCTAATTTCAGTTATAGATAAACATGCTCTTTTACCCTCATTAAACACCAAAATTCGCAA
TATAGATAAAAGCTGCCTCAATGATACTTATTAATCATTAATCACGATGTAATGAATGATACAATTTGCAAACTAACAACTTGTTAATAGTTAAT
AATAATACATAATGCAGCTCTAACTACACAAATTCATGCATGTGTGTGTATGTATGATGGACGCTTTTTGATTACCATTCTTCTTAGACCTTATC
GTTGACATTATCTACTGACTAGATCCATCATCTTGTCTTCATTTTCGACTATATCACGAAAAGCTGATTTAAAAATAAACTTTTTATTCGTTTAT

GATAAGCAAACATCTCGAATATTATAGAATCAAGTTGGTAATACTGACAACGGCTATTAGGTGCTATTATGTTACCCCGTGCTGTATTATGTCTT
CGAATGCGGCACAGCCGGGCGGAAAGTACACGTAGCCGTGTGTACTCGAATTATACGAAGGTGCGTAAGGCGATGACTATAAATCGGAGAAGGTA
ACGAGACAACATACGTATATGTATATGCATGGGATAAGGTAAGGGGGTCAAAATAAGTCAATAAGATCGCCGTGTTAAGCCAATGTCTTAAAATA
CAGGGCCGGAGCGAGAGGGTGGCTAAGTTTTTAATTTGATCAAAGGCAATTTTAAATCGGAATTATGCTGTATCCACTAAATTTTATTACAATTG
AAACTGTTTTGGGGGGTGACGCCCCAAAATGACCCCGCCGACTCCGCTCCTGGAGCCAGGGAATGCACCCACACTCGCGCACAAATAAATAGGGC
GTAAAATGCTAATCTTGTGAATACGTGAATGTACATACATGTGTATGTACATACTCCACGCAAATCAAGTGTACATTATGTACATGCGAACGTAT
GTAAGATCGGAAATCAGGTGAAAAGCCCAGGGCCCAATAGCACAGGTGGGGGCGGGCGCGTTAGCACGGGACATTTGCTTTAATATTAACATGTT
TTCTGTTTCGCACTTTCTTCATTTTTTCATCTTTATTTTGGTTTTTTAGCCAGGCCAAAAGTTTACGCATACAGTGGCAATGTGTGTAGTACGTG
CAAGGGTACAACTGCATGTGTGTGCATAGTAGGTGGGATTAGGGCTCATCTGCACGGGCTAAGTTTCCCTTATATCCCGTTATACTACTCGAATT
CTGTAAACTTAAATGTTGTGAATGAAACTAAAATATAAATAAGCTACATTACTTTGCCAGTCACATTATAGACCTCTTTTAAGCCTCAAAAGCGG
CGATTCCATGCGGAATTTAGGTCGTGCGAAGGGGCCTTAAGCGCGTTCTGGGTTAAGAACCCCCGCCCACGACCCCCTTACCACAACGACCCATC
CCACAATCCGAGCATCCTTTTTCCTGAACCCGGTGCGATATTTGTTGGTTGATTCGAAGGATTCCCATACCAGATTTTGATTCCGATTCGGTGGT
TCTGAATTCAGATAGTGATTCGATTGGATTCGATTTCATTCGACTGGATTTGATTCGTGTTTCGCATGCAATTTGAGTTTTGAAAACGACAAACA
AGGTAAAATAATAATAAAATGTGTACCAATATGTCAAGCGTCAACGAATGCAAACGCACACTGAGGTGAATTGTTAGTTGTCTACACACGTTACC
TTCGGGTATTGATTGTTTTTTAAAAGAAAACACAAAAAAAAAGCCGCGAAAATCACACAACCAGATTATCGATTTTGGCCCCCGCTGAAATTGGC
GCACACAACACACAAATTTGACTGGGGAACGAACAGCGGGCGATGCAAACGATTCGGTTCCGACTTGGAATATATAGCTGCCGAACTATCGGTGC
AACAATCGGATCGCTCAACCGGTCGCTCCATCTGCAGGGAATACCAAAACGCCTCAGTTAAGTGGCGCGCGAATGAAGGTACTTGCGCTTAGCCA
CCAGCTGGGCACACTGCACGAGCCTGCATAGAGTTTTTTACGAAATTATCACAATTTAGGAGTTTTCCAATTAGAATTGGAATAAGTTCGTACTC
TTAACTTGCTAACAAGTTGATTTTTAATGCAAAACTTTTCGCAGACAACTTTTCGACAAGAACAGTGCTGCCAGACTGTCAGACCGGCACCTTAC
TGGCGTGTTTTTATCACATTTTCTAATATTTCCAAGCTATTGAAATATTCCAAAGCTTTCTATCTGCACATTCTTTTTATATAGGTGTTCCCAGA
AAATCGCCTTAGCATGGAGAGTCGTGCTAATACGGCGTTGCCAGACTGTCATTGCATTTCTTGTTGCTCTTTGCAAGAGCCCGCCAAATGAAATT
TTTATTTGAATACAATTTATTTTTTTCTTCCCCCGTTCTTTTGCTTGTATAATATCCCAACTGGAAAATGTGTACTTTTCAATTACGAAACATGT
ACAATATATAGCAATAAAGTCCAGTAAAATCGTGGTATGTTTACAATTACTTTTTTGGGCCTGATGATACGTTGCCATTAAAGTGCAATGTCATA
CCACTAATGTAAGTTTTTTAACCCTTTATACCCCCCAATAGCTTGCCCATAATCCTCCCGTGAACAATCTTGAATCCCAAATGCAAGAACAAAGT
TCGAATATTCAACAGGAGCTCCGCCTAATGTATGATGACGCATGTATTTTATACAGATCAAATATTTTCATACCGTTTTACAGGGTTCCGAAGAA
TAGAAAGTGGTAATTAAAAAAAGTATGCATTCGGTTCACCGAATTCAATTTGAATCGTTTTCCAAGTCAAATCAGGTTGGCTACAATGAGCAGAC
AGAATGTGGGCGGCGACACCAGATAGTGTCGCCGAATGCATGGAAAGCGATTCAATGCAACGGCCTTCCATCGAAGAAGT
(SEQ ID NO: 445)

Exon: 8295..8075
Exon: 5736..5349
Exon: 2952..2384
Exon: 2310..1861
Exon: 1600..1001
Start ATG: 5735 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT13670
TGGAGCGACCGGTTGAGCGATCCGATTGTTGCACCGATAGTTCGGCAGCTATATATTCCAAGTCGGAACCGAATCGTTTGCATCGCCCGCTGTTC
GTTCCCCAGTCAAATTTGTGTGTTGTGTGCGCCAATTTCAGCGGGGGCCAAAATCGATAATCTGGTTGTGTGATTTTCGCGGCTTTTTTTTTGTG
TTTTCTTTTAAAAAACAATCAATACCCGAAGAATGGGCACAGAAACCAAGAGCAACAGTTACACAGGACAGATTTCAACAAGTGGCGGCAACCCC
AAAGTGATGAAAGATTCTTTATCCTTAGTTCGTCAGACGGTCAATCAGCAAACGCTATCGCTATCGCAATCGAACCAGGTCCAGAACCAATTGAA
TTCACATTCGAATTCCAATTCGTATCCAAATCCAAGCGGGAGCGAAAACAAAAACGAAAACGAACAAAATTCGCGCGATATTCGAGCCAAACCGG
AGGATAAATCCAGAAAAGAGGCAATTGTACCATTTGTACCCATATTTGTTGAGGAGGCCGACGTAATTCAAGGGGCCAAGGAACTGTTGAAGGTT
ATACGACCGACCTGGGACCTCAGCCACGTCGAGTTTAAGAGTTTTACCGATGGCATCACAAACAAACTGGTCGGATGTTTTCATAAGGAGATCTC
CAAACTGAACGATGAGAACGGCGGATCGTATTTACCTATCAAGACGCAGGGTTTGTCGCCCGTTCAGTCCGAGGATCCAGTCATCATTGAGAAGG
AGGACGATGATGAGTTCACAGACGATCGGGCAGCGGACGACGGGTCACCTGTACAGTACTCCGATAACGTAGTGCTCGTCAGGATATACGGTAAC
AAAACGGACCTACTGATAGATCGCAAGGCGGAGACGCAAAACTTTCTTCTACTGCATACGTATGGGCTAGCGCCATCGCTGTATGCCACGTTCAA
GAACGGTCTCGTCTACGAATACGTACCTGGAACCACCCTGAATACGGACAGTGTGCTCTGTCCAGAAATTTGGCCCTTGGTCGCCCGTCGCATGG
CCGAGATGCATCGCAAGGTGAGAAAGCACGGGGATAGTTCGGCGACCAAACCCATGCCGATGATTTGGAAGAAGACGCAGAGCTTTCTTGATTTA
GTACCTGAACGTTTTAGTGATGCTGAAAAACACAAAAGAGTGAAAGAAACGTTTCTACCTATCGGCCGCCTGCGCGAGGAGTTCAACAAGCTATA
TGAATACCTCGAGGCTCTGGACAGTCCGATTGTCTTCTCCCACAACGATCTTCTGCTGGGAAATGTGATCTATACGCAGAGCCTGAATACGGTGA
ACTTCATCGACTACGAGTATGCCGATTACAATTTCCAGGCCTTCGACATTGGCAACCACTTTGCGGAGATGTGCGGCGTGGATGAGGTCGACTAT
TCGCGCTATCCGAAGCGCGAGTTCCAGCTCCAGTGGCTGAGGGTCTACCTTGAGGAGTACCTACAGCGCAGCAACATTCAAAACGACGAAGTCGA
ACTGCTCTATGTCCAGGTCAATCAGTTTGCGCTGGCATCGCATATCTTTTGGACGGTGTGGTCCCTGTTGCAAGCCGAGCATTCCACTATCGATT
TCGACTACGTAGGCTATGCATTTCTTCGTTATAATGAGTACTTGGCTCGAAAGGTGGAGTTTTTGTCATTGACTGCAGCTAAGAACAATAAGTGA
TTTCTCTCTCCCGGCCACTCAGCGCATTGGGAGTTACTACATTATGTGCCCAGTGATATATGTATAAACTAAGGCTGGAACGGGTCTCAATGTTA
TACATATGTATATATATAACGTGTGTTCAGAAATCAGAAACAAAAACCGAAACAAACTTAAATTAGTGTCGTGTTCGTGCCAGCCTTAGTGTATG
TACAGTGCTCACTCGAAACAGTGGACTATTGAGAACCAAGGGTGTGCACTGAATCGAATTTGTTCACTATAACGAATCACAGAAAAAATAAACAA
TTTAATATATTTTTCAAAAACACCACGTTTGAAAAAATTTAATTTTTTTACTAAGTTAAGCGAAAGTTTCTAAAATTTCATAAATTAATCGTTCA
CTTTTACTAAAAAGTTCACATATTCGAGTGTTCACTCTTAAGGGAGGGCACTGTATATATAAAGAATTTGTATATGTTCTTTAATTTGTATAAAT
TGATATTTTGTAGTCATAATAAAGCGAAGGTATGTACTTTAAA
(SEQ ID NO: 446)

Start ATG: 223 (Reverse strand: CAT)

MGTETKSNSYTGQISTSGGNPKVMKDSLSLVRQTVNQQTLSLSQSNQVQNQLNSHSNSNSYPNPSGSENKNENEQNSRDIRAKPEDKSRKEAIVP
FVPIFVEEADVIQGAKELLKVIRPTWDLSHVEFKSFTDGITNKLVGCFHKEISKLNDENGGSYLPIKTQGLSPVQSEDPVIIEKEDDDEFTDDRA
ADDGSPVQYSDNVVLVRIYGNKTDLLIDRKAETQNFLLLHTYGLAPSLYATFKNGLVYEYVPGTTLNTDSVLCPEIWPLVARRMAEMHRKVRKHG
DSSATKPMPMIWKKTQSFLDLVPERFSDAEKHKRVKETFLPIGRLREEFNKLYEYLEALDSPIVFSHNDLLLGNVIYTQSLNTVNFIDYEYADYN
FQAFDIGNHFAEMCGVDEVDYSRYPKREFQLQWLRVYLEEYLQRSNIQNDEVELLYVQVNQFALASHIFWTVWSLLQAEHSTIDFDYVGYAFLRY
NEYLARKVEFLSLTAAKNNK*

(SEQ ID NO: 447)

Classification: enzyme
Gene Symbol: eas
FlyBase ID: FBgn0000536

Celera Sequence No. : 142000013384541
AGTCCTTGTTATAACTATACCATCACCCGTAGTGACCTCCATCCGTCCGGAGTTTGCTGTGCTAGCCTCGGGCTTCTTGTCTGGCAGTCTGGTGC
ACATGAGCGCCTACGAAGAGGCCATCAGCATACCCACGTTGCACATCTACGGACAGACGGATGAGATCATTCCCAAGGAGATGAGCGAGTCCCTG
GCTGCGCGCTTCAAGAACGCCGAGGTGCTGGAGCACAGCGGCGGACACTACTTCCCGGCCACGGCGCAGCAGAAGCAGACATTCATCAACTTCTT
CCAGGATCGGCTGCAGGAGTACCTGGAGCACGAGGAGTTGCAGCAGAGCGGCAATGCCTCATTCGTGGATAGCGGAGCGGAGGACGACAACGATG
CCGAGGTGGCGGCCATGACGGCCGAGCTGGACGAGAGTGATTAGCCGAGGGACGGGGGTTTTTTCGTTCGTTTTTAATAATAATTAAATCTTATT
ATTACAAAAATAATGATTTGATTATAAATTATAATATAATTAGATCCCAATATTAGTTAAATATTCACTCTGCTCACGAAGGATCAAGCGGATCG
GGTATTGAAATGTCTGCACGTTCGCTCAGTTCGCACATATTGTTTTTATGACTTTGTGTATTTTCTCAACAAATTCGTATAAATTTCATTAAAAA
GAAACAATCAAGGGGTTAGGGTAAAATTAAAGCCGAATATTATCAATCCCATTCCAAAGTTCAATTTTGTGTCGGAACCATAGTAAATTAATTGT
TCCTTGCTATTAACAACGAAAAATGCATATTTAGCTATTGCAGTTGAGACGGCAGCTTTTGCTTCTTCACCACGCTGGGAAGTTGAGAATCGCAG
ACAAATAGATCTTCCTCCTCCTTCGTCCGGTCCGACCATCAACTTCGATTTCAATTTCATACATTTCGTTTGCGTGGGACAAGCGAGCGACAGAG
TTAGCGGATTTATTTTGTCTCGATTTGCTGCTGCTGTTGATTTTGATGATGTGTTTGCTGCTGTTTGTTGTTCTCGTAGGGGTGATTGACTGACT
GACTGCTGTGGCTGCATCCTTATGCCACCTGCTCCTGTCCGTTCGAGGCCTCTTGGTTTTTCATGACTTCGGGTAAGTCTGGTGGTGCCGAGTAG
GGTGTCATGTCCAGTGTCTCAAAGTCGCCCACCTCGTTCCTTAAAGACAGATAGCTATGTTGTACTACTACGCTGAGCTGTAAGCTTGTAAGCGG
CACACGTGCCGCACGCCCGCCTTGTCCGCTAGATAACCCGCAACCGGCTTATCAGCGACTCTCACCTGAATGTCAAGCCCAGCTGTGCCGGAGCC
TGCGCCTTGGCCGTGGACACCGTCACGCCGTAGTCCTGCAACGTGCTGTCGTCCTCCATGACATCGTTGTCCTGATTGTATAACCGCTGGTCCAC
GGGCTGCACCTTTAGTATGCCTGCGATCGATGGGGTTGTATGATCAGTCATGGAGTTACCCAATAATGGCGCTGCTCTATAAATAGAAGCCAACA
CTTACCCTCAATCATTCGCTTCAGCTCGGCCACCGTTGTGTTCTCCTTGGCGTCCGTGAAGATGGTGGTCTTTTGCCGCCTGATCATAAGGAACA
CGTCCTGCAAAAGAGAGGGTTAGCCATTAGATTTGATTCGATGCGAAGTGATTCGTTTCGGTCAAAGTTCAGTGGCGCTTTTTCAGTGTGTCATG
CTTTCTGATCTTGCCATCACACAGGCGACATTTGTGCACATGCATTAAGAGCGCGACGGTGTCTATGGCAGCAGCATCTGCGATGCACTGCATCC
TTGCTAGGCTGCACGACACCGGCACGAGCACTCACCATATTGAGGAGTTTGTGGCGCTGGCTGCGACTGAGGCTGCTACGCGGATGTGGGTTAAC
CAGGTGCGTGGGCTAGTGCGCTGTGTTCGGCAACTGACGGCGTGGGTGGCGCTTCCTTTGGCGGTCGCGGGCGGACGTTTCGATCGGCTGGAATT
TTCCTACTTCGCTTGCACCACCGCTGCTGGGCGCTTCTATTTTTTGCTCTGTGCCGCTCGACCGGAGTTGGGGGCGGGCGCAGGTGGGCGTGGCG
TGCGGTTCGCGGTACGATGAGCGTGCGTGAGTGTGTATGTTTGTGCAACAGCTTCCTCGGTTGCCCCCCACTTGTAGGTTTTCGTAGTTTTACGA
TTTTTTCTAGCCTTTTGCTGCTGCTTTCTCAACTAATTAGAGCTGTCAAACCATCGATGGTCGCATCGATAGTGAGCTATCGATAGTTCAGGGTC
AGCGGCCTTCGTTGTCTAATGCCATCGCTAATCCGATATTATTGCAGGGCTTTTAGCAAGGGATTGTCTAAAGCCTTGGTGAATTCTATTAATGT
GTATTAACAAATACTTCACAATTCCGTTTAATGTATATTTTCCATTAGTTTATAAATAAAATAATTCGCATAAGTAATGAGCTTTTGCAGCCCTG
GTTATTGCCAAGAAAATGTACTAGAAAATACCGCCATAGCTGTCAGTGTCACTTTTCCCGTTTCTCCTGTTTTATTTGCCACGAAATGGTTTTGC
TAGACAATTCGAACGTAAATAAATGAAATACCTTTAAAAGAAGCCGATAAGTAACCGTATCTCCTTACAGTTTATCCTGCGCCTGGAGAAGATCG
CAAATGCGGCCAAGAAGGACTCCTCCTTCACGCTGACGTTCAAGCGATGTGAGTGTTCGACACCGAAAAACATGGTACACTAGGAACTAATTTAC
AATTTATTTAATGTGCCGCAGATGATGGCAACGATAAGCCCGTGCCGAGGGAAGGACGGCCACCGCTGCCCAAGCCGGAGACCTACATGTGCCTG
ATGCGCGCCCAGTCCAAGTCCCAAAAAGTAAGCCCGATTGAAAGCTCCACGTTTCGACTCCTTACCAAATAAACCTATTTTTCCGGCAGATTTCC
ACCGTTGTCCGGCAGGAGGATGTGCCCGCCATGATGAGCATGTACTCGCAGTTCATGAAGAGCAAGATGGACGGGCTAAAGCGGGTTAAGAAAGT
CAAAAGCAAGGCCAAGGCGACAAAGGGTTAATCGGGGCATAGTCTTAGTTAGATTTTATTTGACTGTTTACTGGTCGTTTGTTTTAAACCTTAAA
TGCATCATTTTGTACGGAAAGCACGCTATACTTCTTATTTCTATCATCAATCTGACGCAGATCGAGCAGCCACTTCG
(SEQ ID NO: 448)

Exon: 2212..1841
Exon: 1619..1526
Exon: 1445..1301
Exon: 1179..1001
Start ATG: 1843 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT13840
AAAGCAGCAGCAAAAGGCTAGAAAAAATCGTAAAACTACGAAAACCTACAAGTGGGGGGCAACCGAGGAAGCTGTTGCACAAACATACACACTCA
CGCACGCTCATCGTACCGCGAACCGCACGCCACGCCCACCTGCGCCCGCCCCCAACTCCGGTCGAGCGGCACAGAGCAAAAAATAGAAGCGCCCA
GCAGCGGTGGTGCAAGCGAAGTAGGAAAATTCCAGCCGATCGAAACGTCCGCCCGCGACCGCCAAAGGAAGCGCCACCCACGCCGTCAGTTGCCG
AACACAGCGCACTAGCCCACGCACCTGGTTAACCCACATCCGCGTAGCAGCCTCAGTCGCAGCCAGCGCCACAAACTCCTCAATATGGACGTGTT
CCTTATGATCAGGCGGCAAAAGACCACCATCTTCACGGACGCCAAGGAGAACACAACGGTGGCCGAGCTGAAGCGAATGATTGAGGGCATACTAA
AGGTGCAGCCCGTGGACCAGCGGTTATACAATCAGGACAACGATGTCATGGAGGACGACAGCACGTTGCAGGACTACGGCGTGACGGTGTCCACG
GCCAAGGCGCAGGCTCCGGCACAGCTGGGCTTGACATTCAGGAACGAGGTGGGCGACTTTGAGACACTGGACATGACACCCTACTCGGCACCACC
AGACTTACCCGAAGTCATGAAAAACCAAGAGGCCTCGAACGGACAGGAGCAGGTGGCATAAGGATGCAGCCACAGCAGTCAGTCAGTCAATCACC
CCTACGAGAACAACAAACAGCAGCAAACAC
(SEQ ID NO: 449)

Start ATG: 370 (Reverse strand: CAT)

MDVFLMIRRQKTTIFTDAKENTTVAELKRMIEGILKVQPVDQRLYNQDNDVMEDDSTLQDYGVTVSTAKAQAPAQLGLTFRNEVGDFETLDMTPY
SAPPDLPEVMKNQEASNGQEQVA*
(SEQ ID NO: 450)

Name: Elongin B
Classification: enzyme
FlyBase ID: FBgn0023212

Celera Sequence No. : 142000013384593
CTGGCTATCCCTGGGTGTGTAGAATATGAAGCACATTGGGTACGAAATGCGCTGATCGTCATGGACCATTTTATACGTATAGATGACATATCGGG
GCTGGTGTCCTGGCAATGTATCCTGCAGCTCGTCCACCGAAATATCGTCGATGAACTCGTCCAGCACCACCGTTTGCTTCTCCCGGTCGACTTTC
ACTGCAAGGGACAATGGAGTGGTCATAAAAACTACACACATCTGTTACCATGACAATCAAGGCTTACATATCAAAGCCGCATTATTTTTGCTCTT
GCTGAATCGAAACTTCTTCAATTCCTCCAGAACTTCGTTGCTTATGTCGCATATCTGGTTATCACTCTGTATGAAATCGATATAATTGATTAATG
AATTGGAATCACCAAAGTTATCTGCTAACAACAATCGTCGATTGAAAAACAAAAACAAAAACACGCCCACACTCTATTAGTCATGTTTTCATTTT
GGTAATTGATTTCCGACCCTATATACACTTCCTACCATAACTTTAGCTATGAAGTTAGGGATGCGATCTGTAAAGTGTGCTGCACTACCGAATTT
TTGGCAGTTAATTGTAGGAATGCAATATCACTTGTCCTTAAGGAATCGTTTAAATACTGTCGTTTATTCTGAGTTTTGTTTTGTTGTTCCTGCAG
TGAGACCGTTCACTGAACGCCAAATAATATTCTGTGCTGCATCAAAAATATGTGAAGTGTTGTTAAACGACGTTTCTGATAAATTAAAAAATAAT
AACAATATTTGCTAAAGGTTTTTTTTTCATTAAGCTTTTTTCTTTACGGCAACATTGGTATTATTTATGGAATTTATTAAAAATAATTGAAATGT
ATTTTTTAGATTGAAATAGGAACGCTCTTTTTTAAAAATGTTTTGTAGATATACTTAAAACTTATCATTATTTTATAGTAGGTAAAAATCGTTCG
TATACGATATTTGGATCATGTTTGTCCTCTCTAGTGGCTGATGGACTGTCAAAAAAGTACCGTTACTTTAGGGTTGTTACAGAGAGCACTAACTT
ATAAATAGTTAATACTATAATCTATGTGCTTAATGTCGTAGTTACAATGAGCTTGAATTTATATGAGAGCAACATCCTTAATTCCTGCTGGAAAG
CGGGAGGGCGCAAACCGAGGAAATCGGCATTTGGCCAACTTAATCGAAATGAGATCGCTGATGTGGATGTAGTCGCCTGCTGGTAATTAAATATT
AAATATAATGAATTTTTTTAACATTTCATTATATTCAATTGTTTTCAACATTTATCTACATTTCAGCAAGCAAATCACCGAATTAATTGAGGAAA
ATGCATTAAGAAAACGCCAGAAACGATCCAATGTTTTGGCCGCAAGAAACCGGCAAAATGTTATTTTCAAGGACATTTCCCGCTTGGTTTTTGGA
GTTGCGGATATTTTTAGATGCCAAGTGGATCTACTTTTGGGTAAGTATTAGTCCGAATATTACGTAACATTGATATATAATCACGAATTCTTACA
GGGGACACGAAGGTATTACTTGACCAATGTACACGTACCAACTTGGATTACGTTCTCACCACAACAAAATCCGTAGTGGTCAACAAATCAGAGAT
TCGAATCCAACGCAAAGGAAAGCGGGTGATCACCAAGAAATCTAAAGTAACAGTATCAAAACGTCCCAGACTGCAGGAATCGGATCTATTGGATG
AATTCTCACATGAATACTACGAGAAGATGCTATCCGAATGCCAGATGTGGCAAACGGAGTGCACACAACAGGTGGTGGAGGACCTGAACGAGGTT
AGTCGTCAATATACTGTTGGACTGCTTCCTTATATGATTTCATTTTTCGCAAAAAGTCTATTGAACAACCCCGGAGTTGCACTCAGTCAAAGTCG
TATCATTCCATTACAATCACCGAAGAGATTGAACTTCCCGAAGATCATAGCTTAATTATGCCATCAAATGGTTTTGGCGAAGCCGAGGGCGCGGA
CTTAACCATTTTTCAAGAGCTTTACCCCAAAGATGGCACACGGAACTCACGTAAGAATTCTCAATTCAATTGAAAATGTAATAAACTATTTTTTT
GTATTATAGTAAAGCGACACTCAATAGCTCAGGATCCAACTGACATCTTACCGGATAAAATGCCCAGATTGGATGATTGCGATGTTTTCCAAGCT
GACAATGCTATCATGACCCAAATCTTTCCGCATAACATTGAACCAGCTGAAGTAACTCAGATAGTTTGTGAACCGTCGTTGCCATCCGTTTTAAA
TTCTTTTGGAGAAATAACATTTAGCCACCCGAAAAATCGGAAAAGAAAGCTAATAGTAGACAAACGAATTGAATACACCCGGGAGCAGCTGGTGA
AGCATAGACAGAAATATATGGAAGAATACCTTTCAAGGAATGTGATAGTGCCAAAATCCTCGGATTTACGGAAACCCCCTAAGGAACTTCTCTGT
AAACTGTATAATAAGTAGGAGCCTTATACATTTTGCTATTTAAAACTTTTTAATTTTTTGATGTAGTGTAAGTTTTTTAGCTCTTCATAACCACT
CCGGACCTAAGCTCAGTAATGAAGAAAAGGAATTCGAGGCAGAAAACACATTGAGAACCATATTTGGCTGCGAGTTTACCGAGAATCTTTCTAAA
GAGATATTTGTGCGACCATCGCAGGCTACAAAATGTAGGGATAAAGCGGCACATATCTATCAGCCCGAACCGCTTGAAGTGGAAGACTGTGTGCA
ACCTCAACTTCAGCCACGTGATGATGTAAATCAGAATTATCATAATGAAATGAATGAGCACGGCATATACCGTGAGGATAATCATGATGGTGAGT
TCAGCCAATGTTTACAACATGCTATCGTAAATAAAATATAATCTCATTGCAGATACCTACAGCGTAATGATGAGTCTCTTAAGCATTTGGCGTAA
TAATCCGAAAATCACGGGAATCGATGCCATTGATTTTATAAAAACGTTTGATAGTCGCATCAAGGCTTCGTTAGCCTTTCTCCATTTGTTGTGTG
AGTTCGAAAAAGAACAAAATGTGTGTTGGAAATAACGTATAGCTTAAATTTCAGATCTTGTTCGAGACCATTTTATAGAGATATCAAAGCGAGCT
AATTCGCTGGAAATGTACCAAATTACTCTTGGCAAAGAGTCCGCTAAGCTAATAGACAATCTTATGCTGAGTGAGACTCTGTGAATATTTTTAGA
TAATTTTTTTCAAGATTACCAAACAACTTTGTAGTTGACAATCTTCCACATTTTTGTTGTTGTTTTGTTTTCTGTTATTGCTATTGTGTTATAAC
ATATAAGTTGAGCCAATCTCTAACCTAGATGGCTTTAATCTACTCTTTTTCCATACAATCTTATGGTACAATTGAGCAACGATGTCCTGGATAAT
TCGTTTCATTTCAAGAATTGAAAAATTCTATAGATGTTACTTGTTGCTGTCTATAAAAATAGTTTTTTTTTCATTATCATATTAGTTTCGTGTAC
CCATTAAAAGTTGTTTGTTATCTTTGTTACTATTACGTTATCGTAGCTATAATTCATTAACATTTGGAGTAATTCTCTAAACCGTAATTGTTGTC
TTTGTTACAAAATCTCAATTTCTCTGACAACACCAAAAAATAAACAAGTTACAAAAACAAAGGAATACAGAGTGTTTGGCACAATTGCTTAAATT
CCGATCTGCTGGGCCAGACCCGAATAGATGTGCAGCGTGCAGAATCCAATGACGGCCGCCACCAGCGCTTTAACAGCCACCGTTAGCCAAGGTCC
AATGGTCAGAATGTGGAGCATGCCCTCCAGCCAGACGCCTTTGAAGACAGTCACCGCCAGAAGTAGACTAACCAGCGGCTTTAATGCCTTGTTCA
AATCGTGACGGGTGAAGAGCCAGATCAGGGTGGCCGTAGTGATGTGCTGCACCAGAAGCACGTTCGATTCCAGACACTTGAGGATGTAGATCCAA
CTGAACTCGGTGCCTCGGGCACCCACCCACAGCATGATACCTCGGGAAAGAATCACTTCGGCGGTGGCCCCTGCGGAAGTATACG
(SEQ ID NO: 451)

Exon: 1001..1222
Exon: 1302..1465
Exon: .1522..1802
Exon: 1862..2045
Exon: 2100..2484
Exon: 2537..2844
Exon: 2903..3075
Start ATG: 1092

Transcript No. : CT13940
AAAAAAGTACCGTTACTTTAGGGTTGTTACAGAGAGCACTAACTTATAAATAGTTAATACTATAATCTATGTGCTTAATGTCGTAGTTACAATGA
GCTTGAATTTATATGAGAGCAACATCCTTAATTCCTGCTGGAAAGCGGGAGGGCGCAAACCGAGGAAATCGGCATTTGGCCAACTTAATCGAAAT
GAGATCGCTGATGTGGATGTAGTCGCCTGCTGCAAGCAAATCACCGAATTAATTGAGGAAAATGCATTAAGAAAACGCCAGAAACGATCCAATGT
TTTGGCCGCAAGAAACCGGCAAAATGTTATTTTCAAGGACATTTCCCGCTTGGTTTTTGGAGTTGCGGATATTTTTAGATGCCAAGTGGATCTAC
TTTTGGGGGACACGAAGGTATTACTTGACCAATGTACACGTACCAACTTGGATTACGTTCTCACCACAACAAAATCCGTAGTGGTCAACAAATCA
GAGATTCGAATCCAACGCAAAGGAAAGCGGGTGATCACCAAGAAATCTAAAGTAACAGTATCAAAACGTCCCAGACTGCAGGAATCGGATCTATT
GGATGAATTCTCACATGAATACTACGAGAAGATGCTATCCGAATGCCAGATGTGGCAAACGGAGTGCACACAACAGGTGGTGGAGGACCTGAACG
AGTCTATTGAACAACCCCGGAGTTGCACTCAGTCAAAGTCGTATCATTCCATTACAATCACCGAAGAGATTGAACTTCCCGAAGATCATAGCTTA
ATTATGCCATCAAATGGTTTTGGCGAAGCCGAGGGCGCGGACTTAACCATTTTTCAAGAGCTTTACCCCAAAGATGGCACACGGAACTCACTAAA
GCGACACTCAATAGCTCAGGATCCAACTGACATCTTACCGGATAAAATGCCCAGATTGGATGATTGCGATGTTTTCCAAGCTGACAATGCTATCA
TGACCCAAATCTTTCCGCATAACATTGAACCAGCTGAAGTAACTCAGATAGTTTGTGAACCGTCGTTGCCATCCGTTTTAAATTCTTTTGGAGAA
ATAACATTTAGCCACCCGAAAAATCGGAAAAGAAAGCTAATAGTAGACAAACGAATTGAATACACCCGGGAGCAGCTGGTGAAGCATAGACAGAA
ATATATGGAAGAATACCTTTCAAGGAATGTGATAGTGCCAAAATCCTCGGATTTACGGAAACCCCCTAAGGAACTTCTCTGTAAACTGTATAATA

ATGTAAGTTTTTTAGCTCTTCATAACCACTCCGGACCTAAGCTCAGTAATGAAGAAAAGGAATTCGAGGCAGAAAACACATTGAGAACCATATTT
GGCTGCGAGTTTACCGAGAATCTTTCTAAAGAGATATTTGTGCGACCATCGCAGGCTACAAAATGTAGGGATAAAGCGGCACATATCTATCAGCC
CGAACCGCTTGAAGTGGAAGACTGTGTGCAACCTCAACTTCAGCCACGTGATGATGTAAATCAGAATTATCATAATGAAATGAATGAGCACGGCA
TATACCGTGAGGATAATCATGATGATACCTACAGCGTAATGATGAGTCTCTTAAGCATTTGGCGTAATAATCCGAAAATCACGGGAATCGATGCC
ATTGATTTTATAAAAACGTTTGATAGTCGCATCAAGGCTTCGTTAGCCTTTCTCCATTTGTTGTGTGAGTTCGAAAAAGAACAAAATGTGTGTTG
GAAATAA
(SEQ ID NO: 452)

Start ATG: 92

MSLNLYESNILNSCWKAGGRKPRKSAFGQLNRNEIADVDVVACCKQITELIEENALRKRQKRSNVLAARNRQNVIFKDISRLVFGVADIFRCQVD
LLLGDTKVLLDQCTRTNLDYVLTTTKSVVVNKSEIRIQRKGKRVITKKSKVTVSKRPRLQESDLLDEFSHEYYEKMLSECQMWQTECTQQVVEDL
NESIEQPRSCTQSKSYHSITITEEIELPEDHSLIMPSNGFGEAEGADLTIFQELYPKDGTRNSLKRHSIAQDPTDILPDKMPRLDDCDVFQADNA
IMTQIFPHNIEPAEVTQIVCEPSLPSVLNSFGEITFSHPKNRKRKLIVDKRIEYTREQLVKHRQKYMEEYLSRNVIVPKSSDLRKPPKELLCKLY
NNVSFLALHNHSGPKLSNEEKEFEAENTLRTIFGCEFTENLSKEIFVRPSQATKCRDKAAHIYQPEPLEVEDCVQPQLQPRDDVNQNYHNEMNEH
GIYREDNHDDTYSVMMSLLSIWRNNPKITGIDAIDFIKTFDSRIKASLAFLHLLCEFEKEQNVCWK*
(SEQ ID NO: 453)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: BG:DS02740.10
FlyBase ID: FBgn0028525

Celera Sequence No. : 142000013384828
AAGACTCCGAAAATCCCTTTTGATCTCTGACAACTAAAAAATGTAAAACTATATCCACAAATTGGTGTTTTAAGCCTAACAAATACTAAAAAATC
TATTTTGCATCGGCCGGGAATCGAACCCGGGCCGCCCGCGTGGCAGGCGAGCATTCTACCACTGAACCACCGATGCTTATGACTCTTTTGAAACA
ATTCTGCTGAAGATTCTACAGAAGTCTCGTTCTTATGATCATTTGGGAACTAAGAGTATCTGATATCCCTCCCCTCATCTGACTCCGTGGCGCAA
CGGTAGCGCGTCCGACTCCAGATCGGAAGGTTGCGTGTTCAAATCACGTCGGGGTCAATGCATTCGTTTTTTTGTCCACATTTCCGATGGAAACC
TAACGTTGAATGGTTTGACCTTGACAACAAGTGGGTCTACAAAAAATAAATGTAGTTAAGATATGCATGCGAGAGATGTTTTTCATTTTTTATTT
TATAGTATCCGATAATATAGATATATTTGAATTGTACATTAATATGCGTGTACCTAGAATCTGCGCATTAGAAACAATTTGAGTGTTAAATATAC
TCTTAAAACTAAATACATAACAAAATAATAAACATTTCAAGTTTTGCGATTGCTGATTTGTTTATGATTGGGCTTCTACTCCCCCACAAGCTCCC
CTGTCAATTTCCTGTCCATACAATCCGTCTCCTTTGCTAATTATTTGCTATAACTGTGTGTATCTGTTGCTCCACGTTTTCGTTGGTAGTTGTGG
TTCCTATTGTACGACAATTTAAATCACTCGAATTTAACTGAATCTCTGGTTTTAAAAGCGTCCGGTTCAACCCCCACCCCCCTCGTCAAAAATGC
TACGTAATCTCAATTTAAAAACGGTAAAATGTTCGCATGTATGGAGTTACACTAAAGTTACTTGATAAGGAAAATCATAAATTACAACTCATCTT
GAATTTGCTCAATAATAATAAGTTTGTTTCTCATTTGATCTGTCTGTCGCCTAAGGATCAGCTTCGGCTACGACATCGGCGGAAGCAGCAGGGGC
TATGGGTTCCTCCGCGGATGGAGCCTCCGTTTGGAGTTCAGCCGGCGGCGCTGGAACCGATTCCTCATGGGGCGCAGCCTCGGTTTCAATGACTG
GCGGCGCCGGCCGGGGCGGAGAACCTTGAGGTTCTTTCGGGGGCTGAGTTGGAGTCTGTGGAACTGCTGGCGGTGGCAGCTCGTCATAAAGGGGC
GTGCAGGCGGCTGAAGTTTCTGTTTGTGATTTCGCAACCAAAGGATCGCCGGTCACGTCGGCTGGCTTTGCGAAGTTTTCATTCTCCGCCGGCAG
CTTTTCTTGCGGAGGACTGTTAGCAGACTGAGATGCTCGTTCGCCTGGCTTCTGGGCCTCCATTCTCGCCTCATAGTCTTGAAGTTCCTGATCCC
AATCCTCCTCGGTGTCCACTCTAGTGGCCGCAGCCGGCGCACCGGTGTTGGTGCTACCTAATTCGGTTTCAACGTTTTTGGGCTTGGGTTCCGTC
TCCGAAGCCGCCTTGTTGCCTTCATCCGTCGAACTTATTGAGTGGCGGTTGCTGTCATCTCGCGATCCCCGCCTGTTTCCGAATCCCGGACGTTC
ACGATCCTCTCGCGGTCCTCCGCGTCCGCCCCGTGAATTGTTGCCACGACGGTCGTCCATCATTTCGCCTCCACGCTCGCCACGGAATCTATTAC
CGCCTGGCCCACCGGGACCACCACGCCGCTTGAAGTTGTTTCCGCCCTCGTCCTCATCGTCGCTCCAACGTCCGCGACCTCCAGGACCGCCACCT
CCTCCTCCGCCCACGCCGCGAACACCGCCTCCACTTTGACCTCCACGTCCTCGTTGGTTGTCATTGAAGGGATTCCGAGGATTAAAGAAACCTGA
AACGAACGTTAGCATAAATTGCACAAATTAGTTTACATAAAATGTTCCTTATATAGTTGCAATAAAAAAAAAATTAATAAAGTTAAATTAATTAT
TATTTATATACACCTGGTAAACATAATATTTACACGCATAAAAAAGATGCCACCAAATTCTATTATCGTTTTTTCTTCTTCTTTCGTCTTTGCTT
CAAATTCCCACGATTCTCACCTGGTCCCTGCTGACGTCCGCCCGGACCACCGCCGCCGGTTCCAGCACCGCCGGGTCCACCACCGCTGGGTCCAG
CACCACCTGGCCCACCTCCTTGGTTGCGCATAAACATGGGCCCAACGCCGTTGCCACCGTTACCAGCTGGTCCACCCATGCGCTGGTTGAAAGAA
GCCGGCGGCGGGATGCGCATCTGCATCAAGCTGGTGGGCTGATTGAACCGATTGTGATTCATGTTGGGCGGGAAAAAGTCGCCTCCGGGGCCTCC
ACCGTTATGGTTTCCACGCGGTCCCATTCCTCGTGGTCCACCCGGTCCACCGCGATTATCAAAGTCTGCAATGCGTTTTAGTTTAGTGAGCTGCG
AAGATTCGTACCATTTATGTCGACTCACCCATAAAGTCCGGTCTTGGCATACCGTGCTCAATGGGATTAAGGTTCAGACGCGCTCGTGCCTCGTT
AAAGGCTGCGTTCGGTCCGAGTCCAGATCCCGGACCACCACCACCTCCTCCATTTTCGGCGCGCCAGCGTTCTGCCGCTTCAACGACATCATCTC
GTCCGCCCCAGCGCGAGTTGCCCGGTCCCCTGGAGCGATCCCTATTATCCCGATCGCGCTCCCTGTCCCGCTGCTGGAACATCTCGTTGGCCATG
GCCGCCGGCGATAGGTCCACATTGCTGGGCGACGGATTAAAGTTGGCTTGCTGTTGCGGCGGCAGAGGTGGGGCGTCTTCCAGGTCCATTTCAAT
GTCCATTTGATCATCGCTCACGTTGCCACTATTGCTAATCTGCCCACCGCTCGGTATGGGTGGCGGCACAGCTCCAGGCGGAGGAAATGGAGCTC
CCGGTGGCAAGGCCATAGGATGTGGTGGTCCCCCAATGCCTGCAGGAAAAAAAATTAAAATTAAAGCTTGAAGTTCAATTTTACGAGATTATTAT
CTACCTGGAAAGCCAGGAGGCATCATTGTCGGTGGCATCATCATTGGAGGAGGCATGTTGGTCGTTGGCATCATCATCGGTGGCGGCATATTTGT
TGGCGGCATCATTATGGGCGGTGGCATATTAATGCCCATGGGTGGGGCCATCGGAAATTGTCCCCTTACCATACCCATGAGCCCCGGAGGTGGGG
CTCCCGGACCCGGTGGAGGACCCACTGGGCCGACTGGACCAACCGGTGGTGGTTGGGTTGTATCGATACCAAATATCAGATTTGGCGGTGGAACA
CCAACACTTGGCGCACCAGCTGCCTCCGCAATGGATGCACCCTTGTGCTCCTTGGCAGCATTCTTGGCCTGGTTAATCTTCTGCTTCATTTGGAT
GGGCATAGTATCTTCGTCGAACATACCACCCTCCTCCAGCGCGTCGAAGTCCGTATCCGAACTGAGTTTGGACCAAGGAATGTAAGTAACACCCA
ATTCGAGGTCCCAGTAGTCCTTCCACTCCTTGCTTTTCACACCCTTGCCGGCGGCCCATGAAATGGTGATGGCTCGTCCCTGCAGCTTGTGGTTC
TTCAGAGCTTGCATCGCCTTGTGGGCGTCTTGGCGTCGGTTCATTACAATAAAAGCGCATCCACGCGGCACAATCTGATCGATGCTCACTATATC
GCCATATTCGCCAAAGGTATCGGACAGCTCCTCCTGGTAAACAAGCTTAGACAGGTGGCCCACCCACAGCGTAGTGCTGCATACTGAAAGCAAAA
GCATTGGAATGCCGCATTAGTTTTTGGTGTCTGAACATGTTGTCAATATGCCCATTTGCCTTGTTGAGGTGTGAGTGCCACTGTTGGGATAGTGT
TTAGAATTCCTTATCCTTAAGTATATTTACCAAGATTTAAACTATGATCTATGTACTTCATTAAGAAGCCAGTTCTTGGTAATTAAGCTTAAGTA
TATATTAGTGTAGAACACAACGTTTGTTTGCATCCTTATGTATATGTAATCGGGTCTCAAAAAATATTGCTCGAAAACGCATATTATATA
GGGGGATATTCTAAGATCAAGAACCACTAAAGCTAAACACACACACGTCAACCGAGCCAAAGGAGCTGCAGAGAAAAGGAAGTAAATCTTTAGGA
TTATCAAAAACAAAAACAAAAAAAAAAAAAGAAGGAAAAACAGGAAAGCACACAATGCAAATGGATCTTAAGAAGCACCATCTTGTGGCCTTTAAG
ATCCATTTATCATTCCCGTCATAGTTACCACTGAGATGCTCCTTTTTGATGTCGGGCAATCCCTTCTTGCGCCGCTCACGCTCGTGTTCCCGATC
GCGTTCCTTGTCTCGATTGCTACGATCCATGCGATCCCGGTCCCTTGATCCGCGTCGCCGGCTGGACCGTGGTGATCGGCTGCGCGATCGGGAAC

GAGTGCCACGCCGACGTCGATCGTTGCCCGTGCCTCCTCCGGCGCCACGTCCTCGCGGAGATCTCGTCCGGCTGCGACTGTTCCGGCGACTGCGC
TTGTAGCGATCACGGTCGGGCGTCGGGCTGCGGGAATCGCCACCATCCAGATTGATCACCTATCGGAGATGGGAGTGTTTGCAAGAAATTTGAGA
GTGATACGTGATAAAAATTTTGTTAAGAATAAAAAAAAAAAGTTCAGTGGGATAGAGAGGATTCGGGATTAGTGGCTGGCCACAGGGCGAATACG
TTATTATCGACTCAATAAACTGCATTCTTTGGCGTGTGTTGACGTGTGGTTCTGTTTCGCTTTCGACTTTCATTCATCTAGTTATTTCGGACTAA
TTGGCAATTTGCGTTTTCGAGCAACATTTTTATTTACATATTAGGAACTTACCAAACGTTGTTCTAGCATCGGGTAACGAGTTGTTCCGCCGGAT
ATTATGTGGATTTTAAAACCTTACCTTTGGCTTCATTTGCATATTTTTTAAATATTTTACTATTGGTTCGACTTATTCAAATATTGGCAATTGTT
TTATAGTTCAAATATATGTTGGGGACATATAGATCGACTTATGAAACTGATTTAGGGTTTGCCCAAAAGCATCATCTTTTGATTTTAAACATTTT
TTTTACAACAAAATAAAATTTAATTTTAAATGGATTGGGAATTGAATTGTTTGCATATTCAAGATATATAGTATTAAAGTTATTGATTAAATAGT
GCAAGACCACCCCGTTACAACTAGTTGAATCAATTTGGATTCGAACACGCTAATATCCCATCAGCTATAACAACATATTGAACACATTTCCAGGA
TTAACTGCACGTCAGCACAAGGCAAATAGTATCACCCGTTTTACATCTAATATGTTTATACTTTAGACCAAAATTAATGGCGAAGTCTTGGTGAA
AAGCATACACAAGTCGGACCCCAGGAACTAAGATAGATTGGAAAAGTAGAAGGGTATACCTCTATGGTCTGTTGCTCCGATATGAACTCGACATC
CTTGTTAAGGTCCATGCTGTCGTTCATGTTCATGCCCATGCCCATGCCCGGCGGCATACCAGCATTTCCCTGAAAGCAAATCATAATGAAAATAT
GTACATCGTCATGAAATCATAAGATGTACCTTCATTACGTTCTGGAAATGCTGCTGCAGTGCCTCGTCCTGATAGCGATGCTTCTGGTTCTCCTC
CTGCGGCTTCAAATTTTGGAAGTTCTGCAGCGTATGGAGCTGCCGCAGCACATTCGGATTGTTTAGCAGCTGCTTGATCTTCTTCTCCTGAAAGA
GTTATTTAAAAGGTTATTCAAAATGGGATCGATCTAATGTGAGCAACAAAAGCAACAAATAGAAACTTAAGATAAACAAAACTATCTAAATGAAG
AGATGTGTTAATGGGGTTCGCCATACGTCTAACAGGTTTGAAGAAGTGGGCGGTGAGTCGTCGCCCATACAGTGGTGATCATCTGCCATCAGCAT
CTGCAGGCCTTCATCTTCTTCCTCGATGATCTCCCGCACCTGGTAGTCAATGTCGTGCGAGCTCTTGACATATTCCCGTTTGTGATGATGCGACT
TGCTGGTCTTCGACGAGCACGAGACCACCGACTGTCGTTTGGAATAGTGTTGCTCCGAGTAGTGACGCTTGGAGCTGCTGCTGCCACCGCCGAAC
TTCTCATGGCCCAGCTAGCGATTGGGCGAAGGGCAAAATGGGCGGTTAGTGGGCAAGACATGAGAGACAGAGAAATGTAAATGCAGCAGAATTGT
AGACGATGTTAGTTAAGCCATTATCCAATACTAGACACCTGTAGAAGCCTCAACCGAAAGCATCACTTACCGACAAGTCGGGCATGGCACCGCCC
ATCTTATCGTCGCCCCCGGAGCTGTTCATGCTTATCTCCATTCCGGAGCTGTTTAGACCGTTCGGACCGCTCGATATGTCCGCCAGGCTAAGAGC
ACCGCTGCTGCTGGGTCCTGGACCCACGCCGCCGCCCTGTCCTCCACTGCCACCCACCGGAGGCATCTGGTGGTAGATTGGGTGGTTTGGGTCGG
CCAGGTCGAAGATCGGCTGAATGACCTCGGACTTGAAGACGTTGTTTTTCTGCCACAGGTTCAGTACCCGGATGATGCGACTCTTGTCCTCCGGA
GCGCACCGGAACAAGTTGGCAAAGGTCTCCGTGAGATTACGCTGGAATCGGGGCGCGAACAGATCCTTGTCCATACCGTACTGGTGGCGCGACTG
GCGCACTATCGAGTCGATTACATACAGCCCGGGTACTTTGTACTCCGGCTTGCACTTCAAGATGAACTTCTCCACACTCTGGACGACGTGCTTAT
ACAGCTTGATGGCCCGCATCGCCGACTTGGTGATGGCGGCCATCTTCGCTTTGGAAATGGGCGGTCGGCTGTCATAGAGTCCGGAGAGCTAAGGA
GAAATATAGATGTTACAGTACGGCTATAGTTTACGGATATCTGGGACATGGAGTTATCGTTATCGGGTGCTGGCCAAAAAGCAACCCTGAGCGGT
GCTGTTCGGTGCTCTGCCTGCGCCTCCAGCAGGATCTGTATACCTCCCGCACATTGGACAATCCGAATACCGACTTCAAGCGGACATTGTGCAAC
CACGCCGGCTGCTCCATAACGAACCTCGTTTCTAATGCATCTATAGCTTACCTCATTGTTGAAGGCAACCACGGTTTCCATGTTCAATTGCTTGG
TTCACTCACGGCACGCACACACAATATTTAGTTTTGCATACTTTGGTTGGTCAACACAATCGTTTAAAACTGGCGAAAAACAATTTTCTCGACCT
TTCTGCGGTTTCCACGGCTTTTAAAAAAACTTTTTACAAAGCGTGAAAAAAATGGCTGCCCTAAAGCCTGAAGCGTTGCCAGACCTGTAAAGTTG
ACATTTTCAAGGCATTTCTGGAAATTGTGCTGTTAATGGCAGTGTGACCGTATGTGGTGCATAACGTTTCGGTATTAAAAAATTTTCCAAATATT
TATAAAAAATAAAACGAAATAGAATTTTCATTATGGAATCCAAAAGTTTCATATAAAAAAATAATGACAACAAAATAAAAATGACCTTAAATAAA
TTTAAATGAAATCAAATCTTCTTAAATGTACTACCTTTTAAAAATAATCGCTATCGGCGGTGTCGATCTTTTTAGCATTGTGTCGATGACAATAC
ATCTGGCAACACTGGTCAATATTAAACATATATTAAACAAATTAAAATGAGCTCAAACCACCGTCCTCTGGACGATTCGGATATCCTCCTAATAC
AAACCATCCGCGAGACGCCGTCGCTGTACGATCCCCAGCTGCCCTCCTTTCGGCTGTCGCAGCGCAAAGAGGAGGACTGGGCAAAAGTGGCGGAT
TTGCTAAACATCTCCATCTCAGACGCTCGGCGACGGTGGACGTGTCTGCGGGATCGCTATTCGCGGGAGCTTAAGCAGAAGCGCCTGCATCCGTC
CGGCGAGTTTGGTCACAATGACTTCTTTCGGAAGATGGACTTCCTGCGGGACTTTGTGCGCAAGAGACGCGAGCGCAGAGGACGCGAACGGGATC
GGGAACAAAAGCCAACCGGGTGGATGAAGGTTGATTTACAGCGACGGCGTCGTACCCGCCTGCCTATTGACACAGAGACCTTGATCGAGGAGCAA
GGTTCGCACGCCTACGATGAGGGCGAGGAGCAACACGACTACGACGCTAAGCTGGAGTCTCATACCACACAATCGGAGACGTATTCGGTGGTCGT
GGAGGCGGACGATGGGCAGGAGCCCGAACAGGAGAGCTTCGATGAGTTCCTGGGGGATGCGGAGTGCGAGCAAAAGGTCAAGGTGGTCACAATTC
ATCCGGAAATCGCTGCTCCGA
(SEQ ID NO: 454)

Exon: 7381..7177
Exon: 6928..6341
Exon: 5787..5635
Exon: 5579..5475
Exon: 4619..4304
Exon: 3788..3045
Exon: 2984..2499
Exon: 2440..2111
Exon: 1896..1001
Start ATG: 6883 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT13962
CTTTAGGGCAGCCATTTTTTTCACGCTTTGTAAAAAGTTTTTTTAAAAGCCGTGGAAACCGCAGAAAGGTCGAGAAAATTGTTTTTCGCCAGTTT
TAAACGATTGTGTTGACCAACCAAAGTATGCAAAACTAAATATTGTGTGTGCGTGCCGTGAGTGAACCAAGCAATTGAACATGGAAACCGTGGTT
GCCTTCAACAATGAGCTCTCCGGACTCTATGACAGCCGACCGCCCATTTCCAAAGCGAAGATGGCCGCCATCACCAAGTCGGCGATGCGGGCCAT
CAAGCTGTATAAGCACGTCGTCCAGAGTGTGGAGAAGTTCATCTTGAAGTGCAAGCCGGAGTACAAAGTACCCGGGCTGTATGTAATCGACTCGA
TAGTGCGCCAGTCGCGCCACCAGTACGGTATGGACAAGGATCTGTTCGCGCCCCGATTCCAGCGTAATCTCACGGAGACCTTTGCCAACTTGTTC
CGGTGCGCTCCGGAGGACAAGAGTCGCATCATCCGGGTACTGAACCTGTGGCAGAAAAACAACGTCTTCAAGTCCGAGGTCATTCAGCCGATCTT
CGACCTGGCCGACCCAAACCACCCAATCTACCACCAGATGCCTCCGGTGGGTGGCAGTGGAGGACAGGGCGGCGGCGTGGGTCCAGGACCCAGCA
GCAGCGGTGCTCTTAGCCTGGCGGACATATCGAGCGGTCCGAACGGTCTAAACAGCTCCGGAATGGAGATAAGCATGAACAGCTCCGGGGGCGAC
GATAAGATGGGCGGTGCCATGCCCGACTTGTCGGAGAAGAAGATCAAGCAGCTGCTAAACAATCCGAATGTGCTGCGGCAGCTCCATACGCTGCA
GAACTTCCAAAATTTGAAGCCGCAGGAGGAGAACCAGAAGCATCGCTATCAGGACGAGGCACTGCAGCAGCATTTCCAGAACGTAATGAAGGGAA
ATGCTGGTATGCCGCCGGGCATGGGCATGAACATGAACGACAGCATGGACCTTAACAAGGATGTCGAGTTCATATCGGAGCAACAGACC
ATAGAGGTGATCAATCTGGATGGTGGCGATTCCCGCAGCCCGACGCCCGACCGTGATCGCTACAAGCGCAGTCGCCGGAACAGTCGCAGCCGGAC
GAGATCTCCGCGAGGACGTGGCGCCGGAGGAGGCACGGGCAACGATCGACGTCGGCGTGGCACTCGTTCCCGATCGCGCAGCCGATCACCACGGT
CCAGCCGGCGACGCGGATCAAGGGACCGGGATCGCATGGATCGTAGCAATCGAGACAAGGAACGCGATCGGGAACACGAGCGTGAGCGGCGCAAG
AAGGGATTGCCCGACATCAAAAAGGAGCATCTCAGTGTATGCAGCACTACGCTGTGGGTGGGCCACCTGTCTAAGCTTGTTTACCAGGAGGAGCT

GTCCGATACCTTTGGCGAATATGGCGATATAGTGAGCATCGATCAGATTGTGCCGCGTGGATGCGCTTTTATTGTAATGAACCGACGCCAAGACG
CCCACAAGGCGATGCAAGCTCTGAAGAACCACAAGCTGCAGGGACGAGCCATCACCATTTCATGGGCCGCCGGCAAGGGTGTGAAAAGCAAGGAG
TGGAAGGACTACTGGGACCTCGAATTGGGTGTTACTTACATTCCTTGGTCCAAACTCAGTTCGGATACGGACTTCGACGCGCTGGAGGAGGGTGG
TATGTTCGACGAAGATACTATGCCCATCCAAATGAAGCAGAAGATTAACCAGGCCAAGAATGCTGCCAAGGAGCACAAGGGTGCATCCATTGCGG
AGGCAGCTGGTGCGCCAAGTGTTGGTGTTCCACCGCCAAATCTGATATTTGGTATCGATACAACCCAACCACCACCGGTTGGTCCAGTCGGCCCA
GTGGGTCCTCCACCGGGTCCGGGAGCCCCACCTCCGGGGCTCATGGGTATGGTAAGGGGACAATTTCCGATGGCCCCACCCATGGGCATTAATAT
GCCACCGCCCATAATGATGCCGCCAACAAATATGCCGCCACCGATGATGATGCCAACGACCAACATGCCTCCTCCAATGATGATGCCACCGACAA
TGATGCCTCCTGGCTTTCCAGGCATTGGGGGACCACCACATCCTATGGCCTTGCCACCGGGAGCTCCATTTCCTCCGCCTGGAGCTGTGCCGCCA
CCCATACCGAGCGGTGGGCAGATTAGCAATAGTGGCAACGTGAGCGATGATCAAATGGACATTGAAATGGACCTGGAAGACGCCCCACCTCTGCC
GCCGCAACAGCAAGCCAACTTTAATCCGTCGCCCAGCAATGTGGACCTATCGCCGGCGGCCATGGCCAACGAGATGTTCCAGCAGCGGGACAGGG
AGCGCGATCGGGATAATAGGGATCGCTCCAGGGGACCGGGCAACTCGCGCTGGGGCGGACGAGATGATGTCGTTGAAGCGGCAGAACGCTGGCGC
GCCGAAAATGGAGGAGGTGGTGGTGGTCCGGGATCTGGACTCGGACCGAACGCAGCCTTTAACGAGGCACGAGCGCGTCTGAACCTTAATCCCAT
TGAGCACGGTATGCCAAGACCGGACTTTATGGACTTTGATAATCGCGGTGGACCGGGTGGACCACGAGGAATGGGACCGCGTGGAAACCATAACG
GTGGAGGCCCCGGAGGCGACTTTTTCCCGCCCAACATGAATCACAATCGGTTCAATCAGCCCACCAGCTTGATGCAGATGCGCATCCCGCCGCCG
GCTTCTTTCAACCAGCGCATGGGTGGACCAGCTGGTAACGGTGGCAACGGCGTTGGGCCCATGTTTATGCGCAACCAAGGAGGTGGGCCAGGTGG
TGCTGGACCCAGCGGTGGTGGACCCGGCGGTGCTGGAACCGGCGGCGGTGGTCCGGGCGGACGTCAGCAGGGACCAGGTTTCTTTAATCCTCGGA
ATCCCTTCAATGACAACCAACGAGGACGTGGAGGTCAAAGTGGAGGCGGTGTTCGCGGCGTGGGCGGAGGAGGAGGTGGCGGTCCTGGAGGTCGC
GGACGTTGGAGCGACGATGAGGACGAGGGCGGAAACAACTTCAAGCGGCGTGGTGGTCCCGGTGGGCCAGGCGGTAATAGATTCCGTGGCGAGCG
TGGAGGCGAAATGATGGACGACCGTCGTGGCAACAATTCACGGGGCGGACGCGGAGGACCGCGAGAGGATCGTGAACGTCCGGGATTCGGAAACA
GGCGGGGATCGCGAGATGACAGCAACCGCCACTCAATAAGTTCGACGGATGAAGGCAACAAGGCGGCTTCGGAGACGGAACCCAAGCCCAAAAAC
GTTGAAACCGAATTAGGTAGCACCAACACCGGTGCGCCGGCTGCGGCCACTAGAGTGGACACCGAGGAGGATTGGGATCAGGAACTTCAAGACTA
TGAGGCGAGAATGGAGGCCCAGAAGCCAGGCGAACGAGCATCTCAGTCTGCTAACAGTCCTCCGCAAGAAAAGCTGCCGGCGGAGAATGAAAACT
TCGCAAAGCCAGCCGACGTGACCGGCGATCCTTTGGTTGCGAAATCACAAACAGAAACTTCAGCCGCCTGCACGCCCCTTTATGACGAGCTGCCA
CCGCCAGCAGTTCCACAGACTCCAACTCAGCCCCCGAAAGAACCTCAAGGTTCTCCGCCCCGGCCGGCGCCGCCAGTCATTGAAACCGAGGCTGC
GCCCCATGAGGAATCGGTTCCAGCGCCGCCGGCTGAACTCCAAACGGAGGCTCCATCCGCGGAGGAACCCATAGCCCCTGCTGCTTCCGCCGATG
TCGTAGCCGAAGCTGATCCTTAG
(SEQ ID NO: 455)

Start ATG: 251 (Reverse strand: CAT)

MAAITKSAMRAIKLYKHVVQSVEKFILKCKPEYKVPGLYVIDSIVRQSRHQYGMDKDLFAPRFQRNLTETFANLFRCAPEDKSRIIRVLNLWQKN
NVFKSEVIQPIFDLADPNHPIYHQMPPVGGSGGQGGGVGPGPSSSGALSLADISSGPNGLNSSGMEISMNSSGGDDKMGGAMPDLSEKKIKQLLN
NPNVLRQLHTLQNFQNLKPQEENQKHRYQDEALQQHFQNVMKGNAGMPPGMGMGMNMNDSMDLNKDVEFISEQQTIEVINLDGGDSRSPTPDRDR
YKRSRRNSRSRTRSPRGRGAGGGTGNDRRRRGTRSRSRSRSPRSSRRRGSRDRDRMDRSNRDKERDREHERERRRKKGLPDIKKEHLSVCSTTLWV
GHLSKLVYQEELSDTFGEYGDIVSIDQIVPRGCAFIVMNRRQDAHKAMQALKNHKLQGRAITISWAAGKGVKSKEWKDYWDLELGVTYIPWSKLS
SDTDFDALEEGGMFDEDTMPIQMKQKINQAKNAAKEHKGASIAEAAGAPSVGVPPPNLIFGIDTTQPPPVGPVGPVGPPPGPGAPPPGLMGMVRG
QFPMAPPMGINMPPPIMMPPTNMPPPMMMPTTNMPPPMMMPPTMMPPGFPGIGGPPHPMALPPGAPFPPPGAVPPPIPSGGQISNSGNVSDDQMD
IEMDLEDAPPLPPQQQANFNPSPSNVDLSPAAMANEMFQQRDRERDRDNRDRSRGPGNSRWGGRDDVVEAAERWRAENGGGGGPGSGLGPNAAF
NEARARLNLNPIEHGMPRPDFMDFDNRGGPGGPRGMGPRGNHNGGGPGGDFFPPNMNHNRFNQPTSLMQMRIPPPASFNQRMGGPAGNGGNGVGP
MFMRNQGGGPGGAGPSGGGPGGAGTGGGGPGGRQQGPGFFNPRNPFNDNQRGRGGQSGGGVRGVGGGGGGGPGGRGRWSDDEDEGGNNFKRRGGP
GGPGGNRFRGERGGEMMDDRRGNNSRGGRGGPREDRERPGFGNRRGSRDDSNRHSISSTDEGNKAASETEPKPKNVETELGSTNTGAPAAATRVD
TEEDWDQELQDYEARMEAQKPGERASQSANSPPQEKLPAENENFAKPADVTGDPLVAKSQTETSAACTPLYDELPPPAVPQTPTQPPKEPQGSPP
RPAPPVIETEAAPHEESVPAPPAELQTEAPSAEEPIAPAASADVVAEADP*
(SEQ ID NO: 456)

Classification: RNA_binding

Celera Sequence No. : 142000013384826
GTTTTCCCGGCTCTGTTTTCACAATGGGCTTGAGTGGCTTCACCTCCGGCATGACAGCGTCTATTAGAGAGAGTCCTTCAATGGGTCGCGCCACC
TCGCCGTCTTCGCCTACGCTCCACTCCACTTCAGTGTACAGAAGACCCTTCTGCAGGATGGTGAGCAAAGCGGCAGGTGGAACCAATGCGCCATT
GATATTACTTTGCGAGATGTGTGACTCAATGCCAAACACGTAGGCCGAGTGCAGAAAGCCTAGAAAACGGGATTGCATGAGATTAGGGCGGGCTG
TTATCTTGCGATTGGAGGGTTTTACTCACCCGACTCCTGCAGGTATCGGTAAACCAGAAAGTTCACCTCGTCGCTGGAAAAACTCATGACGGAAC
GCGGTTGGCTCCTTCTCCTACTACTAGCGCACTCCAAAATCCACTCCTATCTCCAATGCCAATTATGTTTTTACGGTGCGAAAATCGGAACTGTG
CTGCGTAACACATGCGTCTGCATTCGGCACGCTTATCACTTCGGCGCAAGCCACGGTATCCGGTGCTACTCCTGGTACTTGGATCGATCTGGTCG
GTCCTGTGTTTTCAATTCTGCCAGTTTGCTGCTTGCCGCAAGAGCACTTCACATATTTTTTCCACAAATAAAACCGAGGGATCGAAAACGCGTTT
CTGAAACGCGCAAAAAAATGGCGGAGTAATCTCAAGGTGTGCGCTGCGAGAGGTTGCGCAGCCTTGTGTTTTGTGACGTCACAAGTTTTGACAAC
AACTTAATCAAATTTGAGTCATATTTTTGTATTGCACCAAGCGTTACCTTAAAGGATAGAACGGAAATTTATTAGCCATAAAAACAATTAAGAAG
ATATTTTTGGATTTCTGCTTGGAGCAAAAGGTAAAAAATTCTTAAAGCGAATTGTCGTCTCTCTTCGTCCATCCCTGTGTACCCATCCCTCGAAG
TAATCATTGTATTTCAACCCAACGCTCTACTGGTCACACCAATCGTTCCACCCGCGCCCGCTAGATGGCTCCACTCTTAGGCAGCGAGAGCGAAG
AAAAATCAATAGAAATTTTCATTTTAGTGAATTGCCCTGCACTTGGTAATAGTTAACAAACAAATTAGCGGCAAATCAGCGAGGCGAAGCTCCAG
CGAGTTGGAGTTCCATAAAGTGCAACACGCAGGGTCAAACATTCCGCAGCCAACACCCCGGATTCCGATTCCAAGCGAAGCCAACTTCAGAAGTC
AGAGATTACTCTCTCTGCTCCGCCACAGAAATTCCGCAACGCTAACCGATTTTGTCCGCTGGCGAGTAAAAAAAATCGGAAAAGTAAGCTCAAAA
AAAAAGAACAGCTAACATACGCCCATTAATGTTTTTGGAGGCTTCTTCGGTGCTTTTTTTTTTGGGCAAAACGCCCTCGTCATCCAGCGGTGAAA
AAAGTGACGTGACATGAAAGCAAAGAAAGAAGAGAACCGAAGAGCGCAGTGAAAAAACAGAAAATAAAACGAAACGGAAAGCAAAGTAAAAAGTAT
ACTACAGAAACAAAAGCCGGTGGTCGCGCAAATCCAAATAATAATGCCCAAGTGCACATCGACTTCGCCAGGCGATAAAAAGTGGGCGAGCGAGG
TCACAGAATCTTTATCAACGGGCAAAACGCTGCCAAGTTGAAAATAAATCGGTTGCCAAAAATGCGGGGGTACACTCTACTTCCACCAGAAAATG
TCAAAGTTCGCCAGCCATTGGGTGCACTGGCCGGAAAATCAATCACGTAGTCCACTATTTACCGTTTAAAAGTTCTGAGTTTATTAAACATTGGA
TTTTTTATACATATAAATCGTTATCAGCGCTTGATGCTCAGTGAAATGTGTGGTGCATACATATTTTGTGGCGTTTTCGTTATCAAAAGTAAAAC
TGCAATACGGACTTTCAAAATAGAAGCTGTATCAATGTGTTGGCATGCACAATAAGCTACTCCCTGGCTAAATACAAATTGTTATCCAAAATACC
TTTTGTTTGAATAATATACGTTTGTTAACACAAATACTAAAACGTAATCATAATACTAAGTTTTCCCATTCCCACAACCCACAATAAATAGAGTA

TCGTTTCCCCTTTCAGGTCCCAAGGAACGGCCGAGATCCAATCGAAGTAAAAAGAGCTTTGCAGAACCAGAGCGGAGAGCAACTATATATCTTAG
GGTCCGACGTCGAGTTCGAGCGATAAGAACGCCTCGAGACTCGGCCGCCATCCATTGACGATTTTCTTGCGCCCCCAGTTTGCATAAAACCAGCG
AAAATTAACAAGCTAACTACCATGGCGCCGGTGCGGGGGGATGGCATGAGAGGCCTGGCCGTCTTTATATCGGATATAAGGAACTGTAAGTGCAG
ATCTCTTGGGTAACCAGCATTAAATCCAATTGAGCGGGTCGCAACAAGAGATTTTCCATAGGGGCGGAATCAGCGCCATTACTTGATCAATTACC
AGGAGCAGCGCACTGACAAAAACGTGGGGCGGTACAAAAACGCAGGAACAGTAAGCTCTCTGCCAGATGAATTACAAAATATTGGCTACTTTTCT
TCTCCATTCCTATGTAAATGTTTTCGTAGTCGTTACATTAGAAAGATATGAGAAAGTTATATATATAGTTATATATATGGGTACAACACAGCAAA
TAGTTATATCAATGTGAATCGGTTGCCTCTCAGTATTAATAAATACTTACAATTTTGATAGTTTGATGACTTACTGTAGTACTTCGAAGCGTGCA
TATGTGTGTGCGCAAGAGTCCGACGCTTCACTGTATGGTATTATTATCACAGCTCGTTGTTTGCTGTATGCTCGGTTACTAGTTTCTGGTTTGTG
GACAACATATAGGAGAGCAGAGGTTCCGCTGCGGATCGGTGACTGGTACTAATTGACGCCTATGTGAATCGGAGAAAATCCGCGACATGGAGAGA
GCTGAAGGGTGTGAAGTCGTCTCTCCGATCGATCAATCGCGGGGTGGAAAGGAAAGCGAAGCTTCCGCAGACGAATCACTGTTGTTTTACTGTGA
ATCTCCCTTATACCCGCATAAGACACAAATTTCTATACTAATATTCACCCATTTGCCCACAGGCAAAAGCAAAGAGGCCGAAGTCAAACGCATAA
ACAAGGAGTTGGCCAATATACGAAGCAAATTTAAAGGAGACAAAACCCTCGACGGCTATCAGAAAAAGAAATATGTCTGTAAGCTGTTATTCATA
TTTCTCCTCGGCCATGACATCGACTTCGGGCACATGGAGGCGGTCAATTTGCTGTCCTCCAACAAATACTCAGAAAAGCAGATTGTGAGTACCCC
AAAAAATTGCTTCAATAATCATTTGTTTATTTAGCGAGTCGAAATAATTGAACTGAAAGCAGACGACTCTGCTTGTGGGAAAAGGGAATTTCATT
CAATTAAATTTAACTTGTCGTTGTTTGAAGTTTGATAAAAATAATTAAAAAATTGGTTTTTTAAATTTAATGTTACTGATAAAATCTGTTTTTTG
AACTTTAGGGTTACCTTTTCATCTCAGTGTTGGTGAACACCAACAGCGACCTTATTCGGCTGATCATCCAATCTATAAAGAATGATTTGCAGTCG
CGTAATCCTGTGCACGTTAATCTGGCACTACAATGCATTGCCAACATTGGAAGTCGGGATATGGCCGAGTCCTTTTCCAACGAAATACCCAAGCT
ACTCGTCTCGGGCGACACCATGGACGTGGTGAAGCAGTCGGCGGCGCTATGCCTGCTCCGCCTGTTCCGCTCCTCGCCGGACATCATTCCCGGTG
GTGAGTGGACTTCGCGCATTATCCATTTGCTCAATGATCAGCACATGGGAGTGGTCACAGCGGCCACCTCGCTGATCGACGCCTTGGTGAAGCGC
AATCCGGACGAGTACAAGGGTTGTGTTAATTTGGCTGTTTCACGCTTATCCCGGATCGTAACAGCCAGCTACACGGATCTTCAGGTACGATTTAA
TGCATTTTTTAAGGTAAGAAACTTCTAATTACTAACTAAATTCGCATTGCAGGATTACACATATTACTTTGTGCCGGCTCCATGGCTATCGGTGA
AACTTCTGCGATTGCTGCAAAACTACAATCCAGTGACCGAAGAGGCCGGTGTGCGGGCCCGCTTGAATGAAACTTTGGAGACGATTTTGAACAAG
GCGCAAGAGCCGCCAAAGAGTAAGAAGGTGCAGCACTCTAACGCAAAGAACGCCGTGCTCTTCGAGGCCATCAACCTGATCATTCACAGCGACAG
CGAGCCGAACCTTCTTGTCCGCGCTTGCAACCAGTTGGGACAGTTCCTTAGCAATCGGGAGACCAACTTGCGCTATCTGGCTCTGGAGTCCATGT
GCCACCTGGCCACATCGGAGTTCTCGCACGAGGAGGTGAAGAAGCACCAGGAGGTGGTCATTTTGTCAATGAAAATGGAGAAGGACGTGTCCGTG
CGCCAAATGGCGGTGGATCTTTTGTATGCCATGTGTGATCGTGGTAATGCCGAGGAAATTGTTCAGGAGATGCTCAACTATCTGGAGACGGCCGA
CTACTCTATTCGTGAGGAAATGGTGCTCAAGGTGGCCATTCTTGCCGAGAAGTACGCCACGGATTATACCTGGTAGGTGTTCTCTTTTTTAGCTT
GTGCTTAAAAGTCTATGTGCTTTATGACAACCGCTATATTACCAGGTATGTGGACGTTATCCTCAATCTAATTCGCATTGCTGGCGACTACGTGT
CTGAGGAAGTATGGTACCGCGTCATTCAGATCGTGATCAATCGCGAGGAGGTTCAAGGCTATGCCGCAAAGACTGTTTTTGAGGCGCTACAGGCC
CCTGCCTGCCACGAAAACATGGTTAAAGTGGGCGGCTACATCTTGGGCGAGTTTGGCAACTTAATCGCCGGAGATTCCCGCTCAGCACCACTGGT
ACAATTCAAGCTACTGCACTCCAAGTACCACTTGTGCTCGCCGATGACCCGGGCCCTTCTTCTGTCCACGTACATTAAATTTATCAACCTCTTTC
CGGAAATTCGTACCAATATCCAGGATGTGTTCCGCCAGCACAGCAATCTTCGATCCGCAGATGCGGAACTGCAGCAGCGAGCTAGCGAATATCTC
CAGCTTAGCATAGTGGCATCGACAGACGTTTTGGCCACCGTCCTGGAGGAGATGCCATCGTTCCCGGAACGCGAGAGCTCAATTTTAGCAGTGCT
AAAGAAGAAGAAGCCCGGCAGGGTGCCGGAGAACGAAATTCGCGAGTCGAAGAGCCCGGCACCCCTGACTTCTGCAGCGCAGAACAACGCCCTTG
TGAACAATTCACATAGCAAGCTGAATAACAGCAACGCAAATACGGATCTGCTTGGATTAAGCACTCCGCCATCAAATAATATTGGCAGTGGTAGC
AATAGCAACAGTACGCTCATTGATGTTTTGGGCGACATGTACGGCAGCAATAGTAACAACAACTCAAGTGCCGTGTACAACACGAAGAAGTTTTT
GTTCAAGAACAATGGTGTTTTGTTTGAGAACGAAATGCTGCAGATCGGTGTGAAGAGCGAGTTTCGCCAGAATTTAGGACGATTAGGCCTTTTCT
ACGGCAACAAGACACAGGTTCCCCTGACAGTAAGTAAATTAGTTTCTGAAACATTCCAGGCATTACATTGCTCTCTTTTCAGAACTTCAATCCTG
TGCTGCAATGGTCTGCCGAGGATGCGCTTAAGCTGAACGTGCAGATGAAGGTGGTGGAGCCAACCCTGGAGGCCGGCGCCCAGATCCAACAACTG
TTAACCGCGGAATGCATCGAGGACTACGCCGATGCGCCAACAATCGAGATCAGTTTCCGCTACAACGGCACCCAGCAGAAGTTCAGCATTAAACT
GCCATTGAGCGTTAACAAATTCTTTGAGCCTACCGAAATGAATGCGGAATCATTCTTTGCACGATGGAAGAACCTTAGCGGGTATTTAATAAGGT
GTCTTTTGATAATATTCAATATTAATTGTGCATTTGTAGTGAACAACAACGGTCACAGAAAGTGTTCAAGGCTGCACAGCCACTGGATTTGCCCG
GAGCCCGCAACAAGCTTATGGGCTTTGGAATGCAACTGCTGGACCAAGTGGATCCCAATCCAGACAACATGGTCTGCGCGGGCATCATTCATACG
CAATCGCAACAGGTGGGCTGCCTTATGCGATTGGAGCCGAACAAGCAGGCTCAGGTGAGTAATTTATTGTTAGATACTTGGAACATAATGCCTAT
TGCCTATTTCTCAAATTATCAATAGATGTTCCGACTGACAGTTCGGGCAAGCAAGGAGACCGTAACTCGGGAAATCTGCGATCTGTTGACGGATC
AATTCTAAGCCACAACAATCATGGACGGGGTGATGGAGACGGAGCTGCGAAGCCATGGAGCAACGGCAACCACTTTACAATGCACAATCCCAATT
ACCTAGAGAAATATCAAAGCATACAAGGCCCTAGAACTGTACGCGTTTAGTTATGCCAGGCACACTCCTACACTCTTCTTAAGTACCTTTCATCT
TCTCCAACAGCGAGTTGATTTACCCACTGTCCTGTTTATTTGAATATTATGTTTGTAAACCTACTCTTACTTTAACCATTTTCAATTTCATGTTC
CCAAACTTTTTTGTAAATGTTAAGCTCAAAAAGTTCATAGTAGAGAAACGAGAGAACATAATTAGATTATGTTTATATGTATGACAAATTATATA
TTGTTGCATCATTTCGAGGCAGTAGCAATTGGATATTATATACCTATATACAGATCTACATACATTCATACAAACCACATACATATACCTAGTAT
ATACGTCGTTGTAATAAAAACAGAAATCAATATAAAACAAAAGAGAAAAGCTTGCAAGGGAATTATTAAGATGCCTGCAAATGACAAGTATGCAA
ATCGTTATCTAAATATTTATACATATATTGATTATTGCAATTGCATCTAAACGAAATTCATGTTTAATGTTTTTGATTGTAAAATCCAATGGAGG
ACCGCAAGAGCAGAAATCTCATTAAATAATAGACAAATAATTAGACAGATCCACAAAATCTCCTTGATTAATCACTGTTGAGCAACTTAAAATTT
ATTAACGATAGGAAAAATTTCCCTATTGAAGAAAACGAAGCAAAAATTTCAGAATATTATTATACTTATAGCAGAATTTTTTGAATGATTCTGGG
TAATATTACGTTTCGTTTGTGTACCATAGATAAACTGAGAGGGGCTACTTCATGTTGTGCCGCTTCCTGAAGAGAAAGCGATCTTTGTAGCACCA
AGTATTAACTAATCTGAAGCAGCAGCAGGCAGTAGCCGCCAGCCATAAATCTGCTAATGACTCTCTTCAAATGCGAGACGGCTGCCGATAAAGAAC
AAAGAATTGTAAACTAAAATATACACTATATAGATACTGATACTGAAAACCGATAATGGAAACTGACATCAAATACTTATTACCATTAAACTCTC
GATCCTTTCGTAAAAACCAATGTGCATGACAGCTGGAAATTTAGGCATTTCCAAAGTGCAATAGTTAAATGTTACAAAATTCCACACAAATTCCA
TTTAACACTCACAGACAAAACAAAAGCAACTGCAAGAGCAAGAAAACCAAGCCACAACTACATATAGCAAGTGCAGGAATTTAACTGTAAACGTA
AACCAATATGTATTTAAATAAATATAAATTGAAACCATTTGAAAGGTGTTTAAAACGTTTCCACGATCTGGATATAAACACTTGGCAAGCACAGT
TGTATTTTACGTATTTATCTTTATTACGATTAGCGCACGGGTTAACATAGGACCTAACAATAATTTTAGATTTAAATCAAATT
(SEQ ID NO: 457)

Exon: 1001..1318
Exon: 2107..2365
Exon: 3103..3314
Exon: 3524..3979
Exon: 4043..4632
Exon: 4701..5634
Exon: 5688..5971
Exon: 6025..6229

Exon: 6296..6873
Start ATG: 2326

Transcript No. : CT13966
CCCGCGCCCGCTAGATGGCTCCACTCTTAGGCAGCGAGAGCGAAGAAAAATCAATAGAAATTTTCATTTTAGTGAATTGCCCTGCACTTGGTAAT
AGTTAACAAACAAATTAGCGGCAAATCAGCGAGGCGAAGCTCCAGCGAGTTGGAGTTCCATAAAGTGCAACACGCAGGGTCAAACATTCCGCAGC
CAACACCCCGGATTCCGATTCCAAGCGAAGCCAACTTCAGAAGTCAGAGATTACTCTCTCTGCTCCGCCACAGAAATTCCGCAACGCTAACCGAT
TTTGTCCGCTGGCGAGTAAAAAAAATCGGAAAAGTCCCAAGGAACGGCCGAGATCCAATCGAAGTAAAAAGAGCTTTGCAGAACCAGAGCGGAGA
GCAACTATATATCTTAGGGTCCGACGTCGAGTTCGAGCGATAAGAACGCCTCGAGACTCGGCCGCCATCCATTGACGATTTTCTTGCGCCCCCAG
TTTGCATAAAACCAGCGAAAATTAACAAGCTAACTACCATGGCGCCGGTGCGGGGGGATGGCATGAGAGGCCTGGCCGTCTTTATATCGGATATA
AGGAACTGCAAAAGCAAAGAGGCCGAAGTCAAACGCATAAACAAGGAGTTGGCCAATATACGAAGCAAATTTAAAGGAGACAAAACCCTCGACGG
CTATCAGAAAAAGAAATATGTCTGTAAGCTGTTATTCATATTTCTCCTCGGCCATGACATCGACTTCGGGCACATGGAGGCGGTCAATTTGCTGT
CCTCCAACAAATACTCAGAAAAGCAGATTGGTTACCTTTTCATCTCAGTGTTGGTGAACACCAACAGCGACCTTATTCGGCTGATCATCCAATCT
ATAAAGAATGATTTGCAGTCGCGTAATCCTGTGCACGTTAATCTGGCACTACAATGCATTGCCAACATTGGAAGTCGGGATATGGCCGAGTCCTT
TTCCAACGAAATACCCAAGCTACTCGTCTCGGGCGACACCATGGACGTGGTGAAGCAGTCGGCGGCGCTATGCCTGCTCCGCCTGTTCCGCTCCT
CGCCGGACATCATTCCCGGTGGTGAGTGGACTTCGCGCATTATCCATTTGCTCAATGATCAGCACATGGGAGTGGTCACAGCGGCCACCTCGCTG
ATCGACGCCTTGGTGAAGCGCAATCCGGACGAGTACAAGGGTTGTGTTAATTTGGCTGTTTCACGCTTATCCCGGATCGTAACAGCCAGCTACAC
GGATCTTCAGGATTACACATATTACTTTGTGCCGGCTCCATGGCTATCGGTGAAACTTCTGCGATTGCTGCAAAACTACAATCCAGTGACCGAAG
AGGCCGGTGTGCGGGCCCGCTTGAATGAAACTTTGGAGACGATTTTGAACAAGGCGCAAGAGCCGCCAAAGAGTAAGAAGGTGCAGCACTCTAAC
GCAAAGAACGCCGTGCTCTTCGAGGCCATCAACCTGATCATTCACAGCGACAGCGAGCCGAACCTTCTTGTCCGCGCTTGCAACCAGTTGGGACA
GTTCCTTAGCAATCGGGAGACCAACTTGCGCTATCTGGCTCTGGAGTCCATGTGCCACCTGGCCACATCGGAGTTCTCGCACGAGGAGGTGAAGA
AGCACCAGGAGGTGGTCATTTTGTCAATGAAAATGGAGAAGGACGTGTCCGTGCGCCAAATGGCGGTGGATCTTTTGTATGCCATGTGTGATCGT
GGTAATGCCGAGGAAATTGTTCAGGAGATGCTCAACTATCTGGAGACGGCCGACTACTCTATTCGTGAGGAAATGGTGCTCAAGGTGGCCATTCT
TGCCGAGAAGTACGCCACGGATTATACCTGGTATGTGGACGTTATCCTCAATCTAATTCGCATTGCTGGCGACTACGTGTCTGAGGAAGTATGGT
ACCGCGTCATTCAGATCGTGATCAATCGCGAGGAGGTTCAAGGCTATGCCGCAAAGACTGTTTTTGAGGCGCTACAGGCCCCTGCCTGCCACGAA
AACATGGTTAAAGTGGGCGGCTACATCTTGGGCGAGTTTGGCAACTTAATCGCCGGAGATTCCCGCTCAGCACCACTGGTACAATTCAAGCTACT
GCACTCCAAGTACCACTTGTGCTCGCCGATGACCCGGGCCCTTCTTCTGTCCACGTACATTAAATTTATCAACCTCTTTCCGGAAATTCGTACCA
ATATCCAGGATGTGTTCCGCCAGCACAGCAATCTTCGATCCGCAGATGCGGAACTGCAGCAGCGAGCTAGCGAATATCTCCAGCTTAGCATAGTG
GCATCGACAGACGTTTTGGCCACCGTCCTGGAGGAGATGCCATCGTTCCCGGAACGCGAGAGCTCAATTTTAGCAGTGCTAAAGAAGAAGAAGCC
CGGCAGGGTGCCGGAGAACGAAATTCGCGAGTCGAAGAGCCCGGCACCCCTGACTTCTGCAGCGCAGAACAACGCCCTTGTGAACAATTCACATA
GCAAGCTGAATAACAGCAACGCAAATACGGATCTGCTTGGATTAAGCACTCCGCCATCAAATAATATTGGCAGTGGTAGCAATAGCAACAGTACG
CTCATTGATGTTTTGGGCGACATGTACGGCAGCAATAGTAACAACAACTCAAGTGCCGTGTACAACACGAAGAAGTTTTTGTTCAAGAACAATGG
TGTTTTGTTTGAGAACGAAATGCTGCAGATCGGTGTGAAGAGCGAGTTTCGCCAGAATTTAGGACGATTAGGCCTTTTCTACGGCAACAAGACAC
AGGTTCCCCTGACAAACTTCAATCCTGTGCTGCAATGGTCTGCCGAGGATGCGCTTAAGCTGAACGTGCAGATGAAGGTGGTGGAGCCAACCCTG
GAGGCCGGCGCCCAGATCCAACAACTGTTAACCGCGGAATGCATCGAGGACTACGCCGATGCGCCAACAATCGAGATCAGTTTCCGCTACAACGG
CACCCAGCAGAAGTTCAGCATTAAACTGCCATTGAGCGTTAACAAATTCTTTGAGCCTACCGAAATGAATGCGGAATCATTCTTTGCACGATGGA
AGAACCTTAGCGGTGAACAACAACGGTCACAGAAAGTGTTCAAGGCTGCACAGCCACTGGATTTGCCCGGAGCCCGCAACAAGCTTATGGGCTTT
GGAATGCAACTGCTGGACCAAGTGGATCCCAATCCAGACAACATGGTCTGCGCGGGCATCATTCATACGCAATCGCAACAGGTGGGCTGCCTTAT
GCGATTGGAGCCGAACAAGCAGGCTCAGATGTTCCGACTGACAGTTCGGGCAAGCAAGGAGACCGTAACTCGGGAAATCTGCGATCTGTTGACGG
ATCAATTCTAAGCCACAACAATCATGGACGGGGTGATGGAGACGGAGCTGCGAAGCCATGGAGCAACGGCAACCACTTTACAATGCACAATCCCA
ATTACCTAGAGAAATATCAAAGCATACAAGGCCCTAGAACTGTACGCGTTTAGTTATGCCAGGCACACTCCTACACTCTTCTTAAGTACCTTTCA
TCTTCTCCAACAGCGAGTTGATTTACCCACTGTCCTGTTTATTTGAATATTATGTTTGTAAACCTACTCTTACTTTAACCATTTTCAATTTCATG
TTCCCAAACTTTTTTGTAAATGTTAAGCTCAAAAAGTTCATAGTAGAGAAACGAGAGAACATAATTAGATTATGTTTATATGTATGACAAATTAT
ATATTGTTGCATCATTTCGAGGCAGTAGCAATTGGATATTATATACCTATATACAGATCTACATACATTCATACAAACCACATACATATACCTAG
TATATACGTCGTTGTAATAAAAACAGAAATCAATAT
(SEQ ID NO: 458)

Start ATG: 538

MRGLAVFISDIRNCKSKEAEVKRINKELANIRSKFKGDKTLDGYQKKKYVCKLLFIFLLGHDIDFGHMEAVNLLSSNKYSEKQIGYLFISVLVNT
NSDLIRLIIQSIKNDLQSRNPVHVNLALQCIANIGSRDMAESFSNEIPKLLVSGDTMDVVKQSAALCLLRLFRSSPDIIPGGEWTSRIIHLLNDQ
HMGVVTAATSLIDALVKRNPDEYKGCVNLAVSRLSRIVTASYTDLQDYTYYFVPAPWLSVKLLRLLQNYNPVTEEAGVRARLNETLETILNKAQE
PPKSKKVQHSNAKNAVLFEAINLIIHSDSEPNLLVRACNQLGQFLSNRETNLRYLALESMCHLATSEFSHEEVKKHQEVVILSMKMEKDVSVRQM
AVDLLYAMCDRGNAEEIVQEMLNYLETADYSIREEMVLKVAILAEKYATDYTWYVDVILNLIRIAGDYVSEEVWYRVIQIVINREEVQGYAAKTV
FEALQAPACHENMVKVGGYILGEFGNLIAGDSRSAPLVQFKLLHSKYHLCSPMTRALLLSTYIKFINLFPEIRTNIQDVFRQHSNLRSADAELQQ
RASEYLQLSIVASTDVLATVLEEMPSFPERESSILAVLKKKKPGRVPENEIRESKSPAPLTSAAQNNALVNNSHSKLNNSNANTDLLGLSTPPSN
NIGSGSNSNSTLIDVLGDMYGSNSNNNSSAVYNTKKFLFKNNGVLFENEMLQIGVKSEFRQNLGRLGLFYGNKTQVPLTNFNPVLQWSAEDALKL
NVQMKVVEPTLEAGAQIQQLLTAECIEDYADAPTIEISFRYNGTQQKFSIKLPLSVNKFFEPTEMNAESFFARWKNLSGEQQRSQKVFKAAQPLD
LPGARNKLMGFGMQLLDQVDPNPDNMVCAGIIHTQSQQVGCLMRLEPNKQAQMFRLTVRASKETVTREICDLLTDQF*
(SEQ ID NO: 459)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: alpha-Adaptin
FlyBase ID: FBgn0015567

Celera Sequence No. : 142000013384593
ACAATGAATCTCAATTAGACTTACCCGTATATGTAGTAGAAGAAGCTAATCAGATAGACGGCCAGTTTAATCCAACCCTCACGCATGTTCCGGTA
CAAAGTATCGGTTTTCAGGACCGTGGTGGGATCATAAAGTCCGGGTCCCGACATCACAGGGCGGTTTTTGTAACTGAAAGCGATAGGGGTATTAC
AAAGCATGAGTGCTTAAGGGTGCTTATGTTGGGCTTGGGTGAATCTTGATCTCCTCGGATCTCAAATCACATTATATCACACGGTCAAATGAGTC
ACTTACCGCCAAATATGATAGGCTATGAGGGGTATGTTGATGCATAGCGAAAACCATTCGCCGCAGAACAAGAAGAGCAAGTTCAGAAAGATGTG

CAGAAGGTATTCGGGCAAAACCAGCTGAAATGCAAACACATACATTACAGGGCGCACTGCGGGTGTAAGCAGTAAGTTTACTGACCGGATTGAGG
CTATTGCACTGATCAATTGGGTTCTTATAATCCGTTTTAAGTTCGTCGAATGCAATGACATGAAATATGGCGAAAAATATCAAGAATGCATCCCC
GATCAGGGCCACTATGTACGTGAAGGCGGTGAAGTTGAAGGCCATCTTGTAAAATCGCTGGAGCACGTCTTCCAGGTGCTAATCAAAGTGACTTG
CTAATTATTATCGTAAAATTCGGCTTTGCAATTGTAGCGCTGGGACTCACTTGTTTTTTTTTTACAAGGGCGGCGATGATGACAGCTGTGCGCCA
GGGATGCACTAATCTAAACGATCAGGCAGCACAGATGTACGGTCACATTGCAAATGAGGCTAATAAATAATCAGCTATCCATTATAAATCAAATA
TAATTTCATTTAAAGAAGCAATTTTAATTTCTAACGAATTATAATGTTTTGTATTAATTTTAATTCTCTGGTAATTTTCTCTACGCACAAAAAAT
ACCACTAACAGTTAGCCGATGCGGTCACACTACATTTCCAAATCGAACCGCCATTTGTGTTGCATCTCGAAATCTGGAAAAAATTCGATCCAAGT
GTTCTATGAGCTTCTGTTTTTTAATAATAATAAATAAATAAATTCGATAATCAACTGACACCAGAAAAGAGCGGAACACAATGTCGCAGTTCAAT
TTTGTGAGCGATTTGCAGAATGCTCTCATCATGGACGGCGAGACGCGCGGACCTGCGCCCAGGTGGAAGAAGAAGCTGGAGGCGTCTCTAAATGG
AAGTGTGAATACCACTCGGTCGGTGCTATCCGTCTCGTACAACACCAGTTTCTCGGGTGTCCAGGCGCCCACGAAAACTCCGGGCAAGAGCAGCG
AGGGCAAGACCAAGAAGTCCAACACCACGCCCTCTAAGACGCCAGGAGGCGGAGATCGCTTTATTCCGAATCGGGCGGCTACCAACTTTGAGTTA
GCACACTTTCTGGTAAGGATTCCACTCATCCCTCCATCCCGCCCTGTAAGGGCATCCTTATTCCAGACCCCTTAAGAATTTATTGACCACCTGAC
CATCTATTAGGTGAACAAAGACTCCGGCGATAAGTCCGATGAGGAGAACGACAAGGCCACCTCGAGCAACAGCAACGAGAGCAATGTCCAGGCTT
CGGCTCACAAGGGCGACCGGCAGAAACTCATCTCTGAAGTGGCCCAGGTCGGTGACTCCAAGGGCGGGCGCATTTTGTGCTACCAAAACAAGGCT
CCCGCTGCTCCAGAAACACACAACAATCCCCTGAAGGTCGTGTACTCCATTAAGACACCCATATCCACAAAGAGTGGCTCACGCTATATACCCAC
CACATCCGAGAGGATTCTGGATGCACCTGATTTTATTAACGATTACTGTAGGTCGAAGAAAACTTTTCTTTTCTTTTTTTCTACTATTGATCTCT
TCCAGATTTAAATCTTATGGATTGGAGTGCCGACAATATAGTGGCTGTGGCCTTGGGCAGTTGCGTCTATTTGTGGAACGCACAGACCGGAAATA
TCGAGCAGCTTACGGAGTTTGAGGAGGGCGACTACGCAGGCTCGCTATCGTGGATCCAGGAGGGGCAGATACTTGCCATCGGCAACAGCACCGGT
GCCGTGGAGCTGTGGGACTGCTCCAAAGTGAAGCGTCTGCGAGTGATGGATGGACACAGTGCCCGAGTGGGATCCTTGGCCTGGAACTCATTCCT
GGTTTCCTCTGGCAGCCGGGATGGCACCATTGTCCACCACGATGTGCGTGCACGTGAGCACAAGCTTTCCACATTGTCCGGACACACGCAGGAGG
TTTGCGGCCTAAAGTGGTCCACGGATTTCAAGTATTTGGCTAGCGGAGGCAACGACAATCTGGTGAATGTTTGGTCGGCGGCCAGCGGTGGCGTG
GGAACTGCCACCGATCCCTTGCACAAATTCAACGACCATCAAGCTGCAGTGCGTGCCTTGGCCTGGTGTCCCTGGCAACCAAGTACTCTAGCCTC
TGGAGGCGGCACCGCCGATCGCTGCATCAAGTTCTGGAATGTGAACAATGGCACTTTAATGAAATCCGTGGACTCCAAGTCGCAGGTCTGTTCTC
TGCTCTTTTCTCGCCACTACAAGGAGCTGATCTCTGCGCATGGTTTTGCTAACAACCAACTGACCATTTGGAAATACCCAACAATGGTGAAGCAA
GCCGATTTGACTGGACACACGTCACGAGTTCTCCAGATGGCCATGTCTCCGGACGGCAGCACAGTGATCAGCGCCGGAGCTGATGAAACCCTGCG
TCTTTGGAACTGCTTCGCTCCCGATCCGTTGGCGTCCAAGAAGGCAGTTTCGACCAGCAAGGGCAAACAGAGCGTGTTCCGACAGAGCATCCGTT
GATATGCTCAGACCTTTAGAACTGTTTTTACCCCCTTGATTGCTAAGTTTAAGCTTCAATACTTACTACTGGTATGTTTTCCAGACTAGACAATT
ATTTCTTGAATGCATATCCAATTTTTATGTTCTCGTTTAATGTTTCGTACTTTGTAATTACGGATAAATCTCTGATTATGTGCCCCCGCCGACGA
TATATGAATAATTAAATTTTGTCAGTTACTTTTATTGCTTAGAGTTAAGTTTGTGTGCGTATAAATAAAATGCTTGACATTCTGCATCCTTGTAT
GCTTTATTTCGCTCTAAACATTTTGCGTTAACACAAGGAATTCTATTCGTTTCGGATTCCCACGTGCCGGGACAGTAAGTACATAAGGTTCCATT
TCCTGGATGCATTTTGAGAACGTGTGTGTCTAGGAATAATATTGCATACAATTCTGGGGCAGAAAAGGCGTGCTTCTGGGGACATCGATATAACC
ACATCGGGAATTTAAGTTGTGTTAATCATAGGTATGTTTATGTTTAGTCTAAATCGTATGTACAGATTGGATGGGCATTCAGGCAACTGTCATGG
GATTGCCACCGTTGTAGCTGACAAAATAGCGAGGATCACCAAAGCGATCGTACATCTGCAAGAACAAGAGGTTCGCAAGAAAAAAGCGGGTTAAA
TTAAAAATATTACAAAATTGTTAGGTACAAGAACAAAAGCCTCATTAAGCGATAAAATAAGCAAACAACATAGCAAGAACAAGTAAACAATAAAG
GGGGGCATACTTTCAAGTCTAAATAGAGTTACAAACCTTCTTTTCAATCCATTACAACATCGAATTCAACATTTAATTTTTGTTTGCTAATTTTT
TTTTGTAGAATAAAATATTTATTTTGCAACATTATTTCATTCAGTCAGAACATGAAAACATCAATTAGATTTAGCTAGCTTAGTACTACGGTTTA
TGATTCAATTTTGTATAATAGATTAGTTGGTCGATTCACGCACACGCGCACG
(SEQ ID NO: 460)

Exon: 1001..1437
Exon: 1531..1852
Exon: 1906..2852
Start ATG: 1126

Transcript No. : CT13999
CCATTTGTGTTGCATCTCGAAATCTGGAAAAAATTCGATCCAAGTGTTCTATGAGCTTCTGTTTTTTAATAATAATAAATAAATAAATTCGATAA
TCAACTGACACCAGAAAAGAGCGGAACACAATGTCGCAGTTCAATTTTGTGAGCGATTTGCAGAATGCTCTCATCATGGACGGCGAGACGCGCGG
ACCTGCGCCCAGGTGGAAGAAGAAGCTGGAGGCGTCTCTAAATGGAAGTGTGAATACCACTCGGTCGGTGCTATCCGTCTCGTACAACACCAGTT
TCTCGGGTGTCCAGGCGCCCACGAAAACTCCGGGCAAGAGCAGCGAGGGCAAGACCAAGAAGTCCAACACCACGCCCTCTAAGACGCCAGGAGGC
GGAGATCGCTTTATTCCGAATCGGGCGGCTACCAACTTTGAGTTAGCACACTTTCTGGTGAACAAAGACTCCGGCGATAAGTCCGATGAGGAGAA
CGACAAGGCCACCTCGAGCAACAGCAACGAGAGCAATGTCCAGGCTTCGGCTCACAAGGGCGACCGGCAGAAACTCATCTCTGAAGTGGCCCAGG
TCGGTGACTCCAAGGGCGGGCGCATTTTGTGCTACCAAAACAAGGCTCCCGCTGCTCCAGAAACACACAACAATCCCCTGAAGGTCGTGTACTCC
ATTAAGACACCCATATCCACAAAGAGTGGCTCACGCTATATACCCACCACATCCGAGAGGATTCTGGATGCACCTGATTTTATTAACGATTACTA
TTTAAATCTTATGGATTGGAGTGCCGACAATATAGTGGCTGTGGCCTTGGGCAGTTGCGTCTATTTGTGGAACGCACAGACCGGAAATATCGAGC
AGCTTACGGAGTTTGAGGAGGGCGACTACGCAGGCTCGCTATCGTGGATCCAGGAGGGGCAGATACTTGCCATCGGCAACAGCACCGGTGCCGTG
GAGCTGTGGGACTGCTCCAAAGTGAAGCGTCTGCGAGTGATGGATGGACACAGTGCCCGAGTGGGATCCTTGGCCTGGAACTCATTCCTGGTTTC
CTCTGGCAGCCGGGATGGCACCATTGTCCACCACGATGTGCGTGCACGTGAGCACAAGCTTTCCACATTGTCCGGACACACGCAGGAGGTTTGCG
GCCTAAAGTGGTCCACGGATTTCAAGTATTTGGCTAGCGGAGGCAACGACAATCTGGTGAATGTTTGGTCGGCGGCCAGCGGTGGCGTGGGAACT
GCCACCGATCCCTTGCACAAATTCAACGACCATCAAGCTGCAGTGCGTGCCTTGGCCTGGTGTCCCTGGCAACCAAGTACTCTAGCCTCTGGAGG
CGGCACCGCCGATCGCTGCATCAAGTTCTGGAATGTGAACAATGGCACTTTAATGAAATCCGTGGACTCCAAGTCGCAGGTCTGTTCTCTGCTCT
TTTCTCGCCACTACAAGGAGCTGATCTCTGCGCATGGTTTTGCTAACAACCAACTGACCATTTGGAAATACCCAACAATGGTGAAGCAAGCCGAT
TTGACTGGACACACGTCACGAGTTCTCCAGATGGCCATGTCTCCGGACGGCAGCACAGTGATCAGCGCCGGAGCTGATGAAACCCTGCGTCTTTG
GAACTGCTTCGCTCCCGATCCGTTGGCGTCCAAGAAGGCAGTTTCGACCAGCAAGGGCAAACAGAGCGTGTTCCGACAGAGCATCCGTTGA
(SEQ ID NO: 461)

Start ATG: 126

MSQFNFVSDLQNALIMDGETRGPAPRWKKKLEASLNGSVNTTRSVLSVSYNTSFSGVQAPTKTPGKSSEGKTKKSNTTPSKTPGGGDRFIPNRAA
TNFELAHFLVNKDSGDKSDEENDKATSSNSNESNVQASAHKGDRQKLISEVAQVGDSKGGRILCYQNKAPAAPETHNNPLKVVYSIKTPISTKSG
SRYIPTTSERILDAPDFINDYYLNLMDWSADNIVAVALGSCVYLWNAQTGNIEQLTEFEEGDYAGSLSWIQEGQILAIGNSTGAVELWDCSKVKR
LRVMDGHSARVGSLAWNSFLVSSGSRDGTIVHHDVRAREHKLSTLSGHTQEVCGLKWSTDFKYLASGGNDNLVNVWSAASGGVGTATDPLHKFND

HQAAVRALAWCPWQPSTLASGGGTADRCIKFWNVNNGTLMKSVDSKSQVCSLLFSRHYKELISAHGFANNQLTIWKYPTMVKQADLTGHTSRVLQ
MAMSPDGSTVISAGADETLRLWNCFAPDPLASKKAVSTSKGKQSVFRQSIR*
(SEQ ID NO: 462)

Name: fizzy
Classification: cell_cycle_regulator
Gene Symbol: fzy
FlyBase ID: FBgn0001086

Celera Sequence No. : 142000013384668
GGGCTATCCGGAGTTCGGACGCCTGCTCAATGAAACTGGTCGACCGATGGTATACTCCTGCAGTTGGCCCGCGTATCAGGAGGATGCAGGAGAAA
TGCCCGATTATGAGTCACTCAAGCAGCACTGTAATCTGTGGCGCAACTGGGACGACATCGAAGACTCGCTCGAGTCCCTTATGCAGATCATTGAC
TACTTTGCCAAGAATCAGGACAGGATTCAGCCGCATGGCGGACCAGGACATTGGAACGATCCAGATATGCTGCTGCTGGGAAACTACGGCTTGAG
CTACGATCAAAGCAAGCTGCAGATGGCGATTTGGGCCATTATGGCAGCTCCTCTAATTATGTCCAATGATCTGGCTGCAGTGCGTCCCGAGATCA
AGGCTATACTCCAGAATCGGTTGGTTAAGCTTCGATATCTTATCTTCTTGGACTTATTGGTAAACTTTTGTTATTTGCAGTGCGGTTATTGCTGT
GGACCAGGATGAGCTGGGCATCCAGGGGCGCCGTGTTTTGTCCCGCAACCAAATCGAAGTCTGGAAGCGTCCCATTACGCCAGTAACCAAGAGTG
GACATCACTCCTATGCTGTCGCCTTTGTCAGTCGCCGAGATGATGGCGCTCCCTACAGGATCCCCTTCACGGTCAAGGAGCTCGGATTGACGAAT
CCCAAGGGTTATAATGTGCAGGATCTGTACGATGCCAGCAGCAAGTTGGGCGTCTTCCAGTCTGAGAGTCAGTTCATCACACGCGTCAATCCCAA
TGGTAAAATCCGTTGCAAAACACTAACTAGCCCTGACTTACTTCATTTTCCCCTCCCCCAGGCGTAACTTTCTACAAGTTTACAGCGTTGTAAGC
CCAAGATATGCAAATCAGCCGCTGCCATCAAATCGAATATGCTCTTATATACACACTATTTCCACATTGTCCATTGACGTTGCATCGATGATCTG
TGTAATAAGTTAATTCCGACAATAAATACCAGGTAATCACTGAAGAGTTTGACTTTGTTGATTTTTATTGTTTATTAAACAATTGATTGTGTGCA
TTACACACAGGTATAAGTATTGTACAATTATAGGCATAGATTGCAGTACCGACGCTAGTTAAGACTTGTTCCATGATATAAATAAGGTCTGACTG
GATGAAAGAGTTAATTCGCAAGCTTGTATAAATAAGAAGTGTAGTACTATATACGCGACAAGGACCCGAATAAGAGCAAAAAGGATAGCGACCCC
TCGGGATCATACCAGTTATAAATAGATACCATCTACAGCTACTGCTTACATGGGTTTGGTCGAGAGAGTTAGAGTTATTGTCAAGTTGTAGGCGA
AACCGAAACCAAACCGAAGGAACCATAGCCCGGGGTTAGTGCACCCCATTGCTGATGGTCGGTGTGCGCTCGTAGGTGCGTCTATGCAGCGCATC
CACGTCCTTCAGGTAGTAGGTGCCGGGAAACAGTGCGGAGATGCTGCCCGTTGGCGTGTAGGGCGCCGCATGGTTGTTCTTCTCCCGCACCTCCA
TCAGCGCGGAGAACTGCTCGGGCGCAACCTTCTCCCGTGAATTCAGCAACGGCTGCACGTAGTCCAGCTGCGAGACGAACTTTTCGAAAGCAGCT
GCATCCTGGGTCACGCTGATCGAGTACATGGAAGCAGCCAGTCCGGATCCGTAGGAGAACAAACCAATGCGCTTTCCCACCAGCTCCTGGGCTGG
TCCGCTAATCAACAGAGACACCAAACCGGAGTACACCGAGGGTGTGTACATATTGCCCACTTGGTTGGCCAGCAGCAGCGATTTCTTGGTCTTGC
TGGCAAAGATGTTGGCGGACTGCGTCATGAAGGCCTTCTCCACATCGCGATCAAAGTAGGTGCTCTCCAGGGTAGCGGTATTAAAACGTTCCAGG
TCGGGAAACTGCTTCGTTCGCTCCTCCTCACTGCTCAGCAGGAAATCGTTGAAGCTCAGGCGACCCACAGATTTTTGCACCAACTTGCAGAACGG
TGTGTGGAATAGGATAGCATCGAAGGTGCTCAGGCTGGCCGGCTGCTTGGAAGTATCCTTCTGCTGCTGGTCGAACTTCTTGCGATACAGCCTGT
AGCAGGTGTCCAGAGCAGAAAGGTAGCACTGAATAGAGAGCTTTCCATCTACCGTTGGGTATTCGGAGCTGAGGTCCGGCTTGTAAAAGTCGTAG
GCGTGCTCCATGTGCGTTGCGCGTAGTCCACGATCGAGGATAAGCGGCGCATTTGGACCCACCAGCATAGCCACAGCACCCGCACCACCAGTTGG
GCGCGCTGCACCCTTGGCGTACACGGCGATATCAGCACAAACGGCCAAAGCCAGGCGGCCGTCCCAGCTAGAAGATTCCACCCAATTGACGGCAT
TGAAGAGCGCCGCCGTGCCGCCGTAACAGGCGTTCGTGGTGTCGATGCCCTCGATGTCCGTGTTCCCGCTCTCGGCGAACAGCTGCATCAGCACG
GACTTCACCGACTTCGACTTGTCCACAATGGTCTCGGTGCCCACCTCCAGTCGTCCGATCTCCGAGTGCTTCACATGTTGCCGCTCCAGCAGGCG
GCTCACAACCGTCAGGCAGAGAGAGTTGACATCCTCGCGGTCCGAGCAGAAGCCCATCTTGGCCTGGCCCAGGCCAATTGTGTACTTGCCCGCGG
AGGCACCATCGAAGGTCTCCAGCTCCGTTTGGTCCACGTACTGGGAGGGGAAGAGAATCTCGATGGCGCGTATGCCAACGTTCTCGGGCCAGTGG
GATGCCATGATTGTATCCGGTTATCTATTTAATCCTGAGCTCTGTAAGAGAGACAATTTGTATACTTTTAGTGGGAGCTTTGGCATGAGAGTAAA
TATTTAATTCAATATCTTTGTTATTAACAACTATAACAATCACTATTTGCGTTTCGAAATTGCTTCATGATGTTGGGAGCTAAGGCCTTGTTTAA
TTTAATTTAAGCAGAGTTCTCGATGTGGCCCGAATTCCACTGCCAATTGGCATTGGGAAACTTTCTCCCCGCGCAATCACGGCGTATTTATAATG
CTTACAAATTGGACGAGGGCAGAGACAACCTGTTGCACGCTCGAGCTGCGTTGGACGTGTGTAAGCCAGTGACTTTGGCTGCGGCTGAAGAAGTC
ATCAAAGTCTGCCAGCCAGAGGCCCCCGTCTTGGGGGCCAACTGATTTCCCTGGCTGAGAAACTGAGCGTGTAGAGAGAGAGAGAGAGGGAGA
GAGAGCCGCCGGAGCGGAGAAAGTTTCCCCCGCTCAGGCGAGCTCCACAAAAGAGAACACTAAACCGCTGTGAAGTAAGCCAAAACACACGCATC
GCAATAAATGTAAGCCAACAAGACAAGCCCAAAGAGCCAAAGGGACAGGGGCGTGGATGCTGTGGCTACACGCAGAGAATTTATGATTACATTTA
TTTACAATAGATAATCATTTCTTTTAAACTTTTTTTGTCAGAGAACAAGCTACAAAAATGATTACTTTAACACAATAACTCTTTTTTCAAAACCG
CTTCCCCTGAAACTTCTCTACATTTTCACACATTTTAATTTCAGTTAGGCGCAAATTATAATTAAATCAAAATGATGATCGAAATATTATGATTT
CCTATCGAAATAGAATGGAATTTTGCTCGGTGGAGCATTGTGGGACAGGCTGGGAGCGTCTTCACCCATAAGTGGGTCATGCCCACCAAGCACTA
AGCACCAACCACCACTCTCCCTCAATCACACGCGTCCATATTGTATAACCGATAAGAGGTGCGAGTGTGGCCCAAACCCGAAAAGCGGTTGACAT
ATTTACCGTTACGTTTAGCACCTGCGACTACTGGCCTATTGACTATAGATTTTCACTTTTCGGCCCGGAACTTTGTGGATTTGTGAAAAAAGGCT
GGGTAGCGCGAAGCTCACTCGATCGGATCTCTCCGCGGACTGACGGCACTGGAGGCGCTGCACTGGCATATGAATATGACCATGACGACGGAATT
GGCAGTGGAGAAGCAGACACCTAGCCAACGAAGCCACCTAGCCACCGAGCAAACACAGAGGCGAGAATAGGCGCTGTAAGTCAATGCCAATTGCT
GAAAGCGCTCGGCGAACAAATAGCGATCGTGCATAATTACGGGAAATATTTATCGCTTAGATACGGCCAGCGAGCACGAAACACAATCGTCGGGG
ACTAAGAAGCCGCCAGACTATATAGATATGCACATCGATAGTCGTGGCCTTTTGCGATGGGGTAAAGATCAAAGGCTGTCCATCGCTGATAAGGC
CGAAACAAAGCGGCTTCCTTAAAAATGCCACCGAATAAGATGTGACACTCTGTCCATTTCAGTGACAAAAACTGGGAAGTGACTTCCAATAGCTT
TTCTCCGATTAATTACTTAAGACGTGCCCTTAGGAATTATTAATAGAAAATTATTTATAATTTGAGTTCTACTAATTTTCCTACTGGTATAACTT
AAATTGGATTATCATCTTTTCTGAACACTATCTTGAAACGTGATTTCAAATCACCTGAACACAATTGGTAATTGATAAAATATTCTACAGAAATC
ACTTAAAGTAAGATAATAACAAGACTACTTTAAGTAGTTGTGATATTACTTGAGTCGTACTTAAGTTAATTAATACAGTTTAGTTAAAGTAAGTA
AAATTAACAAATAAGAGAATACTTTGTCCTATTGTGCAAAAGAGTATGAATCATTATCCAAAGTCATGAAACTCTAATTTCAAGCAATTTAAGTG
ATTTAAGTCATTAATTCCTCGAGTGCCTGCGTGGAATACAGCTCACCCGGTGTTCCTAAGCAGCCCGTGGATTTAAGAATGGAAATTGATGCGCT
GTTTATGCGGAAAAGGAGTCATCGAAGGGAAGGGAACGGGGCACTGTTGTGGTTTTGTGGGCTTATTTTTAGCACT
(SEQ ID NO: 463)

Exon: 3921..3822
Exon: 2796..1001
Start ATG: 2763 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT14107

CCGATCGAGTGAGCTTCGCGCTACCCAGCCTTTTTTCACAAATCCACAAAGTTCCGGGCCGAAAAGTGAAAATCTATAGTCAATAGGCCAGTAGT
CGCAGAGCTCAGGATTAAATAGATAACCGGATACAATCATGGCATCCCACTGGCCCGAGAACGTTGGCATACGCGCCATCGAGATTCTCTTCCCC
TCCCAGTACGTGGACCAAACGGAGCTGGAGACCTTCGATGGTGCCTCCGCGGGCAAGTACACAATTGGCCTGGGCCAGGCCAAGATGGGCTTCTG
CTCGGACCGCGAGGATGTCAACTCTCTCTGCCTGACGGTTGTGAGCCGCCTGCTGGAGCGGCAACATGTGAAGCACTCGGAGATCGGACGACTGG
AGGTGGGCACCGAGACCATTGTGGACAAGTCGAAGTCGGTGAAGTCCGTGCTGATGCAGCTGTTCGCCGAGAGCGGGAACACGGACATCGAGGGC
ATCGACACCACGAACGCCTGTTACGGCGGCACGGCGGCGCTCTTCAATGCCGTCAATTGGGTGGAATCTTCTAGCTGGGACGGCCGCCTGGCTTT
GGCCGTTTGTGCTGATATCGCCGTGTACGCCAAGGGTGCAGCGCGCCCAACTGGTGGTGCGGGTGCTGTGGCTATGCTGGTGGGTCCAAATGCGC
CGCTTATCCTCGATCGTGGACTACGCGCAACGCACATGGAGCACGCCTACGACTTTTACAAGCCGGACCTCAGCTCCGAATACCCAACGGTAGAT
GGAAAGCTCTCTATTCAGTGCTACCTTTCTGCTCTGGACACCTGCTACAGGCTGTATCGCAAGAAGTTCGACCAGCAGCAGAAGGATACTTCCAA
GCAGCCGGCCAGCCTGAGCACCTTCGATGCTATCCTATTCCACACACCGTTCTGCAAGTTGGTGCAAAAATCTGTGGGTCGCCTGAGCTTCAACG
ATTTCCTGCTGAGCAGTGAGGAGGAGCGAACGAAGCAGTTTCCCGACCTGGAACGTTTTAATACCGCTACCCTGGAGAGCACCTACTTTGATCGC
GATGTGGAGAAGGCCTTCATGACGCAGTCCGCCAACATCTTTGCCAGCAAGACCAAGAAATCGCTGCTGCTGGCCAACCAAGTGGGCAATATGTA
CACACCCTCGGTGTACTCCGGTTTGGTGTCTCTGTTGATTAGCGGACCAGCCCAGGAGCTGGTGGGAAAGCGCATTGGTTTGTTCTCCTACGGAT
CCGGACTGGCTGCTTCCATGTACTCGATCAGCGTGACCCAGGATGCAGCTGCTTTCGAAAAGTTCGTCTCGCAGCTGGACTACGTGCAGCCGTTG
CTGAATTCACGGGAGAAGGTTGCGCCCGAGCAGTTCTCCGCGCTGATGGAGGTGCGGGAGAAGAACAACCATGCGGCGCCCTACACGCCAACGGG
CAGCATCTCCGCACTGTTTCCCGGCACCTACTACCTGAAGGACGTGGATGCGCTGCATAGACGCACCTACGAGCGCACACCGACCATCAGCAATG
GGGTGCACTAACCCCGGGCTATGGTTCCTTCGGTTTGGTTTCGGTTTCGCCTACAACTTGACAATAACTCTAACTCTCTCGACCAAACCCATGTA
AGCAGTAGCTGTAGATGGTATCTATTTATAACTGGTATGATCCCGAGGGGTCGCTATCCTTTTTGCTCTTATTCGGGTCCTTGTCGCGTATATAG
TACTACACTTCTTATTTATACAAGCTTGCGAATTAACTCTTTCATCCAGTCAGACCTTATTTATATCATGGAACAAGTCTTAACTAGCGTCGGTA
CTGCAATCTATGCCTATAATTGTACAATACTTATACCTGTGTGTAATGCACACAATCAATTGTTTAATAAACAATAAAAATCAACAAAGTC
(SEQ ID NO: 464)

Start ATG: 134 (Reverse strand: CAT)

MASHWPENVGIRAIEILFPSQYVDQTELETFDGASAGKYTIGLGQAKMGFCSDREDVNSLCLTVVSRLLERQHVKHSEIGRLEVGTETIVDKSKS
VKSVLMQLFAESGNTDIEGIDTTNACYGGTAALFNAVNWVESSSWDGRLALAVCADIAVYAKGAARPTGGAGAVAMLVGPNAPLILDRGLRATHM
EHAYDFYKPDLSSEYPTVDGKLSIQCYLSALDTCYRLYRKKFDQQQKDTSKQPASLSTFDAILFHTPFCKLVQKSVGRLSFNDFLLSSEEERTKQ
FPDLERFNTATLESTYFDRDVEKAFMTQSANIFASKTKKSLLLANQVGNMYTPSVYSGLVSLLISGPAQELVGKRIGLFSYGSGLAASMYSISVT
QDAAAFEKFVSQLDYVQPLLNSREKVAPEQFSALMEVREKNNHAAPYTPTGSISALFPGTYYLKDVDALHRRTYERTPTISNGVH*
(SEQ ID NO: 465)

Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384045
ATCAGACACACACACACATTCACACGTAACTCTAAATACTATATGTATAAATGAAAGTTCTTTTTTTGTCGGCTTCCCACATTCCCCGATTGT
TCAGATATTGGCCATAGGCGGGGCCTTTCCTGGGGTTTTTCTTCCACACCCAGATAACGGCTATCTGGTACTGGTTATAGTGACTGCGTTTGGGG
CGCTAAAGGCTATAAATCGTCTAGATTTATTTACAATTAATTTTATTTGATTTGTCATACGTTTCTCAGGCCGAATTTCATTTGCAAAGTTCTAA
TTTCTGCTGTTTAATATAATGCACTTGCGTTTTAAGGCAATTTATGGATTACTATTTGCGAAAATCAAAATTTCTTTTTTTGCAATTAACATTAT
ATAAAAAATGTTTTTTTAATTAGTCGAAATCATTTTTAAAATGTTAATTCTTGTATGTCATAAGCGCAAAAGTATGAGTTGTACTTAATCTAAAT
TCTAAAACAAGTTAGTCATTAAAAATACTACGAAACAATAACTCAGAACAGAAAAATTTAAACATGTTATCTAGAGCAATATAGAAATTAATTTG
AGCAATATTACATCAAATATCTCAAGTTTTAGAAGTTCTTCCACATTTATTTTACTGTGTACGCACAATATCATACTTATATGCTTATGTGTATA
TCTTTCTATCCGTGATCTGCCCCCCAGAGACCCCTGGCCCCGCCCCCACCCTGTGTAGCCCCCTTGCTGATAGCTGTGTTGTTGTTTTTGTGGCT
GCTGCTCCCCCACATAAAGCTGACAATAAAAACAAAACTACGCTCACTCATTCACACACTCATGCCGTCACACTCGCAACCCAGAGACGCGCTCA
CACTTGCACTCACATCACACACACACACAATACACACACTCACACACTATCTGCTGTAACTAAAGACCCAACAAAGCGAATATGAATATTTTGCA
CAGAATTTTGCGCTTTGTTCTCTTCTCTTCTCGTTTTTTTTTTTGTTTTTGTTGAAGTTCTTCGCGTTTTTGTTTTGGGTGGGTTCAAAGTTCTT
AGAGCAGGGCGCACTTGTGCCGCTTGGGTCCTCGAACGACAGGACATAGCACGGATCGTATGGCCTCGTCGAAGACCGTCTTCAGACCCTTTTGG
GTCAGGGCCGAGCACTCCAGATACTTGACCGCAGCTATTTCCTTGGCCATCGCCAGTCCTTGGGGATAGGTGATCGGTGTTAGCTTCTTGTCCTT
CAGCTTCTCGATCGTCTGCTTATCGTCGCGCAGATCCAGTTTGGTGCCGACCAGGATTATCGGCACACTCGGGCAATGATGACGCACCTCGGGAA
ACCATTTGGCTCGCACATTCTCAAACGATGCCGGATTCACCAGTGAGAAACAGATGAGAAAGACATCCGTTTGCGGATAGGATAGCGGCCTCAGG
CGATCGTAGTCCTCCTGTCCAGCCGTATCCCAGAGGCCCAGATTGATGGGCTTGGCATCCACCATCACATTCGCCGAATAGTTGTCGAACACCGT
GGGTATGTACTCGCCGGGGAAGGCGTTGGTCGTATAGCTGATCAGCAGACAGGTCTTTCCCACCGCTCCGTCGCCCACAACCACACACTTGATGG
CCTGCATGATGAAGGCTACTGTACTGGTGGTACTACTGGGCAATCGATGGGTTCAGCAGCTCGATGGGTTGCTTGTGCGCTGGGGGCAGAGGGTT
TTTCAGTGGATCAGCTGGTTTCGTGCTCGATTTCCAGTGGCTCAACTGGTTTTCTTTGTGGCAGCTTAACTTATAATTACTTTGGGGTAATTCAT
TCAATTCAGTAGGTCAGACAGTTTTTGAATGCTTCGATATTTGTACTTTTGAACTATTTTGTACTTTTCTTTTTTTCTGTTCAACAGACAAATTTT
AGTCACACAATTTAGTTTTGCCTTGTATCGCAGCTCAGCTAGTTTTTCTAATTGTATAGCTTTTGCTTTTCGCGTTGGCGTTTTGCTTTTATTGT
TTTTTTTTTTTGGCGATTATACAATAATTTGCTCACGCACTAATACAAATTCTGCCCACACACACACACACATTCAAGCAATCGCGTACAGAGAG
AGATGCGAATTTGAAGTGGAGTTTGATTTATCGCGAAAGTTGTCAAATCAATATTCTTAATTGAAAGCAGAACCGTGACGGCGTTCTTTCTGTTC
GGTCGGTATATTATTTATGAATTAATTGGGCCCGCATATGTGGGGATTTGCTGATTTTCTGTGGCAGAAACGGAAAAAACACGCCCAAACGCTGT
GAAATCTTCGCGGCGATTGAAGAAAATTTCTGCCTCCGCTGGCAGTTGTTGTACTTGTTTTTTCACTGTAGTTTTCGCTCTTTCAACTGGCTTGT
ACGGCTGTCTCGCTCGTTCGCGTGCGTTAGTCGCTTAAACGAAGCGCTGCGCGCATACGCTCTCCCACACAAAGAGCGAGCGAGCGAACGTGAGC
GAGAGCGGCACTGGCACAGTGCAGTCCCATAAAATTAGTCACAGTGAGTCATTCGCTCGGTGACGTTAGTCGTGGCAATCCACAGAGAGCAGAGC
GAGACAGAGATAGTGAGTCTCTTTACTTGACCTTGCTTTGGTCGTTTTTGTAGAGTTTTCTATATTCGTTCGACGGTTTTCCACGAATTTCCCGA
CCGTTGCTGTTGTTTTGAGCCAATTTCCACGCGACTAGAGGCTATCAGAGATGTGCGGTACCCAACTCAGGTACAAATCGCCCGTAGCTTATCGC
GGTACAATTACAGTGCCACACCAAAAACAAGCAAAACGTTGATATCGCGCGATATAAATATTAATTGAACAATATTTTTTTTATTGATGAATCAA
TTATGTGACCTAAATATGTGTCACAGTCTTTGGATGAATATACTTAAATGGAAGTATTCATATTTTAAAATTGGAAACTCAAATTTAGATTCTGG
AATTACTTTTAATTCTCCTTAATTCGGGCCATATTAATTTACGACCGTTACATCCCATCTAATTCTTAAACGAATTATTAAATTTTTCATGACCA
GCGATATTTGCTGCCGTTGACTGTTTTAATGGACCACAAAATTGCGTGTGTCGGCAAAAACCAAAGCCCAAGGAATAACAAACAAATAACATTGG
CAAACAGTGCAAAATATCGACAGTAAAAACCGAAAAGCAAAAACAGAACCCAAACCGAATCCACCGAATCCGCCGCATCCGCATTCAGCCAAAAG
TGATAGCCGAAATATTTCGTGTTTGTGTTTTGGCTTCCGCCCCACCAACCAGAAGCCCAAA
(SEQ ID NO: 466)

Exon: 2291..1001
Start ATG: 1622 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT14366
GCGAAGATTTCACAGCGTTTGGGCGTGTTTTTTCCGTTTCTGCCACAGAAAATCAGCAAATCCCCACATATGCGGGCCCAATTAATTCATAAATA
ATATACCGACCGAACAGAAAGAACGCCGTCACGGTTCTGCTTTCAATTAAGAATATTGATTTGACAACTTTCGCGATAAATCAAACTCCACTTCA
AATTCGCATCTCTCTCTGTACGCGATTGCTTGAATGTGTGTGTGTGTGTGGGCAGAATTTGTATTAGTGCGTGAGCAAATTATTGTATAATCGCC
AAAAAAAAAAAACAATAAAAGCAAAACGCCAACGCGAAAAGCAAAAGCTATACAATTAGAAAAACTAGCTGAGCTGCGATACAAGGCAAAACTAA
ATTGTGTGACTAAAATTTGTCTGTTGAACAGAAAAAAGAAAAGTACAAAATAGTTCAAAAGTACAAATATCGAAGCATTCAAAAACTGTCTGACC
TACTGAATTGAATGAATTACCCCAAAGTAATTATAAGTTAAGCTGCCACAAAGAAAACCAGTTGAGCCACTGGAAATCGAGCACGAAACCAGCTG
ATCCACTGAAAAACCCTCTGCCCCCAGCGCACAAGCAACCCATCGAGCTGCTGAACCCATCGATTGCCCAGTAGTACCACCAGTACAGTAGCCTT
CATCATGCAGGCCATCAAGTGTGTGGTTGTGGGCGACGGAGCGGTGGGAAAGACCTGTCTGCTGATCAGCTATACGACCAACGCCTTCCCCGGCG
AGTACATACCCACGGTGTTCGACAACTATTCGGCGAATGTGATGGTGGATGCCAAGCCCATCAATCTGGGCCTCTGGGATACGGCTGGACAGGAG
GACTACGATCGCCTGAGGCCGCTATCCTATCCGCAAACGGATGTCTTTCTCATCTGTTTCTCACTGGTGAATCCGGCATCGTTTGAGAATGTGCG
AGCCAAATGGTTTCCCGAGGTGCGTCATCATTGCCCGAGTGTGCCGATAATCCTGGTCGGCACCAAACTGGATCTGCGCGACGATAAGCAGACGA
TCGAGAAGCTGAAGGACAAGAAGCTAACACCGATCACCTATCCCCAAGGACTGGCGATGGCCAAGGAAATAGCTGCGGTCAAGTATCTGGAGTGC
TCGGCCCTGACCCAAAAGGGTCTGAAGACGGTCTTCGACGAGGCCATACGATCCGTGCTATGTCCTGTCGTTCGAGGACCCAAGCGGCACAAGTG
CGCCCTGCTCTAAGAACTTTGAACCCACCCAAAACAAAAACGCGAAGAACTTCAAC
(SEQ ID NO: 467)

Start ATG: 670 (Reverse strand: CAT)

MQAIKCVVVGDGAVGKTCLLISYTTNAFPGEYIPTVFDNYSANVMVDAKPINLGLWDTAGQEDYDRLRPLSYPQTDVFLICFSLVNPASFENVRA
KWFPEVRHHCPSVPIILVGTKLDLRDDKQTIEKLKDKKLTPITYPQGLAMAKEIAAVKYLECSALTQKGLKTVFDEAIRSVLCPVVRGPKRHKCA
LL*
(SEQ ID NO: 468)

Classification: enzyme
Gene Symbol: Rac2
FlyBase ID: FBgn0014011

Celera Sequence No. : 142000012746884
TCGTTTATCTTTGGCAGCGCAGCCGTTCTTGTAAACATCCTAAAGGCTGACCTAAGCAGATTTGACTGCCCTCTTTCAACGCTACCTAATCTTAA
GAACCCAAGAGCGAGGCTCTCCCGAAAATACAAATATTGTTCAAATACTGAGGCTTCTCCTCAATCCAATTTGCATTTGATTTTTAGTCTTAAGC
TGAGATCCAAAGAATAAAGTCGTGAAACTATTTCTCCTAAAAACTATTTTTTATTTCTTGGCGTTGTCCTTAGTCAACTGACGGGACATTAGTTC
GACTCATAAATAAAACAACAATTTTACTATATATATACTACATAATAGTCATACCCATGGGGAAACCTCTTACTTCTCGGCTATCGCAAGGAAAG
TATATGCCTGAACTGCGCTATATAGAGAAAAGCGAAAAGCTCTCGAGAATTGGCACACGACCGATAAGCCCGCCGAAGCAATCAATGGACAATTG
ACCTTCGTAATTGAAGGGGGGCAGGTTGTGGACCACTCACCTAAGCTCATGGCGGTCTTGAAGTATTCCGGCGGAACATAGCGTCCGCCCATGCG
CAAATAGGTATCGCAATCGGACACATAGCTGGGGCATTCGGCCTGCGGACAGGGGCACGTGGATGAGGACGGTGGACCGCAGCCGGTGCTGGCTA
GTGGCATGTATACCGAGTTCCCGTTCCCATGGCACTCGATGCCCAGTATTACGGATTCCGCAGAGCTGTTCTTCACCAGTAGCTGCAGCTTGAGC
ACGGCTATCCAGAATTTCTTGAGCTCGCCGAAGGTGAGTTTGTAGCCCAGTTTGTAGCGCATATCACGTACATCCTCCTCGGTGAGGGAGAGCAG
CACCTCGCCGTCGATGGCCTCCTGGCGCAGGCAGTCGAGCAGTGTTCTCGAAAAGTGCTCCATGCAGGTGGCCCAACTGGTCACATTCTCGATGG
ACCACTGGGCCACGAGTAGCGGATCCACGGGCTCTGGATCTGGCGATCCATTGGTCAGGTGCTTATCTGTCGCCGCGTCGAGGTAGTGCGTCCGG
GTCTCCTGATCCATTGTGACCAATCCACCGCCCTCGGAACGTGGCTGAGTCACCGGATCGCCAATTTCACCGTCGCACATCGCGCTTTCTTTTTT
TTCCGTTCGATGTTCTTCTGGCTGTTTCTTATTCGTTCCAATTTTGCGATTTATCCAAAATCCAAAACAATTGTGCGGCCGAACTCAGATGGAGT
GCAACATTTTTTCACTGCTGGCTGCTGTTGCTGCTGCGGCGCATAATTAACACCTCACTTATTGCGCGTCCAGCGTTTGTTGATGTAAAAGCACA
TTTAATTTTTGGTTTGGTTACTTGTTAAATTCAGACTACTCAGTTGTTCCGTTCAGAGAGCAAGCGAGAGAGCAGAGCGGAGTCAGCAACTATGC
TGGGGGCGGGAGCGAGATAACAAGGCCGAACAGCTGACTTCGGCCATCGATAGTTTTTGGACAACGCCAACGCTATCGATGAACAGTTACTTCGG
TCTTAACTGCGTGTTCACACCGAAAAATTTTCGAGAATTTCGCTCTCGTAAAAGTCAAAAGGTTTAAAACTCTTATCGTTAGCTTAATATTATTT
TAAATAAAACAATTTGAGGTGTCTGGCGAGTAGAAATTATTTAAATATTAACGCTTGACTGATATAAATCTCGTTCGATATATACGAAACCATGG
TGAAAATGTGGAAGAGTGGAAACGGCCTCCAAAGCGAAGATATCGAAGCCACAGCTTCGCTTCGTTAGCATTTTGCGAGCGGCAAAGTGATTTAA
TTGTCCTCGTGCGAATGTCTAGACAGAAGTAATCCTCGAATAATATGAAGAAAGCCAAGCCGCTGCTGCACGACCATCTAATAACGATCCGAGTA
AAGAAGGTGTGTCCAAATCCGTTGTTTATATCCACAAACTAGCCAGCTGCCCGATAGCCGGTAAATTCCCATGAAAGCAGCACAAAAAAAAAAAA
AAAAACACACAAAAACCCTTTGCAGGGCGGCGATTTTGGGCAAGGGAAAACAAGGTTAGGTCGCAGGCTACCCGCATCGTGTGCTAATTGCGTTC
TACTTTCGATTTCAGTATCTGGAGGAGCACATCGGGGAAACCTACCTGGATGTGAAACAGATGACCAGGGAGTTGATGCAAAAGTATCCGGAATA
TTCACGACGCAAATTCGGACCATTCAGACAGCTGGTGCACCAAGGTAAACATGGAACATTGTGGTTATTTGTTTTTAACAAATATTTCTATTACA
GCATTCTCGATCATTTCGGAAAGCTATAACTTGGACAAGGTAAGCAGTTCCGAGGAAGATTGTGTTAGCGAGGACTCCGAGCCACCACCCACGAA
TAGTGTGATGAACAATATGATGAACAGCCTGTATAGT
(SEQ ID NO: 469)

Exon: 1412..516
Exon: 365..355
Start ATG: 1125 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT14406
CTCCGCTCTGCTCTCTCGCTTGCTCTCTGAACGGAACAACTGAGTAGTCTGAATTTAACAAGTAACCAAACCAAAAATTAAATGTGCTTTTACAT
CAACAAACGCTGGACGCGCAATAAGTGAGGTGTTAATTATGCGCCGCAGCAGCAACAGCAGCCAGCAGTGAAAAAATGTTGCACTCCATCTGAGT
TCGGCCGCACAATTGTTTTGGATTTTGGATAAATCGCAAAATTGGAACGAATAAGAAACAGCCAGAAGAACATCGAACGGAAAAAAAAGAAAGCG
CGATGTGCGACGGTGAAATTGGCGATCCGGTGACTCAGCCACGTTCCGAGGGCGGTGGATTGGTCACAATGGATCAGGAGACCCGGACGCACTAC

CTCGACGCGGCGACAGATAAGCACCTGACCAATGGATCGCCAGATCCAGAGCCCGTGGATCCGCTACTCGTGGCCCAGTGGTCCATCGAGAATGT
GACCAGTTGGGCCACCTGCATGGAGCACTTTTCGAGAACACTGCTCGACTGCCTGCGCCAGGAGGCCATCGACGGCGAGGTGCTGCTCTCCCTCA
CCGAGGAGGATGTACGTGATATGCGCTACAAACTGGGCTACAAACTCACCTTCGGCGAGCTCAAGAAATTCTGGATAGCCGTGCTCAAGCTGCAG
CTACTGGTGAAGAACAGCTCTGCGGAATCCGTAATACTGGGCATCGAGTGCCATGGGAACGGGAACTCGGTATACATGCCACTAGCCAGCACCGG
CTGCGGTCCACCGTCCTCATCCACGTGCCCCTGTCCGCAGGCCGAATGCCCCAGCTATGTGTCCGATTGCGATACCTATTTGCGCATGGGCGGAC
GCTATGTTCCGCCGGAATACTTCAAGACCGCCATGAGCTTAGCCGAGAAGTAA
(SEQ ID NO: 470)

Start ATG: 288 (Reverse strand: CAT)

MCDGEIGDPVTQPRSEGGGLVTMDQETRTHYLDAATDKHLTNGSPDPEPVDPLLVAQWSIENVTSWATCMEHFSRTLLDCLRQEAIDGEVLLSLT
EEDVRDMRYKLGYKLTFGELKKFWIAVLKLQLLVKNSSAESVILGIECHGNGNSVYMPLASTGCGPPSSSTCPCPQAECPSYVSDCDTYLRMGGR
YVPPEYFKTAMSLAEK*
(SEQ ID NO: 471)

Celera Sequence No. : 142000013384043
TGGCCGACTATGCCCGAACAAAACAGCCGGGAGCCGTTCATCCTTTCGCCCAGTGGTGGCGAAATGTTCCAGGTGCTGGTCACCCTGCTACACAA
TCTGGAACGGGAACTCTCCGCCAATCTGTTCACCCAAACGCTCCGTTTGATAGCCCATCAAATCGATGACTTCATGCTCGAGAGCATGGTCATGA
ACACGAAGTTCTCAGCTGCGGGAGCAGCGCAATTCAATTATGACATGACACGCAATTTATTCGCGCTCTTTGGACAGTATACACGTCGTCCCGAG
CTGCTCTTCAAGCGGTGAGTCATCTCTACATTTGCTATGGTGCACAATAAACATAAATCTGACACCTTTCATTTCCATTCGATTCGCCAGAACAC
ACGATGCCTGCAAGCTGCTGGCGGCGGCACGAGGAACAGCTTTGTTGCTGCTGGAAACGCTGCGTGGTAATCAATCGGTGGAGGAGAAGACGAAG
CCGCTGAGGGAACTGCATGTGCTCAGCATGGACAGCAAACAGTGCATTGAGGTTCTGGAGCGGAGGATGGACATAAAGATGTTTTAGGTGATGGA
AATTAATTTAAGCTAGTTAATTGGGCCCTAGGAACTTTTGAAATGATATACAACGTTCGGACGCCGTTTTTTTGCGAAATAAAATCATTAACACC
CAAAATGAAAGTTAAAAGATGTTTATCGTAATTTACATTCATTTTATTTGAAGAAAGGCATGTGTATAAACATAGTTATCATGACGGAGATTTAA
CTAATTTGTATTTAACCAGGACACAGTTTCGAACTCGTGCGAATGCTAGTAACAAACGACCAAGTTGTATGAATGAGATATAATTTTGAGTACAT
ATTTACAATTAAATAGCAATTCGTTGCTCTAGGCGCACAAGTCTTGAATGTTTTTTGTGATAATTAAACATTTAGTTGGAATTGTGGTCTCAATG
TTTGGTTTAATTTGTAAAACGTTGACACAAAAACATGCGGTAACTTTAACTTTAATAATAAATTGATCTAAAAATACATAGCGTAAAATAGCATA
TAAACCGGCCTGATCGGGCTCGAATCGCATATCAATACTGATTCATGGCTGATCAGGGCGTATTGTATATCCCTATCGTCGGATGACAAACAATT
GCAGTTAGTAAATACCAATTTGCGACTCGAGACGCACATCACACATCATCACATCGTGGAACGGACCAAGGCGCATTGCCCGCAGAGAGTAA
CTTTTATGTCTACACTAAATAACCGATAATAATCCGATCTGCGGGCGCCGTTCGCCTTTGTATCCCCCCCTTTCTATTCAAAGTTCTGATAATTC
TCGGCGCTGACGAACTGTGCCCGTTGCTGGGGTGTCATGTTGAGATTACCGCGGTTCTTGTTGTTGTAGGCCCAGATGACGCCGGTGGAGATCAG
GGCAATGGTCAGCCAGCCCATGAAGAACAACTGCAGCCACATGTGCTCGCCGCCGCTGTGATCCACGATAATTCCAGCCACGATAGTGATGACCG
CCAAGCCAAGATTCTGTATCGATTGGCAGAAGCCGTAGGCCGTGCCCAATTGGTATTCCGGAATGATGAGAGCCACCAGAGGCCACAGGCTTGCG
GCCAGCATGGAATACGACAGTCCCATGATGATCATGCCCACATAGGGTGTCAGCTGGGTGAACGTAAGCAGGGCATGGGCTCCAATGGTGGTCAG
TGTCGCTGTGAACACCCAGGTCACATTCCTACCCAGTTTGTCGATGATGAAACCAAAGACCGGAGACGATACGGCTGCAATTAGATACACCAGCG
AGTCCACGGTGTTGGCCTCAGCAGGCGAAAGCCCGAAGCGATCAACAAAGAAATTCTGTCCGAGGGCAATGAATGGGAAGATGGCCACATAGTAG
GCGACGCAAATGATGGATACCATCCAAAAGGGTGGTTTGAACGAAAAGACATCGGTGAGTTTCGGTATCTGTCCAGCCGGGTTGTTGTTACGCTG
CAAAATCCGCTCGGCCCTCTTGTCCATCCAGCCGAGGATGAGGGCACAGGTCATCGACATCACACAGGTGAGGGTAGCCAGCAATAAGACGACGC
CTAGAGCGGTATGTCCCTTGTAAAAATTGCTCACATACTCATAGATGGGCTGCATCACCCAGAAGTTGACGGTGCTGCCGAATCGGGCAACCGAC
AGCTGCAGGCCGAATACCATGTTCAGTTCCTTGCCCTTAAACCAGAGCACCGCATAGCTGTTCTGGGCCACCGCCAGTGATTCGGCGCCAATGCC
GAAGATAAACCGTCCCAGGATCATCATCCAGAAGGCGTCCAGAATGCCGCCGCAGGCAAAGATCAACTGACCCACCAGCAGGATCATCATGTAGA
TAATCGTGCCCAGTCGAATGCCAAACAGTCGATCGATCAGGAAACCTCCCACGAAGCACAGGACGACATTGGGCCACGAGTAAATCGAGTAGATG
AGTGTGAACTGGGCGGAGGTCAGATTAAGATCTTTCTTGAAATAGTTCTGCAGGGCGCCGGGTGCATCGTAACAGAAATAGGAGCCGAATCCCAG
CAGGCACATGAACACCAGAGCCATGAACCGGTGGCTCGTGCTCGAGGGCATGCAGCAGCCGCCGGACGGAAGGCTCAGTTCATTGTCACGCCGAC
CGGCCCGACTGACCACTTGGTCCTCCTCCGTCGGTCGCGACACCTCCTCATTGTCCACGATGCGTTCCTCGTCCTCGCGCGCCATCTCCACTCAC
CGCTGGCACAATCCGCACTGACCAGTTGGATGTGGAGCCGAATCCCGCAGAATGGGCGTATGCAAAACTATGTGATATGATTAATCGGCTTTCTG
ATTTCCTGCCGCAGTTGTTTTTTCTTTTGCTTTCGTTTTTCTCTTTTCGTATTTGCCGTTTCTGCAAAATATTTGTATCAATTTCTGCGAACGAG
TGAGCGAGTTGAACTCTTCTGCTTTGTCTTGGCTTATCTCGCTGCTTTTGTTTTTGTTTACTGTACTAGTACCCTTTGTCTAACAACTATTGTTG
TTGTTGGCTGTGTGGGCTAGTTAGTTGTCTCTGGGTTCACTGGTTATCAGCAGTTTTTCCACTCCACTTGCAGCTGAAGTTCGCAGTGCGGTGTT
GGGCAACAAATGTTCGGTGACGTGTGCAACCGCACTTTATTGCTGATCGAATAAAACTAAATTCTTTCCTCTGCCTAATTAACGTTAATTACGCA
TATACAATGGCGGGGCTGCCAACTCGCTGTAGAGCAGGGTTGTCGACGCAGCTACAGGTGCATTCGAACAGCTGGCAGGCGATAACGATCACAAA
TATGAACGGTATTCCTGTTTTGCTCTCCATTATAATCGAAAGTTTACTCTAATTGAAATGCAAATTTTAGTAAGCCATGATTATTTATATAATAG
AATTATATAAATAAAAATAAAAACGCTTGATTATATTAATAAAACAAGATAATCATTAATTGAGAAACTATTTAAGTACAAGAGCTCAACGACGC
AGAAATCTCTTGCATCTTGTTTTGATTTAATTTAGTATAGCCTGACAACCCTAATCCAGCAACGCCGAGTTGAAGCATGTTTTCATACTTTTTAC
CGGGTAAAATGTATTTAATTATATAATTCAGCGGCCCTTGCAGCAATGGATCCCATCGACACCACCAAGCGAAAGCCCAGACGCACCTACGGCAC
GCCATCCTACACGTATCGCAATCGATTTGCCTATGCCCTCTTGGCCGCCGGAACTGTGCTCTTCGGCATTTGGAGGTGAGCAGATCTTCGAACTT
AACGTATAAATGTGGTTTTAATGCTTGCCACCGCCTCGTTTTCAGCCTGACTCCCATCCAGCGCATTGCCAACGAGAAGCTGTCCCAGGCGGTGG
CCCAAACCGAACAGGAGCGCGATAGGAAAGGACTCTTTGAGTTCGGCGCACCAAGGACTTCGCAGTTCATCAGGGACGCCATCAAGGAGAGCGAG
GAGCAGAGGAACAAATAATGGATCGCAAGACGCGGCGAGCCAACTTCAAAAACCTGCAGCCTCGGTAATTTTAATTGAAATAAAGGCCAATAAAA
TGAATGTCATTATCTAACCGAACACTTTGTTTTCCTTTCATCCGAAGTTTGACGCGAAGCACCAAAGCAGCCGCAGATACATTATCGTTATCCAA
CTTCTTTGCCACACCCGAAAATGCTGAAGAAGTTCCGTCATGTCTCGCCGACATTCCTGTTCAGCCCGATCCTCCTGCGCCAAAAATCAAACCAA
(SEQ ID NO: 472)

Exon: 3275..1001
Start ATG: 2745 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT14536
CGACAACCCTGCTCTACAGCGAGTTGGCAGCCCCGCCATTGTATATGCGTAATTAACGTTAATTAGGCAGAGGAAAGAATTTAGTTTTATTCGAT
CAGCAATAAAGTGCGGTTGCACACGTCACCGAACATTTGTTGCCCAACACCGCACTGCGAACTTCAGCTGCAAGTGGAGTGGAAAAACTGCTGAT

AACCAGTGAACCCAGAGACAACTAACTAGCCCACACAGCCAACAACAACAATAGTTGTTAGACAAAGGGTACTAGTACAGTAAACAAAAACAAAA
GCAGCGAGATAAGCCAAGACAAAGCAGAAGAGTTCAACTCGCTCACTCGTTCGCAGAAATTGATACAAATATTTTGCAGAAACGGCAAATACGAA
AAGAGAAAAACGAAAGCAAAAGAAAAAACAACTGCGGCAGGAAATCAGAAAGCCGATTAATCATATCACATAGTTTTGCATACGCCCATTCTGCG
GGATTCGGCTCCACATCCAACTGGTCAGTGCGGATTGTGCCAGCGGTGAGTGGAGATGGCGCGCGAGGACGAGGAACGCATCGTGGACAATGAGG
AGGTGTCGCGACCGACGGAGGAGGACCAAGTGGTCAGTCGGGCCGGTCGGCGTGACAATGAACTGAGCCTTCCGTCCGGCGGCTGCTGCATGCCC
TCGAGCACGAGCCACCGGTTCATGGCTCTGGTGTTCATGTGCCTGCTGGGATTCGGCTCCTATTTCTGTTACGATGCACCCGGCGCCCTGCAGAA
CTATTTCAAGAAAGATCTTAATCTGACCTCCGCCCAGTTCACACTCATCTACTCGATTTACTCGTGGCCCAATGTCGTCCTGTGCTTCGTGGGAG
GTTTCCTGATCGATCGACTGTTTGGCATTCGACTGGGCACGATTATCTACATGATGATCCTGCTGGTGGGTCAGTTGATCTTTGCCTGCGGCGGC
ATTCTGGACGCCTTCTGGATGATGATCCTGGGACGGTTTATCTTCGGCATTGGCGCCGAATCACTGGCGGTGGCCCAGAACAGCTATGCGGTGCT
CTGGTTTAAGGGCAAGGAACTGAACATGGTATTCGGCCTGCAGCTGTCGGTTGCCCGATTCGGCAGCACCGTCAACTTCTGGGTGATGCAGCCCA
TCTATGAGTATGTGAGCAATTTTTACAAGGGACATACCGCTCTAGGCGTCGTCTTATTGCTGGCTACCCTCACCTGTGTGATGTCGATGACCTGT
GCCCTCATCCTCGGCTGGATGGACAAGAGGGCCGAGCGGATTTTGCAGCGTAACAACAACCCGGCTGGACAGATACCGAAACTCACCGATGTCTT
TTCGTTCAAACCACCCTTTTGGATGGTATCCATCATTTGCGTCGCCTACTATGTGGCCATCTTCCCATTCATTGCCCTCGGACAGAATTTCTTTG
TTGATCGCTTCGGGCTTTCGCCTGCTGAGGCCAACACCGTGGACTCGCTGGTGTATCTAATTGCAGCCGTATCGTCTCCGGTCTTTGGTTTCATC
ATCGACAAACTGGGTAGGAATGTGACCTGGGTGTTCACAGCGACACTGACCACCATTGGAGCCCATGCCCTGCTTACGTTCACCCAGCTGACACC
CTATGTGGGCATGATCATCATGGGACTGTCGTATTCCATGCTGGCCGCAAGCCTGTGGCCTCTGGTGGCTCTCATCATTCCGGAATACCAATTGG
GCACGGCCTACGGCTTCTGCCAATCGATACAGAATCTTGGCTTGGCGGTCATCACTATCGTGGCTGGAATTATCGTGGATCACAGCGGCGGCGAG
CACATGTGGCTGCAGTTGTTCTTCATGGGCTGGCTGACCATTGCCCTGATCTCCACCGGCGTCATCTGGGCCTACAACAACAAGAACCGCGGTAA
TCTCAACATGACACCCCAGCAACGGGCACAGTTCGTCAGCGCCGAGAATTATCAGAACTTTGAATAGAAAGGGGGGGATACAAAGGCGAACGGCG
CCCGCAGATCGGATTATTATCGGTTATTTAGTGTAGACATAAAAGTTACTCTCTGCGGGCAATGCGCCTTGGTCCGTTCCACGATGTGATGATGA
TGTGTGATGTGCGTCTCGAGTCGCAAATTGGTATTTACTAACTGCAATTGTTTGTCATCCGACGATAGGGATATACAATACGCCCTGATCAGCCA
TGAATCAGTATTGATATGCGATTCGAGCCCGATCAGGCCGGTTTATATGCTATTTTACGCTATGTATTTTTAGATCAATTTATTATTAAA
(SEQ ID NO: 473)

Start ATG: 531 (Reverse strand: CAT)

MAREDEERIVDNEEVSRPTEEDQVVSRAGRRDNELSLPSGGCCMPSSTSHRFMALVFMCLLGFGSYFCYDAPGALQNYFKKDLNLTSAQFTLIYS
IYSWPNVVLCFVGGFLIDRLFGIRLGTIIYMMILLVGQLIFACGGILDAFWMMILGRFIFGIGAESLAVAQNSYAVLWFKGKELNMVFGLQLSVA
RFGSTVNFWVMQPIYEYVSNFYKGHTALGVVLLLATLTCVMSMTCALILGWMDKRAERILQRNNNPAGQIPKLTDVFSFKPPFWMVSIICVAYYV
AIFPFIALGQNFFVDRFGLSPAEANTVDSLVYLIAAVSSPVFGFIIDKLGRNVTWVFTATLTTIGAHALLTFTQLTPYVGMIIMGLSYSMLAASL
WPLVALIIPEYQLGTAYGFCQSIQNLGLAVITIVAGIIVDHSGGEHMWLQLFFMGWLTIALISTGVIWAYNNKNRGNLNMTPQQRAQFVSAENYQ
NFE*
(SEQ ID NO: 474)

Name: permease, putative
Classification: transporter

Celera Sequence No. : 142000013384043
AGAAGAAGAATAATATTCAGAAAGAAGTTCATCAAAGGAATTCACAAAGGAGAAGCATTCAATGCACTCCCAAAAAACGTGGTCGAAAACCAAAG
CAACCGGCTAAGAAACTGCAGTCAAGAATTTCCACCGATCAGCTAGGAAGCACACCATCGCCATCCAAGCTGCCTGCCAAATATCCCGCCCATTT
TGTTCATCAACTTCCGCCCGCTGAGGATTCCAGCTGTGCCACTCGAAGACGATCCTTATCTGCTCCAGCTATGCAACTTAGCGATCTAAGCCTCA
CACCCGATGAGATCCAAACTCCGGAGCGGCGCGGTGAAATCGTAAACAAATCGCCATCGGATCTCGACTCCGATGTCTCCTTGAACTTCTCGCTG
TCCGATTCCATTGGCGAGATCTTCGGCACCAAGGACATCAGCAGCATTCTGACCATGCAGCGGCCGCGTCAGTACATTTTGCTGGAGGAGCATCT
GCCCACACTGGCCACCATGTTGAACGTTGACTTGGAGCGACTGCGCTGCGTGCTGGATATCACTCAGGGCTTGAGCCACGAGCAAATCCTGCGCT
TTCCGATAAAACATGAAGAGGATGAATTGGAAGTACCTTAGATATGATGGGGAACTTATAGCAGTAGTATAATGTTTTCACTTTGAATAGTTTTA
ATGTCCAAGTCCAACATATTTAATTCCCATAAGATCCTTGTTGCTTTAACTTAACATTTAAAATGTATATCTCCCTTTTTTTTTGTATATTTTTA
AGTGGTATTTAATTGTTGTTGTTTTTTGTTGTTGTTGTTTCTTTTTCGTTATTTTGCCTTAGACTTTCAGAGTGCACAATTTTTGTTTAAACCAT
TTACTTTTTTGTATATTTTAAATTACTAATGCTAAACGTTATCTAGACTTTATCATACTTCATAATTGGTTTCCTTTCCTCCACGACAATACAGC
AGCAATCGATCGGGGTTTTTTTTTGTATCTGTTACTAAGTTTTCTTTTTTGTTTACTGTGTTTCTCATTTAACGTATATACAACCGCGTGAATTT
GGAGTTGCAGCTCCCTAGTAGTCGCTGTCGTAGCTTCCGTCCTGCTGCGCCTGCGTCGAGTCATCGGAACGCTCCGAAGTGGGCTCCAGATCAAC
GTCCAGGGCCGTAGTGTTGGCCGGACAGCAGCTGGGATGAGCCATTGAGTCGAAGGCATCTTTGATTTGATTGTTGGCACCTTTGGGATCTAGGT
CGGTGGCCCAGCTGAAGTGCATCAGCGCCAGATCCATGTTGCCGAGCGTCTTGTGGATTTTGCCGATCAGATAGAACACCACCGACTCCTTGGGC
ACGACTTCCTTGAGCTCCTCCAGTTCGCGCAGCGCCTCCTGGTACTTGCCCAGCGAGAAGTAGATGGAGCCGCGATGGAATCGCGTCAGCGGGTT
CTTGGGGTCCAGCGTGGCGGCCGTGTTTAGCGTCTGCAGCGACAGATCCTTCTTCTTCATGTAGAATTGCATGGCGCCGATGTGCACGAGAATAA
CCGAGTTCTGTGGATTGATTTTCAGCGCCTTCACGTAGTGAATCTCAGCCAGCTCGTATTTCTCCTGCTTGGAGTAGATGGTGCCGATGCCGTAC
CAAGCATTGTAATGCCGCGGATCTCTAACCACTGCTGCACGGAAGTAGTCCATGGCCTTATCAAATTCTTCGGTGAGTACGAGTTCGTGGCCCAA
CAGTGTGTAGCTGTAGACGAAGTCTGGATCCACTTGGACAGCCCGCTTGAAGAACTTGATCGCGGTTTCGTGCTCCTTTTGCAGCGAAAAGCAAT
TGCCGGACACACACCAGGTAACCGGGCTGGTTTTGTCCTGGTTAATCAGATCCTGGGCGAGAGCTGACAGCTCAACCTCGCGCTGCAAATGCCAC
AGGGATGACGAGTATATCTCCATGTAGTCCAAGCGACATGGCTCTGTCTTGTGGATGGTCTCAAATATCGCCACCGCCGCCTCATACTCACGCAT
CTCGTACCTGGCCAGTCCGATGAGCGACTGCACCCAGCTGGAGTTCAGGTGGTGCTTTGGTATCGTCGTCTCCAGCTGCTTTATGGCCGCCTTGC
ACTGGAAGTTCGAGAGCAGCTGATAGGCTTCAGCTAAACCCCGCAGCAGGGCCATCAGCCCATCGGCCGATTGTTTCTTGAGTCCCATCAGCTGG
TGGGCCATCGTCTGGGCATTGTTTAGGCTATTGTTCAGCAGTACTTTGGCCTCCTCGGCGGCACTGCGTCCACCGCTGTTGTTATTCGCTCCCGA
GGAAGTAATAGTCTCCACCTTCTCCTTGCGCTTCTCGGAGAGGTGGTGGGACTTATCCTCGATCAGTTCGTTATTTAGGCAGATCTTGGTCATCC
GTGACTTGGCTTTGCGGGGCGGCGAACGTGGCTGCACGAACTTGTTGGCTATGTTGGGCGATTTATTGTTCTCCTTCACCGAATACGAGTTGCTG
AACAGCCGCGAACTGCGACGCACTGCAGCATTCGGATTGGGCGGCACATTCATATTGCCATTGTTGCCCACATTATTGTTGTTCGGAGTGCGGGG
CGTTATGTTTCCGGCTTGCGTAAAGACGGCGGGTTTATTAAGGCTGCCCTCTTTGCGATTGATGAGTCCGCCCACATGTGTCTTTAGCTTTTTGC
CCATCATCTTCGGCTCCTGGTTGACCTCGACCAACATCTGTGGCATCGGCGAATAGCTTATATTCATAACGGGCGTGTGGTTGCCAATGAAGGAT
CCATCGTTGCCGGTGCACGGACTAGTTAAAGGCATGATGCCGAAGCTCGGTGTTGGCGGTGAGATGGCCGATAGGTATTTGAACTGTTTGCGAAA
CGGAGTACCGCTGCTCATGTCGTAGAGCTGCTGGTTCTGCTGATACTGGCCGGCCGGGTCCTGCGGAGCTCCCATAGGTGTGTCCTCCAGCATCG
CCAGCATGCTGGAGTTTTGTACCAAACCCCCGCGCAGCATGCTGATCGAACTATTGAGATTGTTGTTATTATTATTATTGTTGATGGGCGTCACC

ATGTTGCTGTTGTGGTGCTGGTTCTGATTCTGGTTGATCTGTTGTTGCTGCTGATCCACGGGCGTGGTCAGAATGTAGTTGGAGACATTGCTTAG
GTTGGTGATCAGCGACTGGCGCTCCTGATGCTGTTGACCCTGCTGCTCGGCTCCGAACAGCACCATTGCATTGGCATTTACGCTGCTGCCCTGGC
AGGTATTGAACACATCTGTGCTGTGGATTTGGAATATGGCCGCCGCATCTGTATCCTGGCCCAGCAGGCACAGATCCGCGAATGCGTGCCACATG
AAGGGGTTCAGTTTGAGGGCGCGCCTTAAAGCACTAACGGCCAGTTTATTGCGCTCGGTCCTCATGCAGATCTGGGCCATTAGCTGATAGGCGAA
GCAGGCCAGATCCCCGAAGTCCCGCTGCAGCTCATCGCAGTTCTTGGCGTCCGCGAATCCCGTGGAGATCAGGGCACTCTCCGCCTCAGCGTATT
TTTTCAGCTCGTAGGCACATTTGGCCTGCAGAAAGCGGCACTGCGGCGAGCGGCGTGCCTTCTCCTTGAGCAGCCAATATGCCTGGTGCACCTGA
TTGGAGCGGAAGTAGCTGGTGGCCAGCAGGAATATCGTCTCGTCGCTCTCCACTGCAAGGACACGGTGAAAGAGAAAATCAGTGATATACCCGGT
CAGACAAACGAGACCTTGACCTATACCTTCTGAGCACAGGCGTTCCGACAGGAAAACGGCATCCTTGAAGTCGTAGTAGTTCAGGCAATGCCATA
TGGCGGCCTTTGGGAGCGAAAAAAAAGAAGGGAGAAAATTTGGTTTTTTATAGAGGCCAGGTGGACCGAGGAGCTATTGATTTACCTGCACGGGC
TCTTGAATCATCATGTCTGGGCGGTATGTGCGACTTTCTAGGGGCGCTCTATGAGATGTACGTTCACTGTACTTCAGGGCTTTACAATAATTCAA
ACATGCAGTGTGTAGAACTCAAACAAACTATCATGTCGCCCCCCACTCGTACACTCTTCTGTTTGTATTTGTATTCGAATTGTTTTCTTTTGGCC
AAATTTTTTCCAACAATATCGAATGGGAAAAAGTAAAAGTTTGGCCTGTGTGCTGGCTGGCTGTGTGGTATGTGAGTGTCGTATGTAACCCGATT
GCGGATGCGGCGATGCAAGTGGCGATGGCGGTGTCTCTCGCTCCCTGGCCTCCACTCCACTCCACCTTCCACTTCCACTTTTTCTTTATATTTGA
TATTGCAATTGGTTTGAGTCGAGCCTTCGCTTCGCTTCGCCCTCTGTACACACACACTGCGAACGGGGGGTCGGTTTTCTACTATCGTTTTCGGG
GCTTATCTCTCGTTAAAGACGCACACGGGGCTGATCTGCGATTGGCGGCGACACTGGACTACACCTTGGCCACATTTTAGCTACTTGAAACACGC
TGCATACGCGTTGCATTCCATTTTATTTGAAAAACCAAAGCTAAAATAATTGCGAGCTGTCAAAGTATCGATTGCACGCGACCCTGCCAATCGAT
TGTTTATATGGTTGAGGAGGACCGTATCGCACTAGCGCAAAAGTACCAAGCTCTTGACACGAAGCTATTATAAGCTGTTTCCACTGATACATAAC
TTTGCATTTTTTTAAATGCCAATTTAAATTGTAAATTAATATCATTAAAGAAGGTCATAAAATTAGATATGTATCCCAGCTACTCAAATATATAC
ATAACTAGACTTCCTTACAGCGCGCTTTTATTAAATACCTAATACTACTAGCTTAAACGAGATTTAGTTATAGTTTTTTATCCAATTCTACTGCG
AATCGCTGGAACTGGAGCTTGAGCTATCCGTGGACATGACCTCCACATCGTCCTGGGCGCGCGTCTCCAGGGCCACTGTGTTCCCAGAGGCGCCC
ATGGTCATGTGCAGCTCTCCGAGATTCCAGTTAAACTGGTTCTGGAAGGCATTGGGCACCTCGCCGCCGGCGCCACTGCCACTCCCACTTCCTGC
GCTACCGGACAGCGTTCGCTGCTGCTCCGAGGGCATGCCGCTGTTCTGGTGGGTCACTGTTCCGCCGTTGATGTTCTGCTCGGATTTACCCAGCA
GCCCGTTGCGCATCTCAATGTCCGTGGGATAGGGACGCCGCAGGTCACCTATGCACCAGGTGAGCGGAGCACTGACCGCATTGGCGGAGCTAATC
CGATGTGCGTATTTGATGAGCTCCTCGGATGAAACCGGTCGTTTGTTGGCCTGATTGATGCTGGCCAGTTTCTGTCGCGCTTGGAAGATGGCCGT
GGACAGTATGAGCTCCGCATCCTTTAGCGACTTTTGCAGCTTCTGGATCTCACGGTCCTAAGCGGGAAAATCCAGATTATACCTTATTTTTGGGG
AATGCAAAACTTCTACTTACGTGCACCTCGACCTTAGCGCGCAGTTGGTCCATCGCCTCCTCCACTTTCGCCTGCTCCTCCGCCAGTTCCAGCAT
TTTGCGAAATTCCTCATCTTTGGCCACCAGCAAATCCA
(SEQ ID NO: 475)

Exon: 4548..3886
Exon: 3807..3732
Exon: 3662..1001
Start ATG: 3909 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT14558
GGTCGCGTGCAATCGATACTTTGACAGCTCGCAATTATTTTAGCTTTGGTTTTTCAAATAAAATGGAATGCAACGCGTATGCAGCGTGTTTCAAG
TAGCTAAAATGTGGCCAAGGTGTAGTCCAGTGTCGCCGCCAATCGCAGATCAGCCCCGTGTGCGTCTTTAACGAGAGATAAGCCCCGAAAACGAT
AGTAGAAAACCGACCCCCCGTTCGCAGTGTGTGTACAGAGGGCGAAGCGAAGCGAAGGCTCGACTCAAACCAATTGCAATATCAAATATAAAG
AAAAAGTGGAAGTGGAAGGTGGAGTGGAGTGGAGGCCAGGGAGCGAGAGACACCGCCATCGCCACTTGCATCGCCGCATCCGCAATCGGGTTACA
TACGACACTCACATACCACACAGCCAGCCAGCACACAGGCCAAACTTTTACTTTTTCCCATTCGATATTGTTGGAAAAAATTTGGCCAAAAGAAA
ACAATTCGAATACAAATACAAACAGAAGAGTGTACGAGTGGGGGGCGACATGATAGTTTGTTTGAGTTCTACACACTGCATGTTTGAATTATTGT
AAAGCCCTGAAGTACAGTGAACGTACATCTCATAGAGCGCCCCTAGAAAGTCGCACATACCGCCCAGACATGATGATTCAAGAGCCCGTGCAGGC
CGCCATATGGCATTGCCTGAACTACTACGACTTCAAGGATGCCGTTTTCCTGTCGGAACGCCTGTGCTCAGAAGTGGAGAGCGACGAGACGATAT
TCCTGCTGGCCACCAGCTACTTCCGCTCCAATCAGGTGCACCAGGCATATTGGCTGCTCAAGGAGAAGGCACGCCGCTCGCCGCAGTGCCGCTTT
CTGCAGGCCAAATGTGCCTACGAGCTGAAAAAATACGCTGAGGCGGAGAGTGCCCTGATCTCCACGGGATTCGCGGACGCCAAGAACTGCGATGA
GCTGCAGCGGGACTTCGGGGATCTGGCCTGCTTCGCCTATCAGCTAATGGCCCAGATCTGCATGAGGACCGAGCGCAATAAACTGGCCGTTAGTG
CTTTAAGGCGCGCCCTCAAACTGAACCCCTTCATGTGGCACGCATTCGCGGATCTGTGCCTGCTGGGCCAGGATACAGATGCGGCGGCCATATTC
CAAATCCACAGCACAGATGTGTTCAATACCTGCCAGGGCAGCAGCGTAAATGCCAATGCAATGGTGCTGTTCGGAGCCGAGCAGCAGGGTCAACA
GCATCAGGAGCGCCAGTCGCTGATCACCAACCTAAGCAATGTCTCCAACTACATTCTGACCACGCCCGTGGATCAGCAGCAACAACAGATCAACC
AGAATCAGAACCAGCACCACAACAGCAACATGGTGACGCCCATCAACAATAATAATAATAACAACAATCTCAATAGTTCGATCAGCATGCTGCGC
GGGGGTTTGGTACAAAACTCCAGCATGCTGGCGATGCTGGAGGACACACCTATGGGAGCTCCGCAGGACCCGGCCGGCCAGTATCAGCAGAACCA
GCAGCTCTACGACATGAGCAGCGGTACTCCGTTTCGCAAACAGTTCAAATACCTATCGGCCATCTCACCGCCAACACCGAGCTTCGGCATCATGC
CTTTAACTAGTCCGTGCACCGGCAACGATGGATCCTTCATTGGCAACCACACGCCCGTTATGAATATAAGCTATTCGCCGATGCCACAGATGTTG
GTCGAGGTCAACCAGGAGCCGAAGATGATGGGCAAAAAGCTAAAGACACATGTGGGCGGACTCATCAATCGCAAAGAGGGCAGCCTTAATAAACC
CGCCGTCTTTACGCAAGCCGGAAACATAACGCCCCGCACTCCGAACAACAATAATGTGGGCAACAATGGCAATATGAATGTGCCGCCCAATCCGA
ATGCTGCAGTGCGTCGCAGTTCGCGGCTGTTCAGCAACTCGTATTCGGTGAAGGAGAACAATAAATCGCCCAACATAGCCAACAAGTTCGTGCAG
CCACGTTCGCCGCCCCGCAAAGCCAAGTCACGGATGACCAAGATCTGCCTAAATAACGAACTGATCGAGGATAAGTCCCACCACCTCTCCGAGAA
GCGCAAGGAGAAGGTGGAGACTATTACTTCCTCGGGAGCGAATAACAACAGCGGTGGACGCAGTGCCGCCGAGGAGGCCAAAGTACTGCTGAACA
ATAGCCTAAACAATGCCCAGACGATGGCCCACCAGCTGATGGGACTCAAGAAACAATCGGCCGATGGGCTGATGGCCCTGCTGCGGGGTTTAGCT
GAAGCCTATCAGCTGCTCTCGAACTTCCAGTGCAAGGCGGCCATAAAGCAGCTGGAGACGACGATACCAAAGCACCACCTGAACTCCAGCTGGGT
GCAGTCGCTCATCGGACTGGCCAGGTACGAGATGCGTGAGTATGAGGCGGCGGTGGCGATATTTGAGACCATCCACAAGACAGAGCCATGTCGCT
TGGACTACATGGAGATATACTCGTCATCCCTGTGGCATTTGCAGCGCGAGGTTGAGCTGTCAGCTCTCGCCCAGGATCTGATTAACCAGGACAAA
ACCAGCCCGGTTACCTGGTGTGTGTCCGGCAATTGCTTTTCGCTGCAAAAGGAGCACGAAACCGCGATCAAGTTCTTCAAGCGGGCTGTCCAAGT
GGATCCAGACTTCGTCTACAGCTACACACTGTTGGGCCACGAACTCGTACTCACCGAAGAATTTGATAAGGCCATGGACTACTTCCGTGCAGCAG
TGGTTAGAGATCCGCGGCATTACAATGCTTGGTACGGCATCGGCACCATCTACTCCAAGCAGGAGAAATACGAGCTGGCTGAGATTCACTACGTG
AAGGCGCTGAAAATCAATCCACAGAACTCGGTTATTCTCGTGCACATCGGCGCCATGCAATTCTACATGAAGAAGAAGGATCTGTCGCTGCAGAC
GCTAAACACGGCCGCCACGCTGGACCCCAAGAACCCGCTGACGCGATTCCATCGCGGCTCCATCTACTTCTCGCTGGGCAAGTACCAGGAGGCGC
TGCGCGAACTGGAGGAGCTCAAGGAAGTCGTGCCCAAGGAGTCGGTGGTGTTCTATCTGATCGGCAAAATCCACAAGACGCTCGGCAACATGGAT
CTGGCGCTGATGCACTTCAGCTGGGCCACCGACCTAGATCCCAAAGGTGCCAACAATCAAATCAAAGATGCCTTCGACTCAATGGCTCATCCCAG
CTGCTGTCCGGCCAACACTACGGCCCTGGACGTTGATCTGGAGCCCACTTCGGAGCGTTCCGATGACTCGACGCAGGCGCAGCAGGACGGAAGCT
ACGACAGCGACTACTAGGGAGCTGCAACTCCAAATTCACGCGGTTGTATATACGTTAAATGAGAAACACAGTAAAC

(SEQ ID NO: 476)

Start ATG: 640 (Reverse strand: CAT)

MMIQEPVQAAIWHCLNYYDFKDAVFLSERLCSEVESDETIFLLATSYFRSNQVHQAYWLLKEKARRSPQCRFLQAKCAYELKKYAEAESALISTG
FADAKNCDELQRDFGDLACFAYQLMAQICMRTERNKLAVSALRRALKLNPFMWHAFADLCLLGQDTDAAAIFQIHSTDVFNTCQGSSVNANAMVL
FGAEQQGQQHQERQSLITNLSNVSNYILTTPVDQQQQQINQNQNQHHNSNMVTPINNNNNNNNLNSSISMLRGGLVQNSSMLAMLEDTPMGAPQD
PAGQYQQNQQLYDMSSGTPFRKQFKYLSAISPPTPSFGIMPLTSPCTGNDGSFIGNHTPVMNISYSPMPQMLVEVNQEPKMMGKKLKTHVGGLIN
RKEGSLNKPAVFTQAGNITPRTPNNNNVGNNGNMNVPPNPNAAVRRSSRLFSNSYSVKENNKSPNIANKFVQPRSPPRKAKSRMTKICLNNELIE
DKSHHLSEKRKEKVETITSSGANNNSGGRSAAEEAKVLLNNSLNNAQTMAHQLMGLKKQSADGLMALLRGLAEAYQLLSNFQCKAAIKQLETTIP
KHHLNSSWVQSLIGLARYEMREYEAAVAIFETIHKTEPCRLDYMEIYSSSLWHLQREVELSALAQDLINQDKTSPVTWCVSGNCFSLQKEHETAI
KFFKRAVQVDPDFVYSYTLLGHELVLTEEFDKAMDYFRAAVVRDPRHYNAWYGIGTIYSKQEKYELAEIHYVKALKINPQNSVILVHIGAMQFYM
KKKDLSLQTLNTAATLDPKNPLTRFHRGSIYFSLGKYQEALRELEELKEVVPKESVVFYLIGKIHKTLGNMDLALMHFSWATDLDPKGANNQIKD
AFDSMAHPSCCPANTTALDVDLEPTSERSDDSTQAQQDGSYDSDY*
(SEQ ID NO: 477)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: Cdc27
FlyBase ID: FBgn0012058

Celera Sequence No. : 142000013384416
CCCGCTCCTGCTCGCCCATTTGCAGAAGTCGCTGCGATTTCCGCGACAGCTTGGAGTGGTCTATGGTTTTTAGGGAGTCAAGCAGGGCGGGATGG
GCACTTGGCTTCACAACCGGCAGTTTTCGCCATACCTCCAGCTCCAGATCCTCGGAGTCCTGTGCGGGAATCGTGTACTTGAAGTATGGCTTTAG
GTGACGATAGAAGAGCACTGACTCAGCGATGGCCACGGCAATTACTGGAAAATTGTATTCATTATGGAATCTAATTTAAAAATATTAAAATGCAA
CGTTATTTCTACCCGGCGTCTTGGGCTCCGTTTCGTCGATGTAGAGACTTTCAATGGCCGCTGGAATCCCCGGCAGTGGCTGCTCGTGCTTGAGT
TTAAGACCACGGAAAACCTTCAGCGTGGCAGTGGGCTCCTCGGCGGCATTGTCCAGTGAAATGTCCGCCGCCAGCAGCCGGACATATCCGTCGCA
CTGCACGTCGCTCAGGGCCATGCAACTGGTGAGGGTGGTGAGATGCGGTGGAGGAGCCTCCTCCGCCGTGTCCACGTGAAGCCAGTTGGGAGCAC
CGGCCATGGCAGGATCTTGGTGAAAAATTTGCAGCACAGTGTGAAAACGAACAGGTGATTCAGGACATGCTTTTGTTTTGGTTTTTCTTGTCCTT
AGCAACCGGGATGACAGCACATTTTTTGTTACTTATTTGGGTTTTTCTTAAAAACACAAAATGATCGTCAGCATTATTCTTAAATGCTAACAGG
GTAAAGCTACGTATAACTAAAAAATCATTTGGCAAAAGGTAAAACTGTGATCAAATTACTGATGATAGAAAATTTTATTTAAATTGGCCGCCAAA
AATGCATTTTGTCTGGTCACACTTAAGGCCGGCCTGCTAAAGACGTGCAAGCATCGACAGTATGTGTTATCGATAAGTGCGAGGGAATATTCGAT
ACCCACGTCAATTGCTTATCGCAAAAAACATTCGTTATAAATATCATCTCAGCGACGCCAGCAGTTGAATTCAATATTTAACATTTTGTATACAT
AAGTGACTGACTACGGCCCTATTTAACTGCAAGTAATGACGGAGCTAAGGGACGAGACACCGCTCTTTCACAAGGGCGAGATAGTCCTTTGCTAC
GAGCCGGATAAATCGAAGGCCCGTGTTCTTTACACCAGCAAGGTAAATACACATGCACACACACACACGCGCGCGCATTGAAATGTCAAGCAA
ACGTCGTAGGCGAAGTTTTCACAAATGATTTTCCGTTTCCCGCAATTTTCCGTACATGCCGCAGGTGCTAAACGTCTTTGAGCGCCGGAACGAGC
ATGGCCTGAGGTTCTACGAGTACAAGATTCACTTCCAGGGCTGGCGTCCATCCTACGATCGCTGTGTGCGCGCCACCGTTCTATTGAAAGACACC
GAGGAGAATCGCCAGTTGCAAAGGGAGCTGGCCGAAGCTGCCAAGCTGCAAATGTAAGATAACCCCCTAGACATGCGTGGAATACCTCTCTAACG
AGTTCCCCCTTCTTTTTCGCACAGTCGTGGTGACTACTCCTACAAGGGCACACCCGATAAGCCATCGGCCAAGAAGAAACGCGGCGGAAAAGCGG
CCCACGTTGAGGAGCCAATAGTGGTTCCAATGGACACGGGACATCTTGAGGCGGAGCACGAAATGGCGCCCACTCCACGAGCAGCGGGCAACCGG
ACGCGGGACAACAGCGGTGGCAAGCGAAAGGAAAAACCCCCGTCCGGAGATGGCCGATTAAAGGGAAACCGGGGCAGACAAACAGAGACCTTTTA
TAACAATGCCATAAATGATGTATCGGTCTATAACCATGTGCCACAGGAGGATCGCATTATGATGCGAGTCAGCGAGCGATTGCGAGAGCTTATAG
AGTACGATCGGAATATGATCAAGGTACTAGGCAAACAGCACGCACTGCCCGCCCGCGTGCCCATCGTGACCATCATGGAAAACTTCGTCAAGCAG
CAGGCCGTGGAGCTAGCCATTAGCATTAAACAGGACAGCTCGAGGGCCAGGAACACGCAGAGTCGCAATGCCAGAATGGAGCGGGAATACGATCG
CGTTATGTCCACGTTGGTTACCACTCAATATCAGACTTAACAACCCACTTATACTCTTACTTATTAACAGTGTCTGCATGCTGAAGGAGGTGGTA
GACGGATTGCGTATCTACTTTGAGTTCCACGTGGATGACCACTTGCTGTATACGGAGGAGAAGGAGTATGTCCACAACTACCTCACAGACGACAA
CATGCGCAACTGCAGCCTAATATTGAACAAGTCGTACGAGTATATCAATCCCAGCGGTGACACGGAACTGATCGGTCTGGACGGCACGCCAGTGG
TAGAAGGGTCGGGCGACACCAATGGACAGATCGGAGTTATTAATATCGGCGGTCCGGAGTACGAGAAGCAGTTGCAAAAATGCCTGCTCTACATT
GTTACCGCCAGCGGGAAAAACACTGCGCAGGCCTATGAGAGGACTTCCCCATATACGGCTGCCTACAAACTGCCCGTGGAGATGCGTGGATTTCT
GAACGAAACATTCAAGTGGCGGCTTTTGTCAGCGGAATCGCCGCCAGAAAAGTCCATGGTCTTTGGCGCTCCCCACCTGGTTAGGCTAATGAGTA
TGTACAATCTTTCTTGCATTCTATAACACACATTAATTCATGGTACTTGCAGTTAAAATGCCCATGTTCTTAAACGCATCGCCGATCAGCAACAA
GAAGCTAGAAGATCTACTTCCCCACCTCGACGCCTTCATCAAGTAAGTCTAAGACCCCTCCCTAGTCCATCACGAAGCTAATCTGTTGGTTTTTC
AGCTACTTGGAGAACCACAGGGAGTGGTTCGACAGGGAAAACTTTGTTAACTCCACTGCCCTGCCCCAGGAAGATCTGCAGCGGGAGCTGTTGGA
CTCCCTGGATGGGATTGCTGCTTAGCTTTAGTTGATCGTAGTTATCTAGTTTATTTATTATTACGATTAAAGCTTATGCTCTTTTATTTAAAGAT
TTGTAATTGTCGTTTTGGTTTCTTCAACTACACACTTTGTAAACAACGCACTTCTATAAAAAAGTTTCCTAATGTGATCGTATAATCGAATAATG
CCTATAACTATATATGTTAAATATTGAAAATACGATTTTAACATTTTTTTTTGTTTTTTTTTTTTTTTTTGCTTAACCTAAGTTTTAGTTGAGTA
GTACATGCTAGTATTTTTGTCATGCCTTGTTTTTTGTGCTCAAATATATTTAAGAGTTGGAAAGTTGTTGTCTTTTGTATTAAGGATTTGCGGAC
CTTGAGTTGGAATGTGCAGGGAATTCTTAAGATTTGTATAATTTCTCAAAATATTGCAACTGTAACAACTATGTGTGTGCTGATTTGTGTTTCAG
ATCCTGCTTAGAAATTCGAAATTGTCGCTTGGACGGCTTGGAGTTGGATGCATTCGCGTTTGTAACATGTGTAAACTTGGGACGTTAACTTGGAC
GATGACTGAACTGGACTGGACTGCCGGCCCTCACTTCTGTCGCTTGGTGGCACTGCTGGCCGTGGGTCGCATGAAGCTGCTCACGGATCGACTGC
TGCTAGTGCTCCTCTGCTGCGGACTGGGGTTCGCACTCATCCTGGCCTGCTGCTGCTGGTTCAGGGCATTTTTCACCAGCACCACGCTGCGAGCG
GCGCTCATTCGGGACTGTGACTGGGGTTGGGACTGGGACTGGTTTTCCTTAAAACTGGTGCTACCATGGATACTCGATTTCGGAGCCGTGTTGGA
CATCTTGCTGCGCACCAAGATCACACTGGGTCCCACACTCGACCCGCTACTGCTGCTCCTGCTGGCGGGGACTCCACGTCCCTGGGTAGGTCGCA
GATTCTGGGCGGCCAGTGGTCTTTTGCTGGGCGAGGAGTCAACGGACACAGTGGCTCCCGCTCGCTGAACGGCGG
(SEQ ID NO: 478)

Exon: 1001..1182
Exon: 1300..1478
Exon: 1545..2102
Exon: 2161..2657
Exon: 2713..2797

Exon: 2853..2970
Start ATG: 1081

Transcript No. : CT14600
AGCGACGCCAGCAGTTGAATTCAATATTTAACATTTTGTATACATAAGTGACTGACTACGGCCCTATTTAACTGCAAGTAATGACGGAGCTAAGG
GACGAGACACCGCTCTTTCACAAGGGCGAGATAGTCCTTTGCTACGAGCCGGATAAATCGAAGGCCCGTGTTCTTTACACCAGCAAGGTGCTAAA
CGTCTTTGAGCGCCGGAACGAGCATGGCCTGAGGTTCTACGAGTACAAGATTCACTTCCAGGGCTGGCGTCCATCCTACGATCGCTGTGTGCGCG
CCACCGTTCTATTGAAAGACACCGAGGAGAATCGCCAGTTGCAAAGGGAGCTGGCCGAAGCTGCCAAGCTGCAAATTCGTGGTGACTACTCCTAC
AAGGGCACACCCGATAAGCCATCGGCCAAGAAGAAACGCGGCGGAAAAGCGGCCCACGTTGAGGAGCCAATAGTGGTTCCAATGGACACGGGACA
TCTTGAGGCGGAGCACGAAATGGCGCCCACTCCACGAGCAGCGGGCAACCGGACGCGGGACAACAGCGGTGGCAAGCGAAAGGAAAAACCCCCGT
CCGGAGATGGCCGATTAAAGGGAAACCGGGGCAGACAAACAGAGACCTTTTATAACAATGCCATAAATGATGTATCGGTCTATAACCATGTGCCA
CAGGAGGATCGCATTATGATGCGAGTCAGCGAGCGATTGCGAGAGCTTATAGAGTACGATCGGAATATGATCAAGGTACTAGGCAAACAGCACGC
ACTGCCCGCCCGCGTGCCCATCGTGACCATCATGGAAAACTTCGTCAAGCAGCAGGCCGTGGAGCTAGCCATTAGCATTAAACAGGACAGCTCGA
GGGCCAGGAACACGCAGAGTCGCAATGCCAGAATGGAGCGGGAATACGATCGCGTTATGTCCACTGTCTGCATGCTGAAGGAGGTGGTAGACGGA
TTGCGTATCTACTTTGAGTTCCACGTGGATGACCACTTGCTGTATACGGAGGAGAAGGAGTATGTCCACAACTACCTCACAGACGACAACATGCG
CAACTGCAGCCTAATATTGAACAAGTCGTACGAGTATATCAATCCCAGCGGTGACACGGAACTGATCGGTCTGGACGGCACGCCAGTGGTAGAAG
GGTCGGGCGACACCAATGGACAGATCGGAGTTATTAATATCGGCGGTCCGGAGTACGAGAAGCAGTTGCAAAAATGCCTGCTCTACATTGTTACC
GCCAGCGGGAAAAACACTGCGCAGGCCTATGAGAGGACTTCCCCATATACGGCTGCCTACAAACTGCCCGTGGAGATGCGTGGATTTCTGAACGA
AACATTCAAGTGGCGGCTTTTGTCAGCGGAATCGCCGCCAGAAAAGTCCATGGTCTTTGGCGCTCCCCACCTGGTTAGGCTAATGATTAAAATGC
CCATGTTCTTAAACGCATCGCCGATCAGCAACAAGAAGCTAGAAGATCTACTTCCCCACCTCGACGCCTTCATCAACTACTTGGAGAACCACAGG
GAGTGGTTCGACAGGGAAAACTTTGTTAACTCCACTGCCCTGCCCCAGGAAGATCTGCAGCGGGAGCTGTTGGACTCCCTGGATGGGATTGCTGC
TTAG
(SEQ ID NO: 479)

Start ATG: 81

MTELRDETPLFHKGEIVLCYEPDKSKARVLYTSKVLNVFERRNEHGLRFYEYKIHFQGWRPSYDRCVRATVLLKDTEENRQLQRELAEAAKLQIR
GDYSYKGTPDKPSAKKKRGGKAAHVEEPIVVPMDTGHLEAEHEMAPTPRAAGNRTRDNSGGKRKEKPPSGDGRLKGNRGRQTETFYNNAINDVSV
YNHVPQEDRIMMRVSERLRELIEYDRNMIKVLGKQHALPARVPIVTIMENFVKQQAVELAISIKQDSSRARNTQSRNARMEREYDRVMSTVCMLK
EVVDGLRIYFEFHVDDHLLYTEEKEYVHNYLTDDNMRNCSLILNKSYEYINPSGDTELIGLDGTPVVEGSGDTNGQIGVINIGGPEYEKQLQKCL
LYIVTASGKNTAQAYERTSPYTAAYKLPVEMRGFLNETFKWRLLSAESPPEKSMVFGAPHLVRLMIKMPMFLNASPISNKKLEDLLPHLDAFINY
LENHREWFDRENFVNSTALPQEDLQRELLDSLDGIAA*
(SEQ ID NO: 480)

Name: LETHAL-3
Classification: tumor_suppressor
Gene Symbol: msl-3
FlyBase ID: FBgn0002775

Celera Sequence No. : 142000013384580
GTTGTAATGAGAGCAAATCATCGGTCAGCATTATACACAAAAGTTAAAAGTATCGAGTTCTAATTAAAATGCTTCATTTTAAATGTTAAAGGTGC
GTTCGTCACTAAGCTAGTGCTTAGAGTATCAAAACGGAAGTGGCTTGCAACATGTTGATGCAAACAGTATTATTAGCACTGGTGGCGAAAAGCGA
TAAATTAGTAGCGCTCAATAAATACGTCAGCCACTCAGACAATTGGGGCTTTTGCCACATTAATCAAAACCTCAGGTGGATGCAGTCTCACCTGC
AACAAGCCTCCCATTTTCTTCCGCCTCCTATTCTGGTTTTACCCAATTTCGTTGTCACTTCGGTTGCATTTGGAGTTTCAATTGGTGCACGCAGTG
GTTAAATGCAACGAAAATCTTTATTTCATCGTGCATGTGTGCAATTAAGCTGCCTGATTGATACATTTTGATTGATTAATGGGATTCAAAGTACG
TGCGTGCTGTCTAAGCAATCAGCCGACACTTCGCCCGGTAAAATACGGAGCTGCGATTCTTTAAGGTAAACAATTCGTAGGAGGCGGTAATGTTT
GCAAATTTTGTAGCGTTTTTCAACAGATTTCATGATGATATTTGTTCGTTTACTACAAGAAATGTGCAATATGCTTTACTCAGTTTATCATATTA
ATACAAATAAAAAATTGTAAACAAATAAGAATAACAAACCTTAACTAGCAACAGCTGATTAACGTAAATGAAAAAAAGCTGAAAGATATGCAACG
CAAAAATACCATAAATTCGGTATTTTCCGGTTCGTACACCATTCAACTCTTGCTCTCTAACCAAGTAGATGTAACATAATTTATTTAAATATTTG
TATTTTATACAAACGATTTAATTGAATGTGAACAGAGTGCAGTGTAAAATGTTCACAAGCACCCGAGATCAAAAGTAAACACAACACCGCAAGTT
GGTATTATGCAGACATACGAATGCGGCAACACTAACGTATTTGCCAAAAAATGCGCATAAATATCGAAGTGAATTTGATAATATAAAAAAACCAA
GTTAACTACGCTATCGAAAATGTCTGTGCTGCGATTCCTGGTGACGCGCCAGGCCTTGGCTGCCTTAACCAGACCAAGGACCCTCAACATTATCC
AAAATCCAGCGCAAATCGCCTACGCCTCCACTTTGTGCAATCAAAATAGCAATCATAATGCCAAGGATCTGACCAAATCGAGTGCCAATTTAAGT
CTGATGCAAACTAGGGGCCATAAACGTTTTGGTCATCAGGAGGAGAAGACGCCCAGTGTGACAAAGTACTTCCACATGTTCATTCTCAGTTTATT
CCTCATTTCGGTAATGGACTGGGGCAAGTGAGTAAACTAACCAATAAAGTATTTTCAACCAAGTCCAAACTACTGAATTGGAATCTATTTTTAGA
GTGAAACGCATGTTGACGCCAAAAGTGGACGCAGATGCTGGACAACGTCCGTCATCGGCGGCCGACGTTAATGGCGAGGATAAGTCATCCGAATC
CGAATCGGAAGATAGCGAGGACGAGGAGGCAGGATCCGATCTGCACCTGCACGAGGGCAAGAAGATCCGCGAGAAAGTCGGTTTCCGCGAGAGGA
AGGTATAAAGCTGCTTGACGATGCTATAACTCTGTAAAAAGTATCATTATATTCTGCTTAAATTCTGGGTCTCACAATAGTTCCAATTTTTGGTT
ATGTTACTAATTGTGAGGACCGGAAAAATCGTAACTTTTCTTTTAATATATTTTAAACTTTCGTATATTATGTTAAACCAAAATGTTTGATTTTT
ACTTTTTCTTTTATGTTTGTGACGTCTTGTTTTTGACCCACCATCAAACACATTAAACACACACACCGCGAAGATCATTGAGTATGAGAACCG
AATCAGGCAGTTCTCCACCCCCGACAAGATTTTTCGTTATTTTGCCACCGTAAGACTGCAGGATGCGACCCAAACGATTGTCTGCATGACTCCCG
AGGATTTTCTTCGCTCCATTTATCCGGGAATCAAGCAGCCAGATGGTAAATCACTCATTCAAATGAGCATATGTAATTATATCTTTAGTTATTGG
ATTAACTTGAGTAAGGATATTTTTTTTTATTGTATTAGTTGTTTTGGTTGGCATAACTTACTTTTCATAATTTGAATAATGCTCATAATTGATGC
ATTTTCGTAAGCTAAACTCACGTTGTTTGCCTTAGATAATTGAGTATGAGAACCGCATACGGCAGTTCTCCACGCCGGACAAAGTGTTTCGCTAC
TTTGCCACCATACAGGTGCCCGTGGCGGATGATCGTCATGAGGTCTACATGACTCCGACCGACTTTCTAACAAGCATGACGCCCGGCATGAAGCA
GCCAGATGGTATGTGCAAGAAAAAACCCAGGGAAAAACTTAAGAAAGCCAGTAGTTGTAGCACTTACTAACTGACATTATGATTAGAGAGCTCCT
GCAATAATAGCTATATATATTTTAGGATTGGGCCTGGACCAATATCGTCGCTATGATCCCAAGGTGAGTCTAAAATGCATTTGTAATACAAGTTA
ATAATCCCTATTTTTCCCTACTAGTCTGTTGGCGAGCAGCTCAATTTGCATCTGGAGAAGAATAGCATTTTTTACAAACTAGGCTCTTACGGACT
GATCACATTCTCAGACTACATCTTCCTGCTCACAGTCCTCTCGAGTAAGTGATAAGTATTCCCATTAGGATACATTCCAATAACCACGTTTTCTT
TATAGTTTCACGACGCCACTTCGAGATTGCCTTCCGCATGTTTGACTTGAATGGGGATGGTGACGTGGACTGCGAGGAATTCGAGATGGTGGCCA

CCTTGGTGAGGCAGCAAACCAGCATGGGAACCCGACACCGCGATCACGCCAATACAGGGAACACTTTTAAGGTAATGAAACTCATTTGCCCTAGA
TTTTAATCAATAAGAGTACCTCGAGCCGTACTAAATACGATTCCTTGTGTATTTTTGTATATTCTCTGTCTTTTCGCTTTGACCCTATATATTGA
ACGCGTGTCTAAACTGTGTACATATCAAATCTTAACTCCCCTCTGTTTTTGACGTACTTACAGTCCTTGAAGGTACTTTGTGTGATAATGCTTAT
TGACTTATTTTGGCTTTTCAAATTTTCTTTCGAAAACACCCGAACACAATCTCACTCAAGTTAAACTAAATCATATTTCACGTAGTTAATTCCAC
GATGCACCTGCTCCCATGCACACAAATTACTCTTTTTTTATATCCAACTTGTCGTTTCTATTTTTGGAAATATTAATTGCTTAATTTTAAATTGTT
TTCTTAGGGTGTGAACTCGGCTTTGATCACATATTTCTTTGGACCCAATATGGATGAAAAGTTGACAATAGAAAAGTTCCTGGATTTCCAGGAGC
AACTGCAAAGGGAGATCTTGTCACTCGAATTCGAAAGAAAAGAACCGAATGATGAGGGGAATATAACAGAAGCGGATTTTGCAGAACTCCTACTG
GCCTACGCTGGATATCCGTTAAAAAAGAAACAAAAGAAGTTGAAGAGGGTTAAGAGGAGGTTTAGGGACCATGGCAAAGGCATCTCCAAACAGGA
CTATCTGGATTTCTTTCATTTTCTGAACAACATCAATGACGTGGATACTGCCCTTACTTTCTACCACATTGCGGGTGCCTCGATTGACCAACAAA
CATTGCAACATGTGGCCAAAACGGTGGCCATGGTCAATCTTTCGGATCATGTGGTGGATGTGGTCTTTACCATCTTTGATGAGAATAGTAAGTTC
GTAATTGAGTGTAATTAGAATAACAATCTTAATTCATTCGGCAAACCTCTTTCAGATGACAACCAACTCAGCAACAAGGAATTTATTTCGGTAAT
GAAGAATCGCGTGCAGCGCGGATTGGAGAAACCCAAAGACACAGGATTCCTAAAGATGATGCGATCGGTGTTCAAGTGCGCCAAGGAAACCAAGC
CTGTGCTGCTGGACATCTAAAGATCGTCACTATGTGGATTCTCCCGCTTCAAGCGCCCCAATCTTAGTCACTTTTTCCTACGCTTACGCTTTTTA
CTATTTATTTTTGTAGTTAACGTTTACATCAATCGATTTTAGCTCAATCTTTGTAATTGTTCGACCCCCGGCAGGTTGACGACTGTCTTCTGTAT
ATTTCACCGTCTCTTGTGCACTTAACTCGTTTATTTTTTAATAAAAATATTATATTTATAAATAAGTACATCTTTAGGAATTTTTGCTGTAGCTC
ATCATTCAGTTCTTGGATTATGGCGCACGTTACATTTTACATTTCAAAAGTGTATTATAAGTGCTTAAAAAAGAATATGAATGAATAAATTAATA
GTGATATAAAACACTTTAAAAAGATATGAATATATTAATAAGGAATGTTTTAATGATCCTTAATAGCTAATTTATATGAAATATGGGATTTTCAA
TCCTCTTTATGCATTAAAAAGAATGACCAAGAGTTTACAACTCTCGCGCAGTTAATATTAATTGTGGGCTCAAAACATTTTCTATGCCACATCTA
CGTCATCCTGCTCCTCGTCCGCCACATCATCAATGCTCATCCCGTACAACTCCAAGTCGTGCTTTTTAAGATGGGCCGTATAAGCATCCAACTCG
GTGAATCGTTGCTGACACTCGCAGCACTCTAGGCAATCTTCCACAGAACTGTCGCCATCGTCGTCACTCTCGTAAATGGACGACTTGCGGCTACT
CAGCTGATCCTGATGATTGTTCTTGTGATCCGAGTACTCCAGATAGTCCCTGAATTTGGAGGGACACCTCAGGCACTTGTACCAGCGATCCCTGA
CATGGGTGACCATGTGTTTCTTGAGCGTGGAGCACTCCCTGAAGGGTTTCCTGCATTTTGAGCAGCTAAATGGTTTCTCGCCAGTATGGATCATA
TAGTGGCGTTTAAGATTATGACGAGTTCCGAAAGGACGATGACACAAAGGACACGGATAAGATCTGCGAG
(SEQ ID NO: 481)

Exon: 1001..1357
Exon: 1425..1617
Exon: 1881..2040
Exon: 2496..2533
Exon: 2590..2704
Exon: 2761..2921
Exon: 3333..3792
Exon: 3856..4010
Start ATG: 1065

Transcript No. : CT14629
ATGCGCATAAATATCGAAGTGAATTTGATAATATAAAAAAACCAAGTTAACTACGCTATCGAAAATGTCTGTGCTGCGATTCCTGGTGACGCGCC
AGGCCTTGGCTGCCTTAACCAGACCAAGGACCCTCAACATTATCCAAAATCCAGCGCAAATCGCCTACGCCTCCACTTTGTGCAATCAAAATAGC
AATCATAATGCCAAGGATCTGACCAAATCGAGTGCCAATTTAAGTCTGATGCAAACTAGGGGCCATAAACGTTTTGGTCATCAGGAGGAGAAGAC
GCCCAGTGTGACAAAGTACTTCCACATGTTCATTCTCAGTTTATTCCTCATTTCGGTAATGGACTGGGGCAAAGTGAAACGCATGTTGACGCCAA
AAGTGGACGCAGATGCTGGACAACGTCCGTCATCGGCGGCCGACGTTAATGGCGAGGATAAGTCATCCGAATCCGAATCGGAAGATAGCGAGGAC
GAGGAGGCAGGATCCGATCTGCACCTGCACGAGGGCAAGAAGATCCGCGAGAAAGTCGGTTTCCGCGAGAGGAAGATCATTGAGTATGAGAACCG
AATCAGGCAGTTCTCCACCCCCGACAAGATTTTTCGTTATTTTGCCACCGTAAGACTGCAGGATGCGACCCAAACGATTGTCTGCATGACTCCCG
AGGATTTTCTTCGCTCCATTTATCCGGGAATCAAGCAGCCAGATGGATTGGGCCTGGACCAATATCGTCGCTATGATCCCAAGTCTGTTGGCGAG
CAGCTCAATTTGCATCTGGAGAAGAATAGCATTTTTTACAAACTAGGCTCTTACGGACTGATCACATTCTCAGACTACATCTTCCTGCTCACAGT
CCTCTCGATTTCACGACGCCACTTCGAGATTGCCTTCCGCATGTTTGACTTGAATGGGGATGGTGACGTGGACTGCGAGGAATTCGAGATGGTGG
CCACCTTGGTGAGGCAGCAAACCAGCATGGGAACCCGACACCGCGATCACGCCAATACAGGGAACACTTTTAAGGGTGTGAACTCGGCTTTGATC
ACATATTTCTTTGGACCCAATATGGATGAAAAGTTGACAATAGAAAAGTTCCTGGATTTCCAGGAGCAACTGCAAAGGGAGATCTTGTCACTCGA
ATTCGAAAGAAAAGAACCGAATGATGAGGGGAATATAACAGAAGCGGATTTTGCAGAACTCCTACTGGCCTACGCTGGATATCCGTTAAAAAAGA
AACAAAAGAAGTTGAAGAGGGTTAAGAGGAGGTTTAGGGACCATGGCAAAGGCATCTCCAAACAGGACTATCTGGATTTCTTTCATTTTCTGAAC
AACATCAATGACGTGGATACTGCCCTTACTTTCTACCACATTGCGGGTGCCTCGATTGACCAACAAACATTGCAACATGTGGCCAAAACGGTGGC
CATGGTCAATCTTTCGGATCATGTGGTGGATGTGGTCTTTACCATCTTTGATGAGAATAATGACAACCAACTCAGCAACAAGGAATTTATTTCGG
TAATGAAGAATCGCGTGCAGCGCGGATTGGAGAAACCCAAAGACACAGGATTCCTAAAGATGATGCGATCGGTGTTCAAGTGCGCCAAGGAAACC
AAGCCTGTGCTGCTGGACATCTAA
(SEQ ID NO: 482)

Start ATG: 65

MSVLRFLVTRQALAALTRPRTLNIIQNPAQIAYASTLCNQNSNHNAKDLTKSSANLSLMQTRGHKRFGHQEEKTPSVTKYFHMFILSLFLISVMD
WGKVKRMLTPKVDADAGQRPSSAADVNGEDKSSESESESDSEDEEAGSDLHLHEGKKIREKVGFRERKIIEYENRIRQFSTPDKIFRYFATVRLQD
ATQTIVCMTPEDFLRSIYPGIKQPDGLGLDQYRRYDPKSVGEQLNLHLEKNSIFYKLGSYGLITFSDYIFLLTVLSISRRHFEIAFRMFDLNGDG
DVDCEEFEMVATLVRQQTSMGTRHRDHANTGNTFKGVNSALITYFFGPNMDEKLTIEKFLDFQEQLQREILSLEFERKEPNDEGNITEADFAELL
LAYAGYPLKKKQKKLKRVKRRFRDHGKGISKQDYLDFFHFLNNINDVDTALTFYHIAGASIDQQTLQHVAKTVAMVNLSDHVVDVVFTIFDENND
NQLSNKEFISVMKNRVQRGLEKPKDTGFLKMMRSVFKCAKETKPVLLDI*
(SEQ ID NO: 483)

Celera Sequence No. : 142000013384580
AAAAGAAGTTGAAGAGGGTTAAGAGGAGGTTTAGGGACCATGGCAAAGGCATCTCCAAACAGGACTATCTGGATTTCTTTCATTTTCTGAACAAC
ATCAATGACGTGGATACTGCCCTTACTTTCTACCACATTGCGGGTGCCTCGATTGACCAACAAACATTGCAACATGTGGCCAAAACGGTGGCCAT

GGTCAATCTTTCGGATCATGTGGTGGATGTGGTCTTTACCATCTTTGATGAGAATAGTAAGTTCGTAATTGAGTGTAATTAGAATAACAATCTTA
ATTCATTCGGCAAACCTCTTTCAGATGACAACCAACTCAGCAACAAGGAATTTATTTCGGTAATGAAGAATCGCGTGCAGCGCGGATTGGAGAAA
CCCAAAGACACAGGATTCCTAAAGATGATGCGATCGGTGTTCAAGTGCGCCAAGGAAACCAAGCCTGTGCTGCTGGACATCTAAAGATCGTCACT
ATGTGGATTCTCCCGCTTCAAGCGCCCCAATCTTAGTCACTTTTTCCTACGCTTACGCTTTTTACTATTTATTTTTGTAGTTAACGTTTACATCA
ATCGATTTTAGCTCAATCTTTGTAATTGTTCGACCCCCGGCAGGTTGACGACTGTCTTCTGTATATTTCACCGTCTCTTGTGCACTTAACTCGTT
TATTTTTTAATAAAAATATTATATTTATAAATAAGTACATCTTTAGGAATTTTTGCTGTAGCTCATCATTCAGTTCTTGGATTATGGCGCACGTT
ACATTTTACATTTCAAAAGTGTATTATAAGTGCTTAAAAAAGAATATGAATGAATAAATTAATAGTGATATAAAACACTTTAAAAAGATATGAAT
ATATTAATAAGGAATGTTTTAATGATCCTTAATAGCTAATTTATATGAAATATGGGATTTTCAATCCTCTTTATGCATTAAAAAGAATGACCAAG
AGTTTACAACTCTCGCGCAGTTAATATTAATTGTGGGCTCAAAACATTTTCTATGCCACATCTACGTCATCCTGCTCCTCGTCCGCCACATCATC
AATGCTCATCCCGTACAACTCCAAGTCGTGCTTTTTAAGATGGGCCGTATAAGCATCCAACTCGGTGAATCGTTGCTGACACTCGCAGCACTCTA
GGCAATCTTCCACAGAACTGTCGCCATCGTCGTCACTCTCGTAAATGGACGACTTGCGGCTACTCAGCTGATCCTGATGATTGTTCTTGTGATCC
GAGTACTCCAGATAGTCCCTGAATTTGGAGGGACACCTCAGGCACTTGTACCAGCGATCCCTGACATGGGTGACCATGTGTTTCTTGAGCGTGGA
GCACTCCCTGAAGGGTTTCCTGCATTTTGAGCAGCTAAATGGTTTCTCGCCAGTATGGATCATATAGTGGCGTTTAAGATTATGACGAGTTCCGA
AAGGACGATGACACAAAGGACACGGATAAGATCTGCGAGTGCGACTCATGGACTTTCCAGCTATATTTCCATCGTTGCTCAAGGAAGATGAGGAG
TTGGCACTGCTGCAGCTGCGAGGAAGTGGCGGGCGACTTGGCTGCGTGTGTGAAGGAACTTTTTCCGGTGGAGATTGAATAGGTGGTATTAAAGT
AACCATTAAACTGGGTTGTGTTGCCACTTGTGGCTGCTTCTCATTTTCTAGAGCCGCTTCCTCTATTTCGTCATCATCCCCTTCCATCTCATCCG
AATGTTCCTCCGTTGTTTTTTCGCCCAGTTCCTCTGGTTGAGGTTTTACCATAAGATTCTTGCTTTCACAATCCGCACACCTTGTAGAGTCCTGC
TCCAAAGGTGCTCCCAAGTGACAGATCATGCAAATGAATTGTGGATCGTGTGAGTGCCTTCGACGATGCTTTTTAAGATCGCTGAATTCCCGAAA
ACGTCGCTCGCACAGATCACAAGGGAATGGTCTTTCACCTGGGGAAAATTTAGTAGAAAGTGATAAGTGGAGGTATTTGAATATTTTATGCGAAG
TTTCGTACCTGTGTGGATCATCATATGACGTCTTAGATTGTAATTAGATTGCACTTTCTTCCCGCAGTCAGGACATTCGTACATATGCCTTCCCC
TTCTGTTGGCACCTGGACGCCTCTTTACTAATCTCCTCGACCCAGAAGATTTCCTCTTGATGACATTGTCTGTCTTCTGTTCGTCCTCCTGGTCG
GAGGGCACGATGATCACCAGTTCCTGTGGATTCTGGCTTCCATCCTGTCTCTGCTCATTCAGGACGCAGCTTACAGCGTTTGATGGAAGACTTAC
ATCCTCATCTACTTCACTATCTTCATCGTGATCACTATCACTCAGTTCGATTTCTGCGACAACCCTGTGCACCCGTCTGGGAATCAGTTCGATAT
CTGGTGTTACCCTCCTAATGGATGAATTCCAATGGGCTAGACTCCTGGCTGCGCTGATTATGAGACCCCGAGGAGATTGAGCCTCCTCCTCGTCC
AATTCGATTACCTCTTGATCTCTTCGCTTTTCGGCCTCCCGCCTTTCCTTCTCTCTTTTCTCCCTTTTCTCTTGTTCCATGATCCTTTTGATTTC
CAACTCCTTTTCCCTCTGCTGCTGGCCGATTTGCCACAGGAAACTCTTGATTTTCACATCATCAATGGATATGAAGTTCTCCTCGGGCTCCTGGT
ACTCATATCTGACTGGATCGGGCGGTATTAACCCGCAGGCGGCGTCGCAGCTAGCGTCGCAGCAGGCGGAGGCAGAACAGCAGGGCAGCAGAGTG
CAGTCCTTGCAGCAGTCCACGCAGGATGATGGTTTATTCAGAGCCAGCTCCATCAAATCTGCAATGTTACAATAAACAATTTAGAAAAGTTTAAG
AAAGGAACGTAAGAATTGCACTATCATTGTACTATCAGAAAAAAACATTGCATACATGTAGGCGTGTTTTATATAAATCACATTCTACTATGGAT
AAATCGGCACTTATCAGTATTTCCAAGAAGCGTACTTTCTAGTATCGAATAATCACAATAAAACCTCTCAAACCATAAAAAAAGAATATATTATA
GGGCACTACATTTCCATCGATCACATTGAATAGCCTGTATTGGTTTATATTAATATCCTGGACAAGTCGCATACGAACCATTGATAACCCAGGAG
ATTCCGATCGAATGAATTCTGCGATTGCACACACACCCCTCTCTCACACTTTACAAAGCTTCGCTCCTTTCTTTCGTTTTTTATCCGCAATTTGT
GCGCTCGGCGCTGCGTCTGCCGTGCGAAGAAGTGAAGAAGAAACTGGATTCGCGATTCGCGATTTGCGGCTTGCCGAGCAGCAACCTCTCGGCAA
AAACAACAAAACGCCGCAAAAGTCGAGCTTCGAGTTGACGCCGACTGCGCTGCCCGGCTTGTGAATCAGCGAAGCGAGCAGAGCAGCAGCAGCAA
CAACAACAACAACCATGTGGGCAGCGCTTAAGGCTTTTTTTTTGTGTGCACGAACGTGAGCCTTTAGCCCCCCTTTCCCACCACTGCCCATTGGC
GTGTTAACTTGATTTTTCTTGGGGCCACGCAAGAGCGAAACACGAAAAACAAAGAAAATGCCCCACAACAACAACAAGGGCAACAACAAAAACAA
TGCAATTACAGCCGGAGCAACAGGCGCAGCAGCAACAACAACTCACGATTTTCAAGATTGCTCACAAGAGCAGGGGCGTAGGCAGGACATGAGAA
GGGGTGAGGTTACCAGGAGTGAAAGGAATTCCTTACTATATATACTTGTATATAACAACGATCTAATCTTCAATGAAATGCCAAAAAAAAGATAA
TTTGCTTT
(SEQ ID NO: 484)

Exon: 2808..2004
Exon: 1938..1001
Start ATG: 2808 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT14635
ATGGAGCTGGCTCTGAATAAACCATCATCCTGCGTGGACTGCTGCAAGGACTGCACTCTGCTGCCCTGCTGTTCTGCCTCCGCCTGCTGCGACGC
TAGCTGCGACGCCGCCTGCGGGTTAATACCGCCCGATCCAGTCAGATATGAGTACCAGGAGCCCGAGGAGAACTTCATATCCATTGATGATGTGA
AAATCAAGAGTTTCCTGTGGCAAATCGGCCAGCAGCAGAGGGAAAAGGAGTTGGAAATCAAAAGGATCATGGAACAAGAGAAAAGGGAGAAAAGA
GAGAAGGAAAGGCGGGAGGCCGAAAAGCGAAGAGATCAAGAGGTAATCGAATTGGACGAGGAGGAGGCTCAATCTCCTCGGGGTCTCATAATCAG
CGCAGCCAGGAGTCTAGCCCATTGGAATTCATCCATTAGGAGGGTAACACCAGATATCGAACTGATTCCCAGACGGGTGCACAGGGTTGTCGCAG
AAATCGAACTGAGTGATAGTGATCACGATGAAGATAGTGAAGTAGATGAGGATGTAAGTCTTCCATCAAACGCTGTAAGCTGCGTCCTGAATGAG
CAGAGACAGGATGGAAGCCAGAATCCACAGGAACTGGTGATCATCGTGCCCTCCGACCAGGAGGACGAACAGAAGACAGACAATGTCATCAAGAG
GAAATCTTCTGGGTCGAGGAGATTAGTAAAGAGGCGTCCAGGTGCCAACAGAAGGGGAAGGCATATGTACGAATGTCCTGACTGCGGGAAGAAAG
TGCAATCTAATTACAATCTAAGACGTCATATGATGATCCACACAGGTGAAAGACCATTCCCTTGTGATCTGTGCGAGCGACGTTTTCGGGAATTC
AGCGATCTTAAAAAGCATCGTCGAAGGCACTCACACGATCCACAATTCATTTGCATGATCTGTCACTTGGGAGCACCTTTGGAGCAGGACTCTAC
AAGGTGTGCGGATTGTGAAAGCAAGAATCTTATGGTAAAACCTCAACCAGAGGAACTGGGCGAAAAAACAACGGAGGAACATTCGGATGAGATGG
AAGGGGATGATGACGAAATAGAGGAAGCGGCTCTAGAAAATGAGAAGCAGCCACAAGTGGCAACACAACCCAGTTTAATGGTTACTTTAATACCA
CCTATTCAATCTCCACCGGAAAAAGTTCCTTCACACACGCAGCCAAGTCGCCCGCCACTTCCTCGCAGCTGCAGCAGTGCCAACTCCTCATCTTC
CTTGAGCAACGATGGAAATATAGCTGGAAAGTCCATGAGTCGCACTCGCAGATCTTATCCGTGTCCTTTGTGTCATCGTCCTTTCGGAACTCGTC
ATAATCTTAAACGCCACTATATGATCCATACTGGCGAGAAACCATTTAGCTGCTCAAAATGCAGGAAACCCTTCAGGGAGTGCTCCACGCTCAAG
AAACACATGGTCACCCATGTCAGGGATCGCTGGTACAAGTGCCTGAGGTGTCCCTCCAAATTCAGGGACTATCTGGAGTACTCGGATCACAAGAA
CAATCATCAGGATCAGCTGAGTAGCCGCAAGTCGTCCATTTACGAGAGTGACGACGATGGCGACAGTTCTGTGGAAGATTGCCTAGAGTGCTGCG
AGTGTCAGCAACGATTCACCGAGTTGGATGCTTATACGGCCCATCTTAAAAAGCACGACTTGGAGTTGTACGGGATGAGCATTGATGATGTGGCG
GACGAGGAGCAGGATGACGTAGATGTGGCATAG
(SEQ ID NO: 485)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MELALNKPSSCVDCCKDCTLLPCCSASACCDASCDAACGLIPPDPVRYEYQEPEENFISIDDVKIKSFLWQIGQQQREKELEIKRIMEQEKREKR
EKERREAEKRRDQEVIELDEEEAQSPRGLIISAARSLAHWNSSIRRVTPDIELIPRRVHRVVAEIELSDSDHDEDSEVDEDVSLPSNAVSCVLNE

QRQDGSQNPQELVIIVPSDQEDEQKTDNVIKRKSSGSRRLVKRRPGANRRGRHMYECPDCGKKVQSNYNLRRHMMIHTGERPFPCDLCERRFREF
SDLKKHRRRHSHDPQFICMICHLGAPLEQDSTRCADCESKNLMVKPQPEELGEKTTEEHSDEMEGDDDEIEEAALENEKQPQVATQPSLMVTLIP
PIQSPPEKVPSHTQPSRPPLPRSCSSANSSSSLSNDGNIAGKSMSRTRRSYPCPLCHRPFGTRHNLKRHYMIHTGEKPFSCSKCRKPFRECSTLK
KHMVTHVRDRWYKCLRCPSKFRDYLEYSDHKNNHQDQLSSRKSSIYESDDDGDSSVEDCLECCECQQRFTELDAYTAHLKKHDLELYGMSIDDVA
DEEQDDVDVA*
(SEQ ID NO: 486)

Name: zinc finger protein
Classification: transcription_factor

Celera Sequence No. : 142000013385212
AATGTTAGTGTAAATAAATTACCTTTATCGGTAAATCCATGTGCTCGCTGCTGCAGCTGGACCCATACATAACCTCAAACCAGAATGTAAATTCT
GGAAATAAAAGAAAATGGCATCAATACAGTGTGTACAAGGAGTACTTCCAAATATTTTATATATTTGATTAGGTTTCAGTTTACAATTTTCTGCA
CGGTTATGAGCTCAGTACAGGTCTGTGTAAAAGATCATCAGAGAAGCATAGACCAACCAAAAGTATTAATATCTTACCTCCAATGTGACAATGGC
GTCTCCAGTGGGCTCAGTGCCCAAGGTGTCTCAACGGGCTCACATGTTGTCCCGAGGTGTCTCACATGCACCATGCACGTGGAGTGCCCGGATTT
CGATTTATCCAAATGCTTAGGGTTTCAATATTGTTCACTGCAAGAAATACAGAACTTTTAGAACATATTCTTGCCAAACCCAAAGAAAGTTCTTG
AAGTTATATGCCATCAGATCGCCGAATCATCTTAAATGAACAAATATATAACGAGGCACTGAAAAATACAGCGCCAAGTCGAGAATTTGTTCCTT
CAGTCTCGTCATCTGTTTCATCATTTGAGGCATAACACTCTTCCATTTAAGCACTTTAATTCACTTGATATAAAACTATTTACGAAGAGCACACA
ACTTACCATTTCGAGTCTTGAAATAAAATGAACGAGTTTCGTCATCGCACGTGGAAGGAAAAATTCTGTGAAAAGATGGCGGCCAACTATCGATG
TCTCTGAATGCAACCATGGTAGTATCGTATCGGAAAAATTGTTTGGTTTTTGCCTGATATATATTGTATAAGAATGTGCAATAATTAACTTAACC
GAATAAATGATATTCCATTTAATTTTCATTAAATCATTCATAAAATACTTAATATATGAAAAACTTTCATATTTATATGTTAATTCGATGTATCG
ATTGCCTATCGCTGTCTTCGGTGATCTAGCCCAAACAGCTGATTTTACCAAAATACTTACCACACACGTGTGCCACTTTTTAAGTTATATTGTTTAC
AGTTTTTGGGAATTACAGCTTACAATGGTATATATAAATCTTTAATATTTAATTAAACCCGACCTAACATCTTCAGTTCTTTTGCAGGGAAAACA
CAAGAAAACGCAGAAGGTTAAGAAACAACGTAATGCACAGCTTAAACGCATCATAAAACCCACAGACGCGCGGCTTAAGGATCAGATTCGAGTGA
AAAGAAAGAAGGCCGAGGATCCGCACCAGATCAAGGTGCACGAGGCCACCCAGCAGAGCTCCGCTCTGTTCTTCCAGTACAACACCCAGCTGGGA
CCGCCGTACCACATCGTTCTGGACACGAACTTCATTAACTTTAGCATTAAGAACAAACTGGATATTGTGCAAGGTATGATGGACTGTCTGTATGC
CAAGTGCATACCCTATATCTCCGACTGCGTGCGTGCCGAGCTGGAGAAGCTGGGCAACAAGTACAAGCTGGCCCTGCGCATCATCTCCGATCCCA
GATTCGAGCGACTGCCGTGCCTGCACAAGGGCACCTATGCGGACGATTGCCTCGTGGAGCGGGTGCGCCAGCACAAATGCTACATTGTGGCCACC
AACGACAAGGACCTTAAGAATCGCATCCGGAAGATTCCCGGCGTGCCCATCATGTACGTGGCTGCGCATAAGTACGCGATTGAGCGTATGCCAGA
AGCGTATGGAGTCAAGGCGTAGACCTTTTTTACTTCTTATCCTAAGTGTACATTTTTAAATATATTCTTACATGTAAGCAGCAAGCAATGCGTTT
CGTATTTCCTGTTGTTTTTTAGTAGAATGCTTTTACTGCATTGTCTGGATCAACAAAGGAGACATAAGTTCTATTAAGTTACAAATAGTTTAACT
ACAACAGAATCTCCAAATCGACCAATGTCCACAACAATAACAAACACGAAGCGATTACATTTAAAAGTTTATGACTTTATTCAAAAACTCTGGAT
TGATTGGCCTCGAAAGTGTTCACTTAGGCATCGGCGTGCAGACGAGGAGTGGGCTTGGACAGGAAGTCCGAGTATGCCTGGTAAGGAGTGGAGCC
CAGAGGCATCTCCTTCCACAGATCGGGGGTCAAGTACGCGTACGTCTTGGCGATGGCGGCATATGTAGCCTTGGCGAAGTTGCCGAGGGTTCCAG
TGGAGCCACGGGCCGAGGTGTAGCAATCCTCAATACCGGCCATGGTCAGCAGCTTCTTGGGCACGGGGGCCGAGACAATGCCAGTACCACGGGGA
GCGGGGATGAGGCGCACGGAGACGGAACCGCACTTGCCGGTGACCTTGCAGGGCACGGTGTGGGGCTTGCCGATCTTGTTGCCCCAGTAGCCACG
GCGCACGGGCACCACGGAGAGCTTGGCCAGAATGATGGCACCACGGATGGCGGTGGCCACTTCCTTGCTGCACTTAACGCCCAGACCAATGTGGC
CATTGTTGTCGCCGATGGCAACGAAGGCCTTGAAACGGGTACGCTGACCAGCACGGGTCTGCTTCTGGACGGGCATGATCTTCAGCACCTCATCC
TTCAGCGAGGATCCCAGGAAGAAGTCGATGATCTCGAACTCTTTGATGGGAAGCGAGTACAGGTAGATCTCCTCCAAAGACTTGATCTTGCCCTC
GCGCACCAGGCGTCCCAGCTTGGTCACTGGCACCCACTCCTTGGAGTCCTCCTTTCCACGTCCACGGGCCCA
(SEQ ID NO: 487)

Exon: 1001..1072
Exon: 1133..1732
Start ATG: 1409

Transcript No. : CT14682
AAATACTTACCACACGTGTGCCACTTTTTAAGTTATATTGTTTACAGTTTTTGGGAATTACAGCTTACAATGGGAAAACACAAGAAAACGCAGAA
GGTTAAGAAACAACGTAATGCACAGCTTAAACGCATCATAAAACCCACAGACGCGCGGCTTAAGGATCAGATTCGAGTGAAAAGAAAGAAGGCCG
AGGATCCGCACCAGATCAAGGTGCACGAGGCCACCCAGCAGAGCTCCGCTCTGTTCTTCCAGTACAACACCCAGCTGGGACCGCCGTACCACATC
GTTCTGGACACGAACTTCATTAACTTTAGCATTAAGAACAAACTGGATATTGTGCAAGGTATGATGGACTGTCTGTATGCCAAGTGCATACCCTA
TATCTCCGACTGCGTGCGTGCCGAGCTGGAGAAGCTGGGCAACAAGTACAAGCTGGCCCTGCGCATCATCTCCGATCCCAGATTCGAGCGACTGC
CGTGCCTGCACAAGGGCACCTATGCGGACGATTGCCTCGTGGAGCGGGTGCGCCAGCACAAATGCTACATTGTGGCCACCAACGACAAGGACCTT
AAGAATCGCATCCGGAAGATTCCCGGCGTGCCCATCATGTACGTGGCTGCGCATAAGTACGCGATTGAGCGTATGCCAGAAGCGTATGGAGTCAA
GGCGTAG
(SEQ ID NO: 488)

Start ATG: 349

MDCLYAKCIPYISDCVRAELEKLGNKYKLALRIISDPRFERLPCLHKGTYADDCLVERVRQHKCYIVATNDKDLKNRIRKIPGVPIMYVAAHKYA
IERMPEAYGVKA*
(SEQ ID NO: 489)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013383795
GCCGTCCACTAGCTGCGGACAGGAATATAATCGGATTTGGTACAGAGTTCTTGTGAGGATGTAGTTGATATACGTACGCCATGCTTGTTGAGAAA
GGCACAGTAGGCCTCCGCCTCGCCGGGACCTTGGACGCACTGGATTCCCATGGAGAGCAGCAGCGTTTCGCACTGCTTGAGAACATGGTTGAACC
GGCTGCGTCCCTTGTCGCCCTTGGACGGCTGACTTTGGGTGCACTCAGGCGAATTCTTGGGCTTCACTCCCCGAAACTGGAGCTCATTCCTTTTG

GCTATCACCTGGCTCTTGAGTTTTGGAGCAACTCCCTCCAAAACGAAAACCGGAGTAACTTGCTCCCAAATCAAGTAGCAAGTGCGAAAGAAGAG
GTTCCTGTTGGTAAAGCGTAAATATTAATATTTTAAAAGAATATAAGGTATTAAGAATTTTTTAAACCTACTTTAAATGATGCCTTGGATGCACA
AAGTAGTCCACAACATTAAGAGATTCGCACACCCAGCCGGCCAGGTCGATGGCCACTTTCTTTCCCCGCAGTTCATTAATGGGTTTACGTTCACA
ATGGGGCGTTAAAACACCCCATAATTCCTTGACGCCCATTTAAATAAGCTAAACAAAAACCCCGCGAGAAATTCGCAACAAATTTAAACAATCGC
TTCTTCGTCAGAGTTGCCCAATCAGTTACTTTCTAGCTACTTGAAGCTATATTCAAAAGCAGCCAAGTGCAAAGTTGTGACAATAATTGGCAATG
ATAACTTTTTTAACAATAATACATGATGCTATTTTCAATAACAAATATTATACATATAAATGTCATCTTATTCGATTTTAAGAACACATTTCGTT
TTTAGCTTTTTTTGAGCTTGTCTCTAGCTACATTTGACAGCACTGCGACTTCCGCCAGTCACTGCGAAGCATGCTCGATAACCGATAGCGGGCTT
TGTTTTGACAGCTGCACAAGCGACCGCTGCGAATGGCCAGTGGTCAGCAGTCTCTTCTTCTTCCACGTCGACGTGTCGTGTCAGCCAAAAGAAAG
TCGAAATAAAATATTGAATTGAAGCTGCCCCTTTGCGAGTAGGCCCGACAAAATTCAGAAGCTGCCAGTCGTCCGTACGCCAAACCACACACAAC
CACCACCGGCAAGATGGTTCTCGCGGATTTGGGTCGCAAGATAACAACGGCGCTGCACTCGCTCAGCAAGGCGACCGTAATCAATGAGGAGGCAC
TGAATTCCATGCTGAAGGAGATCTGCGCAGCGCTCCTGGAGGCTGATGTGAATATCCGACTGGTTAAGCAGCTGCGCGAGAATGTGCGTGCCGTT
ATTGATTTCGATGAGATGGCCGGTGGCCTGAACAAGAGGCGAATGATCCAATCGGCTGTGTTCAAGGAGCTCGTCAAACTGGTCGATCCCGGCGT
GAAACCCTACCAACCCATCAAGGGCAAGGCCAATGTGGTCATGTTTGTGGGTCTGCAGGGCTCCGGTAAGACCACCACCTGTACCAAGCTGGCCT
ATCACTACCAGAAGCGCAACTGGAAGTCGTGTCTCGTGTGCGCGGATACCTTCCGTGCTGGTGCCTACGATCAGGTCAAGCAGAACGCCACCAAG
GCGCGCATTCCGTTCTACGGCAGCTACACGGAAATCGATCCCGTGGTCATTGCCCAGGACGGTGTGGATATGTTCAAACGCGAGGGTTTCGAGAT
GATCATTGTGGACACCTCGGGTCGGCACAAGCAGGAGGAATCACTGTTCGAGGAGATGTTGGCAGTGTCCAATGCCGTCAGTCCCGACAACATAA
TCTTCGTGATGGACGCCACCATCGGACAGGCTTGCGAGGCTCAAGCGAAAGCCTTCAAAGACAAGGTGGACATCGGTTCGGTGATCATAACCAAG
TTGGATGGCCACGCCAAGGGAGGCGGAGCTCTGTCCGCAGTGGCAGCCACACAGTCGCCCATCATCTTCATCGGTACGGGCGAGCACATCGACGA
TCTGGAGCCCTTCAAGACGAAACCCTTCGTGAGCAAACTGCTTGGAATGGGTGACATCGAAGGACTGATAGATAAGGTGAGACATGCCACACGAG
CTTAAAATTATACCGCACTACAATACAATTGAAAACACGTACTGAATATAAACTCATTTTGCACAGGTAAACGAGCTGAAGCTAGACGGAAACGA
TGAGCTGTTAGAAAAGATCAAGCACGGTCATTTCACCATCCGCGACATGTACGAGCAGTTCCAGAACATCATGAAGATGGGCCCCTTCTCCCAGT
TCATGAACATGATACCCGGTTTCTCGCAGGACTTTATGACCAAGGGCGGCGAACAGGAGTCGATGGCGCGCGTTAAGCGTATGATGACGATGATG
GACAGTATGTCGGATAATGAACTGGACAATCGCGACGGAGCAAAGCTCTTTAGCAAGCAGCCAAACCGCTGCGTTCGTGTGGCCCAGGGAGCTGG
TGTCATGGAGCGCGAGGTCAAGGAACTGATTGCACACTATACGAAATTTTCGGCGGTAGTAAAGAAGATGGGCGGCGTTAAGGGACTGTTCAAGC
AGGGCGACATGACCAAGAATGTGAATCCAACACAGATGGCCAAGCTCAACCAGCAGATAGCGAAGATGATCGATCCCCGGATGCTGCAACAGATG
GGCGGCGTTGGTGGTATCCAAAATATGATGAGGCAACTGCAGCAAGGAGCTGCGGGTGGTTTGGGTGGCCTGGGGAACCTGATGAGCGGTTTTGG
TGGCAAGTGAGCAGGTGGCGTGTAAATTTAACGATTTTTATATGATTTTGTTTTCGCGTAGTTCGTAATTTGTTAGCCATTTGTTTCCATTTGTC
CAAGGCCACAAAAATTGATACGCGTTGTGGAAGCGAATATAGCGTATATAGCCTATAAAGCCCATATAGATGTGCAAACAGTTAACAAATTCGGT
TTTTGTACGGCTTGGCAGCCACAGTGTCAGTTTTTATAGTTTAAACAGTTTTCTGTACACGAACTAATGGAATTAGCATGCCTATCAGAATACCA
GTAAGGCAATTGAACTAGATATAAACAATAAATAATTAATATATGAACTTGGCTTTAAATTGGTTGTGTTTATTGGGTTTAATCTCGGGCAACGA
AAAGCAGAAATCCAGTCACCCTGTTGACCTAACACATACAACTAAAACAAAAAACAAGTTGCGAACAGGTGCCCAGAAAGATCGAAAGGATGCCA
ACGCAGCAAGGAAACCAAAATAAACAAACAGGCTGGCGGGCAAATTGTTAATGCTGTTTTTGGGGGAGGGTCTGTACACATACTCAAATGTATGC
CTAGTGGGGTTGTACACTCAAAAAAAAAAACCTGACAGAAATTTATTTTTATTTGTCTGAATCATAATGGGTTATCATAGTGGATTATTTTGCAA
ATCTTTGGAAATTTATATTCAATTTCTCTTTTTAAGTTTTGACAACACTTTTTTCTGCGTGTGGTGTTTGGTGGCTCAGCTTTTCTGGTGGGGCT
GACAGCATCCCTCGATTCTGTCCCGGAAGTTGTGCTTCGTCTGGGATTTTGGGGTTGTCACTTTCTCTCTCCCTTGCGTGCTGAAAACTCCATAA
TCCCAGCCACTCTGCCTTTTGCAATAACAATGAAATGGCGATTGCCTGCCATAAAAATGTCTATTAAGCTGTCAGGTTCTGACACTCATAAAACC
ATCAAACAAGTCAAACGAACAGGATAGCAGCAAAATCAGCAGGACGAACCGCTGTCAAAGTTTTCGGCCTCATCCTGGCGGCTTCCCCACGCACA
CATAGGCTCACATTCTCGCTAGGAGATTATACATGTGTATGTGTCGTCCTTTCATATTTCTTGCGCCCCCCACAAAAGGACTTTATTTATG
GGTGGGTGGGATGAAAAGATACAGATACACGCCCCCACACAGAGTCCAAATTATTTTATGAGCGCAGAGGCAGAATGCCTTTGGCATCCTTGGCA
GGATAACCCTTCTCCAGAAGGATATTTCCTTAGATTTCCAACCCCAGCGTAAGATTTGCTGAAAAAAGCGAATCGAATATTCTACATACTAAATT
CC
(SEQ ID NO: 490)

Exon: 1001..2071
Exon: 2157..3087
Start ATG: 1154

Transcript No. : CT14984
TCTCTTCTTCTTCCACGTCGACGTGTCGTGTCAGCCAAAAGAAAGTCGAAATAAAATATTGAATTGAAGCTGCCCCTTTGCGAGTAGGCCCGACA
AAATTCAGAAGCTGCCAGTCGTCCGTACGCCAAACCACACACAACCACCACCGGCAAGATGGTTCTCGCGGATTTGGGTCGCAAGATAACAACGG
CGCTGCACTCGCTCAGCAAGGCGACCGTAATCAATGAGGAGGCACTGAATTCCATGCTGAAGGAGATCTGCGCAGCGCTCCTGGAGGCTGATGTG
AATATCCGACTGGTTAAGCAGCTGCGCGAGAATGTGCGTGCCGTTATTGATTTCGATGAGATGGCCGGTGGCCTGAACAAGAGGCGAATGATCCA
ATCGGCTGTGTTCAAGGAGCTCGTCAAACTGGTCGATCCCGGCGTGAAACCCTACCAACCCATCAAGGGCAAGGCCAATGTGGTCATGTTTGTGG
GTCTGCAGGGCTCCGGTAAGACCACCACCTGTACCAAGCTGGCCTATCACTACCAGAAGCGCAACTGGAAGTCGTGTCTCGTGTGCGCGGATACC
TTCCGTGCTGGTGCCTACGATCAGGTCAAGCAGAACGCCACCAAGGCGCGCATTCCGTTCTACGGCAGCTACACGGAAATCGATCCCGTGGTCAT
TGCCCAGGACGGTGTGGATATGTTCAAACGCGAGGGTTTCGAGATGATCATTGTGGACACCTCGGGTCGGCACAAGCAGGAGGAATCACTGTTCG
AGGAGATGTTGGCAGTGTCCAATGCCGTCAGTCCCGACAACATAATCTTCGTGATGGACGCCACCATCGGACAGGCTTGCGAGGCTCAAGCGAAA
GCCTTCAAAGACAAGGTGGACATCGGTTCGGTGATCATAACCAAGTTGGATGGCCACGCCAAGGGAGGCGGAGCTCTGTCCGCAGTGGCAGCCAC
ACAGTCGCCCATCATCTTCATCGGTACGGGCGAGCACATCGACGATCTGGAGCCCTTCAAGACGAAACCCTTCGTGAGCAAACTGCTTGGAATGG
GTGACATCGAAGGACTGATAGATAAGGTAAACGAGCTGAAGCTAGACGGAAACGATGAGCTGTTAGAAAAGATCAAGCACGGTCATTTCACCATC
CGCGACATGTACGAGCAGTTCCAGAACATCATGAAGATGGGCCCCTTCTCCCAGTTCATGAACATGATACCCGGTTTCTCGCAGGACTTTATGAC
CAAGGGCGGCGAACAGGAGTCGATGGCGCGCGTTAAGCGTATGATGACGATGATGGACAGTATGTCGGATAATGAACTGGACAATCGCGACGGAG
CAAAGCTCTTTAGCAAGCAGCCAAACCGCTGCGTTCGTGTGGCCCAGGGAGCTGGTGTCATGGAGCGCGAGGTCAAGGAACTGATTGCACACTAT
ACGAAATTTTCGGCGGTAGTAAAGAAGATGGGCGGCGTTAAGGGACTGTTCAAGCAGGGCGACATGACCAAGAATGTGAATCCAACACAGATGGC
CAAGCTCAACCAGCAGATAGCGAAGATGATCGATCCCCGGATGCTGCAACAGATGGGCGGCGTTGGTGGTATCCAAAATATGATGAGGCAACTGC
AGCAAGGAGCTGCGGGTGGTTTGGGTGGCCTGGGGAACCTGATGAGCGGTTTTGGTGGCAAGTGAGCAGGTGGCGTGTAAATTTAACGATTTTTA
TATGATTTTGTTTTCGCGTAGTTCGTAATTTGTTAGCCATTTGTTTCCATTTGTCCAAGGCCACAAAAATTGATACGCGTTGTGGAAGCGAATAT
AGCGTATATAGCCTATAAAGCCCATATAGATGTGCAAACAGTTAACAAATTCGGTTTTTGTACGGCTTGGCAGCCACAGTGTCAGTTTTTATAGT
TTAAACAGTTTTCTGTACACGAACTAATGGAATTAGCATGCCTATCAGAATACCAGTAAGGCAATTGAACTAGATATAAACAATAAATAATTAAT
ATATGAA
(SEQ ID NO: 491)

Start ATG: 154

MVLADLGRKITTALHSLSKATVINEEALNSMLKEICAALLEADVNIRLVKQLRENVRAVIDFDEMAGGLNKRRMIQSAVFKELVKLVDPGVKPYQ
PIKGKANVVMFVGLQGSGKTTTCTKLAYHYQKRNWKSCLVCADTFRAGAYDQVKQNATKARIPFYGSYTEIDPVVIAQDGVDMFKREGFEMIIVD
TSGRHKQEESLFEEMLAVSNAVSPDNIIFVMDATIGQACEAQAKAFKDKVDIGSVIITKLDGHAKGGGALSAVAATQSPIIFIGTGEHIDDLEPF
KTKPFVSKLLGMGDIEGLIDKVNELKLDGNDELLEKIKHGHFTIRDMYEQFQNIMKMGPFSQFMNMIPGFSQDFMTKGGEQESMARVKRMMTMMD
SMSDNELDNRDGAKLFSKQPNRCVRVAQGAGVMEREVKELIAHYTKFSAVVKKMGGVKGLFKQGDMTKNVNPTQMAKLNQQIAKMIDPRMLQQMG
GVGGIQNMMRQLQQGAAGGLGGLGNLMSGFGGK*
(SEQ ID NO: 492)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: Srp54k
FlyBase ID: FBgn0010747

Celera Sequence No. : 142000013384547
AGCATAAAGCTGCATACGACCTCTCCTCCAGTGACGGAAAGAAGGCTCTGGACATTGCAGTGGACCAGGAAAACGCAGACATTGTAACGCTGTGA
GTAAGAAAGCAGAGCTTCAATCCGGCAGATACATAACCATTCTTGTTTCAGACTCCGATTGACACAACTGAATGACGAGATTGGACCCAACGACG
AGTACAATGGCGAAGATGAGACGTACAAGAACGTAATGAAGGACTTCTCCAAGTTACCAGCCAGCCAGACGCGAGTTCTGCGCCAGCGGCACGAC
TCAAATACACTCGAATCGCAGCGCAGCTCGCTTACAAACTCCGACTAGCAGTGGCAGAAGGGCCGCAAGAGTTAGGACCTTACTGGATATTATGG
AATAATTTGTTCCAATTATTAGGATAGCGTGATATTGGATTGTTATTGGCTTTATAACGCATTAACCAGGAATGTTAAACGGTTTCGACCTCTAA
GGATGTCGTTGCGGGCTTGTTTCCCTTGGTAATCTCATTTGAAAAGCGCTTCCGATTATACAAGAAAATATTATTCATTGCATTTGGCATTCGAA
TGGCAGGCACGATCGTTCGTTTTCTCTTAGGCGCATTTTGAATCCGTTTTTGGCGATTAGCTTAAGTTTAAAGTATTCGTAGAGCAGTTGAGTTT
ATTAAAAATACGTATATTTGCCTATAAAATTGTACATCGTCTTATGTGGTATTTATTAAACGATATTGTAAAATGTACGTCTAGCTATATGTATC
TTGTTACAGAGCTGTTCCAAATGTTCCGATTTGTATTTGTTTGCTAAACTGTTTAATGCTGCATGTTTCTAAATGTTTTAACGCTATCATGTTGA
TGATTTTTGGTGCCAACTGTTGTGAGCACTCTAGGTTCGCGAATAAAGTTGTAAAATATTCAGATCAATCAAAGTTGGTCTCTTCAGGTGTAAAA
CATGGTGGTCCAATCTGCGGTGTATTGGTAAAACATGTCCAGGGACTATTCTAGGCCACAGCTTGAAACTCGTTCGTCTCGGATATGTAGTCTGT
GAGCTTGTTCTTCACCTTGTGCATTGTGGTTACATGTCTCTGGACCGCACTGCGATCGTTAAACTGACGGCCGCACTGTTTGCAGGAGAACATGA
CGCCAGCGTGGGTGACCAGATGGCGACTGAGGCCCGAAACATGATTGAAGCTACGATGACACAGATGACACTTGTGCGTCCGAGAGTTGCCCATA
TGCACGCGGCCAATGTGCTGCTGCAGGTTGGACTTCTGGGCAAAGCAGCTCGAGCATTGGGGGCACTGATGGCGCTTTACTCCCGTATGGGTGTC
CATGTGACGCTTGAGCACTTCGCGCTGGGAGAAGGACAGTTCGCACTCGCTGCACTTGAAGGGTTTCAGGCCCGTGTGGATAATCATGTGGCGTT
TGAGCGAGCTGGCGCACGACAGTTGCAGTGCGCAGCTGGGACACTTGAGCGTGCCGCCCTTTCCACTTTTCAGTCCCTTAATGTGGGTGTTGTGG
TGGCGCGTCAGAAGTTTCTGCGTAGGAAATGCCACCGGGCACAAATGGCACTGGAACGACTTCACCGTGTCCGTAATTCGACCGGTTTTTGGTTG
AGGACAACTGGACTCCTGCTTGAACACCAACTCACTCGATCTCTTTCGTTTGAGGGGCGTCTGCTCATCTCTATCGTTCTGTTCTTTTTCCTACA
GATAATAAGATCCAAGTTGAATTCGAGTTCAATTTAAAATCACACGGTTAGTTACCACTATAATGACATTTTCATGGAAGCTGAAGACCTGTTGC
TCCTGAGATATCTCCTCGCCCAGATTAAACACGACCACGTCTTCGATTTCCTCTGGCTTTTCGCCACTGAACTGAATTTCGCCGTCTTCTTTGAC
TAAGCAAAGAATTTAATGAAATGAAAATTTTTTCACATTTTTTTTGCCAAATTATACCCACTTACTGTTATAGGAGGTGATTCCGTTGTCCTGGT
CAAATTCGGGAGTGGAGTCCTGGTTTTGATCCTCTGAGCTGGCAGAGTTTATGATGTAAATCTCTCCATTGTCTGTGTGCACTACATCTGATCCA
ACCATGTTGATTTCCCTGAAGTCTTCACCGCTTTCCGCGGGCACTTCCTCGTCCAGTTCGAGGCCATCTATGTTTACATCGCTATTATTTGCGGG
GTCGGTATTGCAGCCCAATATGAATTCCTCTTCTTTTGCATCCTTCCTGGCCTCTGTCGCCTTTAGATTGGCGTCGACCAAGCTGGGTCGTCGCT
TTGGAAGAGCTTTAGTTTTGACCTAGAAGGGGAGGCATCTTCCTTGACTTGCGGCTTGGTCTCTGGTTCGGACCCATCCAAAGACTCCCACCGA
CCGGCCTTTTTCTCGGTAAGATACACCTCCAATTCGCCCAACAGCATGGCCAGCTGCTCTTTTCTTATGTCCTCGCTCACCTCGTTTCGCAGGTC
ATCTCTAACCTGGCTGCGCACCTCCTCGGCCAGCTCCTTGCGAACCTCACTGCGCACCTCCTCCGCTAGTTCCTTGCGCAGTTCGGTGGTCAGTT
TCGCTCGAAGTTCTAGACGAGATTTGACCAGCCGTTTGTGCATTTCCGCCGCCTGTTCTTCCTTAAAATCTTCTCGCCACTTTTCGTCCTCAAGC
TTGCGCACTTTGTCCTGCACCTCGATGAAGGCAATAGAGTCCTCGAACTCCAGCTCGTCCTCGTCATAATCGTCCGGATCCTTGGAGAAGACGCG
GCTTCGCTTCCCGAGACCCAGAAGTCGGATATGCTTGCGAAGCTTCTTCTCCGCCCATTGGCAGCGCTGCCGGAACAGGAATGACTTCTCCAGCT
GATAGCGGCACTCCTGGCAGATCCTCTTCGGCAGAGTATCCGTCGCCTTGGCGTCCAGTGCGACGCAGGCCATCAGGCGCACGGGTATCGAGAGC
TGGGTGTCGTCCTCGTCGAAGATCGCGTACGCATCCTGGTGCTCCTTGAGGCAAAGGCGGCACAGGGTCGCCAAATCGGGATACGACGGCTGTGC
ATCCATGAAGGCGTCTATTTTTGGTAAATCAACGTATTTACTCGGTGGCGTCTCTGCATCGCAAGCAATGTGACCGCAGACAGGTTCGCTAAAAA
TACCTCCTCTCGAAACGAAAGCAATACAGTCACACTGTTCGTAAATAAACAATTTGATATATACGGCCCATAAACGTATCATAACTTAATTTATT
AATGTAAGGTTTAAAGGTATTGATTTTCATACAAATCCAATGCATACCGAATGTGCATATTTAAAGTTTAATAGAATACAATGACAATTAAAATA
GGTGATGGCTTAGTCAAATATGCGTGCACAAAAAAAGGTACTATTCTTATAATATAGAGGATTAAACTAAATTCGTTGTTACGTGGCTACGTCAC
GGTGTTATTTAGCTTATCCGCTCCTCTTAGACGACAGCGCACACAACTTTTGAAATCGGCGTACGAACTGCTGCATTTTGTCTTGAAGGAACTGT
GCTTTCGGCACAGGTTATCGGTCGTCTGCTTGGGGCTCATAAAGCGCACTTTCTTTCGACACGGCGATGGGGTTTTTACATCCTCTAAGGCAGTT
GTGTTGGCACCCAGAAAGGTGTCCTTGCTATAGTCGTTGCGCAGATGACTCAGCTGCGGGTCGTTCATGTTGATCTCAACCATGGGCACAGCAAC
TAGTGGCGTTGCAGCTGGCTGTCTGCTGGCTTCTGGTTCATCGTCTATTACATTTGAGAAATATATAAGTCGTGCAATTGCAAAGTAAGTGGGCT
GGTCTTACCCAGTAACTCCACCACGCTGTTATCGCTCTGCTCCCTTAGCTCCTGGCCCATGTCTGTTTCGTAGAAGCCAGCGGTCTGTTCGTCAG
GCAGCGGACTGCTTAAGTTCATCTTCATCTCATAGGTCGCCTCATTGCGCTTGCGCACAAAGTACCGTTCCAGTTCGACAAACACGTCGTCCAGA
ACGCTCAGTCGCAACTGCTGCTTGGCTTCGGGTATGATGACCTCTTCGAGTTCCGCCCGCAGCTCCAGCTCGATTTCCGCCCGCACAGCTTGCTT
GCAAGTGCTGAGCAGCTCCTTTTTATACGCGTCGATCTCGCTGCTAATGAGCTGGGCGGCCTGCTGGCGCCACTGGGCATTGTTCTCGGCGCAGC
CAGTTTGCGTGCATCCTTCCCCGGAGCCCCGCTCCTCCTCCACTTCACTCAGCTGCGACTTGACACCCTGCCGCTGCAACGCCTTGTGGCGCCTC
AATTTGCGATCGGCTGCGAGGCAGCGTCGTCGGAAGCAGTGCATCTCCTCCAGTTGCAGCCGACACATGGTGCATATGTGCTGTGGCAGACCGTC
GCCGGGCTCGATCTCCAGCGATGTGCAGACCATTATCTGCAGAGCAGTCGATCCATTTGCACCGAAAACGGGGAAATTGGGTTCCTTCGACAAGC
ACAGGCGACAAACATTCATGTTGAATTTCAAGGCAATTCGGAGCGTGGCAGCCGGACACCTGATTAGGCACGATTCGGAATGATGGACAATCTAG
CAATCTTTCCAAGCAACCAGTTTAGAATATGAAACAAAAAAACATTTGAAGACAAATAACTAAAATTGGAAGCGGAGGAATTTCCTACTAGGAAA
CATCAACAAGTCTAGCCGATTTGTTATCGATATTTTCAGTGTGGCCATGCGGTTGAGAGAATGCATTTTAGTATTTCAAGGCTGGCTGCTCTGCC
ATTGATGTGCCCGTATTTCAGCAAGGCGCTTGGCGGGAGAATTTCAAATAGTCAAAATTTTACAACGATACTATAGCGCTCATTTGAATAACCTG
AAATGCAGCAATAACACACATTCATTTATCAAACAATTTCTTTATATTTCATTAAATATTAAGTATAAATACGCAGTTAACTATTAAGTATTATA
TACACAATTACAATAAGATATTCAGTCACTATAATGCTTCTTCTATATACAAAGTACGATATATATTATATCAAAGGGCTTGAACTCGCCGCCGC
ACCTCAATAAATTATGCAATTCAATTCCATGATAATATACAGTAACAGTCGTCTGTGTTCTCCGGGAGTTTGCCGATTGATTTTCTCAGGATGAT

TTAGGATCTGCGCCGAGGATTGCCTACTTACAGCTAAAATGTTTGCAAAAACAATAAGTCAAGGACATTTAACAGTGTTTTCATTTCGTTTCGCA
TCGTTTTGATTTCATACTCATTTGCTCTTTGCTTTATCGCTTGGGTGGGGTGTTTTGTGTGTGGGTTTTTGATTTGTGGTGGTAAATAAATAGTA
TCGATCGATTATTAACGATATTCAACATTGAAATACATCAATCATTAGGCATATACATAACTACAGGATATAATACAATACAGGATCGTTGGGAT
CAGGATCGCTCTTCCAGGATTCCATCTCAATCGTGGCGCCAGCTCTGCGGCAGAACGTAGTCCTTGACCTTGTAGAGCGCATTGGCATACCAATG
GATGCCATTCTGCTGCTGCGCCGAGCTCACCACCTTCGGCGAACTGTGCAACTGCTCCTTGGCGGGCAGCCACGCCTCCAGCGTGGACAGCAGGC
GCATGGGAGCCAGTCCCCAGTG
(SEQ ID NO: 493)

Exon: 4627..3809
Exon: 3749..3421
Exon: 3169..1966
Exon: 1899..1766
Exon: 1705..1001
Start ATG: 4484 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT14997
AATTTTAGTTATTTGTCTTCAAATGTTTTTTTGTTTCATATTCTAAACTGGTTGCTTGGAAAGATTGCTAGATTGTCCATCATTCCGAATCGTGC
CTAATCAGGTGTCCGGCTGCCACGCTCCGAATTGCCTTGAAATTCAACATGAATGTTTGTCGCCTGTGCTTGTCGAAGGAACCCAATTTCCCCGT
TTTCGGTGCAAATGGATCGACTGCTCTGCAGATAATGGTCTGCACATCGCTGGAGATCGAGCCCGGCGACGGTCTGCCACAGCACATATGCACCA
TGTGTCGGCTGCAACTGGAGGAGATGCACTGCTTCCGACGACGCTGCCTCGCAGCCGATCGCAAATTGAGGCGCCACAAGGCGTTGCAGCGGCAG
GGTGTCAAGTCGCAGCTGAGTGAAGTGGAGGAGGAGCGGGGCTCCGGGGAAGGATGCACGCAAACTGGCTGCGCCGAGAACAATGCCCAGTGGCG
CCAGCAGGCCGCCCAGCTCATTAGCAGCGAGATCGACGCGTATAAAAAGGAGCTGCTCAGCACTTGCAAGCAAGCTGTGCGGGCGGAAATCGAGC
TGGAGCTGCGGGCGGAACTCGAAGAGGTCATCATACCCGAAGCCAAGCAGCAGTTGCGACTGAGCGTTCTGGACGACGTGTTTGTCGAACTGGAA
CGGTACTTTGTGCGCAAGCGCAATGAGGCGACCTATGAGATGAAGATGAACTTAAGCAGTCCGCTGCCTGACGAACAGACCGCTGGCTTCTACGA
AACAGACATGGGCCAGGAGCTAAGGGAGCAGAGCGATAACAGCGTGGTGGAGTTACTGGACGATGAACCAGAAGCCAGCAGACAGCCAGCTGCAA
CGCCACTAGTTGCTGTGCCCATGGTTGAGATCAACATGAACGACCCGCAGCTGAGTCATCTGCGCAACGACTATAGCAAGGACACCTTTCTGGGT
GCCAACACAACTGCCTTAGAGGATGTAAAAACCCCATCGCCGTGTCGAAAGAAAGTGCGCTTTATGAGCCCCAAGCAGACGACCGATAACCTGTG
CCGAAAGCACAGTTCCTTCAAGACAAAATGCAGCAGTTCGTACGCCGATTTCAAAAGTTGTGTGCGCTGTCGTCTAAGAGGAGCGGATAAGCTAA
ATAACACCTGTGACTGTATTGCTTTCGTTTCGAGAGGAGGTATTTTTAGCGAACCTGTCTGCGGTCACATTGCTTGCGATGCAGAGACGCCACCG
AGTAAATACGTTGATTTACCAAAAATAGACGCCTTCATGGATGCACAGCCGTCGTATCCCGATTTGGCGACCCTGTGCCGCCTTTGCCTCAAGGA
GCACCAGGATGCGTACGCGATCTTCGACGAGGACGACACCCAGCTCTCGATACCCGTGCGCCTGATGGCCTGCGTCGCACTGGACGCCAAGGCGA
CGGATACTCTGCCGAAGAGGATCTGCCAGGAGTGCCGCTATCAGCTGGAGAAGTCATTCCTGTTCCGGCAGCGCTGCCAATGGGCGGAGAAGAAG
CTTCGCAAGCATATCCGACTTCTGGGTCTCGGGAAGCGAAGCCGCGTCTTCTCCAAGGATCCGGACGATTATGACGAGGACGAGCTGGAGTTCGA
GGACTCTATTGCCTTCATCGAGGTGCAGGACAAAGTGCGCAAGCTTGAGGACGAAAAGTGGCGAGAAGATTTTAAGGAAGAACAGGCGGCGGAAA
TGCACAAACGGCTGGTCAAATCTCGTCTAGAACTTCGAGCGAAACTGACCACCGAACTGCGCAAGGAACTAGCGGAGGAGGTGCGCAGTGAGGTT
CGCAAGGAGCTGGCCGAGGAGGTGCGCAGCCAGGTTAGAGATGACCTGCGAAACGAGGTGAGCGAGGACATAAGAAAAGAGCAGCTGGCCATGCT
GTTGGGCGAATTGGAGGTGTATCTTACCGAGAAAAAGGCCGGTCGGTGGGAGTCTTTGGATGGGTCCGAACCAGAGACCAAGCCGCAAGTCAAGG
AAGATGCCTCCCCTTCTAGGTCAAAAACTAAAGCTCTTCCAAAGCGACGACCCAGCTTGGTCGACGCCAATCTAAAGGCGACAGAGGCCAGGAAG
GATGCAAAAGAAGAGGAATTCATATTGGGCTGCAATACCGACCCCGCAAATAATAGCGATGTAAACATAGATGGCCTCGAACTGGACGAGGAAGT
GCCCGCGGAAAGCGGTGAAGACTTCAGGGAAATCAACATGGTTGGATCAGATGTAGTGCACACAGACAATGGAGAGATTTACATCATAAACTCTG
CCAGCTCAGAGGATCAAAACCAGGACTCCACTCCCGAATTTGACCAGGACAACGGAATCACCTCCTATAACATCAAAGAAGACGGCGAAATTCAG
TTCAGTGGCGAAAAGCCAGAGGAAATCGAAGACGTGGTCGTGTTTAATCTGGGCGAGGAGATATCTCAGGAGCAACAGGTCTTCAGCTTCCATGA
AAATGTCATTATAGTGGAAAAAGAACAGAACGATAGAGATGAGCAGACGCCCCTCAAACGAAAGAGATCGAGTGAGTTGGTGTTCAAGCAGGAGT
CCAGTTGTCCTCAACCAAAAACCGGTCGAATTACGGACACGGTGAAGTCGTTCCAGTGCCATTTGTGCCCGGTGGCATTTCCTACGCAGAAACTT
CTGACGCGCCACCACAACACCCACATTAAGGGACTGAAAAGTGGAAAGGGCGGCACGCTCAAGTGTCCCAGCTGCGCACTGCAACTGTCGTGCGC
CAGCTCGCTCAAACGCCACATGATTATCCACACGGGCCTGAAACCCTTCAAGTGCAGCGAGTGCGAACTGTCCTTCTCCCAGCGCGAAGTGCTCA
AGCGTCACATGGACACCCATACGGGAGTAAAGCGCCATCAGTGCCCCCAATGCTCGAGCTGCTTTGCCCAGAAGTCCAACCTGCAGCAGCACATT
GGCCGCGTGCATATGGGCAACTCTCGGACGCACAAGTGTCATCTGTGTCATCGTAGCTTCAATCATGTTTCGGGCCTCAGTCGCCATCTGGTCAC
CCACGCTGGCGTCATGTTCTCCTGCAAACAGTGCGGCCGTCAGTTTAACGATCGCAGTGCGGTCCAGAGACATGTAACCACAATGCACAAGGTGA
AGAACAAGCTCACAGACTACATATCCGAGACGAACGAGTTTCAAGCTGTGGCCTAG
(SEQ ID NO: 494)

Start ATG: 144 (Reverse strand: CAT)

MNVCRLCLSKEPNFPVFGANGSTALQIMVCTSLEIEPGDGLPQHICTMCRLQLEEMHCFRRRCLAADRKLRRHKALQRQGVKSQLSEVEEERGSG
EGCTQTGCAENNAQWRQQAAQLISSEIDAYKKELLSTCKQAVRAEIELELRAELEEVIIPEAKQQLRLSVLDDVFVELERYFVRKRNEATYEMKM
NLSSPLPDEQTAGFYETDMGQELREQSDNSVVELLDDEPEASRQPAATPLVAVPMVEINMNDPQLSHLRNDYSKDTFLGANTTALEDVKTPSPCR
KKVRFMSPKQTTDNLCRKHSSFKTKCSSSYADFKSCVRCRLRGADKLNNTCDCIAFVSRGGIFSEPVCGHIACDAETPPSKYVDLPKIDAFMDAQ
PSYPDLATLCRLCLKEHQDAYAIFDEDDTQLSIPVRLMACVALDAKATDTLPKRICQECRYQLEKSFLFRQRCQWAEKKLRKHIRLLGLGKRSRV
FSKDPDDYDEDELEFEDSIAFIEVQDKVRKLEDEKWREDFKEEQAAEMHKRLVKSRLELRAKLTTELRKELAEEVRSEVRKELAEEVRSQVRDDL
RNEVSEDIRKEQLAMLLGELEVYLTEKKAGRWESLDGSEPETKPQVKEDASPSRSKTKALPKRRPSLVDANLKATEARKDAKEEEFILGCNTDPA
NNSDVNIDGLELDEEVPAESGEDFREINMVGSDVVHTDNGEIYIINSASSEDQNQDSTPEFDQDNGITSYNIKEDGEIQFSGEKPEEIEDVVVFN
LGEEISQEQQVFSFHENVIIVEKEQNDRDEQTPLKRKRSSELVFKQESSCPQPKTGRITDTVKSFQCHLCPVAFPTQKLLTRHHNTHIKGLKSGK
GGTLKCPSCALQLSCASSLKRHMIIHTGLKPFKCSECELSFSQREVLKRHMDTHTGVKRHQCPQCSSCFAQKSNLQQHIGRVHMGNSRTHKCHLC
HRSFNHVSGLSRHLVTHAGVMFSCKQCGRQFNDRSAVQRHVTTMHKVKNKLTDYISETNEFQAVA*
(SEQ ID NO: 495)

Name: zinc finger protein
Classification: transcription_factor

Celera Sequence No. : 142000013384288

GCTGGCAAGAAGACACGCATCATGTGCCTGCTACGGGAGATGTACGGATCCGGCGTTGAGCGGTTGAGGAGCGAGACCATGACATTCACCACGCC
ATCCAATCGGAAGGTAGAGGTGATGACGGTCAGCAGCAACTACCACTTGGAGGTGAATCCCTCCGACGCTGGCATGTACGACCGCACGGTGGTGA
TCGATCTCATCAAGCAGGTGGCCCAGACGCATCAAATTGAGATTAGTGGCCAACGGGAATTCAAGGTGATTGTAATTTCGGAGGGCGACGAACTC
ACCAAGGATGCCCAGCACGCCCTGCGCCGTACGATGGAGAAATATGTGGCCACGTGCCGGATAATCATATCGGTGAACTCCACATCTCGGATCAT
TCCGGCCATACGGTCGCGTTGCCTGGGCATACGGGTGGCGGCTCCCAACGAAACGGAGATCGTGTCCATCTTGCAGAACACTTGCAAGCGGGAGG
GACTCGCACTGCCCGTGGAGCTGGCCAAACGGGTTGTGGACAAGTCGGAGCGCAATCTCAGGCGAGCACTTTTGATGCTGGAGGCCGCCAAGGTG
GCCAAGGCGCCGTTTACCGCCAATCAGGAGATTCCCGACCTGGACTGGCAGGTGTTCCTGCGTGAGACAGCATCTCAGATTATCAGTGAGCAAAC
GCCTGCCAAACTGGAGAAGATCCGCGAACGCCTGTACGAGCTACTCACGCAAGGCGTTCCACCTAATCTCATATTCCGCGGCCTGGTCGAACAGC
TGGTTAACAATTGTGATATGTCCATCAAGGCAAAGACGCTCGAGTTCGCCACCGAGTACGAGCACCGGATGCAGTCCGGCGCCAAGCACATTTTT
CATCTTGAAGCGTTCGTCGCTCAGTTTATGAACATCTATAAAAAGTTCCTTTCTGAGCTGGACATGACGGATGATTTTTAAACGATTTACACGCT
TTAGCATTTAATTCAAAAAACTTATTAAATAAACTGATTTAAACGAACTATTAACGTTCTTCCTGAAGATCCGTTCGCATCTGCAGAACGGCCAT
GCTCATCTTATCATCGGTGGTGCGCTTTATGGTCTCAATATATCTTTGAACTTCTTCTTCGAGTTTAAAGTAAGCCTAAAATAGGAATAGATTTG
GAATATGATTGGAATGTATTTTGAGTAGAACGAAATTTATATGTATGACTTACCATTTCATAATCAAGATCATCCTTGCCATTAATCTTTAAACC
GTGCAGCAGCAAATCGATCGTGCTGATGGGGAAGCAGAGCTGTGGGTTTGCTATGTTCACCGCGTGTTTGAATTCGAAATACTCGCTACCTGCTC
CCAGCATGCCGGCGATTATTTCACATCCCAGATCTGCGGCTTCCAGCAGACGATTGTGTTTCACAAGTAAGTGGAGCAGTTCCCGGGAGTGGGAT
AACTTGTAGGAGTTTATCAGCCACTGGGGCAAGAAGGCGTTTAACCCGAGAAGCCTTTGAACCACGCTCTTTCTTATCAAGGTGGAGTCTTTTGC
CTCGTTATCCACAACCAGTTTTTGAAGTAAAGTCCAGGCCATATCGGCAGCATTACTTCGATGAGGTAGATCTGTTATAAGACATATAGTAAGCC
TCTTTTTTTCATACACGTTAAAAAATCCCTACCTGCCATGTCGTTGTTTTGCAGCCAGTTCCAGGCGTCCGACGACTTGTCCTCAGTGGCAGCAA
CACAAGCGGATGTCAGACTCTCGAATATGGGGAGCACAGAGAACGAGTGTCCCCGCGAAAGTTTCAATGCCGCGGTGTACAGGCCGGAACTAGCC
AGCAGGTATGATAGCTCCTCGGGTGTGGCCCGCTCGTAGGCAGCTGTATCTTTGCGGTAGAAGGAAAGCTCACGTAAAGCTTCTGCGTGCACCAG
TTCCCTTCGGATATCAGCCAGCTCTAGAACAACCACCTCCTGGCCTCTCTTGTCCTCGTCACATTTGGGCTCACCATCGTCGTTATCCTGATCTA
TGGTAATCACCTGCTCATCACCAAGAACAGGCTTGGCAATCCATCTGTAGCGGCTGTCAACTAGGTGCAAACAGTTTAGGCAAATTAACAGCGAG
GAGCAACGTTTCTCTAGCGCGTTTGGTGCATCGCTGTCTACTTGAAACCGCATGGCCTGCTCATACATAACCGTAGAAGCTGTTCGGAAACAAAT
TATTAATGCAAGAAGAAATGGAAGAAAATAAAGTAATTTTTATGCAAACCTTTTCTCATGTTACCCTTGTTCGTATGGAATGCATACAAAAAGTT
GTAGACTTCGTTCTGATCGATGCTCATTGATCGTGCCCGGGATTCAACAATGCTCTCGAACTCGTCTTGCAACCCGATGTAGGAGAACTGCATAA
GCAGTGGCAGACATTTATTCTGGAACAGCGTTATGACCAACTGGCGAAGGCAATCCTTACGCCTTGAAATATCTGCATTGTTGACTAAGGCGGTG
TACGCCTCCACGTAGTGTCCCAACTGCAGATGATTATTGAACACTATTGACTGGAACATGGGCAACTGAGGATCATCTGGCTGCAGCACCCTAAT
GGCCATGTCAGCCAGTTGAATAATGTAGTCCAATGCGGAATGCTGTTCAAAGAGCTGGATAACCTTAAGATAGTAGTGAACAATTGCCAGTTTTG
TGTCTTCGGGGGAAATTGTATCGCCACGGCTGACGCTATTCTGTAATTTGCCGTATAGAGGGGTATTTTTCAGTACATGCTCAAAGAGGAAGTCA
TCCTCCACAATGCCAGACTCCGCCTCGTGAAAGAGATGCACGGCCTTGTGGGCCTCACCGCAATCCAATAGAGATACGGCTAGCATAAAGCGTCC
TGCGGAAAAAAAGGATTAATTTCAAAGCTGGGAAAACTAGCAAATAATGCATACTGGCATGTTTTTGTACGGAACACCAGTTTGACAAAATGCGC
ACGTAATCCTGAACAATGATGTGATGACAGGTCCCAAATAACCATTCCGGAAATACGTAAATCGGAGATCCCGGCCAACTAAGAGATGTTTGAAA
CTTAAAACATGATCAATTTTTCTATATATTATACGCACAGCATCTTATTGATGTATCCAACAAGTTGGAGCAAAGACTGGCGTAGATTCAATTGC
TCCGAGTCCAGCGACAAACTGTCATGCTTCAGCAGCATAGTCAAGGCGCTGAACAGACCTTTCGATTCCAGGAACAGTCGGAGCAGAGTGGTCTG
ATCGTTCCCATTATGTTTCAGATGGCTGGAGTATGGTCGATTATAGCCGCTGAAAAGTTGGGCGCGGCTCAATCGTTGAATAGATGCCTCGCTAA
AATTAAAATAGAAGTTAGAACTGTGCAATACAATCAATTATATATCCTTACAATCCAGCTGGGGTACTCGATGAAATGGGTGTCTCGGCAATCCA
AACCAGTGTATAATATGAGTTCAAATAATTTAAATTTGTTAAAACATTTTCGCTTTCCATTTCGTTCTGACCATAAGCCATGTACTGCAATACCA
AAAGGTTTCGGCAAACAGAAAACCTAGGGACACATGATTTAATAAATGATAAACCAAGTTCAAAGTTTTTTAAACTATTACGAAAGCTCACCGTA
TCATTGCCATTTGCTTCACTGTTTCGGACAAAATAGAAAGTCCATATTCGCTACCCATTAGAGCCCCAGACGACTGCAAGAAGCGCGTAGAAAGG
GAGTAATCTATAAAGTAGAAATGAAATATATGAATCATTTTCAAACATTATATATATTTATAAGTAATTTACCATGCGGCGGTTCATCTGGATCA
ATCATACACAGCACATCGAGCAGCATTTCCAAAGCGGGTTCAAGATTTGGTATATTCTGCAGCTTCTGTTGGATTTGCCTCACACAGTTTGATGG
CAATATTGGACCATTATCATCGATCATACTGATTCTAGCCACCAGCTTAGATATTACTTCAACCGGTGACTCCCGCTGGTAAAGCTGTTTATCTA
GCTCGATTTTAATGTCCTCCGAAATTAGTTTATCAAGCAGTGTCACCACATTCATGAGCTCCACAAAACCCTTGGCCATTTCGGGATCGTTGCGA
AATAGTGGCGCCACATATGTCGCCACTTCATCGTTATGCTCGCCGATGAGCAACAGGTGCTCGAGCACTTCGCAGGGGCGCAGCAATGCGAATGA
TTGCCTTCTAACCAAACATACTGCATCCATTCCACCAAGAACGGCGAGTCCTGTCGGCTCGGAAAGCTTAATGTGATACTGTTCGCAGCAGGAGT
AAAAGCGATCCCACAGCCGAGTGGATATCTCCAAGTACTCCTCATCGGTGACCACAAAGTCTTTCAGTTCGTTTTGGATTTCATCTTCCACGGCC
TGGCATACCTGCTCCTTGAGCACTGACATGGAAAGTTGCTTTACATCGAATTGCAGGTTAACGCGTCTGAACATCTACGATACAAAAAATTCAAA
TTACTAAACTATTCCAATAATTCATAATAAAGAATGTTTTGGTTATACTCACATATAAAGCCTTGGCAATTACATTTCGGTCAAATCGACCAGGA
TGAAATATATAGCTGCAGTAAGTTTCGCGTGGATCCACTCCCTGCTCCATGGTGAGACAATACCGATCCGGTGGCGGTTCTAGAGCAGCCGAAAC
CCATTTGATTGCGTTGTTGGAGGCAAAATATGCTGCCGAGACATGGAAATCGCCTTCAGCGTTGCTCCAAAGGGCCCAGATGTGCGAGGATGTGG
CATCGAAGTCGACCAAATCCGTTTGCGGCGCCGGCACCATGTTCTGCACCAAATTGATAACGCTGGCATCGTCGGCATCGGGCATTATGCTAACG
CATATAAACTCAGCTCGGGAATTGTGCGAGAGAAATAGACAGAAGTTTTGATCGCTTATTTTTCGGAGCTGGCTGTTTTGTGCTGTTAAAAAAAA
GAATATAATCCCATTATATCTAGATCATAAATCTAAATCGTAATAATATTTTATACTCACGTCCTTGAGCTGCTGAGTCCTGTCCCAGTTCGGTG
GAGCAGTTAATGCTGGCTACAGTCTGCAAGTTATCCACTGACCATAGACGCAGCTCATTATTGCGATACAGAACCAGAATGAAAATTTCCCCCCC
GATTTCACTGAAAGCCATGGACGTGGCTGCCTCCAACGTTTCAGAGCGGCCGCTACAATGATTAATGAAACATTAGGGATTTGCCATTTATCGAG
GTTTATCCACTTACGTGAGGGCACCCTTGAGATTCGACAGAAACCATGGCATTAGCTTCGGCTCCTTGATTTCGTGGGTGATAGTATGGCCGGTG
GAGCATTTCATAACGTGAAGCAGTAGTTTGCTCTGATACGCCACCGCAAAGTAGGCTGACTGGGAGTCTTGAGTGAGGTACGATACAGCCGCGTT
GGGCATAGTTCCAAAGCCATCCGTGACATAGTAAGTGCTGGGATCATTGATCTTGTCATTGACGTCGTAGAAAATGGACTGGGATAGCAGATCCT
CTGGAGAAGCTGCGCCACCTTCCTGCCCAGCGACCTTCAAGGGAAACACATAGCGATGCACACTGCTGACCGTGACCACCAGCAGGGTGACGGAT
GTACCTTGCTCCGTGAGTGATACATTCAGCACAGCGGAGTCGGTGAATCGCAGACGCAGGTGATTCCTCTGCAGGGAGATGTCCAAACTAACCTC
TGATAGTTCCAGGACATCCTGGTATGTCCGCCTGCAAATCAGTGGCCATGTGAAACTAATTTAACGATTCTGATTTGCACTTACCAATATATGAA
ACGGTTTCTGGTCTGAACATTTTTCGTATTCTTGTAGCAATAGCCGCCGGAGGTTTCGAAGGTTTTTAAATCCTGCAAAGTGCTCTGGGTTCCTA
CATTTTGCGGAGGAGCATTTGGTTACTCAGAATTTCTCTGGCAATCTTGCACGAAACTCACCCGTGTTAATTTTCACCTCGATCCACTCCGCCGG
ACTGAGGTTCCGCGGTATGACCTCGCGGTAGCTCATGTTGGCTTGCAGTTTGGATGTGGGCATCTTGCTAGCACAACAAATTAATATAAAAACCT
CAACGAAAACGGAAAATTATTGGCGGCACCGGCGTAAACACGCTCAGTAGTAGTGTTGGAAAACGCTTACGCCAGCGGTGCACACCAGGCAAAAT
AGTCGACATAGCTTTTTATACTCACATACAAAAGTTAATTACAGAAGTTAGTTAAAAATTGTACATTTTCCTAAATGTAATTTCATGACAATAAA
GTTTATTATAGCAAAGCAGGAATGATATAAGATGCCTTTAAATCTTGTGATATTAAGAAAGTTGTCGCTAGCATTTTAACAATTGCCACATATTG
GTCACACTGCATTGCACGTGTGTTTCCATTTGTTGATGCGGCTTTATTATTTAGTTTATTTTTTAAAATAAAAACTGTCTCTGGCCTAAAAATGA
GTGAACAGCAGGATGAGACTGTAGTCTGCCTGCCCGGGGAGCGACTCTGCAGAACCGAGGACAGCATAGTCCTGGGCATAGGCACCTACGAGCAG
AATGGCTACATTTACGCCTCCAAGTCTGGAATTGTCAACATCGAAGATTCGGGTGATAAAGTAAGTAATCCTGGCATTTCGTTGACTCTGGGAAC

Celera Confidential - Do Not Distribute

CAATTAATCTCCATTTCAGTGCCAGGTGGTTAGTGTGCATAAGCCCGGATTTCATCTAACCATCCCAGCCACCGGAGACGTGGTCACAGCCAGAG
TTCTCGTCACAACTCCAAAATTCGCCAAGTGCGCCATTTTCTGCGTACGAAATGTGCTGCTGGAAAGCAGCTACCGCGGACTTCTGCGCAAGGAG
GATGTCCGGGAGACCGAAAAAGATCGCGTCGATATCTACAAGTCCTTCCGGCCGGGCGATGTCATCCTGGCGAGGGTCATTAACCAACTGGAGCA
GTCCTTCCTCCTGACCACCGCCGAAAATGAACTCGGCGTGGTCATCGCCTATGCCAGTGATTACCGGAAGACCCGGGTGCCCATGGTGCCGGTCG
GCTGGAGCGAGATGCAGTGCCCCCAGACCACGATCAAGGAGCCACGGAAAGTGGCTAAAGTTCTGCCTGAGAGTTCAATAA
(SEQ ID NO: 496)

Exon: 6111..5952
Exon: 5887..5785
Exon: 5731..5240
Exon: 5182..5001
Exon: 4927..4518
Exon: 4444..3778
Exon: 3712..3607
Exon: 3538..3377
Exon: 3321..3079
Exon: 3023..2905
Exon: 2849..2235
Exon: 2169..1648
Exon: 1591..1194
Exon: 1120..1001
Start ATG: 6048 (Reverse strand: CAT)

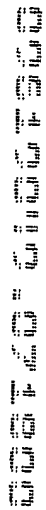
Transcript No. : CT15225
CGGTGCCGCCAATAATTTTCCGTTTTCGTTGAGGTTTTTATATTAATTTGTTGTGCTAGCAAGATGCCCACATCCAAACTGCAAGCCAACATGAG
CTACCGCGAGGTCATACCGCGGAACCTCAGTCCGGCGGAGTGGATCGAGGTGAAAATTAACACGGGAACCCAGAGCACTTTGCAGGATTTAAAAA
CCTTCGAAACCTCCGGCGGCTATTGCTACAAGAATACGAAAAATGTTCAGACCAGAAACCGTTTCATATATTGGCGGACATACCAGGATGTCCTG
GAACTATCAGAGGTTAGTTTGGACATCTCCCTGCAGAGGAATCACCTGCGTCTGCGATTCACCGACTCCGCTGTGCTGAATGTATCACTCACGGA
GCAAGGTACATCCGTCACCCTGCTGGTGGTCACGGTCAGCAGTGTGCATCGCTATGTGTTTCCCTTGAAGGTCGCTGGGCAGGAAGGTGGCGCAG
CTTCTCCAGAGGATCTGCTATCCCAGTCCATTTTCTACGACGTCAATGACAAGATCAATGATCCCAGCACTTACTATGTCACGGATGGCTTTGGA
ACTATGCCCAACGCGGCTGTATCGTACCTCACTCAAGACTCCCAGTCAGCCTACTTTGCGGTGGCGTATCAGAGCAAACTACTGCTTCACGTTAT
GAAATGCTCCACCGGCCATACTATCACCCACGAAATCAAGGAGCCGAAGCTAATGCCATGGTTTCTGTCGAATCTCAAGGGTGCCCTCACCGGCC
GCTCTGAAACGTTGGAGGCAGCCACGTCCATGGCTTTCAGTGAAATCGGGGGGGGAAATTTTCATTCTGGTTCTGTATCGCAATAATGAGCTGCGT
CTATGGTCAGTGGATAACTTGCAGACTGTAGCCAGCATTAACTGCTCCACCGAACTGGGACAGGACTCAGCAGCTCAAGGACCACAAAACAGCCA
GCTCCGAAAAATAAGCGATCAAAACTTCTGTCTATTTCTCTCGCACAATTCCCGAGCTGAGTTTATATGCGTTAGCATAATGCCCGATGCCGACG
ATGCCAGCGTTATCAATTTGGTGCAGAACATGGTGCCGGCGCCGCAAACGGATTTGGTCGACTTCGATGCCACATCCTCGCACATCTGGGCCCTT
TGGAGCAACGCTGAAGGCGATTTCCATGTCTCGGCAGCATATTTTGCCTCCAACAACGCAATCAAATGGGTTTCGGCTGCTCTAGAACCGCCACC
GGATCGGTATTGTCTCACCATGGAGCAGGGAGTGGATCCACGCGAAACTTACTGCAGCTATATATTTCATCCTGGTCGATTTGACCGAAATGTAA
TTGCCAAGGCTTTATATATGTTCAGACGCGTTAACCTGCAATTCGATGTAAAGCAACTTTCCATGTCAGTGCTCAAGGAGCAGGTATGCCAGGCC
GTGGAAGATGAAATCCAAAACGAACTGAAAGACTTTGTGGTCACCGATGAGGAGTACTTGGAGATATCCACTCGGCTGTGGGATCGCTTTTACTC
CTGCTGCGAACAGTATCACATTAAGCTTTCCGAGCCGACAGGACTCGCCGTTCTTGGTGGAATGGATGCAGTATGTTTGGTTAGAAGGCAATCAT
TCGCATTGCTGCGCCCCTGCGAAGTGCTCGAGCACCTGTTGCTCATCGGCGAGCATAACGATGAAGTGGCGACATATGTGGCGCCACTATTTCGC
AACGATCCCGAAATGGCCAAGGGTTTTGTGGAGCTCATGAATGTGGTGACACTGCTTGATAAACTAATTTCGGAGGACATTAAAATCGAGCTAGA
TAAACAGCTTTACCAGCGGGAGTCACCGGTTGAAGTAATATCTAAGCTGGTGGCTAGAATCAGTATGATCGATGATAATGGTCCAATATTGCCAT
CAAACTGTGTGAGGCAAATCCAACAGAAGCTGCAGAATATACCAAATCTTGAACCCGCTTTGGAAATGCTGCTCGATGTGCTGTGTATGATTGAT
CCAGATGAACCGCCGCATGATTACTCCCTTTCTACGCGCTTCTTGCAGTCGTCTGGGGCTCTAATGGGTAGCGAATATGGACTTTCTATTTTGTC
CGAAACAGTGAAGCAAATGGCAATGATACGGTTTTCTGTTTGCCGAAACCTTTTGGTATTGCAGTACATGGCTTATGGTCAGAACGAAATGGAAA
GCGAAAATGTTTTAACAAATTTAAATTATTTGAACTCATATTATACACTGGTTTGGATTGCCGAGACACCCATTTCATCGAGTACCCCAGCTGGA
TTCGAGGCATCTATTCAACGATTGAGCCGCGCCCAACTTTTCAGCGGCTATAATCGACCATACTCCAGCCATCTGAAACATAATGGGAACGATCA
GACCACTCTGCTCCGACTGTTCCTGGAATCGAAAGGTCTGTTCAGCGCCTTGACTATGCTGCTGAAGCATGACAGTTTGTCGCTGGACTCGGAGC
AATTGAATCTACGCCAGTCTTTGCTCCAACTTGTTGGATACATCAATAAGATGCTTTGGCCGGGATCTCCGATTTACGTATTTCCGGAATGGTTA
TTTGGGACCTGTCATCACATCATTGTTCAGGATTACGTGCGCATTTTGTCAAACTGGTGTTCCGTACAAAAACATGCCAGACGCTTTATGCTAGC
CGTATCTCTATTGGATTGCGGTGAGGCCCACAAGGCCGTGCATCTCTTTCACGAGGCGGAGTCTGGCATTGTGGAGGATGACTTCCTCTTTGAGC
ATGTACTGAAAAATACCCCTCTATACGGCAAATTACAGAATAGCGTCAGCCGTGGCGATACAATTTCCCCCGAAGACACAAAACTGGCAATTGTT
CACTACTATCTTAAGGTTATCCAGCTCTTTGAACAGCATTCCGCATTGGACTACATTATTCAACTGGCTGACATGGCCATTAGGGTGCTGCAGCC
AGATGATCCTCAGTTGCCCATGTTCCAGTCAATAGTGTTCAATAATCATCTGCAGTTGGGACACTACGTGGAGGCGTACACCGCCTTAGTCAACA
ATGCAGATATTTCAAGGCGTAAGGATTGCCTTCGCCAGTTGGTCATAACGCTGTTCCAGAATAAATGTCTGCCACTGCTTATGCAGTTCTCCTAC
ATCGGGTTGCAAGACGAGTTCGAGAGCATTGTTGAATCCCGGGCACGATCAATGAGCATCGATCAGAACGAAGTCTACAACTTTTTGTATGCATT
CCATACGAACAAGGGTAACATGAGAAAAGCTTCTACGGTTATGTATGAGCAGGCCATGCGGTTTCAAGTAGACAGCGATGCACCAAACGCGCTAG
AGAAACGTTGCTCCTCGCTGTTAATTTGCCTAAACTGTTTGCACCTAGTTGACAGCCGCTACAGATGGATTGCCAAGCCTGTTCTTGGTGATGAG
CAGGTGATTACCATAGATCAGGATAACGACGATGGTGAGCCCAAATGTGACGAGGACAAGAGAGGCCAGGAGGTGGTTGTTCTAGAGCTGGCTGA
TATCCGAAGGGAACTGGTGCACGCAGAAGCTTTACGTGAGCTTTCCTTCTACCGCAAAGATACAGCTGCCTACGAGCGGGCCACACCCGAGGAGC
TATCATACCTGCTGGCTAGTTCCGGCCTGTACACCGCGGCATTGAAACTTTCGCGGGGACACTCGTTCTCTGTGCTCCCCATATTCGAGAGTCTG
ACATCCGCTTGTGTTGCTGCCACTGAGGACAAGTCGTCGGACGCCTGGAACTGGCTGCAAAACAACGACATGGCAGATCTACCTCATCGAAGTAA
TGCTGCCGATATGGCCTGGACTTTACTTCAAAAACTGGTTGTGGATAACGAGGCAAAAGACTCCACCTTGATAAGAAAGAGCGTGGTTCAAAGGC
TTCTCGGGTTAAACGCCTTCTTGCCCCAGTGGCTGATAAACTCCTACAAGTTATCCCACTCCCGGGAACTGCTCCACTTACTTGTGAAACACAAT
CGTCTGCTGGAAGCCGCAGATCTGGGATGTGAAATAATCGCCGGCATGCTGGGAGCAGGTAGCGAGTATTTCGAATTCAAACACGCGGTGAACAT
AGCAAACCCACAGCTCTGCTTCCCCATCAGCACGATCGATTTGCTGCTGCACGGTTTAAAGATTAATGGCAAGGATGATCTTGATTATGAAATGG
CTTACTTTAAACTCGAAGAAGAAGTTCAAAGATATATTGAGACCATAAAGCGCACCACCGATGATAAGATGAGCATGGCCGTTCTGCAGATGCGA
ACGGATCTTCAGGAAGAACGTTAA
(SEQ ID NO: 497)

Start ATG: 64 (Reverse strand: CAT)

MPTSKLQANMSYREVIPRNLSPAEWIEVKINTGTQSTLQDLKTFETSGGYCYKNTKNVQTRNRFIYWRTYQDVLELSEVSLDISLQRNHLRLRFT
DSAVLNVSLTEQGTSVTLLVVTVSSVHRYVFPLKVAGQEGGAASPEDLLSQSIFYDVNDKINDPSTYYVTDGFGTMPNAAVSYLTQDSQSAYFAV
AYQSKLLLHVMKCSTGHTITHEIKEPKLMPWFLSNLKGALTGRSETLEAATSMAFSEIGGEIFILVLYRNNELRLWSVDNLQTVASINCSTELGQ
DSAAQGPQNSQLRKISDQNFCLFLSHNSRAEFICVSIMPDADDASVINLVQNMVPAPQTDLVDFDATSSHIWALWSNAEGDFHVSAAYFASNNAI
KWVSAALEPPPDRYCLTMEQGVDPRETYCSYIFHPGRFDRNVIAKALYMFRRVNLQFDVKQLSMSVLKEQVCQAVEDEIQNELKDFVVTDEEYLE
ISTRLWDRFYSCCEQYHIKLSEPTGLAVLGGMDAVCLVRRQSFALLRPCEVLEHLLLIGEHNDEVATYVAPLFRNDPEMAKGFVELMNVVTLLDK
LISEDIKIELDKQLYQRESPVEVISKLVARISMIDDNGPILPSNCVRQIQQKLQNIPNLEPALEMLLDVLCMIDPDEPPHDYSLSTRFLQSSGAL
MGSEYGLSILSETVKQMAMIRFSVCRNLLVLQYMAYGQNEMESENVLTNLNYLNSYYTLVWIAETPISSSTPAGFEASIQRLSRAQLFSGYNRPY
SSHLKHNGNDQTTLLRLFLESKGLFSALTMLLKHDSLSLDSEQLNLRQSLLQLVGYINKMLWPGSPIYVFPEWLFGTCHHIIVQDYVRILSNWCS
VQKHARRFMLAVSLLDCGEAHKAVHLFHEAESGIVEDDFLFEHVLKNTPLYGKLQNSVSRGDTISPEDTKLAIVHYYLKVIQLFEQHSALDYIIQ
LADMAIRVLQPDDPQLPMFQSIVFNNHLQLGHYVEAYTALVNNADISRRKDCLRQLVITLFQNKCLPLLMQFSYIGLQDEFESIVESRARSMSID
QNEVYNFLYAFHTNKGNMRKASTVMYEQAMRFQVDSDAPNALEKRCSSLLICLNCLHLVDSRYRWIAKPVLGDEQVITIDQDNDDGEPKCDEDKR
GQEVVVLELADIRRELVHAEALRELSFYRKDTAAYERATPEELSYLLASSGLYTAALKLSRGHSFSVLPIFESLTSACVAATEDKSSDAWNWLQN
NDMADLPHRSNAADMAWTLLQKLVVDNEAKDSTLIRKSVVQRLLGLNAFLPQWLINSYKLSHSRELLHLLVKHNRLLEAADLGCEIIAGMLGAGS
EYFEFKHAVNIANPQLCFPISTIDLLLHGLKINGKDDLDYEMAYFKLEEEVQRYIETIKRTTDDKMSMAVLQMRTDLQEER*
(SEQ ID NO: 498)

Name: KIAA0197-like
Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013385213
CACAAAAAGGCTTCATCTTGTAATCTATAATGGATGTGTTTTAATTTATTATCTTATTATCGATATGTTCGGGAATAAAATATGTATAATTTTAT
ATATACTAACTATTATAGCAACTATATCATAACTATAATTTTCCCTTGGCGAATTCCAGTGTGATGGTCCTGGGATCGAAATCAGTTTTATTTTA
ATACACCGAGTTAACCACAAAAGTGGCATGCCCAACTCATCTAATGAAAGTTTTTGCCCATTCGGGCAGATTATTTTACATTTCATTAATGTGTC
GAAAAAGGGAAATGCTTTCAATGAAAGCTGCTCCCAGGCCCAGCTGCCTGTGTTCCCCATCATCATCATCATCATCCTCATTCTCATCGTCGCAA
CCATCATCATCATCATCATCTTTGGGTCCCGGGAATCTGGAATCTGTGTTATTGATCAGTGCTGCGCAATTAACTTAGCAACTTATGATTATGAT
TATGCTGCCGAATGGGTGGTGAGTACGAGGCATTACTCATGTATGGCGGTAAAACCAACAGGTTGACAGGACCTCTGTTTCGTTTCCATTCCGTT
CCAATGCACTGAGCATATTTTGGAAACTGTGAAATCAATATATTTGATATTAAATATTATCTTATGAGGTTATTTAATGTATAAAATGTGGCTTT
TACTTAGAAGTGTGCAACTAAAAAATTATTTATATAAGTAAGTATAAGTTGTTGGAAATTACTTATACGTTTATATAAGTATATCGTTCAAAATA
TATATAGGAAAGATAATGATATTAAAACGTTGTTTTTGCTTGCAGATTTCCATCGTTTGCTGCGTGACAAATGCACCTTATTTATTTCTCAGTGC
AGGGGTTGCTTATCCACCACTGCGTCGGTGGAGTGGGCAGCTGTTTCGCTGCCGCCGCCGAGCGATAGTGGTGGTGGTGTTGGTGGTGAGTTGTG
TTGCAACTTCAACTTGTTCCTGAGGGCCGTGGACGTCGATGTCGGCGAGCAGAAGCAACCTGACTCTGACTCGACTCGGTTATTCGCTCACCACT
CGCGCTTGAATACGGACGTGTTTTCGGTTCGAAGTCAAAGTCAAAGTAGAAGGCGAATCACAACGGATCGGTCGAAAGTTCAGAAACTCGTCAAT
TGACATAAATTGAGTGCAATTTGCAGTGTGCGAAATGTGTGTCTAAGTGAAGCCAATCGACCAGCCAACAATTCGCCAGCTTCGCCGCCTCTTGT
CGCGTGTTTCGCTCAATTCAACTACTTAATTAGTAGACATAAACAAATCGTGCTTTGAGTCCGACATGGCCGACGAAAGTCTGCACACCGTGCCC
CTGGAGCACAACATAGACTACCACATCGTGACGCTATTCGAGCGCCTGGAGGCGATGCGTAAGGACTCGCACGGCGGTGGCCACGGGGTCAACAA
TCGCCTGTCCAGCACCCTGCAGGCTCCCAAGCGGAGCATGCAGGCTGAGATTCGCACGCTGGAGTTTTGGAGGTAAGTCAAGCCTGCCCTAGGAC
AAATACTTATATAGATATACGGGATTAACTATGTTATTTAATGACTGAAATTCGGAAAAACGTCTTTTGCCAAAAACTTGATATTTACAAGCGGC
ATTTTTGTCATAACTTCGCTAAAACTTCTCATATTGATGAAAGAATAACTGTTTTGAGCAGCTATTTACCAGAGCTATCGAACCCTATCACTTTT
TGAAGGATTTAGGAAAATTAATTTTTGGGTGAATTTTCACATTTTTTGTAAGGGGTAACATCATCAAAATTTGAAAAAAAATGGCAAAAAAATTG
AATTGTCGTTTTTAAATACAGTTCGATTAGGAATTTAATTGCGAGTTTAACGAGGTATAACATTCAATATTCAGACAACTATTTTAAATGTTCTG
ATAAAAAAACTGATAATTTTTGTGCAGAAAATTAGAGTAATGATTTGGGAAAAATGTCATTTTTACTAAGATTTTTTTAAGATTTTAAATAAAAC
CACAATCTGTTGTGTATGATCAAATACTTACAATTAGAGAGGGTAAAACATGATTGTATCTCGTATGCATATTAACTAACCCTTTTTAATCTAAA
CTAAATCTTCAATCTAAATGGCGGGGTTTTTTTCGCGTGTATATCATCTTCGAACCTTTTGTTTTTGTAGTCATTATCTGCACTTGCTTTCAATT
TGCTCAACTTTAGATGGCAATTGTTGGATGTCAGCTGGCTTTGTCTGAACGCTAAGTAATTGAAATCCAAGTGTTCTCCAGACGCACATCATCAA
GATAATCGCCAAACTAAACACGGCCAAAGTTTCGAGCACTTTGTGGCCCATACAAGGACCTTTTGCTCAGGGAACTGGCAAATAACAAACATTTC
ATCACGAGCTGATGGAGTAATTAAATCTTAGCCAGCAGCATGTCGAGCGCTTAAATTCCGGCTAAACTGCGGGACCCTTTTGTCTCAAGTCCTCC
GACTGACCATTTAAAATGAAAAACTTGAACTTAGTGGGGAGCAGAGAACTTAGGCAGAAGTTGAGATACATATTTAGTTCCAATTAAAGTGAAGT
GCCGCTGCCAAATTAAACAGCTGAATACATGATTTTATGGAAATTCATAAAGCCCTCGATTTGTTTGCATTTTCGTTATCGTGCAGCGGACTCTG
CGCTTTTTAGCTTAATGTGAATCAACTGAATTCGGCAGCATTGCAGCTGCTCATCAGAACGCTTCCCCTAGAGCTCCCCCATCCGCTCCAGAACC
CACTCGCAGTCCCTCCAGCTCCTCCTCAGCCTGCCCACCCGCCCCCTGCTTAATTGTCACTCCACGACTTGAGGGCAACAAAAAAGAGCTTTGTG
TGCAACTTGATTTGTGCCGTACAGTAGATACCAGCTAACTTGGAAAAGTCTAGGGCTGCACGACAAAAACTTTGAAACGGATTTCATTTGATTTC
AGTATGAATCCTTTGGCTCAACACGCTTAGCCTTACTATACTTAAGCGCTGAAATATATGTTTATGCAACCAATATTCACTGTACTGTACACATT
CCACATGCAGTCGGTGGAGCCACATGCAAACCAAACCCAGTTGCGGAACCATGCTAACCCCGGGCTCGTTCGCCTTCTTCCATTCCTCTTCCATT
CCAGATCCATCATCAGCGAGTGTCTGGCCTCCTTCATGTACGTGTTCATCGTCTGCGGTGCCGCCGCTGGCGTCGGAGTGGGGGCCAGTGTGTCG
TCCGTGCTTTTGGCCACGGCTCTGGCCTCCGGCCTGGCGATGGCTACACTGACGCAGTGCTTCCTCCACATCTCGGGTAAGTCGAAGGAGACAAT
AAACAAGCGCAAAAACATCAACAGAATGGGGCGACAAGTGTCTCTTTTCGGGTTGCCCATTGGAATTGCGTGGGAAACTGCCGTTTTCAAGGGAG
CCCCATGACCATAACCAGCCAGCACACGGAACCCCCTTTTTTTTTGTTTGCTATACTTTCGAGAAGGCAATGCACTCGGTGCGGCTCCACCTACT
CCAGCTCCTTGGAATCTTATCGCCCCCGGGCCAAGTTCCACCACTTCTTTCTTTTTCCCTTATTCCCTTGCATTTATTCTGGTATTTATGTATTT
GTTCATTTGCGTTGACATTCAAGGCAATTAAATGTCTTTACAAGTAAAAAAAGAAAAAGAGAATGAAAACAGACCAAAGACCAAAGTAATGTAGT
TGGGACCCCATCGTGAAAAGCGTCTTGAAACATGTGTTCTTGATTTTCCTGCAACTCCCCCATTTTGTGTTGGCTTGCAATTCCCCGCCTTTTCA
CAGCCAATTGGTTGTGCATTAAGTTATGATGTTGTTCTATACGAAATGCCTTCCGAAGAAGTGTCAAATTGATATTAAATGTTGCTCCCCTTTGG
GTGGCCACCACCAGAGATTGACGTCAGTATCTAAAGATATGCTTTCCCCTTCATAGGCGCCCACATCAATCCCGCCGTAACCCTGGCTCTATGCG
TAGTGCGATCCATATCTCCGATCCGGGCTGCCATGTACATAACCGCACAATGTGGCGGAGGAATCGCCGGAGCTGCTCTGCTTTATGGGTAAGTT
TTTTCGTATTTATTAAGTTACACATATCTTAAGTAGACAAATCATTGGTTTGAAAACAAGTAAGCCAAAATCATAAATAAACATTGCCCAATAAA
TGGAGTTTAAAGCGATATCCTTTTGAAAAGCCTCACATGAATAATTTAACCAATTGATTGAGCAAAGCCATTGATAGTCGAGGCTATCTATTATG
CACATCAAATCCCCGCATTAAAAGCCTTATGTTGTCGCATACAGCACGCCAAACTCAATTGAACAGGAATTCATTTTAAATTTTCGGTGTGCAAG



AGTGTATTTAAATCTGTGTATATTTGCACGCCTGACCACAGCAATTGCTGCATTATGCGAAGGACATCGTGCATCCTGCGTGTGGAATTGCCCAA
AAGCAAACTGAAGAGTCTCAAATTAAATCCAACAGGCTGTCCAAAGAACCTAGTCGTAAATCAAAAGATTGTGGGACAGGCACGGGGAGAGAGGA
CAGAGGGATACTAGGATAAATCGGATAGAGACAGATGAAACGCACTTTTGGGCGATGACTGTACAACAAGGACTCACGACAGGAAGCGTGAAATG
CGTAGAAATGGGGAATCCTACAAAAGAAATGTGCAGGTAACCTAGGACGAACACACACATACACATGCATATGCACAATCACCTGCAGGAAAAAG
GACGCAGGTAGGCTAGGATTCTCTATCTGGCGAAGAAACATCTGCCCCTATGCTCAGATGTTTGCGTAGTGATTTCCCGCTTCGAAAATGAAATT
TCTTTGTGATGCCTAGATAAAGGACCCTCTAGGCCAAGGATCTACACGCACACCAGCTAGCCAAAAATCTGTCTGCCTGTCACGGTTTTTCCTTT
GTGTAACCAAAAATCGCAGGACGAAGGACGAACGAAACGGGAAAGAGGAGTATATATGTATATATATCTGCGCATGCGCACCATTTTTCAAATGT
CGCTCCAGTTTTTTGTTGTGCGTTGAACTCCTTTTGGCAGCAATGTTAATGTTAATGCCTCTTCCCGATTGTCTGCTCGACATCTGTTTCGACCC
TCGAAGAGAAGCCTCTTTTTAAGTGCGTTGGCATCTTTACTTTCTACAGATCCGATCCAAGAATCAGGAGGCGGAGAAAGGGACGAGGAGAAACA
TGTTTCAGCTGCTGCGATCAGGTTCGGGGTTTTTTTTCTTTCTTTCTACTCCTCCGATATGGATTTCTTAGGGTCCAACGAGTTCATCGAGTGTT
TTAGTTGGAACATATGTTTACCTAAAAAAAAGGAGATTGGGGGAACCGCTCAGCTCCTTCCCCACAGCTGCCTGTGTGTGCTGATTAATTGGTTT
AGATTCAGCCCATATAGCATATATATGTAGGTTATAGCTGCGCCTGGCGATTTCTCCGAAATCGTCGTGATTTTATGAAGGGTGTTAAACTTAAT
TTATCCATGATTTTCTTAAGCTTTGAGCCAGTAACCCTTACACATAACCATATAATAAGCAACTTTAGTTGGGATTAGCAAGGGATTTATAGCTT
ATATAGTAAAGATAAAAGATTCTATGTAGAATGTTTGGAATGCAGGAAAACGATTAGTTCCCTCGCTGCCAACAATGTGTGACAAAGAGCATTTT
TAAAAAATCTAGGGGCAAGACACCCACTCTCCAAGGACCTGCCACTTCAGCTGCTCCTCCACTGGCTTCTCCACTTTTCCGCTGTCACATGTCAC
TTGGCACTTACCCTAATTGCGATGCAAATGCCACATGTGGCCAAGTGGCTAAAAAAAAGTACCACAGAGCTAAAACCGAGTATGAACTTCATTAT
CTTATGTTAAACAAAGAGCGATTGAAGAAACATTTGTGTACTTGGAATGGGTAATATGCGGGGGCGGGGGAAACGAACCTGAGTATCGATATCCG
GCTCAGGAATATTTGAATAGTCTTTAGCTGCTCCTCGAATTTCAATGATTTCTTCCCGTTCTCAATTCATATTATTATTATTATTATGGCCTTTT
TTTGGTGGTACGAAGAACGCACGCCGAGCACGTTCCAAAAATGCGAGTAGCCTTTGAAAATGTGGAAAGATAAAAATCAGGTAGAGGCCGCCGCC
AAAGGCAGCGGGGCAGCCAAGCAATGCAAAGAAACCAGAAAGCAGAAGAACATAATTAACATTTCCCTTTCGGATGGGCCTTTGTGCCCAGGTTC
TCCTGGCACTGCCGGCTACTCCAGGCTACTGCGCCTGCGCAGGATGCGTGGTGCGGAAACTTGAAATCAAACACGTGTCCGCTTCTGCGATCTGG
TTGGTCATTCGAGGAGCAGCTGGAAAAAAAAAGTGATCGGTGAACACCTGCTGCCCGAAAACAGAAAATTACTGTTGCCGAGGATGCACGACGAA
TGGAACGGAGAACAGGATTTCAAAACGAACAAATTTAAATTTCAAGCAGCTAACTGCAACAAAGCGAACTGGACAACTCAACAAAAAAAGAGAGT
GAGATCTGTACCTGCACTGAGAGAAAATCAATGGTCATTACTTAGGGTCAATGATTTGCCATCATATTATTTAAAGTCGCTCTAGGATTAATCAC
ATTACATTTATGATGGCTGATTTATATTCTATAATAATATCTGAATAAGATTTTTTTATTTTCTCAAGGCAAAATCAGAAACCCTAACTTTCTAT
TCTTCTTGTGTGCCTCGTCGATTTGCATCTAGCATGGAAATGCACTTCCTGCCGTTGAAGGGATGGTTTTTAGAAATCGAAATCGTAATCAATTC
GTGTCACATGGGCAATTCAATTACTAAATCCGTTTGCCAGTGGATTCCGTTCCCCTTTCTTTATTTGCTACTACTCACTACTACGGCAGGCTTAT
CGCACTTGGCTTGGAAATAGCATCCTGCCAGTGTTTCCGGTTGCCTGCACTTGGTGGCCCCCGCATCCTCACCACCATCCTCATCAACAATGCTG
CACAGGTGGTCCAGTTATAGAGTTATGTTGCCGGCATTCAGAAAAAACACCTGGAAAGCGGGGTCAAAAGTAGTGCATTTAAAATGAACTTTTTA
TATGGGATGAACTCAAGGAAGCAGGATCAATCCTCATTGTTTCTACAAATCGAAAGTTATAGGTATGATGAGTTCTGATTATTGTTTAATTTCAG
TGGTTCTAAAAATACATCTAAAGCATGAAGAGTCTCTAGTTAACTTAGATTTAAGACAAGTGCGAAGCTACTACATGTAGTAACTTCATTTGGCG
GTCGCATCGGGAATTCAAGTGCTCCATTCCCAGTCCCTGGCAACCCAATGAGCTTGGAAGCCAGCCACAAGCCAAAAAGACCGAAAAGCAAACGC
AACCAAACCAGGAGCATTGCAAATGGCACATGGCAATCCGCAGCTCACAGTTTGCAGTTCGCAATCCGCAATTCGCCTTTCACCCGGATACGCGG
TGGCCACCAGTGCGAGAAAATGGGCAATGAGTCGACTTCGCTTGGGGATAGGGATGAGGATAACGATTCCGGTTCACAGTTCAAGTTTGCAGTTC
GGCTGCCACTTGTTTCTTTTGGCACTTTTTTTTTGTATTCCGCAAACAATTTGCGCAGGAAGAGCAGCTGAAAGCCGCCCAACATTCTGCCATTT
CCGGCTACTTAGTTGCTTCCTCCCCAGCGCTAACAGCTGAGTGTTTGTTTATCCCCGTGGATGAGTGCCTGTTGGCCACTCGTGCCATGTGAAAT
TAGCACTCTATGGATTTATGAGCAAACAAGGGTCACTTTCTATTCCAAACCAACCGAACATATCGTTTCGAAGCGATCAAATTTTAATCAAGACT
TGGGAGCAACTGTGCCCAGGAATTTCGTAAGGCAGTCGAGGATTAAGTCCTACTAATCCGTTGCTGCCACAGAGCTGGTGAACCTTACGCCCACC
ACAACTCACCTCAATCCGCAGTGCAGCCGGAACTTGCAGCAATTTCCTATTTGCTGAAGTACTTTTAAGTGCATTCCGAAAGCACTTATTTCCGG
ATTTTCAAAGTGGGCGGATTCGGTGTGGTAAAGGATTGCGGTATGTCTATATAAATACCCACTCTGCTCCGCATTGCAAAATGTTATCTCACGGA
GATTCCTGTGACAACAATCAACTTCTGGAAAGCCATAATATATGGTGCCCTCGAGGAACTTTGCATCTGCATTCGGGAAACAAATTATCCGGCAG
TTTCAAATCGCAAGGATTCAAACTCATCTGGCCCAAAAGGTGCTCAACAACTTTGGTAATTGAAACTTTGACAAGCTAAATGATGTTGAGGCAGT
TGCCGGGTAGCGCAGATTAATGGAATTGACTTTGGCGGGGTGTGGATGGTTTGGAGGGTTGATTGCCGAACTGTCAGGACGATAAATAATAAATT
AAACAAATTGTCATCGGCGTTTAGCTACGAAAACTTTGTGCTCCGATATCGAAATGGTGCGGTTTTTGTACAAGCAACTTGCAACTATAAATATT
TATATACTCTATATACTATATACTTATAACTCCTTTCCTTTCATTTATTTTACAGCGTAACTGTGCCTGGTTACCAGGGGAATCTGCAGGCCGCC
ATCTCACATAGCGCTGCTCTGGCCGCCTGGGAAAGATTCGGTGTGGAATTCATCCTCACCTTTCTGGTGGTTCTGTGCTATTTCGTATCCACGGA
TCCCATGAAGAAGTTCATGGGCAATTCGGCCGCCTCGATTGGATGTGCTTACAGCGCCTGCTGCTTTGTGTCGGTAAGTTGACTTCCCCCCTCTC
CCCAACTCCAATCTCGCAACCCAGGAATGCCGGTCAGAAATCAGAAATCAGCTAAATGAAAACCAGAACCCGCCAAAACCGAAAACGAGCCGAAA
ACAAACAACTGAAACGCACCTGCCGACTGTGACGCTGTCATTTTGATGTTGGTGCAAAATCGCAGCATGACAACGGACGAGCTGGTATCAACTGG
GTAAACTCAGGTAGAGACTATCCCACAATCGTGGGACGCTGGAAGGTCGAGCTGCTGGGTTGCAGGAGATAATTAATTTAGCAAAGGAACTCCGT
GGACGGAGCTGCATTGCTGGCATAACGGACGGACAGACAGACGATGGCGACATCCAAAGAGGATGCCATCACACGGCCAAGTTTTCGAATGGGGA
ACCGATTAAAGTCAAGTTAATATCGACGCAGGATTGAATTACGATTAAGGAAAATCATGGATAAAGCGGAGTTTAATGTCCTTAGGGTTCCACGA
GTATGCTATACAATGCCCACTTTAAATTCCTTTGAACTCCTCAAGGATCATTTAAATTAAGTTATTTCATACTTAACTCTTCGACTTAGAAACTG
CTGCGAACTTCTTAAACTCTTCAAATTGTTTAAACAGTTTACTCCCCGCTTTGTTTGCCAACTTCTTTCACAAGTATCCTTTGATGAAGAATATT
CCCAGCTAGAAGTTGACACAAACGACATTGACTGGCTGACTTGTGCAGGCCGTGAAGTACTTTCCTTGCTTGGCAGATGTCTAACCAAATCCTTC
CTCCTCCCTCTTCTCCTTGCAGATGCCGTACCTGAATCCAGCCCGCTCCCTGGGTCCTTCGTTTGTGCTTAACAAATGGGACAGCCATTGGGTGT
ACTGGTTCGGACCACTGGTGGGCGGCATGGCCTCTGGCCTGGTGTACGAGTACATCTTCAACTCGCGCAACCGCAACCTGCGCCACAACAAGGGC
AGCATCGACAACGATTCCAGTTCGATTCACTCGGAGGACGAACTGAACTACGACATGGATATGGAGAAGCCCAACAAGTATCAGCAGTCGCAGGG
CACCTACCCGCGTGGCCAGTCCAATGGCAATGGCGGAGGACAGGCGGCCGGAAATGGTCAGCACCAAGCTGCCAACATGGGCCAGATGCCGGGCG
TAGTGGCCAATGCCGGTCAGGGCAATTACTGCCAGAATCTGTACACTGCTCCGCCGCTCTCCTCGAAGTACGATCAGCAGCAGGAACCTCTGTAC
GGTGGAACCCGCTCACTGTACTGCCGTTCGCCCACTCTGACCAGAAGCAACCTGAATCGCTCGCAATCTGTGTACGCCAAGAGCAACACGGCCAT
CAATCGAGACATTGTGCCGCGTCCAGGTCCTCTGGTGCCCGCCCAGAGTCTTTATCCCATGCGCACCCAGCAGCAGCAGCAACAGCAACAACAGC
AACAGCAACAAGTGGCACCCGCACCTCAATCTTCCCATTTACAGAACCAAAATGTCCAGAATCAGATGCAGCAGCGCAGCGAGAGCATCTACGGA
ATGAGGGGCTCCATGCGCGGACAGCAGCAGCCAATCCAGCAGCAACAACAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCTTCAGCAACAACAGCCCAACATGGG
AGTGCAGCAGCAACAGATGCAGCCTCCGCCACAGATGATGTCCGATCCTCAGCAGCAGCCGCAGGGCTTCCAGCCAGTCTACGGCACACGCACAA
ATCCGACGCCGATGGACGGAAATCACAAGTATGACCGACGTGACCCGCAGCAAATGTACGGCGTGACGGGACCAAGGAATCGCGGACAGTCGGCG
CAGTCGGACGACAGCTCCTATGGCTCATATCACGGCTCGGCTGTCACGCCGCCAGCTCGTCATCCCAGCGTGGAGCCATCACCTCCGCCACCGCC
CATGCTGATGTATGCCCCGCCCCCACAGCCGAATGCAGCCCACCCGCAACCCATTCGCACGCAGTCGGAGCGAAAAGTTAGTGCTCCAGTTGTGG
TATCCCAGCCGGCAGCGTGCGCCGTGACCTACACAACCTCGCAAGGATCAGCGGTGACAGCCCAACAGCAGCAACAACAACAGCAGCAGCAGCAG
CAACAACAGCAGCAGCAGCAGCAACAGATGATGATGCAACAACAGCAGCAACATTATGGAATGCTGCCGCTGAGGCCCAACTGAAAGCGGCTGTC
ATGGGGTCCGGTGACAACGCCGCCGCCAGGGATCCACGCCCTCGCCCTCCAGCCCGGAGGCACCATGACCCTGCACCGCTGCAGCCTAGCCAAGC

AGAGCAGTTTGTTTTAGTCGTAGTCGTACGTAGTAGCATTCGGGCATCGCATCCAAAGGAAATGTACACAAGTCTCAGCCCCATATAGTCTAGCA
TAGTCCTAGTTTAGATAGACGCAGCATAGCCACATTGTATTAATTGAGAGTCAACGCGACGAGGAACTCACACCTAGCAGCAGACAACGACGATG
CGATCTAGCAAAGATCATGTACGCTTAAGGAACTAATAAGGGTTATCATTCACCGAAGGCTAGACTAAACGAGTGATCTAGATGATCTAGACTGA
AAGACAGGTGCATTTAACTAAGCTACTTCCCTTAAGTTTTGTTCAACTCTTCCAATATTAATTTTGTCAAAAGAAACTTACCTTTTTTTAAAACA
GCCTTTTGTTGCAACTCTTATTTGTTTTGGCAAATCATTTGGTTATTCATGTTTCTTGTAAATGCAAAACTAGACTGAACTTACCTAAAGCATTT
TGTACGTTATATTTCAAAGTTCATACATATATGTATATGTACTCTTCCCATTTTCCGCGGACATTCAAAGATTTTCGTTTACTTTTCGATTTTAA
TTTGTATATAGTCCATATAGACGTAAGCTATTCATGTAAATCTTACAACCCTAGGATCGGAAGTCGATACAAATATATGTATATGCTTACTTATT
AAAATAGTTGTATTTTCTTAGTGATAAACCCGTTTGCTAATAGTTGTTAGAGCCTAAGAGAACAGCGCAAATATATTGTGTATCAAAATAAAGAC
AAGTTCATCCAAACAAAGAAAGAGTTACGTTCTTATATTATTTTACCAAAAAACTGTAAAATGTGTATATTTTATTATACAGAGGTGGTCAAAAG
TATTTACACAACATGCTTTCTTTTCATTTGTCAACTAAATATGCGTTTTTGGTTGGCATCAACAGTTGATATAATTGTTATATTATCATTTAATT
ATGAATACTGAGAATCCTACCTACTATTCAAGGCCTTTTTTATGAAGTTGATAGTCTTATTTCAATATGACCTTGAATACATTTAAATACCTATT
ATTTTGTGTGGTTTTTTTGAACACGTGAATTTTTAGAAAAATACAAATAACACTTAAAGCATTTTACGTTGAATAGATAGTGATTAATATCAATC
GTTGGTCAATGAATAGCTTGAATACTATCATAATCCAAATAACCATGCGCTTGGAAGATACAGTCCATGTGGGATTAATTCACGAATGCCGATTC
AAAGCATCATCTATGGATGGCCTGTTGGTCATCTGTCTCCAACGCCGAGGACATGAAGGAGAAGTACAGTCGAAGCTCGGCCAGAGGAAAGTGGG
GTAGCTCCTTTCGTACCTTTGCGAAGTCGGTGCCGTATTGCTCGAAGGCCTTGGTAAGACGGATGAGATCCTCGGCCTTCCAGCGATGGTAGCGA
CATCCTCGAGCTGTCTCAGTCTTCTCCAGACGTCGATGTGCCAGGGGCAGGTCGTATCCGTGACGCCGCAGGATGAACAGCGCCTGCTCCTCCTC
GATATCATAGAGACTGGCCGCATAGTCAAGGTATTCGCGAACAGCCTTGTCATCTTGGTCCTGCAGTTGCGGCGACCACAGGATCGAGGCTCGAT
GTTGCAGCTGCTGCAAATCCTGTTCCCGCTTCCACGGCGGCACAAAATCCGGCAAGGTGGCTGCCTGTTTTCGCCAGTAATGTATGTCTCGTTTC
TCCTTGCGTGCCGACATCCTTCGTTCAAAACAAAAAGAAAAAAATAAATAATCTACATGAAGATAGCACCG
(SEQ ID NO: 499)

Exon: 1001..1497
Exon: 3140..3306
Exon: 3952..4078
Exon: 8606..8813
Exon: 9618..11896
Start ATG: 1301

Transcript No. : CT15229
AGAAGCAACCTGACTCTGACTCGACTCGGTTATTCGCTCACCACTCGCGCTTGAATACGGACGTGTTTTCGGTTCGAAGTCAAAGTCAAAGTAGA
AGGCGAATCACAACGGATCGGTCGAAAGTTCAGAAACTCGTCAATTGACATAAATTGAGTGCAATTTGCAGTGTGCGAAATGTGTGTCTAAGTGA
AGCCAATCGACCAGCCAACAATTCGCCAGCTTCGCCGCCTCTTGTCGCGTGTTTCGCTCAATTCAACTACTTAATTAGTAGACATAAACAAATCG
TGCTTTGAGTCCGACATGGCCGACGAAAGTCTGCACACCGTGCCCCTGGAGCACAACATAGACTACCACATCGTGACGCTATTCGAGCGCCTGGA
GGCGATGCGTAAGGACTCGCACGGCGGTGGCCACGGGGTCAACAATCGCCTGTCCAGCACCCTGCAGGCTCCCAAGCGGAGCATGCAGGCTGAGA
TTCGCACGCTGGAGTTTTGGAGATCCATCATCAGCGAGTGTCTGGCCTCCTTCATGTACGTGTTCATCGTCTGCGGTGCCGCCGCTGGCGTCGGA
GTGGGGGCCAGTGTGTCGTCCGTGCTTTTGGCCACGGCTCTGGCCTCCGGCCTGGCGATGGCTACACTGACGCAGTGCTTCCTCCACATCTCGGG
CGCCCACATCAATCCCGCCGTAACCCTGGCTCTATGCGTAGTGCGATCCATATCTCCGATCCGGGCTGCCATGTACATAACCGCACAATGTGGCG
GAGGAATCGCCGGAGCTGCTCTGCTTTATGGCGTAACTGTGCCTGGTTACCAGGGGAATCTGCAGGCCGCCATCTCACATAGCGCTGCTCTGGCC
GCCTGGGAAAGATTCGGTGTGGAATTCATCCTCACCTTTCTGGTGGTTCTGTGCTATTTCGTATCCACGGATCCCATGAAGAAGTTCATGGGCAA
TTCGGCCGCCTCGATTGGATGTGCTTACAGCGCCTGCTGCTTTGTGTCGATGCCGTACCTGAATCCAGCCCGCTCCCTGGGTCCTTCGTTTGTGC
TTAACAAATGGGACAGCCATTGGGTGTACTGGTTCGGACCACTGGTGGGCGGCATGGCCTCTGGCCTGGTGTACGAGTACATCTTCAACTCGCGC
AACCGCAACCTGCGCCACAACAAGGGCAGCATCGACAACGATTCCAGTTCGATTCACTCGGAGGACGAACTGAACTACGACATGGATATGGAGAA
GCCCAACAAGTATCAGCAGTCGCAGGGCACCTACCCGCGTGGCCAGTCCAATGGCAATGGCGGAGGACAGGCGGCCGGAAATGGTCAGCACCAAG
CTGCCAACATGGGCCAGATGCCGGGCGTAGTGGCCAATGCCGGTCAGGGCAATTACTGCCAGAATCTGTACACTGCTCCGCCGCTCTCCTCGAAG
TACGATCAGCAGCAGGAACCTCTGTACGGTGGAACCCGCTCACTGTACTGCCGTTCGCCCACTCTGACCAGAAGCAACCTGAATCGCTCGCAATC
TGTGTACGCCAAGAGCAACACGGCCATCAATCGAGACATTGTGCCGCGTCCAGGTCCTCTGGTGCCCGCCCAGAGTCTTTATCCCATGCGCACCC
AGCAGCAGCAGCAACAGCAACAACAGCAACAGCAACAAGTGGCACCCGCACCTCAATCTTCCCATTTACAGAACCAAAATGTCCAGAATCAGATG
CAGCAGCGCAGCGAGAGCATCTACGGAATGAGGGGCTCCATGCGCGGACAGCAGCAGCCAATCCAGCAGCAACAACAACAGCAGCAGCAGCAGCA
GCTTCAGCAACAACAGCCCAACATGGGAGTGCAGCAGCAACAGATGCAGCCTCCGCCACAGATGATGTCCGATCCTCAGCAGCAGCCGCAGGGCT
TCCAGCCAGTCTACGGCACACGCACAAATCCGACGCCGATGGACGGAAATCACAAGTATGACCGACGTGACCCGCAGCAAATGTACGGCGTGACG
GGACCAAGGAATCGCGGACAGTCGGCGCAGTCGGACGACAGCTCCTATGGCTCATATCACGGCTCGGCTGTCACGCCGCCAGCTCGTCATCCCAG
CGTGGAGCCATCACCTCCGCCACCGCCCATGCTGATGTATGCCCCGCCCCCACAGCCGAATGCAGCCCACCCGCAACCCATTCGCACGCAGTCGG
AGCGAAAAGTTAGTGCTCCAGTTGTGGTATCCCAGCCGGCAGCGTGCGCCGTGACCTACACAACCTCGCAAGGATCAGCGGTGACAGCCCAACAG
CAGCAACAACAACAGCAGCAGCAGCAGCAACAACAGCAGCAGCAGCAGCAACAGATGATGATGCAACAACAGCAGCAACATTATGGAATGCTGCC
GCTGAGGCCCAACTGAAAGCGGCTGTCATGGGGTCCGGTGACAACGCCGCCGCCAGGGATCCACGCCCTCGCCCTCCAGCCCGGAGGCACCATGA
CCCTGCACCGCTGCAGCCTAGCCAAGCAGAGCAGTTTGTTTTAGTCGTAGTCGTACGTAGTAGCATTCGGGCATCGCATCCAAAGGAAATGTACA
CAAGTCTCAGCCCCATATAGTCTAGCATAGTCCTAGTTTAGATAGACGCAGCATAGCCACATTGTATTAATTGAGAGTCAACGCGACGAGGAACT
CACACCTAGCAGCAGACAACGACGATGCGATCTAGCAAAGATCATGTACGCTTAAGGAACTAATAAGGGTTATCATTCACCGAAGGCTAGACTAA
ACGAGTGATCTAGATGATCTAGACTGAAAGACAGGTGCATTTAACTAAGCTACTTCCCTTAAGTTTTGTTCAACTCTTCCAATATTAATTTTGTC
AAAAGAAACTTACCTTTTTTTAAAACAGCCTTTTGTTGCAACTCTTATTTGTTTTGGCAAATCATTTGGTTATTCATGTTTCTTGTAAATGCAAA
ACTAGACTGAACTTACCTAAAGCATTTTGTACGTTATATTTCAAAGTTCATACATATATGTATATGTACTCTTCCCATTTTCCGCGGACATTCAA
AGATTTTCGTTTACTTTTCGATTTTAATTTGTATATAGTCCATATAGACGTAAGCTATTCATGTAAATCTTACAACCCTAGGATCGGAAGTCGAT
ACAAATATATGTATATGCTTACTTATTAAAATAGTTGTATTTTCTTAGTGATAAACCCGTTTGCTAATAGTTGTTAGAGCCTAAGAGAACAGCGC
AAATATATTGTGTATCAAAATAAAGACAAGTTCATCCAAACAAAGAAA
(SEQ ID NO: 500)

Start ATG: 301

MADESLHTVPLEHNIDYHIVTLFERLEAMRKDSHGGGHGVNNRLSSTLQAPKRSMQAEIRTLEFWRSIISECLASFMYVFIVCGAAAGVGVGASV
SSVLLATALASGLAMATLTQCFLHISGAHINPAVTLALCVVRSISPIRAAMYITAQCGGGIAGAALLYGVTVPGYQGNLQAAISHSAALAAWERF
GVEFILTFLVVLCYFVSTDPMKKFMGNSAASIGCAYSACCFVSMPYLNPARSLGPSFVLNKWDSHWVYWFGPLVGGMASGLVYEYIFNSRNRNLR

HNKGSIDNDSSSIHSEDELNYDMDMEKPNKYQQSQGTYPRGQSNGNGGGQAAGNGQHQAANMGQMPGVVANAGQGNYCQNLYTAPPLSSKYDQQQ
EPLYGGTRSLYCRSPTLTRSNLNRSQSVYAKSNTAINRDIVPRPGPLVPAQSLYPMRTQQQQQQQQQQQQQVAPAPQSSHLQNQNVQNQMQQRSE
SIYGMRGSMRGQQQPIQQQQQQQQQQQLQQQQPNMGVQQQQMQPPPQMMSDPQQQPQGFQPVYGTRTNPTPMDGNHKYDRRDPQQMYGVTGPRNR
GQSAQSDDSSYGSYHGSAVTPPARHPSVEPSPPPPPMLMYAPPPQPNAAHPQPIRTQSERKVSAPVVVSQPAACAVTYTTSQGSAVTAQQQQQQQ
QQQQQQQQQQQQQQMMMQQQQQHYGMLPLRPN*
(SEQ ID NO: 501)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: bib
FlyBase ID: FBgn0000180

Celera Sequence No. : 142000013385213
TTTATCGGAATGGTCAGATCGGAATTTAAAAAAAAAAACTTTAATTTCTCCCCAACTCAAATTGAAACACACAAACAAATGAATGTACTTAAACC
CTTTTTTTTTGCTAGCGAGTATGCGATCAAAACTAGAGAAACATATGTACGTTTTTTCCCTTATAATTGATGGCAATCTGGTCCCAATAAATCCT
TCTCACCCATTTCGCGCCTGCTAATTGCCAAACAAAATGCAATAATTCAACCCAAAAGCACGCTTTCTTTTCCTAGCACAAATACAATACCCCTT
TAACGGCCGCAATTTCCCTTTTTCACCCTTTTGTTTGCCAGGTCACCCGAAAAGTTTTACCGAGCAGGGTTGTCGCATGACCCCCCGCAACCCAC
AACCACAGCAGCAATCGCTTTTTATTCTCTTTTTATATGATTGTTTCATATTTATGAGGATTATATGGCTGATGCTGAGTGCTGAGAATCAGAGA
AAAATTGAGTTGGACGTGTGGTAATTTATTTTTCGGCTAAGGGGACGGACTTGTAGTTAACTGTTAGTTTTCCGAGCTCAAGATCGCACAGATTA
TAAAGAATTTACTGTGCAATACTAATTAAATTTATCTTTATCATTATTTTACTTAAACGGAATTTGTATAAGCCAAAAAACAAAATTTATTAATA
ATCTCCAACTAAAAATGTGTATCAATGAAATTATTTTCTTATGGAATTAAATTTCAATAGTTTATGCCCGCCTTTGTATTTAACATCTAAACATT
AGAATTAAATAAAGTATTTAAAAAAAAATTTAGCGTATAAAAAGCATGGATTGATTCCAAGTGCATTTTACGAATTTGCATTGAATCACGATAAT
AATATTCACTTGTAATACTTAATTAAATAATTTAATTCGGAACCCATATTAATTTACCGAGTTCGAGGCGGGTTGGCAGTCCGATTGCATGACGT
AGCAACGCCGCCACTTTCCAGCACTGGCCGATTGCCAGCCAAAATGGCGCCCGCCTGCTATCGCATTGCTCGAGCAGATATCGGTTCGGCAGCGC
ATCACACACACAACGCGAAAAAAAAAAGAAAAATACGGGTGGCCTGCAAGCGAATATCTCCGAAATTCATTGAATCCCGACGCCGAGATTTGTGC
TCCGATCCGAGAAACCCATTAGCTTCCGTGCACCGTCCGCCCAAGCCAGCAAAATAACCAAGTTCAACATACGCCTGGACAACATAATGTCGAAG
AATAAAAAACTGTCGCTGTCGGGCGGCGATACGACGGAGAAATTTATTTACAAACCCAAGGATCTGATATGGTAAGCCGGGACCGTGGACTCATC
AATATATTCGCTGTATTCTCAGCTGCGCTGCGCCGTGAAGAAACAAGAAAAAAAAAAAAAACGAGAGATGAAAATCAAAGCAAACACCTAACCTCA
ATTGCGCACCGTTGGCGCTCGGAAAAAAAAAATATGAAGAAAAAAAGAGCCAGTGAAGTGTGCATAAAAAAGCAATTAGCGCTGCCTTTTTGACAG
CCACGCAGCGCAGTATCCATGTAGCTCCATCCGAATGACGACCATAATTCCGGAGCTACGTGCGTGGATTCCGGGCGCGCGACGTCGACTTCGCT
GCGTTGGCGCTTTTTTCGCGCGCGCGCCCTTTTTTCTTGCTTTTCCTCCTTGCGGCCAATATGAGTTTTCCCTGTTCTGATAGCGCATTTTCTTT
GCAGGGCCAAAATGAAGGGCTTCACTCCGTGGCCAGGAATGGTAAGCATTGCAGTTGGCGATCGGAATGTTTACGCCGCGTCGACGTCGCGTCGC
TGCCGCCTTCTCTGCTGCCATGTTGTTGTGTTTGTTTTCGACTGTACTTTTCGATTCAACGCTGCCGGCTTCGCTGCCGCCGCTCTGCCCGCAGC
CACGCACTTGCACACATTGCCCCATTGCCGTTGTGGTTGTTGTTGTTGCCGCTGTGCTGTTGTCGCTGCCGGCGGAGGAAATGGTCTCTTCCATG
GAGCCGCTATCGGGGGCCACGAGCAGCAGCTTTTGATCGTGTGTACAGCCGCTGGAAAGCAGCATGTGCACTCGGAGGAGGGGGAGTGACGCGCG
GCAGGCGTGGAGTTTGAACACAGACGTTGCCAAGGATATCAGTTCCCAGTTTCGTTATTCTATGCCGTTCAAAAGGAGTTTTGTTAATATATTAA
CTTTTATTTGACATTAACATTCTCATCGGTAATCTTGTGATATACCAATCGGTTCTTTAGAGTTTTGTGAAATGTGCTAATGATAGTGAATCACC
TCAGCTAAGGTTTTATCAAATCAAATTGGTTTTGTGCAAGTTGCTAGAAAAATGAGGATATATTTTTAAATCCTTATAATTCCTAGCTCAAATGT
AAAGTTAAAGAGTGGTTTTCGATTGAAATTGGAAGTGAAAAAGCAACATTTGCATATGTTTTGTTTCGTGCGTGATAAAGTCTTGTAAATGGGTT
ATCACAGAATAGATTAGTTCGAGGGAATTCATAGGCACATCCTTATAGAGTAAAATGCATTGTCTGCTTAAAATGTTTCTGAAGACTTTAAAGAT
ATGATGTGGTGGAAGCTAATGTTGATTTCTCTCCTTAGATTGTCGATCCTCCACTTGATCTGCTCAGCCAGCAGCGTCGGGCGAATACCAAATGC
GTGTTTTTCTTTGGATCTAGGAATTTGTAAGTAAAATGCACGCCAACCCCAAAAAGCGCCTGTAATAACATGGGTAATATTTAACAGTGCCTGGA
TTGAGGAGAACAACATCAAGCCCTTCGAAGGACCGTGGAAGGAGGAACTGGCCAAGGTGAGCAAGCCCGCTGCTTTCCGACACGCCATGACGGAT
ATCGAAAAGTACATCGACGACCCCGCCGAGGTGGACGAGCAGGTGAACAAAAGCTGCGGTGCGCCGAATCACGCAACCGAGGCTGATTTTGACAA
GATCCGGGATGGCCTGGACAGCGAGGAGATTGTGGGAGAGGAAGCAACTGCCGATGGCAACAATGGAGTGGTGGCCCATGTGGTGGGCAGCCCCG
ATGAGGGCGATGGCTTGGATGTGGAAATCAATGCAGATTCATCAGCGTCACCAGTCACGTCGCCGGCGGTCACAACGAAGGCAGCTGGCAAGCGG
ACGCCGAAAGCAAAGTCCGTGGCCGCTACATCGGTCAAGTCGACAAAGGGATCGGCAAAATCAGCACAGAAACGGCGTACCTCTGCCCAACAGTC
GCCCAGTGGGCCATCGAATGCCAAGCGAGGCAAGCGTGATGTTTCCGGGGAGGCATTGCAGGACGCGGATGAAGCCAGCTCCACGCCCACTGGCA
GACGTCGGGTCGAGACTGACGCACTCTTGGCCTCAATCGCTGCCAAGCGTGCACCGAATGCAATTGCTCTGCTTGACCGACCGGTTGTCACGCGG
CCAGAGGCCCAAGTCATCGACATGAGCTCGCGCTCCAACACACTGGCCGATCGCGATATCGTGCCTTCAGAGCAGACCTTCGGCTTCCTGGGTCT
TGGAATGATGGGATCCACCATAGTCAAGGATTTGATCTACACGGGTCACAAGGTTGTGGTCTGGAACCGCACCATTGACAAGGTAAAGTTTTACG
ATAGCAAGTTCACACATGAATCCTACAACAATCTCGTTTTGTAGTGCCAACCGTTTGCCGAAGCCGGCGCTGAGGTTAAGGACACTCCCATGGAT
GTTGTGGAAGCTGCCGACGTTATCTTTTGCTGTGTGTCCGATCCAAAGGGCGCCAAGGATGTAAGTCATAAAAGGTTTCATTTATATACATATTT
AATTTGGGAAATGCCTAAAACACAACGTGGTTAACAAAACTTAAATTTTGGCCTTGGGGTTCCTATAAAATTCAAATGACTCATCCGCGCTTGTT
AACTTAAAAAGTACATATGAATGAAAGCACGCAGTTTAAAATGACGATTTTCTGACGCTCTCTTTGCAAAGCGATCTTCCTTACACTGTATAAAA
TTAAAATATATTAGAATACAAAATAATTGTGCAACTGGGAGGGATGGCGTAATTTAACATTCTTCTTATTTATGCATTCGTTTTATTCGATGTTT
AGCTCGTATTTGGCAACTGCGGCGTTCTGCAGTTGAAGGACTTGAACAATAAGGCCTACGTTGAAATGTCTACAATTGATCCGGACACATCGTTG
GACATTGGCGAGGGCATCAAGCAGTGCAACGGTCGCTATCTTGAGGCACAAATTCACGGCTCTCGGCAGGAGGCTGCCGAAGGCATGCTCATCAT
TCTCGCCGGTGGAGATCGTTCAGTGTTCGAGGAGTGCCACTCGTGCTTCAAGACCATTGCCAAGAACACCTTCTTCTTGGGAGTAAGTACAGCC
TGCACTGCTGACCATTTCCTTTGAAACAATTTATTAAAATATGTCGTTTGTTCACATCTAGCAGATATCGGTAACGCCTGCAAAGTAAACCTAAT
TTTGCAAACCATCTTGGGAGTGAGTCTGGTCGGGTTGGCTGAGGCGTTAGCACTTGGTAGGTTTTATTGTATATTGTTAGCAGTAAGCAGCCTTA
ACTAATTGATCTTTTTTTTTTATTGCTTTTGCAGCTGATCGGTTCTCGATCTCTCTGAACGACATCATAGACATTTTCGATTTGACTTCAATGAAA
TCACCCATGCTGCTGGCTAAGGGCAAAGGTATGGATAGCACCGTGGCTATTTCCTAGTGTTTATCTTATCCTATTTTGAATTCCTTTGCAGAAAT
GGCCAAGGGTGACTTCAATCCCCAGCAGCCTTTGAGCCACATGCAACGCGACTTGCGCTTGGTGTTAAACATGGCTGAGAACCTGGACCAGTCCA
TGCCCGTCACCAGCATCACCAACGAGGTGTTCAAGCACACCAAGCGCTTGGGCTACAGTGAACACGACTCGAGCGCCGTATTCGTAAGATCCAGA
TTTTAACATTTAGTTAACACGACTAACGTTTAAACTATGTTTTATCAATTAGTTTAAAGCGTACACCGAACAGAACGACAGAACCGACAAACGAC
TGACTTAAAAAAAAAAAAACTAAACAGGACAGTAATAGAAACGCATAACCCTCACTTATTCACCCACCAATCCAAACTGACAGAGGCGTTCGTTCA
CAAGGAGTTCTCCTGCCCTTGTGATTGGCAGCGCCACCACCCCAACCTTCTGCATCTTCCCCAATCGCCCCATATGCAAAGCGTTTAATGCAATA
TGTCTACGATTCGCCGGGAATCGCAGAACCGTGTCGTCCTGCTTTCAACGCAGGAGCCACTGAAGAGCGCTTGGGTGAGTGTGTTCAACAGCTGG
CGGATGAAGAGCACAATCTTTCCGGGATCACTTCAATCAAGTTTAGAGTTTTTTTGTATTTTATTCTTTGACGGGTGAAACGCAATCCCCAGAGA
GGAGGGAGGAGGCCAGGGCGCCGTGTTTCCGATTTTATATGTGTAAGGTTTTGCTTTCCAAATATCATTTTTACGCATGTCCATACATAACTTGT

AAGTGTATAGAATACTGCATCCGAATAAAATGTACAAAGCATACTTGTGAAAGACAACGCCGATTTTGAGAAACCGAGCGAAGTATGGAACCCTC
CAATGTGTGTCGATCCAACCTCCCAGCCTCCCACTTTTTGTGCATTTACTCCAGTCCTAAAATTGTATACATTTAAAATCCCCTTTTTTTCTATG
AGTAAATAGTAGGCTAATCGATCATACTGCGTAGAATGGCAAACATATTTGGAGTGACGGTAACGATAGATTGGTTTAGTTTTAGCCATCTCTCC
CCATCATCTGTCACTGCAACAAACGAGACACAACCTAAAACGGAAAAAACGGTACAGAACGCACCACAACCGATACGCAAACGATACGAAAACGT
AAACTACACAACAACCGGAAGAAAACAAAATAGAGTAAACTTTGATCGAACCCTTTGCGTGGGTCGCTATTAATAATAATAATAAGAATATATAA
TAAATAATATATTTTACTTATTATTTAGTCTGTATTTTGTTGTAAAACAAAGATTA
(SEQ ID NO: 502)

Exon: 1001..1306
Exon: 1722..1751
Exon: 2604..2686
Exon: 2748..3597
Exon: 3655..3765
Exon: 4088..4358
Exon: 4435..4521
Exon: 4594..4683
Exon: 4747..5041
Start ATG: 1304

Transcript No. : CT15275
CCGCCTGCTATCGCATTGCTCGAGCAGATATCGGTTCGGCAGCGCATCACACACACAACGCGAAAAAAAAAAGAAAAATACGGGTGGCCTGCAAG
CGAATATCTCCGAAATTCATTGAATCCCGACGCCGAGATTTGTGCTCCGATCCGAGAAACCCATTAGCTTCCGTGCACCGTCCGCCCAAGCCAGC
AAAATAACCAAGTTCAACATACGCCTGGACAACATAATGTCGAAGAATAAAAAACTGTCGCTGTCGGGCGGCGATACGACGGAGAAATTTATTTA
CAAACCCAAGGATCTGATATGATGAAGGGCTTCACTCCGTGGCCAGGAATGATTGTCGATCCTCCACTTGATCTGCTCAGCCAGCAGCGTCGGGC
GAATACCAAATGCGTGTTTTTCTTTGGATCTAGGAATTTTGCCTGGATTGAGGAGAACAACATCAAGCCCTTCGAAGGACCGTGGAAGGAGGAAC
TGGCCAAGGTGAGCAAGCCCGCTGCTTTCCGACACGCCATGACGGATATCGAAAAGTACATCGACGACCCCGCCGAGGTGGACGAGCAGGTGAAC
AAAAGCTGCGGTGCGCCGAATCACGCAACCGAGGCTGATTTTGACAAGATCCGGGATGGCCTGGACAGCGAGGAGATTGTGGGAGAGGAAGCAAC
TGCCGATGGCAACAATGGAGTGGTGGCCCATGTGGTGGGCAGCCCCGATGAGGGCGATGGCTTGGATGTGGAAATCAATGCAGATTCATCAGCGT
CACCAGTCACGTCGCCGGCGGTCACAACGAAGGCAGCTGGCAAGCGGACGCCGAAAGCAAAGTCCGTGGCCGCTACATCGGTCAAGTCGACAAAG
GGATCGGCAAAATCAGCACAGAAACGGCGTACCTCTGCCCAACAGTCGCCCAGTGGGCCATCGAATGCCAAGCGAGGCAAGCGTGATGTTTCCGG
GGAGGCATTGCAGGACGCGGATGAAGCCAGCTCCACGCCCACTGGCAGACGTCGGGTCGAGACTGACGCACTCTTGGCCTCAATCGCTGCCAAGC
GTGCACCGAATGCAATTGCTCTGCTTGACCGACCGGTTGTCACGCGGCCAGAGGCCCAAGTCATCGACATGAGCTCGCGCTCCAACACACTGGCC
GATCGCGATATCGTGCCTTCAGAGCAGACCTTCGGCTTCCTGGGTCTTGGAATGATGGGATCCACCATAGTCAAGGATTTGATCTACACGGGTCA
CAAGGTTGTGGTCTGGAACCGCACCATTGACAAGTGCCAACCGTTTGCCGAAGCCGGCGCTGAGGTTAAGGACACTCCCATGGATGTTGTGGAAG
CTGCCGACGTTATCTTTTGCTGTGTGTCCGATCCAAAGGGCGCCAAGGATCTCGTATTTGGCAACTGCGGCGTTCTGCAGTTGAAGGACTTGAAC
AATAAGGCCTACGTTGAAATGTCTACAATTGATCCGGACACATCGTTGGACATTGGCGAGGGCATCAAGCAGTGCAACGGTCGCTATCTTGAGGC
ACAAATTCACGGCTCTCGGCAGGAGGCTGCCGAAGGCATGCTCATCATTCTCGCCGGTGGAGATCGTTCAGTGTTCGAGGAGTGCCACTCGTGCT
TCAAGACCATTGCCAAGAACACCTTCTTCTTGGGGAATATCGGTAACGCCTGCAAAGTAAACCTAATTTTGCAAACCATCTTGGGAGTGAGTCTG
GTCGGGTTGGCTGAGGCGTTAGCACTTGCTGATCGGTTCTCGATCTCTCTGAACGACATCATAGACATTTTCGATTTGACTTCAATGAAATCACC
CATGCTGCTGGCTAAGGGCAAAGAAATGGCCAAGGGTGACTTCAATCCCCAGCAGCCTTTGAGCCACATGCAACGCGACTTGCGCTTGGTGTTAA
ACATGGCTGAGAACCTGGACCAGTCCATGCCCGTCACCAGCATCACCAACGAGGTGTTCAAGCACACCAAGCGCTTGGGCTACAGTGAACACGAC
TCGAGCGCCGTATTCGTAAGATCCAGATTTTAACATTTAGTTAACACGACTAACGTTTAAACTATGTTTTATCAATTAGTTTAAAGCGTACACCG
AACAGAACGACAGAACCGACAAACGACTGACTT
(SEQ ID NO: 503)

Start ATG: 304

MMKGFTPWPGMIVDPPLDLLSQQRRANTKCVFFFGSRNFAWIEENNIKPFEGPWKEELAKVSKPAAFRHAMTDIEKYIDDPAEVDEQVNKSCGAP
NHATEADFDKIRDGLDSEEIVGEEATADGNNGVVAHVVGSPDEGDGLDVEINADSSASPVTSPAVTTKAAGKRTPKAKSVAATSVKSTKGSAKSA
QKRRTSAQQSPSGPSNAKRGKRDVSGEALQDADEASSTPTGRRRVETDALLASIAAKRAPNAIALLDRPVVTRPEAQVIDMSSRSNTLADRDIVP
SEQTFGFLGLGMMGSTIVKDLIYTGHKVVVWNRTIDKCQPFAEAGAEVKDTPMDVVEAADVIFCCVSDPKGAKDLVFGNCGVLQLKDLNNKAYVE
MSTIDPDTSLDIGEGIKQCNGRYLEAQIHGSRQEAAEGMLIILAGGDRSVFEECHSCFKTIAKNTFFLGNIGNACKVNLILQTILGVSLVGLAEA
LALADRFSISLNDIIDIFDLTSMKSPMLLAKGKEMAKGDFNPQQPLSHMQRDLRLVLNMAENLDQSMPVTSITNEVFKHTKRLGYSEHDSSAVFV
RSRF*
(SEQ ID NO: 504)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384043
GATCGGGTCCTTGGCATTACGGAGAATCTGGTGGACTTCCTCCACTTTGGCGCGCTCTTCACGCTTGGTGGTGATCAGGTTCTTGAGCCGTTCGT
TGCTCAGCGAGTTGAGAATGTTGTCCATATCGGTGGCTGGCAGTCGGTTGGCAAAACCGTGACGCTTGCGTATTTTGTGGTGAACTCCCTTATTA
ATGCCCAATAGTGGACGGGAGGTTGGCGAGATTTTCGTTGGTTGTTTAAGCGAATTCTTGGATATGGACGGCCGCCTTCTTGACTTTGTGACCGC
TTCTCCACTGTGGGAATAGAAGGCCATGGTGGGAATGCTGCTGCTCAGCGTCACCTTGCGCATCTTGCTCTGCGGCGAACCAGAGTCGGCGTCCG
CTGAAGGAGCAACCGGGGTGGACGTTTCTGGGTGCTGTCGCTTTTGAGGCTTATGATTGGATGCTTCTTCGTCCGATTCGGGCACTTCGACATCA
ATCTTCATACTACTTCCTGGGCTTTCTGGCCTTTTTGCTGTGGCAACTTCGGAAGATTTCGCTGTTTTATTGTTGGTGTTTCCTGTGTTTCGTTT
TACTGCATCGTCATTTGACTTGAACACTTCTACCGGGGACTTGGATCTGCTTCTGCTGTTTTCTAGCTTAACTGCTGCTGTTTTTTCTTCATCAT
ACGACCTCATGTTCTCATGTAGATGGGCAGCAGCCTTCAGCGTCTTGCAGTTTATATCCGCCGACGTGAAGGGTCTTCGCCTATTCCTGGTTTTT
GGACTGATGATTTGCGAGCTCCTTGTTTCACGAACTTCTGTATTCTTCCTGGAGTTCTTACTGCTAGAAGGTTTCTCGTCGTCCGACTGGGACTC
TTCAGCTGGGCTCGTTTTCTTCGGTTTAGTTGTATGCACTTGGGCAGTGGTCTTTAGGCTGTGGTTGTGTTTCTTCTTTGATTTTTCTAACATTG
ATCTTGAATCCTGACCCTTCATTAGCATAGCTGCCACCTTGCTTAGCCTAGTCTGAAAAGATTCTGGCGAGGAGAACGCATCTGGATCCTTTTGC

GCACTGAAGGTTCGTGGACTGCGTCTGATGCTATTTCTGGCTCTGGAAGAAGGAGTTCCTTCAGAGGAAGAGGTGGGCGACGACATTGAAGAATC
CGCTCGCTTTCTTTGGACCCTCGTCTGACGGGGGCTGCTGTTGCGACTATTGCTGCTGCTGTTGCTATTTAGCCGCATGGTGGCTGTAAACAATT
GGGGCAGCTGCTCCGCCGTGGCAGTCATGACTCCGCCACGGGTTTTTTTGTTCTCCTTGTTGGTTTCCGGGCTGCTGTTCGCACTGCTGCTTGAC
TTGCCGGGGACTGCGGCGAAGAGACTCCTGCCCTTCCTGTTGGCCGCCACATGGGTCTTTAATGGCAAGACACCCAGACTGTCTACGTCCGCATC
ATCCTCGTCGTCGTTGATTTGGCGCAGCCTGGATCTGGGACTGCCAAACAGTTGCCGCTTGCGCTCCGAAAGGCGCGGAGTGGCCATGCGACTGG
GACGCCCACTACCCGTCGGGGTCTCCATGATCGCGCGCAAATCTTTTATTTCGCATTAACTTTGTCCAAATTGTGACTCCTTCGCGCTTTTTTGT
AGCTGCCTAGTGTTGGGGGTGGTTGGATCGTTCAGGGTCTCTTCGGTCGTTTGCCAACACATGCCAGATCGTCTATGTTTTTACTGCAATGTTTA
TATATATTAAATGCATTACATTGTTTTTAAATTTTTTTTACATCAATGTTTATAAAAATCAAATACATTGCAATGTAAATATTTTCTGTTAGTTA
TAATTTTTTTACCACATTTTACATTTAACATTTTTCTTCGAAGCGATCAAGTCAGCTTGCAGTTTTGTTCGTAAATTATTTGGACTTATTCTACGAT
TTCTGTAAAATAAATAAGTAATGTTAATTATATTCTTGATCCAAGACAAAGTATTCAATATAGTACCACTTAACGAGTTACGATCATGATCGCTA
GACATTCTATGTTTTCTAATCTTCATATATTTTAAAGATTTCCGTATTATTTTAACTATCCGGTATTTTTACAGAGCTAAGGTGATCATATAACG
GGAAAACTCTATCTGGTATTTCCACCCAAGTCAGACTCAGTCACACTCTTCCAGACGTCACACGGTCATATTGCGGACGAAGTGCGAATCGATTT
GGAAAAATCTGCTGCTCGGCCTGGAAAGTAGAAAGTATAAAGCTCTGCGTTTATAATTTAATTTGCAGCCAAAGCCCGCTGCCGATCAGGTAAGT
TAGCTCCCCCACATTATCCGTACCGCCATTTGAAAGCCACGCCAACGAGAACCGTGAGAAAATGTGAACTCTAGCCGCCGCCATCTTTTTTTATG
TATGCGTTAGGCCACAACGCCAATAATGCGATTTAAAACCGAGTTTATTAAGATTACTCGCGCTCCTTGTGCTGCTGCCTTAATGTTTATCCTTT
GCTCGTATTGGTTAAAATAGAAAACAATTGCACTGTCTTCTCTTCTTCTGTTCGTCGCCGTTGTCGTCCTCCAACCGCG
GTATATACATACAAACATATAGGCAAATATATATAAATATATTTTCGACGCAGCCGCCGCCGCCGCCGCGTAGATATCCATTTTCCGGGATT
ACCCCACCCAGAGTGATATAAACGATATAACCGTGGACGACCACGCAGCGGAACCCGCTGCCGCCATGCCCGGAGCCGGCACGTTCAAGTTATTC
ATCGGGAATCTTGACGAGAAGACACAGGCCACCGAGCTGCGTGCACTGTTCGAGAAGTACGGTACCGTCGTCGAGTGCGACGTGGTGAAGAACTA
TGGCTTCGTTCACATGGAGACGGAGCAGCAGGGTCGCGATGCCATACAGAATCTGAACGGTTATACGCTGAACGAGTTCGCCATCAAGGTGGAGG
CGGCCAAGAGCCGGCGGGCGCCCAATACGCCGACCACGAAAATCTTCGTGGGAAATCTAACGGACAAGACGCGGGCGCCGGAGGTGCGGGAACTG
TTTCAGAAATACGGCACCGTCGTCGAATGCGACATTGTGCGCAACTATGGTTTTGTCCATCTGGACTGTGTCGGTGATGTGCAGGACGCCATTAA
GGAGCTGAACGGTCGCGTTGTCGATGGCCAGCCGCTCAAGGTTCAAGTGTCGACCAGTCGGGTCCGCCCCAAGCCGGGCATGGGCGATCCGGAGC
AGTGCTATCGGTGCGGAAGATCCGGGCATTGGTCGAAAGAGTGTCCGCGACTGTACGGCAGTGCCGGAGGCGGACGCGAGCCGCCATCGCCCCTC
AGCGCCGGCGGCTACAGAGATCGCATGTACGGTCGTGACCCGTATCCGCCGCCACCACCGCCGCCGCCGTTCCTGCGTGACCGCATCATGGATGG
CTTTAGGGTAAATTCAGCATCCATTTGCCCCCCCGATCAAATCATCCATTGTGCCAAGTATTATTCACATTCTGTGCTGCTACTAATCTAAATCT
TGTTTTCCCGCCCGCAGGACTATGACTACTATGACCGCCGCTTCGAGGACTCACGCGATCTGTATGAGCGTCGCTATCAGACCTCGCGAATGCGC
GACTTCCCACCGCCGCCCATCTCTCGCCGCGAACCCATGCCTCTACCGCCCACCTTAAGCGGCAGCCTGCGCTCCTGCAGCGTTTCTCGTGGATA
CGACACTATGTTCAGCCGGCGCTCGCCTCCGCCGCCGCGTAGCAGCAATGGAATGAGTCGCTACGGGTAGGTAACCCTGCAAGTGGATGAAATGT
CGCACTTTCTTTTCCAAATATGTGTGTACTAAAGTTAATTCTTATCAGATGACTACGTTTTCCATACTTACTTACATATTAAGACCTAGATAGTG
CTTTGCTTATATGATGAAATTATAAAATGAAACGATGAAAGATAACATTCGTATATCTCCATCGAACCTATTTTGAAATCAGTTTTTAATGAATT
ATTTTCTATCTCCTCCCAGCTCGCCCACTCCACACGGTTACGAGGACTTTAGTCGCGATGCATTCGACGAACGCATGATTTCGTCGCGCGGAATG
CGCGGTCCATCGCCGCCGGGTCGCAGATATGCGCCCTACTGAGATGAGTTTTACTATCACGGCAGCAGCTGAGTAGCGGTTGCACTACCCATGCC
CCTGCCAATGGGTCACACATTCTACCACACGACCAGCAATCGAAGAACGGCGCCTGTGGACTGCTGGCTGCTCTGCTGGTCGCCAGCGGCGGCCT
ACTACCATCACCACCAAGCACACCAGCAGCACATGCTGATGCCGACGACAATTTCACAACTGTGGCTGCCGCCTTGGTAAACCACATACATGTTA
CTAAACCCAAACTAACCATTACTCGTACACTTAAACAAGAAGATGGAAATACGTGTTTAAGCATCCTCCCTATATGCAAAACACGCCAAAAAAAA
AAAAGAACTAGACAACGACGTGCAACCTCTACACATTCAACCGTAGTACCAATAAACGCATAATCAGTCGAAACTGTGCAAAAATAAACACTGTA
TTTTAAAGCTAGTTTAAGGGGCAGTATTGCAACGATGTGTCTTAGATCTACGGATGCTCCATAGCCAGCCGTCGTTACGCATGTGAAATCGAGTG
CTGGCTGCCGTGCTTGCCCAAAATGGGCTGATCAGGAGACAGATCTTCCGGTGGGCTACCATTGTGCGTGTCCGGTGAGTGGTCGTCCAGCAGCT
TGCTACCATTGTGCTTGTTCAGTTCTTTCAGCTCGACAGGTGTGGTCTTTTCGAATGTTGGCGGGATTAGTAATCGACTGAAAAGATAACATGTT
ATTTATTGTGGGGAACCGCCTTAAAAACGAATAGTATTTCAGCTTACTTGCTGCACTGTAGCCAAAACATGGAGACCAGCATCATGGCCGAAGTA
ACGCCGAAGGTCCAGAACGTACCTAGGCGCGTGTAGATGGATCCCACGAAGACTGGACCAAGGACGCGGGACAGACAACCCGAACCGGTCATCCA
GCCCATCCAGACGCCCTGCGGCCGAGGTCCCAGAACTTTGGAGAATATGGTCTGGATGAGAGTCACCCCAATGGGATATCCTATCGATGTGAAGG
CAAATCCAATGATGAACTGCGTTAAGGTCAAGGCCGGCAGTTCGCCGCACCATTTCTGCGTTGTGGGGCAGCCCAAGAAGATGGGATCGCTTTCG
CTTAGGTTCCAGCTGGCATTGAATGGCTGCGCCAACTTTGGCGGATTCCGGACCCCAAGGCACGAAGAGCACGCGACCGAGAAACATCAGCGAGAA
TCCGCCCCAGATGAGCACATAACGCTCGGCTATAATCTTGCACATGGGCTCAATCAAAACGAACGTGACCAGGGAGACAATAGCTGCGGTGGTCA
TCATGATGCCCATGTACCATAGGGCCTCGTCGTTGGACCAAGCGAACATATCCATTGTCAGGGATGTGCCCAGACTGCAAGGCGAGGAAGCAATA
GTTTAAAAAAAAAAAAAACCCACTCTGAGGATTACTCACGTCTCCAACAGC
(SEQ ID NO: 505)

Exon: 1001..2274
Exon: 2525..3427
Exon: 3533..3771
Exon: 4010..4560
Start ATG: 2726

Transcript No. : CT15293
GTCTGAAAAGATTCTGGCGAGGAGAACGCATCTGGATCCTTTTGCGCACTGAAGGTTCGTGGACTGCGTCTGATGCTATTTCTGGCTCTGGAAGA
AGGAGTTCCTTCAGAGGAAGAGGTGGGCGACGACATTGAAGAATCCGCTCGCTTTCTTTGGACCCTCGTCTGACGGGGGCTGCTGTTGCGACTAT
TGCTGCTGCTGTTGCTATTTAGCCGCATGGTGGCTGTAAACAATTGGGGCAGCTGCTCCGCCGTGGCAGTCATGACTCCGCCACGGGTTTTTTTG
TTCTCCTTGTTGGTTTCCGGGCTGCTGTTCGCACTGCTGCTTGACTTGCCGGGGACTGCGGCGAAGAGACTCCTGCCCTTCCTGTTGGCCGCCAC
ATGGGTCTTTAATGGCAAGACACCCAGACTGTCTACGTCCGCATCATCCTCGTCGTCGTTGATTTGGCGCAGCCTGGATCTGGGACTGCCAAACA
GTTGCCGCTTGCGCTCCGAAAGGCGCGGAGTGGCCATGCGACTGGGACGCCCACTACCCGTCGGGGTCTCCATGATCGCGCGCAAATCTTTTATT
TCGCATTAACTTTGTCCAAATTGTGACTCCTTCGCGCTTTTTTGTAGCTGCCTAGTGTTGGGGGTGGTTGGATCGTTCAGGGTCTCTTCGGTCGT
TTGCCAACACATGCCAGATCGTCTATGTTTTTACTGCAATGTTTATATATATTAAATGCATTACATTGTTTTTAAATTTTTTTTACATCAATGTT
TATAAAAATCAAATACATTGCAATGTAAATATTTTCTGTTAGTTATAATTTTTTTACCACATTTTACATTTAACATTTTCTTCGAAGCGATCAA
GTCAGCTTGCAGTTTTTCGTAAATTATTTGGACTTATTCTACGATTTCTGTAAAATAAATAAGTAATGTTAATTATATTCTTGATCCAAGACAAA
GTATTCAATATAGTACCACTTAACGAGTTACGATCATGATCGCTAGACATTCTATGTTTTCTAATCTTCATATATTTTAAAGATTTCCGTATTAT
TTTAACTATCCGGTATTTTTACAGAGCTAAGGTGATCATATAACGGGAAAACTCTATCTGGTATTTCCACCCAAGTCAGACTCAGTCACACTCTT
CCAGACGTCACACGGTCATATTGCGGACGAAGTGCGAATCGATTTGGAAAAATCTGCTGCTCGGCCTGGAAAGTAGAAAGTATAAAGCTCTGCGT
TTATAATTTAATTTGCAGCCAAAGCCCGCTGCCGATCAGGTATCGCGTTTGTTCGTCGCCGTTGTCGTCCTCCAACCGCGGTATATACATACAAA

CATATAGGCAAATATATATAAATATATTTTCGACGCAGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCGTAGATATCCATTTTCCGGGATTACCCCACCCAGAGTG
ATATAAACGATATAACCGTGGACGACCACGCAGCGGAACCCGCTGCCGCCATGCCCGGAGCCGGCACGTTCAAGTTATTCATCGGGAATCTTGAC
GAGAAGACACAGGCCACCGAGCTGCGTGCACTGTTCGAGAAGTACGGTACCGTCGTCGAGTGCGACGTGGTGAAGAACTATGGCTTCGTTCACAT
GGAGACGGAGCAGCAGGGTCGCGATGCCATACAGAATCTGAACGGTTATACGCTGAACGAGTTCGCCATCAAGGTGGAGGCGGCCAAGAGCCGGC
GGGCGCCCAATACGCCGACCACGAAAATCTTCGTGGGAAATCTAACGGACAAGACGCGGGCGCCGGAGGTGCGGGAACTGTTTCAGAAATACGGC
ACCGTCGTCGAATGCGACATTGTGCGCAACTATGGTTTTGTCCATCTGGACTGTGTCGGTGATGTGCAGGACGCCATTAAGGAGCTGAACGGTCG
CGTTGTCGATGGCCAGCCGCTCAAGGTTCAAGTGTCGACCAGTCGGGTCCGCCCCAAGCCGGGCATGGGCGATCCGGAGCAGTGCTATCGGTGCG
GAAGATCCGGGCATTGGTCGAAAGAGTGTCCGCGACTGTACGGCAGTGCCGGAGGCGGACGCGAGCCGCCATCGCCCCTCAGCGCCGGCGGCTAC
AGAGATCGCATGTACGGTCGTGACCCGTATCCGCCGCCACCACCGCCGCCGCCGTTCCTGCGTGACCGCATCATGGATGGCTTTAGGGACTATGA
CTACTATGACCGCCGCTTCGAGGACTCACGCGATCTGTATGAGCGTCGCTATCAGACCTCGCGAATGCGCGACTTCCCACCGCCGCCCATCTCTC
GCCGCGAACCCATGCCTCTACCGCCCACCTTAAGCGGCAGCCTGCGCTCCTGCAGCGTTTCTCGTGGATACGACACTATGTTCAGCCGGCGCTCG
CCTCCGCCGCCGCGTAGCAGCAATGGAATGAGTCGCTACGGCTCGCCCACTCCACACGGTTACGAGGACTTTAGTCGCGATGCATTCGACGAACG
CATGATTTCGTCGCGCGGAATGCGCGGTCCATCGCCGCCGGGTCGCAGATATGCGCCCTACTGAGATGAGTTTTACTATCACGGCAGCAGCTGAG
TAGCGGTTGCACTACCCATGCCCCTGCCAATGGGTCACACATTCTACCACACGACCAGCAATCGAAGAACGGCGCCTGTGGACTGCTGGCTGCTC
TGCTGGTCGCCAGCGGCGGCCTACTACCATCACCACCAAGCACACCAGCAGCACATGCTGATGCCGACGACAATTTCACAACTGTGGCTGCCGCC
TTGGTAAACCACATACATGTTACTAAACCCAAACTAACCATTACTCGTACACTTAAACAAGAAGATGGAAATACGTGTTTAAGCATCCTCCCTAT
ATGCAAAACACGCCAAAAAAAAAAAAAGAACTAGACAACGACGTGCAACCTCTACACATTCAACCGTAGTACCAATAAACGCATAATCAGTCGAAA
CTGTGCAAAAATAAACACTGTA
(SEQ ID NO: 506)

Start ATG: 1476

MPGAGTFKLFIGNLDEKTQATELRALFEKYGTVVECDVVKNYGFVHMETEQQGRDAIQNLNGYTLNEFAIKVEAAKSRRAPNTPTTKIFVGNLTD
KTRAPEVRELFQKYGTVVECDIVRNYGFVHLDCVGDVQDAIKELNGRVVDGQPLKVQVSTSRVRPKPGMGDPEQCYRCGRSGHWSKECPRLYGSA
GGGREPPSPLSAGGYRDRMYGRDPYPPPPPPPPFLRDRIMDGFRDYDYYDRRFEDSRDLYERRYQTSRMRDFPPPPISRREPMPLPPTLSGSLRS
CSVSRGYDTMFSRRSPPPPRSSNGMSRYGSPTPHGYEDFSRDAFDERMISSRGMRGPSPPGRRYAPY*
(SEQ ID NO: 507)

Name: RRM-type RNA binding protein
Classification: RNA_binding
Gene Symbol: lark
FlyBase ID: FBgn0011640

Celera Sequence No. : 142000013384256
AAATGCATCTGAATATTCTCGAAAATATCTTCAAATGGCTTTCTCGAATCATTCTTTTAGCAAAACATTGGCGCCTGGCGCATCATTTTCGGAGT
GACCATCGTGCTGTTCGCCTTGGAATTCCTGGTATTCGTCTTCTTGGGATCGGGCAGCGAGCAGCCGTGGAACAAGGCCGGAACTCCCAAGGATC
CCGAGGCCAAGGACGAAAAGACTCCGTTGAAGGAGCTGCCAACTAAGCCCTAAGCCAACAATCTCGCCCCGAATCTTCTGCCTCAATTACTCGAC
GAACTGCTGCTTATTCGGATAACTCTTGGATAAAGCCAGTTCAAAGTGGAATGGTCAATGCTGGACTGTAAATACCAATTACAAGTGTACAATGC
CCACCCTGAATAGCGAATTCATTGAACATACGTTCGCTATTTAGGGCGTGCACTGTAGTTTTTAGATCGCTGTAAACCAATAGTTAGTAGCCGTA
TCCATTACGGATAAACACTTCAGCCCGCCTAATGTACTTAACACTCTTGATTTCAAAAGTTGTCTACAAATAAAGCGACGTAATAGTGGATGCAC
GGGGGTTCCTAAACAAATTCTGGTGGGGAAGGGAGAATGGGTCTCAGCCTCAATTTCGATGGAAATTCTGGGTGAATGACCCCATTTTCCTGTTT
ATATTTAGCGCTAGCAATAAGCCATTCCACAGAATCTCAGAGGATTTAGTTACAACTCTGTACGTATAAAAAAATATATAAACAGGGGATCTGTT
CTATCTGTTTGGTTGAAGATATGAACAATTGCATGATGTAACTAAATGGCAAAAGATGTAAGGCTAGAGGATGATCCTAACTCAACAATGCAAAG
ATTGGGTTGTGAAATTGATTGTAACATCTAAGAACCAACTTTCTTTGCATCCTTATCACAATTTAAACTCCGATAACCTGCGGCGCCAAAAGACA
GAGTCCGTTATCGATATTCCGGCAGAAACATATGATTTCATGTAATCAGTTTGCCTTTGCCGGTTTCAACGGATTGCGGAAAATGTTGAAAGCAC
GGAACGTTTGTTTGCTGTCCAGGAGGTGGAAGAGTGGCGCCAAGAAGCGATGGAATGTCCTGCAGAACAAGAAGAACAACTGTGACCGAGCGCTG
GAGAACTTCGATGACTTCTACGGAAGTGTCTACGGCACCCGGTGGAAGAACATGCGGGCGGCGCTTCTCACGAGGCACAAGTATGTCGCCCTGGT
CAACAATTTCGGGGACACGGAGCAGACGTGCGCCATGCTGGAGTCAGATGGAGCCATCAACATGAAGTCGCTTATTAACCTGGCGCAGGATCGGG
TAAAGGACAGCACGGAGACGGTGCCGGAACAAGGCAAATCACGTCATGAAATTGAAAGCAAACTGGATGCACTGCTGCGGAAACAGCAGGAGCGC
GAGGTGGCCTCCATATACCCGAGCTCGCCAGAAGATGGTTCATCGGCGCCACTGCCGCTGGAACTGAAGTTTGACAACGTAGAGGAAGATCAGCC
GGAGCAAGTGAATAATCCCTTCAAGCAGAGCCTGACGAAGGCTTTGGAGGAGGATGTGAAGCTGGACGAGCATCGGTTGGTGGATCCCCAATTTG
GCACAGGCGGACTGTATGAATACATGCCTGCCCACAGCATCAAGGGCATGGAGGACTGGGTGGCAGAGTCGGAGCACTACAAGTACTACCAAACC
AGCGCCGACTTCCCGCTCGCCATTGAACCGGAGCCTTCCTTTCACTACCCCGAGCATCTGTCCCTGTACACATATGAAATGGGCAACTGCTCGGA
CTTCAAGGGACCCAAGAAGTGCATGACCGGTGTGCTCTCCCACTTTATGATGGATGGTGCCTCGACTTTGCCGCCTCTCTTCCTGCAGGTGAAGC
CTGGCGAGCGTGTGCTCGATGCCTGTGCCTCTCCCGGCGGCAAATCGCTGCTTATGCTGCAGACGCTGCACTTGGACCACCTGGTCTGCAATGAC
ATCCAAGAATCCCGCCTAAACAAGCTGCGCAAAGTGATGCAGGAGTACCTGTTCGACTACAAGGAGCGCTGGGCTGGAAAGCGCCTCATCCTCAG
CCAGAGTGACGCCCGCAATCTGGACCAGTACGAGCAGTTCGACAAGATCCTGGTCGACGTGCCCTGCACCACGGATCGCCATGTGCTCAACGAGC
AGGACAACAATATTTTCAAGCCGACGCGCATAAAGGAGCGCCTGCGGATACCAGAGCTCCAGGCAGGCATCCTGGCCAACTGCTTGCGTCTCCTG
CGACCAGGCGGCAGTTTGGTCTACTCCACCTGCTCGCTGTCGCCCATCCAGAACGATGGTGTCGTCCACATGGCTCTGCAAAAGGTCTTCACGGA
GTACGGCATCACAACTACCATCAAGGATCTGAGTCGCCACACGGCGCTCTTCAGCGATGTCTTCAAGTTCGAGCACCCAAAGGGACTCAAGTATG
GACAAATGGTGGTGCCCTACCTGCCGGCCAACTTTGGACCCATGTACTTTAGTAAAATAACCAGAAATGTGTGATTAAATGAAAGTTGTTGGCTG
ATTAACAAGACTATATAACTGTTGCCCCAATAAATAATAAGAGTTGTAAACTAAAAAGGTACCTTTATATTTAACATACTGCTTCCTTTGGTAAC
CAGTATTTTCTACTGCTGGAATTACATTTGCTTGTCGGTCTTCTTTTTCTTTTTGCCCTTGATGGGCAGAGGACCGGGATTCTTGAAAATGGTGC
TGGAAAGTATAGTCAGGCTCCTTAAGTTAAGTTCTAGTTAATTGAAGTTTAAATTGTACTCACTGGCAAGTGGTGCATATGGGACTGTATTTGCA
GAAGACCGAGAGGCAAACCGAGCAGACGTAGCCAATGTCGATCAGCTCACGATGGCAGAAGCAGGAGGCGCGGTAGTCCACTTTGGGCGGTGGCG
GCAGGACCAATTTGTGACGGATCTGCGGGGCGGGCAGGAAGACCCACAGGAGGTACTGCAGCAGGCCGTCCAGCTGGGTGACCTTGAGGAACTGT
CCGGAGGTAATGTCACAGCCTTGCTGTAGCAAACTGAGGGTCTTGTCCAGGGCGCAGGTATCGATCGTGATGCCCAGTTTCTGGGCGGTGAAGAA
GACGTTCATGAACGTCATGTACTGCGAGGCGCACTCGTTGCTGCCTGTGACGACCAGGATGCGGGAATGCATCTTGACGCCAGGAGCCAGATTCC
TCTGGAGCTGTACGGGAGTATTTTGTTTTAGATTTGGTTTCCCAAGGCGATTCCTAGCTATTCTCTACCCTTGATATGTAGCACAGCGCCATGGA
CATGCTGCCGGCCAGGAGACTCTCACAAGGAGCGCTGAGCCGTGGTGCGTTCATCAGGATGCTGCCCAGCTGCTGCTTCACCGTCTTCTCCACCA

GATTAAACGCCTCGTACTGCCCATCCACTTGGCGCAGTTCCACTTGTCTTCTGGGCAGCGGATACAGGAAGTTTCTGTAATGGAAGAGCCATTAG
GTGGCGTACATGTGTGGCAGCCTCTACTC
(SEQ ID NO: 508)

Exon: 1001..2544
Start ATG: 1033

Transcript No. : CT15305
TTGCCTTTGCCGGTTTCAACGGATTGCGGAAAATGTTGAAAGCACGGAACGTTTGTTTGCTGTCCAGGAGGTGGAAGAGTGGCGCCAAGAAGCGA
TGGAATGTCCTGCAGAACAAGAAGAACAACTGTGACCGAGCGCTGGAGAACTTCGATGACTTCTACGGAAGTGTCTACGGCACCCGGTGGAAGAA
CATGCGGGCGGCGCTTCTCACGAGGCACAAGTATGTCGCCCTGGTCAACAATTTCGGGGACACGGAGCAGACGTGCGCCATGCTGGAGTCAGATG
GAGCCATCAACATGAAGTCGCTTATTAACCTGGCGCAGGATCGGGTAAAGGACAGCACGGAGACGGTGCCGGAACAAGGCAAATCACGTCATGAA
ATTGAAAGCAAACTGGATGCACTGCTGCGGAAACAGCAGGAGCGCGAGGTGGCCTCCATATACCCGAGCTCGCCAGAAGATGGTTCATCGGCGCC
ACTGCCGCTGGAACTGAAGTTTGACAACGTAGAGGAAGATCAGCCGGAGCAAGTGAATAATCCCTTCAAGCAGAGCCTGACGAAGGCTTTGGAGG
AGGATGTGAAGCTGGACGAGCATCGGTTGGTGGATCCCCAATTTGGCACAGGCGGACTGTATGAATACATGCCTGCCCACAGCATCAAGGGCATG
GAGGACTGGGTGGCAGAGTCGGAGCACTACAAGTACTACCAAACCAGCGCCGACTTCCCGCTCGCCATTGAACCGGAGCCTTCCTTTCACTACCC
CGAGCATCTGTCCCTGTACACATATGAAATGGGCAACTGCTCGGACTTCAAGGGACCCAAGAAGTGCATGACCGGTGTGCTCTCCCACTTTATGA
TGGATGGTGCCTCGACTTTGCCGCCTCTCTTCCTGCAGGTGAAGCCTGGCGAGCGTGTGCTCGATGCCTGTGCCTCTCCCGGCGGCAAATCGCTG
CTTATGCTGCAGACGCTGCACTTGGACCACCTGGTCTGCAATGACATCCAAGAATCCCGCCTAAACAAGCTGCGCAAAGTGATGCAGGAGTACCT
GTTCGACTACAAGGAGCGCTGGGCTGGAAAGCGCCTCATCCTCAGCCAGAGTGACGCCCGCAATCTGGACCAGTACGAGCAGTTCGACAAGATCC
TGGTCGACGTGCCCTGCACCACGGATCGCCATGTGCTCAACGAGCAGGACAACAATATTTTCAAGCCGACGCGCATAAAGGAGCGCCTGCGGATA
CCAGAGCTCCAGGCAGGCATCCTGGCCAACTGCTTGCGTCTCCTGCGACCAGGCGGCAGTTTGGTCTACTCCACCTGCTCGCTGTCGCCCATCCA
GAACGATGGTGTCGTCCACATGGCTCTGCAAAAGGTCTTCACGGAGTACGGCATCACAACTACCATCAAGGATCTGAGTCGCCACACGGCGCTCT
TCAGCGATGTCTTCAAGTTCGAGCACCCAAAGGGACTCAAGTATGGACAAATGGTGGTGCCCTACCTGCCGGCCAACTTTGGACCCATGTACTTT
AGTAAAATAACCAGAAATGTGTGA
(SEQ ID NO: 509)

Start ATG: 33

MLKARNVCLLSRRWKSGAKKRWNVLQNKKNNCDRALENFDDFYGSVYGTRWKNMRAALLTRHKYVALVNNFGDTEQTCAMLESDGAINMKSLINL
AQDRVKDSTETVPEQGKSRHEIESKLDALLRKQQEREVASIYPSSPEDGSSAPLPLELKFDNVEEDQPEQVNNPFKQSLTKALEEDVKLDEHRLV
DPQFGTGGLYEYMPAHSIKGMEDWVAESEHYKYYQTSADFPLAIEPEPSFHYPEHLSLYTYEMGNCSDFKGPKKCMTGVLSHFMMDGASTLPPLF
LQVKPGERVLDACASPGGKSLLMLQTLHLDHLVCNDIQESRLNKLRKVMQEYLFDYKERWAGKRLILSQSDARNLDQYEQFDKILVDVPCTTDRH
VLNEQDNNIFKPTRIKERLRIPELQAGILANCLRLLRPGGSLVYSTCSLSPIQNDGVVHMALQKVFTEYGITTTIKDLSRHTALFSDVFKFEHPK
GLKYGQMVVPYLPANFGPMYFSKITRNV*
(SEQ ID NO: 510)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384256
ATCACACAAAAATAGCCATCACACAGCTGTCTCTTGTCTTTTTGGCTCTCTTCGCTGTTGTTGTTGTTGTGTGTGTACAAACACCCACAGCCTGC
ATCACACACACACGCTCAAATTCGTGACAGCACCACCCACCCCTCACCAATAACCGTTAATTCCGCAGACACTTTCAGCCGGCGAACGGGAGAAG
AGAATTTGCGAATAATAGCAAAGCCCCGTTTAAATGAACGTTTTTAGCAACAATCAGGCGTTACTCACCTTCTTTTGCTGCTGATGAATTTGCAA
GGATCTGCAGTTGTATTCCAATTAGAACTGACGAGAAGCTGCGTAGCGAACACCGGCGAAATGGCGAAAATAATAACTTGGCGTGGCCTTTGGTG
GGACCAGGCGTACATTCGTGGAAATAGTCAAGCGAGTTAACCCTTATGTGGGTGGCAGAATACTAAAAATATATGATACAACAAATTTTAGACTT
AAGAAAACGGATGTTTAAATGTATAAAATATGATGGAAGTGCAATAGCCAAGCTTATAAACTAATTCTTAAATTATTTGCAATGCATTTAGGACT
TTTCGATATACACGTAAATAAACTATATTTTGATTGAACACGGTACATTTCTACTAGAGTTCACCTTCAGATATTGACGCTATTTCTTGTCCTGT
AAATTATTTTGTTAAATCGTTCACATTGTATGTCTAATAAAGATGTTTTCCAATAAAATGTTATTCCCTTTTCACTTAGTCTAACATATTCATTA
AATAATCAATGTTTTATTTTTTATTTAGTTATTTTAATTAGTTCTTAATTATAAAACTGCTCTAGATTCTCGATATTTTGCGGAATCCGGCGCAT
GGTCACACTGACGAACACGTATTTTCATTATTCTTGCGAAGCGCATCGCTTAAAACTTGATTACGCTCGGATAACAAGATGCACCCGCGTCTCAA
GTGACTGAACAGGTAGCGAAGTGACCCTGGATGAGCGTGGGTAGGCAGCCGGCACCTCTGGAAAGCCCTAATCCCAGGTCCGCCAGCCGTTTGCA
GGTTATGTCCGCTTGTGTACACTGTGACGGGGAACCGAAGAAGCAACAGGAGCGGATTCCTGGCAGAAGAGACAACCGCTGTACGAGATACCGCC
CCTGACCTGCGCAACATGATCGAGGTGCTGTGCCTGCTGCTGGGCAGGATCCTGCTGCTCCTGGTCGGCGGCTACGAACTGATGTGGCGGCTCCG
AGAGCGACTGAATGCACTGGCCGTCCGGTCATATGACCTTTGGCGCAGCAAAGCGGCACGTGAGGCGCACGAGCGGCGCGTGCTCGCTGACTGCC
GCTCCCAGTTGACGAAGACGCCGCAGCATCTGGTCCTGGTTATCTCCCCCGTAGATGCCGGCGTGGATGCGGTGCTCCTCAGCAGGATCTTCGAC
TTTGCCCTGGACGTGGGCATCAAACACGTCAGCCTGTACGACAGGCGGACGAAAGGCAGGGGATACGTGGACATGGCCGATCTCTGTCGATCCAC
CAACGCGGACACGGGCAGCTGCTTAAAGTGGCCACCCGTAGCCAGTCCCAGCAAACTGGAGAACCAGCCCAAAAACGGACAAAAGACAAATGGTT
ATGTGAACGGTTCACATTCCCCTCAACTGCAGGTGAGTGGCGGCGTCTGATAAGCCGTGATTAGTAATGGACTTTAGAACGATGTCGGAAAATGT
CTTACAAGTATTACACTTTTTGTTTCAATTGTTAAATAAAAGAAGTAATGAGCTGGAGATTTAATTTAGTTCATCATTCACATGAGATACAAAAA
ATTCTTCGTGCTGAGAACCAGTTTTACCTTTGTATCCATTAAAACCTATGTATAGCAACGTAATCGATTCCCGGAACTAGTCGTTGCCTTATCAG
TTTCTAATTGACTTTTCGGCTTCGGCGTCTTTCAGCTCCATCAAATCAGCGCCTCCGACGGCCATGCCCTGATCGCCGACGTCTGCCGCGAGTTG
TACGAAGACAGTAAGACGGAGTTGGTGCAGAGCCTACTTAAGCAGAAGCGCGAAGCGCTGACGGAGCAGATCAGCGACATGCTGAGCAAGCGACT
CGGGTTCGAGGCCCCGGAGCCGGAGCTGGGCATCGTGTTCGCCCGGCAGACGTGCACCTACGGCCTGCTTCCCTGGCACGCGCGCTTCACCGAGT
TCCACACGCATCCCAGCGGACGCCACTTCGACGTGGAGACGTTCGCCAGCATCCTGTGCAAGTACTCGCGGTGCGAGCAGCGGTGGGGCACGTAG
GCACATCGTTCGCGTGGGTAGCGACACCCTTATATTAACTAGTTACCTTAACATTATGTAAATTATCGCCAGGAATTCCTTTTAGTTCGTAAGAG
TAAACTGCAAAAGTGTATTGTTCACATGAAAGTGTCTTTTGCTGGAGAGGATCGCGCGTTTCTAATGGCGGTGCAACGCAGCAGCTCGTATCTTG
TACATAATATTCGATCTTTATTGAGTGACGTTTTGCTGTGCTTAAGCTTAAGGCGCAACTAGATGAGTATATGTAAGTGGGCAGACTTAAGCGCT
ATGGTTAAAAGTATTGTATTGCTTTTCGTTCAAGTGTCATCTCCGGCGCTCAGCCGCTCTACTCCCGACCGGGCTCAGCGTGGCGCTTGGACAGG
AGATTGACGTCGGTCAGATACGTGTTCTTGTCGATGTTGTGCGGACCGGGACCCGTGGGCATCCGCTCGTGGAGGCCGTGGAAGGAGTTGCGCAG
ATCCTCGAGGGAGTCGGCCAGGCCCTTCTTGATGCTGGCGAACTCGGTGGACATGAGCGACAGCTTGCCCAGCAGATAGTTGAGGTTCTCGTCCA

TGTCGATCATGTGTTTCTTGGTCTCCTCCACGCGGCTGCCGAGACCCATCATGGTGATGAGAGTGCTGTTGTTGTAGCCATCGGAAGCGGACTGG
ATATCTCCGAGCATCAGCCGGCTCTGGCTGATCTCGCCGGCCATGATCTCGATGCGGTGCCACACCTGGTTCAGCTCCGTTTCCAGCAGTCCGCT
GATGTTCTTGTTCGCCTCCTGCTGGATGCTCACCACCGCTCCGTCCAGCGACGAGAAGCGCTCCTTCAGCAGTCCGCTCAGCGTGGCCATTTCCT
CCGCCAGCAGCTTGCCAACCCGCTGCACCACGTTCAGTGTGCCGAAGTCCACCTTGCGCTGCGTGTCCAGCACGACCTCCGAGTTGGTCATCATG
ATGTTGTTGAACTTACCGAGCGCTTCGAGTCCCTCGTTCAGCTTGGCATT
(SEQ ID NO: 511)

Exon: 1001..1647
Exon: 1936..2280
Start ATG: 1156

Transcript No. : CT15363
GGCACCTCTGGAAAGCCCTAATCCCAGGTCCGCCAGCCGTTTGCAGGTTATGTCCGCTTGTGTACACTGTGACGGGGAACCGAAGAAGCAACAGG
AGCGGATTCCTGGCAGAAGAGACAACCGCTGTACGAGATACCGCCCCTGACCTGCGCAACATGATCGAGGTGCTGTGCCTGCTGCTGGGCAGGAT
CCTGCTGCTCCTGGTCGGCGGCTACGAACTGATGTGGCGGCTCCGAGAGCGACTGAATGCACTGGCCGTCCGGTCATATGACCTTTGGCGCAGCA
AAGCGGCACGTGAGGCGCACGAGCGGCGCGTGCTCGCTGACTGCCGCTCCCAGTTGACGAAGACGCCGCAGCATCTGGTCCTGGTTATCTCCCCC
GTAGATGCCGGCGTGGATGCGGTGCTCCTCAGCAGGATCTTCGACTTTGCCCTGGACGTGGGCATCAAACACGTCAGCCTGTACGACAGGCGGAC
GAAAGGCAGGGGATACGTGGACATGGCCGATCTCTGTCGATCCACCAACGCGGACACGGGCAGCTGCTTAAAGTGGCCACCCGTAGCCAGTCCCA
GCAAACTGGAGAACCAGCCCAAAAACGGACAAAAGACAAATGGTTATGTGAACGGTTCACATTCCCCTCAACTGCAGCTCCATCAAATCAGCGCC
TCCGACGGCCATGCCCTGATCGCCGACGTCTGCCGCGAGTTGTACGAAGACAGTAAGACGGAGTTGGTGCAGAGCCTACTTAAGCAGAAGCGCGA
AGCGCTGACGGAGCAGATCAGCGACATGCTGAGCAAGCGACTCGGGTTCGAGGCCCCGGAGCCGGAGCTGGGCATCGTGTTCGCCCGGCAGACGT
GCACCTACGGCCTGCTTCCCTGGCACGCGCGCTTCACCGAGTTCCACACGCATCCCAGCGGACGCCACTTCGACGTGGAGACGTTCGCCAGCATC
CTGTGCAAGTACTCGCGGTGCGAGCAGCGGTGGGGCACGTAG
(SEQ ID NO: 512)

Start ATG: 156

MIEVLCLLLGRILLLLVGGYELMWRLRERLNALAVRSYDLWRSKAAREAHERRVLADCRSQLTKTPQHLVLVISPVDAGVDAVLLSRIFDFALDV
GIKHVSLYDRRTKGRGYVDMADLCRSTNADTGSCLKWPPVASPSKLENQPKNGQKTNGYVNGSHSPQLQLHQISASDGHALIADVCRELYEDSKT
ELVQSLLKQKREALTEQISDMLSKRLGFEAPEPELGIVFARQTCTYGLLPWHARFTEFHTHPSGRHFDVETFASILCKYSRCEQRWGT*
(SEQ ID NO: 513)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384044
ACATGACACTATTTCGGTTTTAAGCCCGCCACGCCCACAAACTCACCTCCTTATTGCCGGACATGCCGCTGACGTAGACTTTCAAGACCATTTTC
GCAGATTACTGTGTCCTCGCACCGCAAATGAAATAATATTTTGCAACTAAAATCTGCTGGCTACTTTCACGGCGATTAAAAATATTTATAGATCT
TTTCTTTTCCTGCTTTCTTCCGTCCTGCGCCCCTACGTAATGTTTTTCCACTGGTGACGAAGGCACACGCACTGGGCAAGGTCGTTGGTTTTATT
GGCTGTAAAAACGGCAAAGACGCGGATAAAAAAATTGCCTGGCGACGCTTATAAAAGTGCAAAAATATTTGATATCAGGAGTGGAAAATATTTCC
TACTTTGTCGTTGAATTGAATGGTGGGACCGCGCATTGACGGCTATAGAAAACCTTCCGGCTTATCAAATATACTAAATATGATGCTTGATTAAA
ATACTAAAAACTTTGAACTTAAGTGATATTTCAAAATTAAATATTTTTAAGACAACTTAAATTTTATTATGCTCCCATGTAAGGTTTTCATTTTT
TAAACGTTCTTCGATTAATAATCGTAATAATAAAATAATAATTTATAAAAAGCATAAGATAGGCTTTTTAAGGTTTTTTAAAAGATAGAAGAAAA
GGATTCTTATTATAGAACAAATTATTTTTAATTTGGCGTCGATGAGTTAGCGGCTTCAAGGAACGGTGGAATTTAGAACATGAGGGTGTTTTTTA
TTTATTAATTTTTTGTTACTTGGAGTTGAATTCCATAAAAATAAAAATGCAATAATGCTAACTTTCTACAAACGACTTAAGGTTATAGGACTCAA
GAAAGTACATAGAATATGCAATTGAAAAATGTTCTCCCCAGACTTTTCGGTTATTTGAAGTTTTTGCTATATTTGGTAGAACCATAAAGTATTTT
TTGGTATAGATCCGTTAGCAGGGCAACCAATATTAGCGGTCGCCATGCGGTCACTCTGTTCACGTCCCGTCACGCAAGCATCGTCGTCCATTTTT
GCTAAGAAGCGAGACGAAAATTTGTAAATTATATCTAGCGAGTCGCCGAGGACGAACAACTATTGACAGTGCATTTCAGTGGCCTTTGGAATACT
GCTCAAACAACCAGCAAGCAATAACATTACTTATATCTAACCGAAAACCTAAATTAATCACCCAAACTGAAGTACGGACGTGAATGTAAGTGGGT
ATGTGCCAGCGGACTAGTGGCACAATAAAAAAGTAAATAAAGCGCGTGTGAAGTGGTGCAGAAAGCAAAAAAGCAGTCGGAAGGAAAAATCAAAA
TACGCATTAATGTAAGTGCGATTGTTGGAAAAGCTGTTTAACTTTTTGTTCCTCTGAAAAGCTGATAATGATATGCGATGCGACCATTTTTAAAA
TTTCATGAAATCAACATTCCAACTCACAACGGTGTGCGTGTGCGTTTCTTTGTGTGCGTGCGTGTGCAGGCTAGAGTGGGACAACCAGTGTGATC
GCTTTGGCTGCTGCCATTTCGTTTGCTTTTTTTTAAACTAATCTCTGGCATTTGTCACGTAAAAGAGTATAACGTTAAACCCAAAAACGTTTTGT
ATATGGCTTTAAATATTTAATAATTGTGGGCAGAGACAGCAACACCAGCAGCAGACGCATACACACGTGTTGCGGTTTATCGAGAGGGCAGTGTG
CGTGTGTTAGTGCGGAAAACAGCTGGTACAGCTGCCGCTGCAGCGACGAAGAAGAAGAAAAGAAAGAAAGGGGAAGAGTGAGAAGAACACGCATT
ATTATCCTGCGTAGTTTTCTTTTATCGGTGGTTGTTCTGCTATTGGGTTACAGTTTACACTTTTCTCTGTTTTCTTTATTTTCCCTCTGCATTGC
TATGCATTTTGCCTTTGCGTGGTGGTTTTTTTTATTTTCATTGTCGGTCGTCCTTTAATTGCGCTGCGCCACTTCGTTTCGTCGCTTTCTTTGGC
TGGTTTCTCCTTCTCTTCGGAGTTTCTGGATTCGTATTCCGATTCGGTATCGCCCTTTTCCTGCGACAACAGCAGCTGGGTGCACGGTATCGGAG
CTGTCGGCGATAGCCGAAAGAAGCTAGAAACCCCAAGGAAGCCAACATCCTTTTAATTGTCGTGGAAACTATAATAGTCTCATAAAAATTAGGTT
TTTAAAATGGTTTTGTCATTCTATTCTAGAAAAAGCTATGAATATAAGAATATAACAATATGTTTAATTGCTTACTAATTTTATTGAACAATATA
ATTTAATCGTGACGAAATGGGGGAAAAAAAAACATTTTTTTGTTGTCTTGAATTTTTTTTCCTCTCTTGTCATGATTATTTAGGTAAAACGGACGT
CATCAAAGTCATTAAACTTACGCGAACTTCGCATTTAAAAGTTTTTTACTGGCATTTCTATTTTTAATAGCTTTCTGGGGAAAATATCGGATAAT
AGCTTTTCAAATTATGCATTGCTAGCAACTTTGACTAGCGAAAAGTATTTACTAAAAATTTTTGTACCTTCCTATTTTCGGCGCTCTTTTTAAGC
AAAGGCCCTTGTTTTGTAGCGTTGAAGCCTCAAATTATTTCCAAAATCACGCCCCATAAGCGATAAGATAAGAGAGCGTACAATTGTTGCCCACG
ATACATACAAGGCGAGAAAAAGTCCAAATTGCCAGCATTGGCGGCCATAAATCGCTGCACCATTTTCTTTTATCGGCTGCGTGTGCGTGAGTGCA
CGCCTGTGAATCCTGTTTTTTCCTTGAAACCAGTTTGCGTCCGTCTTTTCTTTGCCAGCAAGGTGTTCACTTCACCTTACTCATTCATTGTTTGT
TTGCCCATTGCAGCCGACGCTTGATCTTCCATCTGCAGCATCCATCATTTGGAATCGAGGCAATAATCAGCATCTACCGACAATCAAGCAAGCCA
TCTATCTATCAGAAGACCACCGGGTAGTAGAACCTCAATCATAGCGATGGCCTGTGCAACCCTGAAACGAGCCCTAGACTGGGAGTCGATGAACC
AGCGGCCTCCGAAGCGCCGGCGTTGCAATCCCTTTGGCCAGGCTGGGAGCAATGCAGGTCCAGCGTCGCCATCCCGCGACGGTCCCAGCACCTCG
GCTGGTCTGCCCCACACGCCCAGCAACCGATTCGCCAAGGATAGCACCGAACCTAGTCCGTTCAGTGAGTCGTCGCTGGCCAAAATGTCACCAGG
TTAGTAAATCAGGTCGATGCTGGAAAAGGGACGTCGGATTCCTTTTATGCATATTACCTTAATACACCTTTCTTCTTTTCGAAACACAGACAAAA

TGGCCGAGAGCTTGTGCAATGAGATCAAGAGACTGCACAAGCGCAAACAGCTGCCGATCACTTCGTCGGCCTTGGAACGCATGCAGGATTCGGAG
TCCAGCGGATCGGAGATGGGTCCAGAGAGTCCGCGCCGCCCGGACAGTCCACAGAACCTGATGCGCCACGGCGAAAAGGCCCTGTTCACGTTCAA
GCAGGTGCAGCTCATTTGCGAGAGCATGATCAAGGAGCGCGAGAATCAGCTAAGGGAGCGCTACGAGTCCGTGCTGACCACCAAGCTGGCCGAGC
AGTACGATGCCTTTGTCAAGTTCACATATGATCAGATACAGCGTCGCTACGAGGCAGCGCCTAGCTGTGAGTTCAAGTTACCATCGGTCATGGTT
ATAGTGCTAATTACATTATATTTTTATTTCAGACCTGTCGTAAAGCTGTGTACACAGCTGTAGCCTCAGAAAGAAGAAATTAATAATTGCACTAC
GATCTTATGTGACGGTAGATCTACCGCGACAACAACAGCCCTCATAAACTATAACAAACAACAAATAAGGAAACTAAAGCAAACGCAAAACAAAC
CAACAAAAAAAAAAAAACCTAAAAAGCAAAAAACCTAAAAACAAACAAAAAAAAAAAAACAAACTACAACATACATCGTGTTTAATATATTTTGAA
ATACACGCGAAGAAAACGGTTATAGTTTATGCCTAGATTTACATATATATATTGTATCGGTTAGCAGCAAAGGGATGAATTATTTAAAAGCAAGC
AAAAACCACAAAAGAGAGAAACCAACAAACCAACTTGTTAAATTTATGTTTTTCACATAACGCAAATTCTAAATAAAATGACAAATATCAAATTA
TGAACTATATGAACTATAAGCACACCGCCACTGCAGACATATACATATGGGTGCATCCGTAGAGAGAACGATTCAATGAAACCTCAAACGTAGCT
TCGTACATAACAGACCGACAGAATTGGCAAATATATAATGTTAGGCACATGATGTAGCATATAAGGTATGATGTAAAACCTATCAAACTACATAT
ATTGTTTTTTTGGAAATTGTAATTTATGAAGCGAAGCAACAAAGATAACTCACAACTCATGAAGAACACTTTTCATAGTTTATTTTTGCATATTA
GTTGTAACACTAAGGCGAGAAACGAACGCTTGAATTTGCCTATTTTCTCGAGTATCGTTTGTTAATTGTTTCTTCCTTTGATGCGAATTATTGCA
AAGTAATGTAAACACACAAAACAATTGAAATGTTTCGATTTGCTTTACACCATACAAAAATGAATAACGAAAAGAAAAGGCAAACAACAAAAAAG
GTATAAAAGTTATTCATTAAGTTAAATTGAACGCTTTCTTATAAAATACGCTTGACAGAAGATGTTTCATGTTCATTGCAATATTTT
(SEQ ID NO: 514)

Exon: 1001..1341
Exon: 2864..3229
Exon: 3320..3676
Exon: 3738..3748
Start ATG: 2992

Transcript No. : CT15373
TCACTCTGTTCACGTCCCGTCACGCAAGCATCGTCGTCCATTTTTGCTAAGAAGCGAGACGAAAATTTGTAAATTATATCTAGCGAGTCGCCGAG
GACGAACAACTATTGACAGTGCATTTCAGTGGCCTTTGGAATACTGCTCAAACAACCAGCAAGCAATAACATTACTTATATCTAACCGAAAACCT
AAATTAATCACCCAAACTGAAGTACGGACGTGAATGTAAGTGGGTATGTGCCAGCGGACTAGTGGCACAATAAAAAAGTAAATAAAGCGCGTGTG
AAGTGGTGCAGAAAGCAAAAAAGCAGTCGGAAGGAAAAATCAAAATACGCATTAATCCGACGCTTGATCTTCCATCTGCAGCATCCATCATTTGG
AATCGAGGCAATAATCAGCATCTACCGACAATCAAGCAAGCCATCTATCTATCAGAAGACCACCGGGTAGTAGAACCTCAATCATAGCGATGGCC
TGTGCAACCCTGAAACGAGCCCTAGACTGGGAGTCGATGAACCAGCGGCCTCCGAAGCGCCGGCGTTGCAATCCCTTTGGCCAGGCTGGGAGCAA
TGCAGGTCCAGCGTCGCCATCCCGCGACGGTCCCAGCACCTCGGCTGGTCTGCCCCACACGCCCAGCAACCGATTCGCCAAGGATAGCACCGAAC
CTAGTCCGTTCAGTGAGTCGTCGCTGGCCAAAATGTCACCAGACAAAATGGCCGAGAGCTTGTGCAATGAGATCAAGAGACTGCACAAGCGCAAA
CAGCTGCCGATCACTTCGTCGGCCTTGGAACGCATGCAGGATTCGGAGTCCAGCGGATCGGAGATGGGTCCAGAGAGTCCGCGCCGCCCGGACAG
TCCACAGAACCTGATGCGCCACGGCGAAAAGGCCCTGTTCACGTTCAAGCAGGTGCAGCTCATTTGCGAGAGCATGATCAAGGAGCGCGAGAATC
AGCTAAGGGAGCGCTACGAGTCCGTGCTGACCACCAAGCTGGCCGAGCAGTACGATGCCTTTGTCAAGTTCACATATGATCAGATACAGCGTCGC
TACGAGGCAGCGCCTAGCTACCTGTCGTAA
(SEQ ID NO: 515)

Start ATG: 470

MACATLKRALDWESMNQRPPKRRRCNPFGQAGSNAGPASPSRDGPSTSAGLPHTPSNRFAKDSTEPSPFSESSLAKMSPDKMAESLCNEIKRLHK
RKQLPITSSALERMQDSESSGSEMGPESPRRPDSPQNLMRHGEKALFTFKQVQLICESMIKERENQLRERYESVLTTKLAEQYDAFVKFTYDQIQ
RRYEAAPSYLS*
(SEQ ID NO: 516)

Celera Sequence No. : 142000012746884
CTATCCAGAATTTCTTGAGCTCGCCGAAGGTGAGTTTGTAGCCCAGTTTGTAGCGCATATCACGTACATCCTCCTCGGTGAGGGAGAGCAGCACC
TCGCCGTCGATGGCCTCCTGGCGCAGGCAGTCGAGCAGTGTTCTCGAAAAGTGCTCCATGCAGGTGGCCCAACTGGTCACATTCTCGATGGACCA
CTGGGCCACGAGTAGCGGATCCACGGGCTCTGGATCTGGCGATCCATTGGTCAGGTGCTTATCTGTCGCCGCGTCGAGGTAGTGCGTCCGGGTCT
CCTGATCCATTGTGACCAATCCACCGCCCTCGGAACGTGGCTGAGTCACCGGATCGCCAATTTCACCGTCGCACATCGCGCTTTCTTTTTTTTCC
GTTCGATGTTCTTCTGGCTGTTTCTTATTCGTTCCAATTTTGCGATTTATCCAAAATCCAAAACAATTGTGCGGCCGAACTCAGATGGAGTGCAA
CATTTTTTCACTGCTGGCTGCTGTTGCTGCTGCGGCGCATAATTAACACCTCACTTATTGCGCGTCCAGCGTTTGTTGATGTAAAAGCACATTTA
ATTTTTGGTTTGGTTACTTGTTAAATTCAGACTACTCAGTTGTTCCGTTCAGAGAGCAAGCGAGAGAGCAGAGCGGAGTCAGCAACTATGCTGGG
GGCGGGAGCGAGATAACAAGGCCGAACAGCTGACTTCGGCCATCGATAGTTTTTGGACAACGCCAACGCTATCGATGAACAGTTACTTCGGTCTT
AACTGCGTGTTCACACCGAAAAATTTTCGAGAATTTCGCTCTCGTAAAAGTCAAAAGGTTTAAAACTCTTATCGTTAGCTTAATATTATTTTAAA
TAAAACAATTTGAGGTGTCTGGCGAGTAGAAATTATTTAAATATTAACGCTTGACTGATATAAATCTCGTTCGATATATACGAAACCATGGTGAA
AATGTGGAAGAGTGGAAACGGCCTCCAAAGCGAAGATATCGAAGCCACAGCTTCGCTTCGTTAGCATTTTGCGAGCGGCAAAGTGATTTAATTGT
CCTCGTGCGAATGTCTAGACAGAAGTAATCCTCGAATAATATGAAGAAAGCCAAGCCGCTGCTGCACGACCATCTAATAACGATCCGAGTAAAGA
AGGTGTGTCCAAATCCGTTGTTTATATCCACAAACTAGCCAGCTGCCCGATAGCCGGTAAATTCCCATGAAAGCAGCACAAAAAAAAAAAAAAAA
ACACACAAAAACCCTTTGCAGGGCGGCGATTTTGGGCAAGGGAAAACAAGGTTAGGTCGCAGGCTACCCGCATCGTGTGCTAATTGCGTTCTACT
TTCGATTTCAGTATCTGGAGGAGCACATCGGGGAAACCTACCTGGATGTGAAACAGATGACCAGGGAGTTGATGCAAAAGTATCCGGAATATTCA
CGACGCAAATTCGGACCATTCAGACAGCTGGTGCACCAAGGTAAACATGGAACATTGTGGTTATTTGTTTTTAACAAATATTTCTATTACAGCAT
TCTCGATCATTTCGGAAAGCTATAACTTGGACAAGGTAAGCAGTTCCGAGGAAGATTGTGTTAGCGAGGACTCCGAGCCACCACCCACGAATAGT
GTGATGAACAATATGATGAACAGCCTGTATAGTCAACCAAGAAAGCCGCTGGCGCCCAAGCCAATCAGCGAGCCCATCGATATATCCAGTGGAGA
CGAGAACGAAGATGACTCCAATACAAAAACCACCAACGGAGATGGGGTAGCTGCTGCTGCTGCTCCTCCTCCTCCTACTCCAGCAGTGCAGGGCA
GTGCTTTGAAACGCCTGATGGAGGAAGTGCCGGAGATCGCAGTGGCTGCAAAGAAAGGTGGGTTATCAATCCATTAGTCTATGACTTGGTTAAAT
GACATTCTTCATTAGTAGCTAAACCGAATACTATTCACGTTAGCAGTTCGGAGGCCATTCAAAAGCGTGAGTTTTTTTTTTAAATACTTTTGTAAA
ATCAATGAAACCTAAACTTTTTGTTTTAGTGCACCAAGTTGTGGGCAACAGAGCGAAAAATCTTTCAGAGGACGCCGTTCCGCGTTCCAAAGATC
ACCGTAATGTGCCTGGCTTATATCAGCAGTTGCACCAAAACCAAAGTCGCGATCGCCTTCGGAAGTTCAAAAGGGATCTGGAGGTGCAGCACCCA

ACGGAAAGTTTCCGGGACATTGGTGGCATGGATAGCACTCTTAAGGAGTTGTGTGAAATGCTGATCCATATTAAGTCGCCGGAGTTCTACTTTCA
ATTGGGTCTATTGCCTTCGAGAGGTTTATTGCTTCATGGGCCGCCAGGCTGTGGCAAAACCTTTCTTGCTCGTGCCATTAGCGGGGTGAGTTTTA
TAAATGAACATTGAATCGTTAATTCATATATTAATCATCTCTGCTTTACGACACAGCAACTAAAAATGCCTCTAATGGAAATTCCGGCCACAGAG
CTAATTGGTGGCATCTCTGGTGAGTCGGAAGAACGGATTCGCGAGGTCTTTGACCAGGCCATTGGCTACTCGCCTTGTGTGCTTTTCATCGATGA
AATCGACGCCATCGGAGGAAATCGTCAGTGGGCGTCCAAGGATATGGAACGTCGCATTGTCTCGCAGCTGATAAGCAGTCTGGACAACCTGAAGG
CCAACGAGTTTGGCCAATCAGTAGTCGTCATAGCGGCCACCACGCGTCCCGATGTCCTCGACCCTGGACTACGTCGCATCGGTCGCTTCGATCAC
GAAATTGCCATACACATCCCATCGCGGAAAGAGCGGCGTGAAATCTTGCGCATCCAGTGCGAGGGCTTGTCCGTCGATCCCAAGCTAAATTATGA
TAAGATTGCAGAGCTAACACCGGGATATGTCGGTGCTGATCTAATGGCTCTCGTAAGTCGTGCAGCTTCTGTGGCCGTAAAGCGTAGGTCCATGA
AGAAGTTCCGTGAACTGCACGCTGCTAGTGAAAAGAATATGACAACGGTCACTTTGGATGACGACGAGCCCAGCGAGGACGCAGGTGAAACACCT
GTGCCTGATTCAAAAGGTGAAGAAACTGCAAAAGATGCAGAGGCAGAACAAAAGGTAGATGGTGACAAGGAAACATCTGCTAAGGATAAATCAGA
AGGCGACTCGCCAAATATTGAAACCCCCAAGAAAGCGACCAACGGCAACTCATCGATAAAGTCGCCGCAGAAAACACCGAAGAAATCAGCGGAGA
AACCAACTGACGCAGCGATGGATGTAGACAATGTTGCTCCCGAGGAGCCGAAAAAAGCCGTTGAGCAGGAGGTGGATTCCTCCTCCTCCAACGAC
GAGTACTACGAACCCACACTGGCCGAACTGACCAATTTTCTTGACAACCCCCCTGAAGAGTTCGCCGACCCAAACTTTTGCCTCACTCTCATTGA
TTTCGTAGATGCCATTAAGGTGATGCAGCCTTCGGCCAAGCGCGAGGGCTTTATAACAGTACCAGATACCACTTGGGATGACATTGGTGCCCTAG
AGAAAATTCGCGAAGAGCTTAAGTTGGCTGTCTTGGCACCAGTTAAGTATCCAGAGATGCTGGAACGTCTTGGGCTGACAGCTCCGTCAGGCGTT
CTGCTATGCGGTCCGCCGGGTTGCGGCAAAACTCTTTTGGCCAAGGCTATTGCCAATGAGGCTGGCATCAATTTCATATCGGTGAAGGGCCCCGA
ACTTATGAACATGGTAAGATAATTGAAATGTTGTATATTTCTTGCATTGCTCATCATGTCCGTATATTGTATAGTATGTCGGCGAGAGCGAACGA
GCTGTGCGTGCCTGTTTCCAACGTGCCCGGAACTCTGCACCCTGCGTCATCTTCTTCGACGAGTTCGACTCCTTGTGCCCCAAGCGATCGGATGG
TGGCGATGGTAATAATTCGGGCACTCGTATCGTTAACCAACTGCTGACCGAAATGGATGGCGTCGAGGAGCGCAAGGGTGTATACATATTGGCGG
CCACCAACAGACCGGATATCATTGATCCGGCCATCCTGCGACCGGGTCGCCTGGACACCATTTTGTACGTGGGTTTCCCCGAGCAGAGCGAACGT
ACCGAGATTTTGAAGGCCACCACAAAGGTAGAATATTGTGGTTACATATTTTATTCGGTAAATTGAAATCTATTTTTTGTTCTTTTCCATCGCAG
AACGGAAAGCGTCCGGTTCTGGCCGATGATGTAGATCTCGATGAAATTGCTGCCCAAACCGAGGGCTATACTGGCGCAGATTTGGCAGGATTGGT
CAAGCAGGCCTCCATGTTCTCCCTGCGACAATCTCTAAACAACGGCGACACAAATCTCGACGATTTGTGCGTACGCAGCCAGCATTTCCAGGAAG
CTTTGCAGCAACTTCGGCCCTCAGTTAACGAACAGGTAAGAATGCCCCAGTACATTGTTAATTATAATTGTTTAACATGTATTTATTTAATAAAC
AGGACCGCAAAATATACGATAAACTGCGCCTGAAATATGCTGCACCAAGGGTACCCACTCTAAATGATAAGTAAACCGATCAACAATAATGAGTT
TGTTGATTTAGCACCATCGCGAATCAATTTAATTGTAAGTTTCGAAAATTAACTTTTAATTTTCGATACAAAATGCGATATGTTACCCAAAAAAA
CAAAACCATTTAATCTATCTTGTAAAATGCGTAGAAGAGATATGTATTTAGTTTTTGGATTGTTTTAATTTTTTGTAGTATCTTACAAAATAAAA
GTTAAACTATTTGGGTTCATCGCAGTTTAGTTTGACTTACACATTTAATTTCACGTTGCCACACTAATCACAAAACAAAGTTCTAAGCTTATAGG
AGCACCAGCGACACTGGCGAAGAAATGGTAGGTTTGCCACGGCTGGTCAGAATCGCGCCATCTCCACCGCCCTGTCCATCACGACTAAGTCCGGA
TTGTTTTATCGGTGGATACTGAGGCTCCATTTGTCGCGGGAAGAGTCCGGGCGGCAGGGCTTGAATGCCCTCGGGCAGATCTAGGGCTTCACGTG
CCTTTAAACTCCTTTGCAGCCGTAAGATGTTCTCGTGCTGCGCGCGAATCGTTGTGCGCTTCGATCGCTTCTTCTTGGACGTGGTTTTGGCAAAA
TCGCCACCAGCCGTATTGGTCTCTTCCGTGGTCGTTGACGTATTCTCGATTGCCACGCCCTCATTACTGCTTTCGTGACGAGACGGCCACGGCAG
TGGTGGCTCCTTTTCACGGACAATCTGATGTCGCAGATCAAAGGAGCGCTTGCACATCTCTCGTATACCGTACCAACTTTCATGGCCAATTTGAC
TGATCATCTCCACTGGCGGCTGAAAGCCGAGCTCTCGAGATGGCAGCTCCATTACCAATGCCATCGGTACTTTCAACACTCCATATACGTAGTCC
ACAACGGAACCGGCAATGGTTCGCTTGGTCAGACAGCTGATGCTACCCGTTCGGTACTCCCGGCCATTGTAGGACTTGATTGCACTCTTGCCGGA
ATTCGCCAGGGAGCTCAATTCACGCCAATAAATCGGATTGTCACGGCAGTAGCCCCAAGGGTACATGATACTTTGGCCATACGAGTGCAGGGACA
AAAAGAACAGGAGGTTCGAACTCATCCTGTCGAGAATGCATCTCATGGCCCGCGTTTCCGGCTCGGAAAACGGACTTTCACCCTTGTATGTATTA
CGGTTGATCTTGCTGGGTCCGCTGTTCCAGAAGATGTCGTAATTTCGGTTGCAATCAGTGCCCACAAAT
(SEQ ID NO: 517)

Exon: 1001..1142
Exon: 1342..1465
Exon: 1518..1862
Exon: 1916..1966
Exon: 2025..2365
Exon: 2432..3718
Exon: 3780..4112
Exon: 4181..4405
Exon: 4468..4769
Start ATG: 1086

Transcript No. : CT15413
CTTCGCTTCGTTAGCATTTTGCGAGCGGCAAAGTGATTTAATTGTCCTCGTGCGAATGTCTAGACAGAAGTAATCCTCGAATAATATGAAGAAAG
CCAAGCCGCTGCTGCACGACCATCTAATAACGATCCGAGTAAAGAAGTATCTGGAGGAGCACATCGGGGAAACCTACCTGGATGTGAAACAGATG
ACCAGGGAGTTGATGCAAAAGTATCCGGAATATTCACGACGCAAATTCGGACCATTCAGACAGCTGGTGCACCAAGCATTCTCGATCATTTCGGA
AAGCTATAACTTGGACAAGGTAAGCAGTTCCGAGGAAGATTGTGTTAGCGAGGACTCCGAGCCACCACCCACGAATAGTGTGATGAACAATATGA
TGAACAGCCTGTATAGTCAACCAAGAAAGCCGCTGGCGCCCAAGCCAATCAGCGAGCCCATCGATATATCCAGTGGAGACGAGAACGAAGATGAC
TCCAATACAAAAACCACCAACGGAGATGGGGTAGCTGCTGCTGCTGCTCCTCCTCCTCCTACTCCAGCAGTGCAGGGCAGTGCTTTGAAACGCCT
GATGGAGGAAGTGCCGGAGATCGCAGTGGCTGCAAAGAAAGTAGCTAAACCGAATACTATTCACGTTAGCAGTTCGGAGGCCATTCAAAAGCTGC
ACCAAGTTGTGGGCAACAGAGCGAAAAATCTTTCAGAGGACGCCGTTCCGCGTTCCAAAGATCACCGTAATGTGCCTGGCTTATATCAGCAGTTG
CACCAAAACCAAAGTCGCGATCGCCTTCGGAAGTTCAAAAGGGATCTGGAGGTGCAGCACCCAACGGAAAGTTTCCGGGACATTGGTGGCATGGA
TAGCACTCTTAAGGAGTTGTGTGAAATGCTGATCCATATTAAGTCGCCGGAGTTCTACTTTCAATTGGGTCTATTGCCTTCGAGAGGTTTATTGC
TTCATGGGCCGCCAGGCTGTGGCAAAACCTTTCTTGCTCGTGCCATTAGCGGGCAACTAAAAATGCCTCTAATGGAAATTCCGGCCACAGAGCTA
ATTGGTGGCATCTCTGGTGAGTCGGAAGAACGGATTCGCGAGGTCTTTGACCAGGCCATTGGCTACTCGCCTTGTGTGCTTTTCATCGATGAAAT
CGACGCCATCGGAGGAAATCGTCAGTGGGCGTCCAAGGATATGGAACGTCGCATTGTCTCGCAGCTGATAAGCAGTCTGGACAACCTGAAGGCCA
ACGAGTTTGGCCAATCAGTAGTCGTCATAGCGGCCACCACGCGTCCCGATGTCCTCGACCCTGGACTACGTCGCATCGGTCGCTTCGATCACGAA
ATTGCCATACACATCCCATCGCGGAAAGAGCGGCGTGAAATCTTGCGCATCCAGTGCGAGGGCTTGTCCGTCGATCCCAAGCTAAATTATGATAA
GATTGCAGAGCTAACACCGGGATATGTCGGTGCTGATCTAATGGCTCTCGTAAGTCGTGCAGCTTCTGTGGCCGTAAAGCGTAGGTCCATGAAGA
AGTTCCGTGAACTGCACGCTGCTAGTGAAAAGAATATGACAACGGTCACTTTGGATGACGACGAGCCCAGCGAGGACGCAGGTGAAACACCTGTG
CCTGATTCAAAAGGTGAAGAAACTGCAAAAGATGCAGAGGCAGAACAAAAGGTAGATGGTGACAAGGAAACATCTGCTAAGGATAAATCAGAAGG
CGACTCGCCAAATATTGAAACCCCCAAGAAAGCGACCAACGGCAACTCATCGATAAAGTCGCCGCAGAAAACACCGAAGAAATCAGCGGAGAAAC

CAACTGACGCAGCGATGGATGTAGACAATGTTGCTCCCGAGGAGCCGAAAAAAGCCGTTGAGCAGGAGGTGGATTCCTCCTCCTCCAACGACGAG
TACTACGAACCCACACTGGCCGAACTGACCAATTTTCTTGACAACCCCCCTGAAGAGTTCGCCGACCCAAACTTTTGCCTCACTCTCATTGATTT
CGTAGATGCCATTAAGGTGATGCAGCCTTCGGCCAAGCGCGAGGGCTTTATAACAGTACCAGATACCACTTGGGATGACATTGGTGCCCTAGAGA
AAATTCGCGAAGAGCTTAAGTTGGCTGTCTTGGCACCAGTTAAGTATCCAGAGATGCTGGAACGTCTTGGGCTGACAGCTCCGTCAGGCGTTCTG
CTATGCGGTCCGCCGGGTTGCGGCAAAACTCTTTTGGCCAAGGCTATTGCCAATGAGGCTGGCATCAATTTCATATCGGTGAAGGGCCCCGAACT
TATGAACATGTATGTCGGCGAGAGCGAACGAGCTGTGCGTGCCTGTTTCCAACGTGCCCGGAACTCTGCACCCTGCGTCATCTTCTTCGACGAGT
TCGACTCCTTGTGCCCCAAGCGATCGGATGGTGGCGATGGTAATAATTCGGGCACTCGTATCGTTAACCAACTGCTGACCGAAATGGATGGCGTC
GAGGAGCGCAAGGGTGTATACATATTGGCGGCCACCAACAGACCGGATATCATTGATCCGGCCATCCTGCGACCGGGTCGCCTGGACACCATTTT
GTACGTGGGTTTCCCCGAGCAGAGCGAACGTACCGAGATTTTGAAGGCCACCACAAAGAACGGAAAGCGTCCGGTTCTGGCCGATGATGTAGATC
TCGATGAAATTGCTGCCCAAACCGAGGGCTATACTGGCGCAGATTTGGCAGGATTGGTCAAGCAGGCCTCCATGTTCTCCCTGCGACAATCTCTA
AACAACGGCGACACAAATCTCGACGATTTGTGCGTACGCAGCCAGCATTTCCAGGAAGCTTTGCAGCAACTTCGGCCCTCAGTTAACGAACAGGA
CCGCAAAATATACGATAAACTGCGCCTGAAATATGCTGCACCAAGGGTACCCACTCTAAATGATAAGTAAACCGATCAACAATAATGAGTTTGTT
GATTTAGCACCATCGCGAATCAATTTAATTGTAAGTTTCGAAAATTAACTTTTAATTTTCGATACAAAATGCGATATGTTACCCAAAAAAACAAA
ACCATTTAATCTATCTTGTAAAATGCGTAGAAGAGATATGTATTTAGTTTTTGGATTGTTTTAATTTTTTGTAGTATCTTACAAAATAAAAGTTA
AACTATTTGGGTTCA
(SEQ ID NO: 518)

Start ATG: 86

MKKAKPLLHDHLITIRVKKYLEEHIGETYLDVKQMTRELMQKYPEYSRRKFGPFRQLVHQAFSIISESYNLDKVSSSEEDCVSEDSEPPPTNSVM
NNMMNSLYSQPRKPLAPKPISEPIDISSGDENEDDSNTKTTNGDGVAAAAAPPPPTPAVQGSALKRLMEEVPEIAVAAKKVAKPNTIHVSSSEAI
QKLHQVVGNRAKNLSEDAVPRSKDHRNVPGLYQQLHQNQSRDRLRKFKRDLEVQHPTESFRDIGGMDSTLKELCEMLIHIKSPEFYFQLGLLPSR
GLLLHGPPGCGKTFLARAISGQLKMPLMEIPATELIGGISGESEERIREVFDQAIGYSPCVLFIDEIDAIGGNRQWASKDMERRIVSQLISSLDN
LKANEFGQSVVVIAATTRPDVLDPGLRRIGRFDHEIAIHIPSRKERREILRIQCEGLSVDPKLNYDKIAELTPGYVGADLMALVSRAASVAVKRR
SMKKFRELHAASEKNMTTVTLDDDEPSEDAGETPVPDSKGEETAKDAEAEQKVDGDKETSAKDKSEGDSPNIETPKKATNGNSSIKSPQKTPKKS
AEKPTDAAMDVDNVAPEEPKKAVEQEVDSSSSNDEYYEPTLAELTNFLDNPPEEFADPNFCLTLIDFVDAIKVMQPSAKREGFITVPDTTWDDIG
ALEKIREELKLAVLAPVKYPEMLERLGLTAPSGVLLCGPPGCGKTLLAKAIANEAGINFISVKGPELMNMYVGESERAVRACFQRARNSAPCVIF
FDEFDSLCPKRSDGGDGNNSGTRIVNQLLTEMDGVEERKGVYILAATNRPDIIDPAILRPGRLDTILYVGFPEQSERTEILKATTKNGKRPVLAD
DVDLDEIAAQTEGYTGADLAGLVKQASMFSLRQSLNNGDTNLDDLCVRSQHFQEALQQLRPSVNEQDRKIYDKLRLKYAAPRVPTLNDK*
(SEQ ID NO: 519)

Classification: enzyme
Gene Symbol: smid
FlyBase ID: FBgn0016983

Celera Sequence No. : 142000013385213
GTCTACTAATTCAAATTAAATGTAGTTTAGTTACATTTATAAGCTGATAATTCAAAAGCTTAAATGCGGCGATTTTAATAATTAATTTACCACAT
TAATTTAGCGGATTACTTCTCAAAGAATCGAAAAACAAACAATTGAAAAAGGGACTAAATCGATTGGCAGCAATCATCTCTAAAAAAAATTTTGT
TTATTTCTGACAACCGCATATAAACAAAATGAAAAGAGCATTAACCGGAAATATCTGCGCATTTATTGCATTATTACTGATAATCGAGAGATTAA
ATGGTATTAGTGCAATGATAACATATTTGCAAGCAAAAAAAAAGAGACAATCAAATTTTATATTTAAAGGTAGACAGATAAAATCAGTACCTTTT
ATTATCCAATTAAATATTGATTTAGGTGGCTATTTTTTGTCTTATTAAATATGGATAGAGCTTTACATTTTAACACATATTCGTTGAATAAATTA
ACAACAAAGATTGAACATAAATATTTATGGAAATTGTAATTGAAGCTTTTAAACGTATAGCCTTAATATTAAACATTATTAATATTATATTATTT
TAAGATGAAGGTTTTCCTTACAAAAGTAAAGACGAGAAAGTAAAACATAAACATTTGTCATAAACATTTAAATGAGCCCGCGTGGTGTGCAGATT
CAGCCGACTTCTATTCAGCTGTTGGCTGAATTTGGCTTGCATGCGCACACGTTCCACGTTCCACAACAACATATTGAAATCCAAAAGCTGCTTCA
CCACTTGGCAAGCGATCGTTAACAAGTTACACCAGAAATTTATATATACTAAAAAAATAATAAGTTACTTAAAAATTTAGTAATAATTATGTGGA
TATAAAAAATGTACATTATTTTTCTCTACGCGCCGTTGTCCGAAGTTAACAGCAAGATAACATGCGATATTAGGCACCTACGTTCACACTGGCAT
CAAATTTCGATAACTGACAAAGATCGATAGCCATCTGCGTTTCGTTCGCCACTAAGGCTTGCTTTTCAAATCAAACGGTAAATTCTGGCGGCGCC
AAGCAGGCATTGACTCCAATTTCGCATCGATTACGAGAGTACTGTCTACGTTTGTCTACAGTTTCACCGACACATTCAGCGTGCTAACACGCTCG
ACAAATTCTCGTGCTCGCGTTTCGTTAGGGAACGATAAAAATTGTGTAAAAATTCAGTAAAGTGAATTTCCATTCGAAAAAGCCAGCACACGCAT
TCAAAAGGGCAAAGGTACAAAGGTAAGTGCGTGTGTACTCTTTTCTTCCTTTTCGCGGTTTTTCCCACTGCTTTTTACTAGCGTTCATCAATTTG
ACCGCCTCTTCGTGATCTCCTCTTCTCGTTCCCCTCTTTCCGCGAATCGGCAAATGGCGGCTGCTGCAGCTGTTGCCAACCAAAGGCGTAGTTCT
TAACTCGCGGGGGCTTGAGCGATTGGGTGCCCCGTTAAAAATAATCTTGTAAATTAGTTGGCTTATGTTGGCTAACACATAGGAATAACATATCG
AGTTGCTGGCCACAAAGAAAACCCCTTTTTTGAACTCATGGTTACGCCCCTGTTGCACGCCGAAAGGAATATAAAAGACAGAGATAAAAAAAAAG
AACCCAAGCAGCCCTTGATTCTGCTTCTTCCTGACATTGACTCACATTTTCCTTTTCAGTTTCACACATTTCATCGCAGCAGCAAACATCTAAAC
TTTTAAAGAAAAAACACAAAACTCAAAAAAAAAAAAAAAAATGAGTAAGGCGGATTCTAACTCACGACAGGGCTCCTACAAGGCCAACAGCATTAA
CACGCAGGTAATGTACACAAGATCCTCCGCAGAACTGCGTTCGGAACTAACCTCACTTTTTGCCCTAGGACTCACGCATGCGCCGCCATGAGGTG
ACCATCGAGCTGCGCAAGTCCAAAAAGGAGGACCAGATGTTCAAGCGGCGCAACATCAACGACGAGGATCTAACGTCGCCGCTCAAAGAGCTCAA
TGGCCAGTCGCCGGTGCAGCTGTCCGTGGACGAGATAGTGGCGGCCATGAACAGCGAGGATCAGGAGCGCCAGTTTCTGGGCATGCAGTCTGCCC
GCAAGATGCTCAGTCGGGAGCGCAATCCACCCATCGACCTGATGATCGGCCATGGTATTGTGCCCATTTGCATACGCTTCCTGCAGAATACCAAC
AAGTGAGTAGTGGCTTTAGAATGTTGATGAGAGCATTATTGAATATCCCCTGATTCGCCGCTACAGCTCAATGCTGCAGTTCGAGGCCGCTTGGG
CGCTTACCAACATCGCCTCTGGCACATCCGACCAAACGCGCTGCGTTATCGAACACAATGCTGTGCCGCATTTCGTGGCTCTGCTCCAGTCCAAG
TCCATGAACCTGGCCGAGCAGGCAGTCTGGGCTCTGGGCAACATTGCCGGCGACGGAGCCGCCGCCCGCGACATTGTCATCCACCACAACGTAAT
TGACGGAATCTTGCCACTGATCAACAATGAGACACCGCTCTCTTTTCTGCGCAACATCGTCTGGCTGATGTCCAACCTGTGCCGGAACAAGAATC
CATCGCCGCCATTCGATCAGGTGAAGCGGCTGTTGCCCGTCCTGTCGCAGCTTCTGCTTAGTCAGGACATCCAAGTGCTGGCCGACGCCTGCTGG
GCTTTGTCCTACGTCACGGACGACGATAACACCAAGATCCAGGCTGTGGTCGACTCGGACGCAGTGCCGCGCCTGGTCAAACTGCTGCAAATGGA
CGAGCCGAGCATTATTGTGCCCGCCCTGCGCAGCGTTGGCAACATTGTGACTGGCACAGATCAACAGGTAGGAAAACAAATGATTTTAATCCTTA
TTGTTATAACATGCCTGACCGACCTGTTTTTTTTTTTTTTTTTTATTAGACTGACGTTGTAATTGCATCTGGAGGTTTACCAAGGCTGGGACTCC
TTCTACAGCACAACAAAAGCAACATTGTGAAGGAGGCTGCCTGGACGGTCAGCAACATCACAGCAGGTAACCAGAAGCAGATCCAGGCTGTGATT
CAGGCCGGCATCTTCCAGCAGCTGCGCACCGTGCTGGAGAAGGGTGATTTCAAGGCTCAAAAAGAGGCTGCCTGGGCGGTGACAAACACCACGAC
ATCTGGCACTCCCGAACAGATCGTCGATCTAATTGAGAAGTACAAAATATTGAAGCCTTTTATCGATTTGCTGGACACAAAGGATCCGCGTACCA

TCAAGGTGGTGCAGACGGGCCTATCCAATCTGTTTGCCCTGGCGGAGAAACTTGGTGGCACCGAGAACCTATGCTTGATGGTCGAGGAGATGGGC
GGTCTAGACAAGCTGGAAACTCTGCAGCAGCACGAGAACGAGGAGGTCTACAAGAAGGCCTACGCCATCATTGACACATACTTCAGCAACGGCGA
CGACGAGGCCGAGCAAGAGCTCGCACCTCAGGAGGTCAACGGAGCCCTCGAGTTCAATGCCACCCAGCCCAAGGCTCCCGAAGGTGGCTACACGT
TCTAATCGCCCACCCCACACATTCCAAACTCCGCTCACACGCCTTACAAACAACTACACCTTCGACCGCGCTCACACACTATGCCATTGTCAAAC
ATACGCATACTCATCATCACATCTTACAAACATTCCCAAACACTTTGGAGGTATGCATGGAAACACAGGCGAATGCATTAGCTTAAAGTCATAAT
TGAATCGGGTTGGCAAAATCCACTCGCATGAATCCCCATTTAACATACCCGTATTCCTCGCGTTAGACTAGACTTCACAGATTGCAGCATGGATC
TTTCTGGCAGTGTTCCTCGTTCACGATGCAACCGCTCGGGCAGCTGCGCTGGCTGGGATCCGTGGATCATAGTATTTCCAGAATCCGTCTGTACA
GGGGGCACCTTATGTTTGCGTGTACTAGGCTTTTTATTGGATACGTTTCGAGCTCATTTCGGATATATTTTAGGCTGTTTAGTATTTATTTATGT
ATACAGGAAACGCTTTTAATCCTCCACCTTCGCGCAAGCATTACAACAACAACAACAACAACTCATTCCCTTCACACCAGTGTCCTCAT
TCCCGAATCGCATGTTTATATTCAAAGTTGTCAATAAATAATGAATTGTTTGAATGATTAATTAAATTTCATGTGTATTTAAGCTGCATTTGAGC
ATTGCGAAAATTGGAGCCTATTTTTGGGCCTTGGCATTTTTTTTTGTATATTATTTGGAATGCTATTGGGATATACACCGATGCAGGCAATCGAA
TTTAAAATGTTATCCCTTCGATGCGCTGGCGCCTTTTGTCCGTAAATCCGCGATAAAAAGTCATGCAGTCAATACATGTTTTTTTTTTTGTCTTG
TACATTTAAATCGCATTTGGGCCGTAAGCGGATAGCCGGAAGATTAAGAGCTATCTACCGCAGCCACGCCCACTCGAGCAGCGGTGGACAGCGAC
CCCAAAAAAAGTTCCAGATTAGATATAATGATTAAACAACCGACGAGTGAGTAGTGAGTAGTAGTCTACTACTGGCACAGAACGCGCACCACGCAC
AACTCAATCAAGATGAATCGCAGCGTTCGTGGTTATTGCAGTGATCCAGAGGGTAAGCTTAATCAGTGGAGCGACGACGTCACATCAACAACCAT
GTCCACGTACGATCTTGTTCCCATCGGATGCAGTGCGTCGAATTCGGCGAATCGTGTGTGTGTGGCAAAACAAATTATAAAAATAGATTAAAA
ATTCAGCATGGGCAAAGTAGTTGCCGAAAATTCGAACTGAATTGTGGAAGCATTGGCCGCCATCCGGAGCTTTTGCCTCCGCGTTGCCCAAATTG
TCGTCACCGATGGATCGGATCTATGTATTCAATTGGTTCTTTCTCGAGCTATTTTATTATTTCCGAGCGCAAGCGTTTAGTCGACTTTCTGCCGA
AGCTGCGTGCGGGCGTGAATCTCTAAGGGCAACTAATTTATATAATTGCAAAACGATCTGAACTGACATTACGCATTTGAAACTTAAAAATTTCT
AACGATTTTTAAAAAAGGTAATAGAGAATAGTGCAAGTGATGTGAAACCAATCGGTAGTTTCGTAAATTGCCTTGTGTGTAAATCAATTCGCATT
TTCACTGAATGTGT
(SEQ ID NO: 520)

Exon: 1001..1257
Exon: 1675..1812
Exon: 1874..2187
Exon: 2252..2822
Exon: 2900..4144
Start ATG: 1750

Transcript No. : CT15419
ACTAAGGCTTGCTTTTCAAATCAAACGGTAAATTCTGGCGGCGCCAAGCAGGCATTGACTCCAATTTCGCATCGATTACGAGAGTACTGTCTACG
TTTGTCTACAGTTTCACCGACACATTCAGCGTGCTAACACGCTCGACAAATTCTCGTGCTCGCGTTTCGTTAGGGAACGATAAAAATTGTGTAAA
AATTCAGTAAAGTGAATTTCCATTCGAAAAAGCCAGCACACGCATTCAAAAGGGCAAAGGTACAAAGTTTCACACATTTCATCGCAGCAGCAAAC
ATCTAAACTTTTAAAGAAAAAACACAAAACTCAAAAAAAAAAAAAAAAATGAGTAAGGCGGATTCTAACTCACGACAGGGCTCCTACAAGGCCAAC
AGCATTAACACGCAGGACTCACGCATGCGCCGCCATGAGGTGACCATCGAGCTGCGCAAGTCCAAAAAGGAGGACCAGATGTTCAAGCGGCGCAA
CATCAACGACGAGGATCTAACGTCGCCGCTCAAAGAGCTCAATGGCCAGTCGCCGGTGCAGCTGTCCGTGGACGAGATAGTGGCGGCCATGAACA
GCGAGGATCAGGAGCGCCAGTTTCTGGGCATGGCACAGTCTGCCCGCAAGATGCTCAGTCGGGAGCGCAATCCACCCATCGACCTGATGATCGGCCAT
GGTATTGTGCCCATTTGCATACGCTTCCTGCAGAATACCAACAACTCAATGCTGCAGTTCGAGGCCGCTTGGGCGCTTACCAACATCGCCTCTGG
CACATCCGACCAAACGCGCTGCGTTATCGAACACAATGCTGTGCCGCATTTCGTGGCTCTGCTCCAGTCCAAGTCCATGAACCTGGCCGAGCAGG
CAGTCTGGGCTCTGGGCAACATTGCCGGCGACGGAGCCGCCGCCCGCGACATTGTCATCCACCACAACGTAATTGACGGAATCTTGCCACTGATC
AACAATGAGACACCGCTCTCTTTTCTGCGCAACATCGTCTGGCTGATGTCCAACCTGTGCCGGAACAAGAATCCATCGCCGCCATTCGATCAGGT
GAAGCGGCTGTTGCCCGTCCTGTCGCAGCTTCTGCTTAGTCAGGACATCCAAGTGCTGGCCGACGCCTGCTGGGCTTTGTCCTACGTCACGGACG
ACGATAACACCAAGATCCAGGCTGTGGTCGACTCGGACGCAGTGCCGCGCCTGGTCAAACTGCTGCAAATGGACGAGCCGAGCATTATTGTGCCC
GCCCTGCGCAGCGTTGGCAACATTGTGACTGGCACAGATCAACAGACTGACGTTGTAATTGCATCTGGAGGTTTACCAAGGCTGGGACTCCTTCT
ACAGCACAACAAAAGCAACATTGTGAAGGAGGCTGCCTGGACGGTCAGCAACATCACAGCAGGTAACCAGAAGCAGATCCAGGCTGTGATTCAGG
CCGGCATCTTCCAGCAGCTGCGCACCGTGCTGGAGAAGGGTGATTTCAAGGCTCAAAAAGAGGCTGCCTGGGCGGTGACAAACACCACGACATCT
GGCACTCCCGAACAGATCGTCGATCTAATTGAGAAGTACAAAATATTGAAGCCTTTTATCGATTTGCTGGACACAAAGGATCCGCGTACCATCAA
GGTGGTGCAGACGGGCCTATCCAATCTGTTTGCCCTGGCGGAGAAACTTGGTGGCACCGAGAACCTATGCTTGATGGTCGAGGAGATGGGCGGTC
TAGACAAGCTGGAAACTCTGCAGCAGCACGAGAACGAGGAGGTCTACAAGAAGGCCTACGCCATCATTGACACATACTTCAGCAACGGCGACGAC
GAGGCCGAGCAAGAGCTCGCACCTCAGGAGGTCAACGGAGCCCTCGAGTTCAATGCCACCCAGCCCAAGGCTCCCGAAGGTGGCTACACGTTCTA
ATCGCCCACCCCACACATTCCAAACTCCGCTCACACGCCTTACAAACAACTACACCTTCGACCGCGCTCACACACTATGCCATTGTCAAACATAC
GCATACTCATCATCACATCTTACAAACATTCCCAAACACTTTGGAGGTATGCATGGAAACACAGGCGAATGCATTAGCTTAAAGTCATAATTGAA
TCGGGTTGGCAAAATCCACTCGCATGAATCCCCATTTAACATACCCGTATTCCTCGCGTTAGACTAGACTTCACAGATTGCAGCATGGATCTTTC
TGGCAGTGTTCCTCGTTCACGATGCAACCGCTCGGGCAGCTGCGCTGGCTGGGATCCGTGGATCATAGTATTTCCAGAATCCGTCTGTACAGGGG
GCACCTTATGTTTGCGTGTACTAGGCTTTTTATTGGATACGTTTCGAGCTCATTTCGGATATATTTTAGGCTGTTTAGTATTTATTTATGTATAC
AGGAAACGCTTTTAATCCTCCACCTTCGCGCAAGCATTACAACAACAACAACAACAACAACAACTCATTCCCTTCACACCAGTGTCCTCATTCCC
GAATCGCATGTTTATATTCAAAGTTGTCAATAAATAATGAATTGTTTGAATGATT
(SEQ ID NO: 521)

Start ATG: 333

MSKADSNSRQGSYKANSINTQDSRMRRHEVTIELRKSKKEDQMFKRRNINDEDLTSPLKELNGQSPVQLSVDEIVAAMNSEDQERQFLGMQSARK
MLSRERNPPIDLMIGHGIVPICIRFLQNTNNSMLQFEAAWALTNIASGTSDQTRCVIEHNAVPHFVALLQSKSMNLAEQAVWALGNIAGDGAAAR
DIVIHHNVIDGILPLINNETPLSFLRNIVWLMSNLCRNKNPSPPFDQVKRLLPVLSQLLLSQDIQVLADACWALSYVTDDDNTKIQAVVDSDAVP
RLVKLLQMDEPSIIVPALRSVGNIVTGTDQQTDVVIASGGLPRLGLLLQHNKSNIVKEAAWTVSNITAGNQKQIQAVIQAGIFQQLRTVLEKGDF
KAQKEAAWAVTNTTTSGTPEQIVDLIEKYKILKPFIDLLDTKDPRTIKVVQTGLSNLFALAEKLGGTENLCLMVEEMGGLDKLETLQQHENEEVY
KKAYAIIDTYFSNGDDEAEQELAPQEVNGALEFNATQPKAPEGGYTF*
(SEQ ID NO: 522)

Name: Pendulin

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: Pen
FlyBase ID: FBgn0011823

Celera Sequence No. : 142000013384539
AACATTGCAGTAAAAAAAAACAGAAGCAAAGGGGAGCAACAAAAACAGAGAGAGGGCAAAATAAGAGAGAGGACAACCAGACAGAGCGAGATGCC
AAACAACAGCTGTTCTTCTTGCCAGATGCGAAATGGGCAATTTAATGAAATTTATCTAGATTTCACTCACTTTTCACTTGCCAAACGTCGTGTTT
GTGCACTTTTCACAATTGTCGCGGCGTCACACGTTTATTTATTTACATTTCTCTGCGTTTCAGGCGCTCGCACGCTCAATTAGCGCGCTTTCCGC
TTTGTGCCACACATTCTGTGCCAGCCACAAAAAAGCCCGCAATTCGCACTTTCATGTGTTTTCGGCTATTTCTGCGATCGTTTTTCCTGCACTTG
CACTGCTCAATAGCTAATGTTTAGTTAATTGACACTTTCTAAGCGTTTTGCGTATATTTTTTACGAATTATTTTGGCAAAACGACGCGGTACCAG
CGTCAACGTCCGCATTCTTCAAAATCGGCGAATGAACTGAACAAAACGAACTGCGCAAGTTGGGCAATAGGAACAGCTGACCGCGCTGCCAGACT
GCCGAACGGAAACTCGCTGCGAGAGTCTGGCAGCACTTGCAACCATCGATATAAACTATTGGTAACGAATATTTAAAGAATTAACTTTATAGTTC
CATTGAAAATACATACATAAAACAACTATAATTATGATACCTAACATAAAACATCGTAATATCTTATTTATAGTTATCTTTTGTATGCAATATTC
AATTTTAAGTTAATTAGATAAACACCAAACGTTTTTTTATTTGTGAAAATAGAAAAAGAATTCAATAGAAACAAGTTTTCAAGGCAATCTGCATA
TTCTTAAATCCAACTTTATGGGCACTTTTGAATATTCATTTATTTTGCAGCCCTAGCAATCGCTGAGCGATAACCATAAGTTGACTATCGATAGC
AGCAGAGCGATATGCAAAACAAACGAAAAAAGTAAAAGAGCGGTGTAAAGCAGACAACATAGTTTACATTTTTTGCAACAAGTTTTTCAACTTAA
AGCCAACTCCCATCGTCCAATGGAGGTGGACCAGATTCCCCTGGCCGACGTGGTCTTCGTCATCGAGGGCAGCGCCATCAACGGAGCCTACATCA
ACGAACTAAAGACCAACTACATCCTGCCGACTTTGGAGCACTTCACCACTGGCTCCATCGACGAGCGGGAATACCTGATTGCGGAGCGCTTTGCC
ACTCTGTACGGTATTGTGGTCTACCGTACAGCGGCCAATCTGCTGGAGCCAGTTTGTTCAACCTATGGTCCCTTTCTGCAGCCCCAAAAAGTGAT
GGAGACGATCGAAAGATTGCCACTAGTGGGAGGCGGAATGGAGTCCTGTGCCCACATGGCCGAAGGATTTGCTGCGGCCCACGGCTGTTTTGATG
ACATCAGCGAAAGGCGCCAGTTGCTCGATCAGACCAGCGTCCAGAGGCACTGCATTCTCATCTGCAACAGTCCGCCGTACCAGATGCCCACAACG
GAGTCGTGGAAGTATCCGGGCAAATCATGTGAGCAGCTGGCGGCGCTCTTCAACGAGCGCAAAATCAATCTCTCCATTATTGCGCCACGCAAGAT
GCCGGTGTTGTTCAAACTTTTCATGAAGGCCGACGGAGATCAGCCCATTACGAGCAAAAACTATGCCAAGAACATAAGACACCTAGTGCTTCTAA
AGGGATACAGCCTCAAGGAGAGAGCACCTAGTCCCAACAGCATGGCGGCCCAAATGGCTGCACCCAATGCGGCACAGGCTACAGTGCAGCAGCAA
CAACAACAGCAACAAAATCAAGCTGGTCAGCAACAACAAGGGCAGGGCATGCCCATGGACACCACTCCAGCCCAGCAGCAGCAACAGCAACAACA
ACAGCAGCAGCAACAGCAACAACAAGGCAATCCTCAGCAGCAGGTCATGAACATGAACACGATGCAGCAACAGCAGCCCGGTCCAAATCCCCCAG
CGGGCTTACTCAATCCACAGCAGCAGCAGCAACTATTGCAGCAGCAGCAGCAGAATCAATTCGTTTCCAATCAAATGCAGAATCAGAACTTCCAG
CAAAACGTGGGACCCGGCCAAAACCGCTGGATGTATCCCAACCAGCCTGGTCAGGCGCGTCCGCCCTTCATGCAGGGAGCAGGCAATGTGGGCGG
TGTGGGCCAAGGCGGCGGCATGCAACAGAATCCAAATTCTGCTCTGATATCGCGCATTAATGCGCCGCCGCCGAACCAAACTGTGACCTCGCTGC
AGCAGCAGCAACAGCAGCAGGCGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAACAGGCCCAACAGCAGCAGCAACAAAGGATGCAGATGCTGAGCCAGCAG
CAGATGCTAAATCACCAGCAGTTGCAGCAGCAACAGCAACTGGCCCAGCAACAGCAACAGCAGCAGCAAGGACAGCAACAGCAGCAGGTAAATCC
CAATGCAGGAAACAATATGATGCCGGCTAGCAATGCCGGCAACATGTCTAATCCGCAGCAGCAGCAACAACAAGTAGGACAACAGTCGAATCCGC
AGCAGCAGGGCAATCCGCAGCAGCAACAGCAGGGAAATTCGCAGCAGGAGCAGGCCTCCTTGAGGGAAAAGATATGGACCGGAGTGCTGGAGTGG
TCAGAGAAGCCAAAGTCCGATCAACAGAAGATTCCCCATACACTCCAGTGTACCGTGTGCACCAACATCAAAGATGGCGAGCCCGAGATCAAGGC
TGAGAACTGGCCGCCCAAGCTGTTGATGCAGCTAATGCCCAAGCACCTAGTTGGCAATATTGGTGGGCAGTTTCTCAAGGACTCGAAAATGGTTG
TTTTTCGACCCACTCCAGGAGAGGCACTCGATTCGCTGGCCAAGATGATGACCTCCGGCTATGCTGGCTGCGTCCACTTCTCCTCCATCCCCAAC
TCACCAGCCTGTGACCTTAAGGTTCTCATCCTACTCTACACGCCCGATCGCAACGCTTTTCTGGGCTTCATTCCCAATAATCAGGCAATGTTTGT
GGAACGTCTGCGCAAAGTCATACAGCAAAAGCAGCACGGCAACATGCAACAGCAGCAGCAACAGCAGCAAATGATGCAGCAGCAAGGCAAGTCGC
CCATGGAGCTGCAGCAGCAACAGCAACAACAACAACAGCAGCAACAGATGCAACAGGATAACTCGCAGCAGCAACACTACAACCAGTTCCAACTC
AATATGCAGATGGGTGGTGGAGGTCCTGGCGGCGGACCTGGTCCCGGTCCCGGCGGCATGCCCATGCAACAGAATCAAATGCAGATGAACATGAT
GCAGCAACAGCGAATGCCACTGGGCGTAGGTGTTGGCGTGGGTGTTGGTCCCGGTGGCGTGCCCAATCCAAACCTCCAGCAGCAGTTGCAACAAG
TGGCGCCAAACGTCGCCGCAATGCAGCAGCAGCAGGCGCAACAGCAGCAGCAGCGCATGGTGCGTCCCATGATGAGCAACAACAACCCGGGGCTG
CGCCAGCTCTTGCAGCACCAGACCACGCCAGGCAATCAGTTCCGGCCGCAAATGGGTGGCCAGAATCCCAATCAAATGGGAGCAGGCGGTCCAAT
GGTCGGCAATCGCAACTTTGACGACGGAAACTATGAGTTCATGTAGGCTACTTAAGAGTCGTATAAAAAACCAGAATTAAGACAGTAAAATAT
TTTATAAAATCCAACTGCAAGTCTTTTTTGGGGTAGTGGCAAAATCTATTTCCCAAAATCGAAATATTAATTTCTCCATTTTCATAACATTTCGT
TTATTTAATTAGTAAGAATCAAGGGAAATCCGAATTTGCACAAGACTTATATTAATCACAGAACATAATCTCCGAGAAAGTCCACTAGTTTGCTC
CACCGCCGCCGCCCCCCGAGGATGCGGAACTTGCACTTCCAGCGCTAGCGGCAAACACCTTGCGAAGATTCTGCAAGATGCTGAACAGAACCGTT
CCCGCGCTGCCCAACGTTTCCAGAACATCGAATCCGGTGCTGTCGATGGCTGTCTCCCGATCCTCCTCCGTTTCGATGGCCGGGGAGCTGATGTT
CCCGCCATTGTGGTGAGTTTCGTGGACGCCATGGTGTCCAATCAGCCGATGAGTATTGCTCTTCACATGGGAGTCGTTCACGCCGCCACCGCCAA
CTGTGTTTATCAGGTGCTTCACCGGCTCCAGGACCGGAATATTTAGCTTAATGCGATGCCATGCATCCGCAGTTTCGGTGAAGCCCTCATGCTGC
TCGCCAGTGGCCTTCATCTCATCATCCAGCTGGTTTCGCTCGCTGACCGGATCGTCGTCCGTCTCCAGGGACAGCTCCAGACTCATGTTTCCCTT
ACCAGGCAGTTGCAACAAACTGCCGAAGAGCTGTTGCAGATGCGCCGAGTTGGTGGCCTCCGCCTCATTCTGCTCGAAATCGAACTCTTCACGTA
CTCCCGACTTGGGCTTCTGGTTCACAAAGCTGGTCACATGCAGCATTCCATTCTTGGTGCCAGAATCACTGGAGTTGGTGGGCTTGGCGGACGTC
GTCGTCGTCGTCGTCGTCAGCAGTAGCAGCCACAAAAACTGCAGATACATTCGGAGAAATGGAATCTATAATTGGCGCTTAATGACCGGCTGCAC
G
(SEQ ID NO: 523)

Exon: 1001..3656
Start ATG: 1065

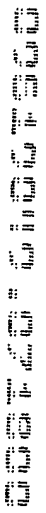
Transcript No. : CT15479
CAGACAACATAGTTTACATTTTTTGCAACAAGTTTTTCAACTTAAAGCCAACTCCCATCGTCCAATGGAGGTGGACCAGATTCCCCTGGCCGACG
TGGTCTTCGTCATCGAGGGCAGCGCCATCAACGGAGCCTACATCAACGAACTAAAGACCAACTACATCCTGCCGACTTTGGAGCACTTCACCACT
GGCTCCATCGACGAGCGGGAATACCTGATTGCGGAGCGCTTTGCCACTCTGTACGGTATTGTGGTCTACCGTACAGCGGCCAATCTGCTGGAGCC
AGTTTGTTCAACCTATGGTCCCTTTCTGCAGCCCCAAAAAGTGATGGAGACGATCGAAAGATTGCCACTAGTGGGAGGCGGAATGGAGTCCTGTG
CCCACATGGCCGAAGGATTTGCTGCGGCCCACGGCTGTTTTGATGACATCAGCGAAAGGCGCCAGTTGCTCGATCAGACCAGCGTCCAGAGGCAC
TGCATTCTCATCTGCAACAGTCCGCCGTACCAGATGCCCACAACGGAGTCGTGGAAGTATCCGGGCAAATCATGTGAGCAGCTGGCGGCGCTCTT
CAACGAGCGCAAAATCAATCTCTCCATTATTGCGCCACGCAAGATGCCGGTGTTGTTCAAACTTTTCATGAAGGCCGACGGAGATCAGCCCATTA
CGAGCAAAAACTATGCCAAGAACATAAGACACCTAGTGCTTCTAAAGGGATACAGCCTCAAGGAGAGAGCACCTAGTCCCAACAGCATGGCGGCC
CAAATGGCTGCACCCAATGCGGCACAGGCTACAGTGCAGCAGCAACAACAACAGCAACAAAATCAAGCTGGTCAGCAACAACAAGGGCAGGGCAT

GCCCATGGACACCACTCCAGCCCAGCAGCAGCAACAGCAACAACAACAGCAGCAGCAACAGCAACAACAAGGCAATCCTCAGCAGCAGGTCATGA
ACATGAACACGATGCAGCAACAGCAGCCCGGTCCAAATCCCCCAGCGGGCTTACTCAATCCACAGCAGCAGCAGCAACTATTGCAGCAGCAGCAG
CAGAATCAATTCGTTTCCAATCAAATGCAGAATCAGAACTTCCAGCAAAACGTGGGACCCGGCCAAAACCGCTGGATGTATCCCAACCAGCCTGG
TCAGGCGCGTCCGCCCTTCATGCAGGGAGCAGGCAATGTGGGCGGTGTGGGCCAAGGCGGCGGCATGCAACAGAATCCAAATTCTGCTCTGATAT
CGCGCATTAATGCGCCGCCGCCGAACCAAACTGTGACCTCGCTGCAGCAGCAGCAACAGCAGCAGGCGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAACAG
GCCCAACAGCAGCAGCAACAAAGGATGCAGATGCTGAGCCAGCAGCAGATGCTAAATCACCAGCAGTTGCAGCAGCAACAGCAACTGGCCCAGCA
ACAGCAACAGCAGCAGCAAGGACAGCAACAGCAGCAGGTAAATCCCAATGCAGGAAACAATATGATGCCGGCTAGCAATGCCGGCAACATGTCTA
ATCCGCAGCAGCAGCAACAACAAGTAGGACAACAGTCGAATCCGCAGCAGCAGGGCAATCCGCAGCAGCAACAGCAGGGAAATTCGCAGCAGGAG
CAGGCCTCCTTGAGGGAAAAGATATGGACCGGAGTGCTGGAGTGGTCAGAGAAGCCAAAGTCCGATCAACAGAAGATTCCCCATACACTCCAGTG
TACCGTGTGCACCAACATCAAAGATGGCGAGCCCGAGATCAAGGCTGAGAACTGGCCGCCCAAGCTGTTGATGCAGCTAATGCCCAAGCACCTAG
TTGGCAATATTGGTGGGCAGTTTCTCAAGGACTCGAAAATGGTTGTTTTTCGACCCACTCCAGGAGAGGCACTCGATTCGCTGGCCAAGATGATG
ACCTCCGGCTATGCTGGCTGCGTCCACTTCTCCTCCATCCCCAACTCACCAGCCTGTGACCTTAAGGTTCTCATCCTACTCTACACGCCCGATCG
CAACGCTTTTCTGGGCTTCATTCCCAATAATCAGGCAATGTTTGTGGAACGTCTGCGCAAAGTCATACAGCAAAAGCAGCACGGCAACATGCAAC
AGCAGCAGCAACAGCAGCAAATGATGCAGCAGCAAGGCAAGTCGCCCATGGAGCTGCAGCAGCAACAGCAACAACAACAACAGCAGCAACAGATG
CAACAGGATAACTCGCAGCAGCAACACTACAACCAGTTCCAACTCAATATGCAGATGGGTGGTGGAGGTCCTGGCGGCGGACCTGGTCCCGGTCC
CGGCGGCATGCCCATGCAACAGAATCAAATGCAGATGAACATGATGCAGCAACAGCGAATGCCACTGGGCGTAGGTGTTGGCGTGGGTGTTGGTC
CCGGTGGCGTGCCCAATCCAAACCTCCAGCAGCAGTTGCAACAAGTGGCGCCAAACGTCGCCGCAATGCAGCAGCAGCAGGCGCAACAGCAGCAG
CAGCGCATGGTGCGTCCCATGATGAGCAACAACAACCCGGGGCTGCGCCAGCTCTTGCAGCACCAGACCACGCCAGGCAATCAGTTCCGGCCGCA
AATGGGTGGCCAGAATCCCAATCAAATGGGAGCAGGCGGTCCAATGGTCGGCAATCGCAACTTTGACGACGGAAACTATGAGTTCATGTAG
(SEQ ID NO: 524)

Start ATG: 65

MEVDQIPLADVVFVIEGSAINGAYINELKTNYILPTLEHFTTGSIDEREYLIAERFATLYGIVVYRTAANLLEPVCSTYGPFLQPQKVMETIERL
PLVGGGMESCAHMAEGFAAAHGCFDDISERRQLLDQTSVQRHCILICNSPPYQMPTTESWKYPGKSCEQLAALFNERKINLSIIAPRKMPVLFKL
FMKADGDQPITSKNYAKNIRHLVLLKGYSLKERAPSPNSMAAQMAAPNAAQATVQQQQQQQQNQAGQQQQGQGMPMDTTPAQQQQQQQQQQQQQ
QQGNPQQQVMNMNTMQQQQPGPNPPAGLLNPQQQQQLLQQQQQNQFVSNQMQNQNFQQNVGPGQNRWMYPNQPGQARPPFMQGAGNVGGVGQGGG
MQQNPNSALISRINAPPPNQTVTSLQQQQQQQAQQQQQQQQQAQQQQQQRMQMLSQQQMLNHQQLQQQQQLAQQQQQQQQGQQQQQVNPNAGNNM
MPASNAGNMSNPQQQQQQVGQQSNPQQQGNPQQQQQGNSQQEQASLREKIWTGVLEWSEKPKSDQQKIPHTLQCTVCTNIKDGEPEIKAENWPPK
LLMQLMPKHLVGNIGGQFLKDSKMVVFRPTPGEALDSLAKMMTSGYAGCVHFSSIPNSPACDLKVLILLYTPDRNAFLGFIPNNQAMFVERLRKV
IQQKQHGNMQQQQQQQQMMQQQGKSPMELQQQQQQQQQQQQMQQDNSQQQHYNQFQLNMQMGGGGPGGGPGPGPGGMPMQQNQMQMNMMQQQRMP
LGVGVGVGVGPGGVPNPNLQQQLQQVAPNVAAMQQQQAQQQQQRMVRPMMSNNNPGLRQLLQHQTTPGNQFRPQMGGQNPNQMGAGGPMVGNRNF
DDGNYEFM*
(SEQ ID NO: 525)

Celera Sequence No. : 142000013384273
CTATAACATTTTAAACAGGCGTGTTTCGATAGTGCGACGTAAGATAGTGTTAGCCTTGGTAATGGCGAGCAATTAGATAAAGATCACTCAGCTCA
AGGTCTCAGAGAAATCTCGAGCTAATCAAACATCTCGATGGAATCCCGCTTTCTGGACGAAAAATTGTTTTCCCACCCGTAGCAATAAGAAAAGG
CGAAACAAAACTGTCAAGCAGAGTGGACACATGTAGCACGATCACTTTTTTTGTTCCGGCGATAGTGTGTTTAGCTAGCCTGGGTCGCCAGCTTC
GGCTCCAGCTCTAGTACCAGGTTCATCTTCATCTGCAGATCAGTAGCTGAAATCAGGATCAATGTGAGCCACATCCAGGCTTAGGTTTATCTCTA
CCGCCTGCTCTCGTCTAGATCTGTCGGATGTCAGGTTGCATAGTTGGGCCGGCAATTGCATGTCGCGATCGTCCAGCGCCGAAGATCTGCCTCAA
CCTCAAGCTGAACCTCATCCGCGTCCACATCCACATCCTCAATCCTGAGTCGCTAAAACTTGAAAGCCGCATTCGATGGCTGGCCGCTGACAGCG
CGGAATTGTCGTTCGCATTGTCAGCTGGCATGGGCGTCGAAGGAGGGGCGGTGCTGAGCCAGGGGGGTTTATCCGCCGACTTTTGCCGACGATAT
ACAAAAGATGCAACTGTCGCTGCTTGTTGCAGCAGTTGTTTCTGCTTTCTGTAGCTGCCCAGCTTGACAGTTGCTGCAAGAGCAAAAAAATGCGC
TTGGGAAACTGCCACTGGCGATGCCGCTGCTGCTGCCACCGCGAGCTGGCTTAAATCAAATATTGAAATGCCTCAGAGCAGATCGGCGACCCTGA
CCCGTGCCCGTGCCCCTGTCCCTGCCCCCCCCACTCCACCTCCCCGGATACCAGCTAATTGCCCCACACATGGTCCAAATAATTGCCCCAGCAACA
ACAGCCCGTACCAATGAATTCCACTTGGCTTTTATTTTTTGTAATTTTTTACTCATTGTCGTTTTGTGTTTTTTTTTTATTGATTTGTTTTCGAT
TGCATTCGCATTTTTCTGCTCGCTTTTTTGTTTCTTGTTTTCCTTCGCATTAATACTTTACAAAATTGAATGTCTATGAGCTAGTATAAATTAAT
TAAATATTATATTCATATCGAGCTATTTATATACTTAGTTTAACTAGCCAGCTAAGTGCATTTAATTAGTTAGTAATACCTACATGGATGGGGTG
GTTTAAGTTAAATGTGTTTACAAAAAAAAATATTTCGTGTGCAAAATTTCATAAATTCCAAGCAACTAAAATCTTTTTCTGTACTTCGTGGGGTT
GGTATGAATTTAATCTAAAACTAAAAGTTAATTTAAGCTTATTTATGTACAAAAAAGAATTTGTTGTTTTGTATGACCATGGAAATGGAAAAACA
ATAGTGGAATTTTTACTGTTGCATTCCAAATGTTTTCCAGCCCTGGTTACCGATTTTCTCGAACTATTATACTGTCCACTTCGCATACGTTTTGG
TCCTGCCCAAAGCAGTATGCAAGCAGTTCAAGCAGTGCTCGCTAGAGAGAAGGAAGGAGCTGCGCGCTTTTTGAATTTTCAGTCTTGTTTTCAAT
GATTTAAAAAGATTTTAAACGACAGCATGAGGAGGGATTCAGCAGAAAGGGGGCGCGCTTCGAAGACTTTAAGCTACACTAAAGTATTTTAAATC
GATTACTATTATCTAGGGGTACAAAAAATGGGGGCTTTGTAATTTACAAAATATTTTGCTTCGATTGGGAGCTGGCTTACATGACTAAAAACTGG
GCAAACACATGTTGTATTCCTCACTTCTTCTTGAAATCTATTCGTTAATATTCCTTGTGTAATACTGCTAAAAAAAAAGTGAGAGCTTAAAGGGT
TTTGCATGGTACACTTCAGGGGCGGTTAGTCGTATCTTTAACTAGGCTATAGTCTAGGTTCTTAAGGTGCTAATAACAAAGGCTAAGCGTAGACA
AAATACATAACACATACAAAGAACGAAGAGGGCGGCTTCAGAGGACGGGACTGGGCTGGAGGCGGGCAGTGTCCTTACAGACACGTGTAGATGAC
CTTTTTGGTCCGACACAGCTTGCACTTCACCTCGCAGCACCAGTGGAAGGTGCAGGCGCACCGCTCCACAACGACGACCTCGTCTCGCCGATAGC
CACGCCCACAGCACATCAGCCCACAGCCGTCGACGCCCAGCGAGGTCTCATTGCACTGGCGGCCATGGGTTCCCAGGATGCCCTGCCGCAGGTTC
TTCTCGCAGAAGCTCGGCGAAGGCTCCAGATAGACAAGGTCCTTCGAGCCGGGTGGCTTGTGCTCGGGATTGTGCGGGTTCAGTTGGAAGTGATA
TCTGCAAGGAACAAAACAAGAAGGTAATGAGTAAACATGCTATTTTGTGAGATTACTATAATTTTAAGGCTGTGTTTTTTTTAAGAAATGAAGTT
ATGATTGTTAACAAAAAATATCGTGGTGATTCTTTACCTATTATGCTTGCGTCCCTGACGACGTCCATTTCGTCCGCCCCTTTGACCAGCCTGGG
GCAAACTGTTGGGCGACGGCATGTTCGGGTGATGGATCTTGCTGATCGGGTGGCTGTTCTCTAGCAGGATGTCCGGCATATGGTCGTTCAGCATA
CGCTCCTCCTCCTCGCCGTAGACCAGACCAGACTGCGGAATAATCAGGCCGTTGGAGCCCACGGAATTCGAGCCGGCTGCATTCGGACTAACTGG
GGCCAGAGCGTTGGTGGCCCGGAGACTGTTGGTCACTTGCACGCGGGTGGCTCCATCGAAGCGGGCCTTCAGATTGTCGCCAATCACACGGAAGT
TGGCCAGTCGCATCCAGCAGGTCTTCACTGTACACGATCCGGACATGCCATGGCATTTGCACTCCTGTCGCATCTCCGCTTGGACGTGCTGTAGA
TGAGAAAAGAGCGGGGAGAGATTGTTCATTAGTATGACTTTATTAGGCTTCTTGCGTATCGACTCGCAATATGTTTTTCACTTAATTATTTTGCT
GTTTTTTCTTGGCCGGTTGTTTTTGCCGTTTTGCTGGCTGAATGGCTGGATGGGATGGCTGGCTGGCTGGGAGATTGGCGGCCCGCCTGCCACGT



TGTTGCAGTTATTAAAAATCAATAAATGTTGTTGCAACTTGCTGTGCGCTTGTTGCATGTCCCCCCCGAAGTTGCTGTTTGTAATTGTTGTGCGC
GGACCAAAAGTAAGAAATCAACGCAGTTGGGGGCCTTCTCAGTTAGTTCGGTTAGCAGCGGCCGCAGCAGCCCGATGATCATCATCATGCTGATC
GCAATGATTACGGAGCTGCGGCCCATAACAAGTAATAAAATAATAACACAGGCGGTGGGCTCTGCTCCCTCCCCAAAAACGTCGGAGGACTAGGC
CCGGATCCGGAGGGATCGGTCGACTCTAGCTGGATACAGTGCATGTAGTGGATGTTGGCGCAGTGTGCTACTTTCTACGCCCCACTAAAATGGAT
AGCAGGAGTGACGGTGCACAGTGGTTTGGTCAGGCCAAAAAAGTCCATTGCAATATGTGAAAAACTAACTATTATCCCACCATTAAAACTCATTT
ATCGGTAATTAAGAAAACAGCTCTTTTTACATTTCTGTATAATCACAATTTTCTCAACATTCGACCACTGTACCCCTAAAACTAGAGTCCTACTA
TTTTCTTGCATGTGGAGGGGAACTGGAAGCTGTCAACGAGTTAATATACGAGCGACACAAGCGCAAACGAGTGCAGAAATCCCCCCACATTCTCA
TTCGGATGAAAGAGACAGCTGGAGGGGGAGCGAAAGAGAGAGCGCTAATCTCTACAAGCTAGGCCAATTGGCGTTCGGCTCCAATTAATTGTGGG
GACGGAAATTGTCGTCGCTGGTTTTTATTAGCGCTCCAGTCGTAAATCGCCCAGCCAGGCTTAAAACCGAACATTTGGACTACTTATTACGAGGT
ACACTGCGAAAAGAGCATATGAAATAAAGCCAAATCATACCTCATTTCTTATAGTATTGTATAGTAGTATTTTGGCTCTATTTGTATTCGTTTCT
CAGTGTATTAATGCTGGGTATCTAAACTTACCGCTCGACCCGCCTCGTTGTTGTGCAGATTCATCTTCTCGCGCAGATTGCGACCCCTCTCGCCG
GTATCGACGAATTCCCGGGAGAACTTGAACCCGAATCCGATGTTGTCGGAGCAGCCGCCCCACTCCCAATCCCGCACGCCGGCCACACTGCCCGC
CTGGTGGTTCGCTTGTGGAGATCTCGACTGGTGGCTGTAGTCGCAGGTGCAGGACTCTATCGTTCCTTCACTGCAGGCCCTGGCAATCGAGTGGG
TCACCGCCGCGCTGGTGATTGCGTAAATGAAGCTCGTCTCTCGGCAGCCTAGAATGATTACAAATAAAATATTTTAGTTAGTCAAATGTAACATA
TTTTTAGAAAATTAAAATACAGAAATATTTTTTAAGCGAGTGGAATGTCCACATGGCTGATTTCATGAGTTTTCTTCTCTGTGCAGTCATTATTT
TCGCCTTCTGGGTGTTCCACTTGGCACCGAAGACCAATACCGCGACCAAGACAAGATCTCAATCTCGACCAAGTGAAGTGATGGCCGGAGACGTC
GTGGGCAAGAGTTGAAATTTTCGTTATGAGTAATGGCACTTGTCTTCCAAAGCCTGGTCAATTATGACACTTCAAGTTATCAATGCCACGATGGC
ACGGCGAAAAAGAGAGATGAACGCACCAAAACCTGACACAGATTAAACGCTCAACTATAAATTCCAACTTAACACTTTGGGCCCATCTCGGCACA
ATCCATTTTGAGTGGACAGTTTCCCCTTGTGGTCTTTACATTTATTTTTTATTTTTAGTAACTGCCTCCGTTTCTGTTTCGGTTTCTGCTCTGAG
AGCGAGACCATCACAGATAAAGAACAATGAAAATTGAATTTACATGTTGCAGATAATTTTTCAAGTGGTTTCGCCTCGGTTCATAGCTCAAGATA
TGATATATATATAGGGATGGTCCCGCCGGTCAGGTAGCTGAAAATTCCTGGGTAGCGCGTCTTGTCAACCTTGTTTGGAATTTCCAGTTGCGTTG
CGAAGAGCGTTTCAAGTGTAGTATTTATTATTAAATGAATAACTCTTTCCCTATTTGAAATGAGTAGTAACATTTAGAATTTGAAAGGAGCAAGC
CCAACAAAAATCACTGCCTAACTTATTTTCGTTGAGGTGTTGATTGACGCATCTGTGATTGAGTAGTCTGCACTTGAAGATTGACACATTCTAGC
GCTCTCCGTATCACGGAAAACAACTTCCGCTTGGTGTTAGGAATTTTGCCGCTTTTGATTTCGATTTCCTGGAATTCGACCACGAAATAATTTGG
TTTATTTTTTCGAAACTATACCGAAGTGAGCCTCCAATTCCCGGTTAATGTTTGTTTGTTTGTCGTTGGTGGTTTCGTTTTTCCTTAAATAATTT
CACGTATGTAACGAAATTGAAGGCGCACACAGGTAAATTGTGTGTAAATATGTGCAAGATGTTTGGGCCGCGATAAGACGTCGGCGCATGCGCAA
ACGGTATGGGAATCACAGAGGCGGGGGTGCGAGAAGGGATCGGAACGGGGGGCGGAGGAGCGGACTCAGGGGCGTGACACAGTCATTGGTGACTT
TGTTTTTTTTTTTTCTGATGATTAGCTTAGCAAGAATTCGCGTTACCTTTTGGAAGCGAAATGTTGTTTGCATTTCGTACTCTCCTTTTGTGGCT
TTGCTTTCCTCGTTTTATGTGTAAATAGCGAACAAAAGATAATAAATACGAAATATAAAATAAAAAGCGGGGGTGGTGCACCCTGAGCAATTAAG
CAAAGAAAGGGTGTGGCCAAAATGGAGCAACCAAAAAATAAATTTCCGCATGTAATGCGATATGTTTCTGTCTTTCTGTTTTATATAATTGCCAA
AACGGATTTCCGCTGCGAGTGGGCGTGGCTCGAGCTGATTGAAATTGAGAGCAGGACGAAAATCAGAAGCAGGGTGCCTTGCTGATCCTCAGCCC
AGCACCAAAAACCGGGAGTACAGCTCATCTCGGGGTTAAGCTGCTTAGTGACAGCAGCGTCAGCAGTTCCCGGAATAGTTTAGACCTCTTGATAT
AAAACCCACAGGAATATAGGCATAGGAATATGCGAGACACTGGGACTCAGGGACACCCGGGGCGGCTTCGTCACGAACTGATGATTGCCAAAAAG
GGATCTGTACGAGGAACCCAACGAAAATTTACTAATAGAGACAGCCTGTTAAAGCGTGTGGCGTGGCAAATTGACAAGGTGTCACCAATTAGAAA
ACAAGTTAGGCCAGCCCTAGGACTAAAAACGACAAAAAAAAAAAAAGAGAACCCAGTCAAGAGACAGGAATTTCGGTATGCCCCGCTGGCAGGGTT
CCTACTTCTTTCAGTTTCCAGCAGTTTGGAAGCCACTGACTCAACTCCGAACCCCAAGTGTTAATGGTGCGCTCTAGGTGTTAATTAGGGCCAAG
GGCACGGCACGGCAAATACATTAAAAATTTGATTGTGGAAAGCGATGAAAGTGCTGCGATAAAAAGCTGTCACCAGGGCAATAATTTCCCTTTTC
TTTTAAAGTACTCCATAAAATGTCGAGAGCTCATAAAAAGGATGTTGGCGGAGAGTCAAAATAACTTGATAAGGTCAAGAGCCTGGCTATAAAAG
TCAGCTGCCGTTGACAGACGGACGCAGCGTAATCGGAATATCGAAGCCACGCGACGCTTGCCACGCCCACTATGAACATATATATAGGGACATCA
GGTAGTTTCAGTTTCAGTTGCAGGATCTCAGGAAACAGGACAAAACAGTAGCTAATAAAACAGCAGGCGAGGGCGGGAGTCGTATGGATTTCCAG
CTAAAAACGCGCTAGGACAAAAACTGCGCATGCGCGACTTTTGTTTACATTGATATAAGAAAAACTGGCCGTTCTCCTGGGATTTTGCTGGCGCA
GCAGGCGAACTAAACTCCCAGAAGACAAGCACGTTTGATTGATTTGAATGACTGAGTGAGTGACAACAGTGGTTCAGTGGTTCCAGTGGTGCTGC
CAACTTGTGCTCATTAGCATAAACACGCTGAAACCGAAACGCAAGTGGAGCAAGTGCAGCGAGCACAGAGCCAACTCTTTGTTCCTCCGACCCGA
TCCGATCCGATTGTCCGTCCAGGGGAAAGTGGCCCCTTCAAAAGGGTAGTCAACCCATATACAAAATATATACATGCTGCCAAGTGCTCAGATCG
TATTACAATAACAAACAAGCGCCACATACATATACCGAAGAGGTCCAGGGGAGTGACATTTCATAACATAAATAAAGGGCCAGTCAAAGGGAAAA
ACTGGATTCGAGCTGGGTTATGCAAGCAATTTGTGTGGTAGCCTTGTTTTCTAGTAGCTAGCTAAGGCAAAAAAGAAGGCGTTGCCAAGAATAGA
TCAGTGGATCATATTTCCCATGGTAAAAGGAGTCTTAAGTGAGTTGCAAGTACTGCGGCAGTTATTAAATGAAGTGTTATTTTTAATAAAGAAAA
AATCATATAGTTAGCTCACCTCGATCAACGATTTTGCCGAATAGATTTTTGCCCCTCGAGAAGTTTCTCGTCGAGCAGTTCCAGCGGCGATTTCT
GAACTGGTGTTGGCACTCGCTAATGGCCAAGTTGGCGCCCTTGACCAGGGCTCCCAGTACACCGGGGATTGTCCCTGACCAGGCGTCGCTGTTTCC
TTCTCAACGTAGAGTGGATCGCTGGGTCCATGTACATGATGGGCGTAATGTTGTTGGGTTCGCCGACCTTGGCAATGCCCCTGAAAGAAAATGAG
CCAGAAAACCGAAAGTTAATAGAGCAATCTTCGGAAAGAGGTTGTCAAAACTATTAAATGCTTGGCTGAGTTTTTCGCCTAATTATGAGAACAAG
AATAAAGGGGACGAGGATTTCCACCAGCTGAACGATATTTTTTTGTCATATTTTCCAGGGGCTTATGTGTCTTTCCACTTGACTTGAGATCGAG
CTGTTTTTCTTTTGGCAGTGCGTATCTTTTTTTTCGTTTTTTCATTTGCGGCTTTTCTGTGTCTTTTCTATTTCGAATATTTGTTGTTTCTGGGC
GGTATACGTCAATTGCCGGCGTTACTCAAGCATAAACCACACAGAAAACGCATATATAAATTAGGTACACTCACACGGGGATGGACAAATATTTG
CAGACACCTGTCGGCTAACGCTTTTCTTCTCTGTGACCTGTCATAATTTATTTTCTTGTTTCAATTGTTGATCTTTATAATATTTTTTCTGCGCT
TCATTAGCAACAACTCGTATATATACATTTATTTTTTCACATAACAAACAATAAACAAGTATAAACAAATGTTTATTGACAGGCAGCGGAGAATG
CAAATTAATTGCCAATTCAATTGAATGCTGATTGCGGTGGGAACCGAACGTTGCGCAATGCAACGAAAATTAATAAAAGTACTTAAATAAAATAA
AAACTTGATCGAAAGTGTAACATCTGTGGGTATCCGCAGGTCAGCGATTGCCAATCGATTTCAATTCCCAGGCGGATTAAATCGATGGCCCGAAC
TGAGATTTATGCGACGGCAATCCGAAGTCGTAGCCGCAATTTGTGTCGTTGTGTTTTTATGTATTTGTGTTGATTTTTATTGTTCAGGCCGAAAT
TTATGCCGTTATAAAAAGTTATTAAGGCTTAGCTGAAGTTTTGCACATGATAAAAGTCAAACAAGCAACTCATCAAAGCCGGGGAATCTCTGGGA
GCTGGGTAATAATATCAATGACAAATATCAGTTAGTCCCAAAATGGTTAAAAAGCCTTAGTAAATAATTTGTATTTAACGAAACAAACCATTTGT
TGTTTAATTTTAATCGTATTCGTTCACAATACTTTAGATCAATTTACACTTTCAATAAATTTGTAAAATGCATATCAACAATTTTTCCGCATGCC
AAACGAAAGACTTAGGCAACGAACTTGATTTACTTCATCAATAACTGTTGTTGCATCTCTGCGGTAGATCCCCAAGTCTTGACTTCCTTATCGAG
TCTTTATTGCTCCCCTGCCATTCACCCAAAACCCCATTCATATCTAAAACTGTGTCACACACACACAAAGTTTATCCCAAGTAAAAGTTGAATGC
GCGCTTAGAATTTTTAATTGCTTTCATCAGGCGAGAAGATGAACGAAGTTGAGAAGAAGTCGAAGCTTTATTTCAGTTTTAAGTGTGTGTGCATT
TTGTGGCTTCCGCATTTGGTGCGTGACGCACAAGACCTTTAAACTTTTTTTTTCTTTTGATTTTGTTTGCTTTGTAGGTTTGTTGCTGTGGGAAA
TGTTTCTCGAAATGTTTCGGCGCGTGCCTTGTTGTTGTTCGTTGACTTCTGCTTTTCAATTTTCCCCGGCTGGTGTTTGCAGATATTATTTTCG
CCCGCCCGCTAATTGCCCAATTTAATGGAAAATATTCAATGAACTTACCACCACATGGAGCCCCGGCCCCTTCCGGATTTCTGTTTGCCCTCGAC
TTGGCTGAGACTGCTGCCGCCGCTGCACAGGGCCATCAGGCAGATGACGAAGATATAGCTGATATCCATTATTGCTGATCGGGTTTATCTGTTCG
ACGGCACACACACTCTCACACTGACACACGGGGTATGATAGATACTTCCCTTCGAGTTGTTGTTTGTTTGCGAATGGTTTGGTTATATTGAATGT
ATCGAGCAATTTCGCGTTCAATTAGCGCACTATAAATGAGGCATAATCATCATTAGCATGCGTATGCCGATATTGCTGCTCATATTTGTGCGATT

AATTCCGCTGGATCACACGGCAATCATGGGACACAACAAGAACTTGTAAGTTTTCCACGCATATACAAATATATATTGTATCGTAAATTTGGCTG
TTTCGATAGAATACACTCGGCTCGCTCTAGTTATAGATGGCTAGTTATAGATCGGTTCGATCGCGGCGTTTCGAGCGGAGGAGTGAAGATTGTTG
CCCGGTTCAGTGCCAACGCTTAACTGAAACACACGGTGCGTTCTTTCGTCCGACTCTGCGTTTGTCAGCAGCGACCCGAGATCCCCGATCCGATC
GCATCGTCGGTCTTCGTCTTCGGATCGCATACACGACCGCCCGATGGTGTGTGTGTGCGAGTGGGGTGGAGCTATACCCTGACTCCTGCATTGCA
GCTGCGTGCGCCAGAAGAGCACCGCTATATGGCGCGGTGATCGTTCGTTCTCCCTGTCTCTTCGTAAACGTTTCTTGTGTGTTGCGCTTTGAAGT
GTGCGTGCGTGTGTGTGTGTGCGGTATATAGCCAGCATGGCCCAATAAGAAATGGCGGAAATGGAAAAACTCTGCCCGGCATTTTCGGTGTAATC
GATTGTATTGCCCGATTATTTGCGCAACCTCATGAATTTCGTCATAGCTTTGACTACATTTAATTATACATATTTGTCGCAATATTTTCGCCTAT
TTCTGTAAGATATTTATGGGATTGGTTTTTTATGGTGATTTTGTTACGCTTACTGTTCGGCTAATAAAGGCTTTGAACTATTATTTTCGACTGTT
GAATTTGGGTTTTATCTTTAGCTTATGGGTGAAAAAGTGGTATTACTACTTTTAACTTCTAGCTTTTGGCTATGAAAGTATTCTTAAATCGATAG
CAACTAAATTTAGCTACTCTATAAATATAAATATTTAGAAACAATTAACAAGAAGTTTCTTTAATATGCCTGTTTCCTTAAACCTTTCCATACAT
TTGCCGTGTCAGAACAAGTTTTCTGCTGCTTTTCGGAGTAAATTTCGGAGTAGTCTTATATACTGCACTTGGATGCAGCCAGCTCCCTCACTCTC
AGGGGATTGTTACCACACACTTTGGCATTCCGAACCGAGTTTATGTCTTACCTTTTCCTCATCCATTGCTTGGCCGCTTCCACTAATTGGACAGT
TTGTGCAGCCCAAGAAGAGCTGGTATCCCACCCCACCTTTAGGGGCTATCTTCCCCACCTA
(SEQ ID NO: 526)

Exon: 10081..9549
Exon: 7870..7620
Exon: 4418..4117
Exon: 2938..2508
Exon: 2376..1001
Start ATG: 9664 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT15493
ACTGAACCGGGCAACAATCTTCACTCCTCCGCTCGAAACGCCGCGATCGAACCGATCTATAACTAGCCATCTATAACTAGAGCGAGCCGAGTGTA
TTCTATCGAAACAGCCAAATTTACGATACAATATATATTTGTATATGCGTGGAAAACTTACAAGTTCTTGTTGTGTCCCATGATTGCCGTGTGAT
CCAGCGGAATTAATCGCACAAATATGAGCAGCAATATCGGCATACGCATGCTAATGATGATTATGCCTCATTTATAGTGCGCTAATTGAACGCGA
AATTGCTCGATACATTCAATATAACCAAACCATTCGCAAACAAACAACAACTCGAAGGGAAGTATCTATCATACCCCGTGTGTCAGTGTGAGAGT
GTGTGTGCCGTCGAACAGATAAACCCGATCAGCAATAATGGATATCAGCTATATCTTCGTCATCTGCCTGATGGCCCTGTGCAGCGGCGGCAGCA
GTCTCAGCCAAGTCGAGGGCAAACAGAAATCCGGAAGGGGCCGGGGCTCCATGTGGTGGGGCATTGCCAAGGTCGGCGAACCCAACAACATTACG
CCCATCATGTACATGGACCCAGCGATCCACTCTACGTTGAGAAGGAAACAGCGACGCCTGGTCAGGGACAATCCCGGTGTACTGGGAGCCCTGGT
CAAGGGCGCCAACTTGGCCATTAGCGAGTGCCAACACCAGTTCAGAAATCGCCGCTGGAACTGCTCGACGAGAAACTTCTCGAGGGGCAAAAATC
TATTCGGCAAAATCGTTGATCGAGGCTGCCGAGAGACGAGCTTCATTTACGCAATCACCAGCGCGGCGGTGACCCACTCGATTGCCAGGGCCTGC
AGTGAAGGAACGATAGAGTCCTGCACCTGCGACTACAGCCACCAGTCGAGATCTCCACAAGCGAACCACCAGGCGGGCAGTGTGGCCGGCGTGCG
GGATTGGGAGTGGGGCGGCTGCTCCGACAACATCGGATTCGGGTTCAAGTTCTCCCGGGAATTCGTCGATACCGGCGAGAGGGGTCGCAATCTGC
GCGAGAAGATGAATCTGCACAACAACGAGGCGGGTCGAGCGCACGTCCAAGCGGAGATGCGACAGGAGTGCAAATGCCATGGCATGTCCGGATCG
TGTACAGTGAAGACCTGCTGGATGCGACTGGCCAACTTCCGTGTGATTGGCGACAATCTGAAGGCCCGCTTCGATGGAGCCACCCGCGTGCAAGT
GACCAACAGTCTCCGGGCCACCAACGCTCTGGCCCCAGTTAGTCCGAATGCAGCCGGCTCGAATTCCGTGGGCTCCAACGGCCTGATTATTCCGC
AGTCTGGTCTGGTCTACGGCGAGGAGGAGGAGCGTATGCTGAACGACCATATGCCGGACATCCTGCTAGAGAACAGCCACCCGATCAGCAAGATC
CATCACCCGAACATGCCGTCGCCCAACAGTTTGCCCCAGGCTGGTCAAAGGGGCGGACGAAATGGACGTCGTCAGGGACGCAAGCATAATAGATA
TCACTTCCAACTGAACCCGCACAATCCCGAGCACAAGCCACCCGGCTCGAAGGACCTTGTCTATCTGGAGCCTTCGCCGAGCTTCTGCGAGAAGA
ACCTGCGGCAGGGCATCCTGGGAACCCATGGCCGCCAGTGCAATGAGACCTCGCTGGGCGTCGACGGCTGTGGGCTGATGTGCTGTGGGCGTGGC
TATCGGCGAGACGAGGTCGTCGTTGTGGAGCGGTGCGCCTGCACCTTCCACTGGTGCTGCGAGGTGAAGTGCAAGCTGTGTCGGACCAAAAAGGT
CATCTACACGTGTCTGTAAGGACACTGCCCGCCTCCAGCCCAGTCCCGTCCTCTGAAGCCGCCCTCTTCGTTCTTTGTATGTGTTATGTATTTTG
TCTACGCTTAGCCTTTGTTATTAGCACCTTAAGAACCTAGACTATAGCCTAGTTAAAGATACGACTAACCGCCCCTGAAGTGTACCATGCAAAAC
CCTTTAAGCTCTCACTTTTTTTTTAGCAGTATTACACAAGGAATATTAACGAATAGATTTCAAGAAGAAGTGAGGAATACAACATGTGTTTGCCC
AGTTTTTAGTCATGTAAGCCAGCTCCCAATCGAAGCAAAATATTTTGTAAATTACAAAGCCCCCATTTTTTGTACCCCTAGATAATAGTAATCGA
TTTAAAATACTTTAGTGTAGCTTAAAGTCTTCGAAGCGCGCCCCCTTTCTGCTGAATCCCTCCTCATGCTGTCGTTTAAAATCTTTTTAAATCAT
TGAAAACAAGACTGAAAATTCAAAAAGCGCGCAGCTCCTTCCTTCTCTCTAGCGAGCACTGCTTGAACTGCTTGCATACTGCTTTGGGCAGGACC
AAAACGTATGCGAAGTGGACAGTATAATAGTTCGAGAAAATCGGTAACCAGGGCTGGAAAACATTTGGAATGCAACAGTAAAAATTCCACTATTG
TTTTTCCATTTCCATGGTCATACAAAACAACAAATTCTTTTTTGTACATAAATAAGCTTAAATTAACTTTTAGTTTTAGATTAAATTCATACCAA
CCCCACGAAGTACAGAAAAAGATTTTAGTTGCTTGGAATTTATGAAATTTTGCACACGAAATATTTTTTTTTGTAAACACATTTAACTTAAACCA
CCCCATCCATGTAGGTATTACTAACTAATTAAATGCACTTAGCTGGCTAGTTAAACTAAGTATATAAATAGCTCGATATGAATATAATATTTAAT
TAATTTATACTAGCTCATAGACATTCAATTTTGTAAAGTATTAATGCGAAGGAAAACAAGAAACAAAAAAGCGAGCAGAAAAATGCGAATGCAAT
CGAAAACAAATCAATAAAAAAAAAACACAAAACGACAATGAGT
(SEQ ID NO: 527)

Start ATG: 418 (Reverse strand: CAT)

MDISYIFVICLMALCSGGSSLSQVEGKQKSGRGRGSMWWGIAKVGEPNNITPIMYMDPAIHSTLRRKQRRLVRDNPGVLGALVKGANLAISECQH
QFRNRRWNCSTRNFSRGKNLFGKIVDRGCRETSFIYAITSAAVTHSIARACSEGTIESCTCDYSHQSRSPQANHQAGSVAGVRDWEWGGCSDNIG
FGFKFSREFVDTGERGRNLREKMNLHNNEAGRAHVQAEMRQECKCHGMSGSCTVKTCWMRLANFRVIGDNLKARFDGATRVQVTNSLRATNALAP
VSPNAAGSNSVGSNGLIIPQSGLVYGEEEERMLNDHMPDILLENSHPISKIHHPNMPSPNSLPQAGQRGGRNGRRQGRKHNRYHFQLNPHNPEHK
PPGSKDLVYLEPSPSFCEKNLRQGILGTHGRQCNETSLGVDGCGLMCCGRGYRRDEVVVVERCACTFHWCCEVKCKLCRTKKVIYTCL*
(SEQ ID NO: 528)

Name: wingless
Classification: signal_transduction
Gene Symbol: wg
FlyBase ID: FBgn0004009

Celera Sequence No. : 142000013384554
TTATTAATTTTGTTTTTACCTTTGACATTCGTTGGCTTAAATCCAAAGCGTTTTAACCCTCCGCTTTTAGCCAAGTTGAAGGTTTCGTTGAAGAT
TAAAAACAAACTTGCTTGGAGTCCAACCATTTGTTATTCCCTTACTGCGAACATAACAAAAACTATTCATATTTCGATATGATGGACTAAAATAT
TCAGATTAAAAGCGACTAACAATGGTGAAATGGTCGATACTATGCCCTGATATTTAATCAGGGTCTATTGTATTTTTGGTTCTACACTGTACTTT
TAATTTGCGCAAATAATTGATTATTCAGCAATTTTCTTACCAATTTGAATGTTTGAATGTTTTGAATGTTCTTTGAATGTTTTACGTAGGCCTTT
ATGTAAACTGCCTGCTTATTCAATGTCATTTACAAACAGCCGCGTTTGAAGCTAAAATTACTTCGTTAGTCAATCTTCTGTTTATGTTTTTTTAA
AGCTAAGCCATATTTTTTAAAGTGCTTGAATTACTTCTGGGTGGGGGATAATCAAAATAGATATCGAGATCAGCTTGGTAACAACAAATGTTTAT
AAATAAGTCGAGCTACTTCCAGTTTATGTTGGAGTAGAATGTACATATATCTGCCACGTGCTCGGATCGATTTACAAAAAAAACGTTGACCAATGT
GCAAGGCCAAGAAACTCCAAGAATCGGCCACTTGTTGCTCTTTTTGTTCTCTGCTCCCCCGTCTACCACGGTTTCTCTCCTCTTCTCTCTTTCTC
GGTATTCTCTCTGTACATTTCACAAGAGCCGCCGGAGTTTAAGTCTTCAAGTGGCGCTCCATTCGCTTCATGTAGCGATGCCGGCCGGTACAAAA
AATAAGCATAAAATGGAATAATTATAAGGGGAAGCAGAACAAGCAAAGAGTGTACACCGAAAGAAAATGCATAAATTCTGAACTTTAAAGAACCC
TTTTTTTTAATGTCATATATAGCACGCCAAAAAGTATGCCACACTCGATTTTATCCCGGTACTTTAGTCACTTTAAGCATGAGTTTTAGTGGAAC
TTTTATTACAGTGTAAGCAGAGGCGAGTTGTAGAGGAAAGTAAAAGGTTTCTGCCGACAAAAAAGAGCACGGAGCATGGGGAGAAAAGGGAAAGA
GCTCTGCAGTCTGGAAATCGTATGACGATGTGGAATGTTGGGACATGGAAATGGAAGTGCAGTTTACTGGCATTGCCAGACGCTTTGGCTTTCGG
CTGGCAACAAAATTCACATAAATAAAACTTGAGCCGAGTCAGTCGGAGTCGGAGCCTTAGCTAAAATCGGAGTCGGACTGGAAATCGGGGTATGC
ATACGTATGTACACATGGCTGGTGGCATGATCGCCAGAAATGAGAGAGTTGGAGTTGGAGCCACCAACTATAAACACCGCATCCCCTTACACTCG
GAGAAATCGAAGAAGATCCGACAAAGTCGAACCATGATTACGAGCCTTAAGTGTTTACAACTCTCAATTAAGGCTGCAAAGTATATTGTGATTTA
AATTATTTTTCAGTTTAAATTTTGATTATTCTGCACTTTAGTTTTGAATTTTATATTCATAGCTTTTTAATAGATATTTAAAATACGGCAACTCT
TACAAAAATGATTAGTTTTGATATGATGGAAAGCTTAATTTGTGACGTGATGTTAATAGTTGACTAATTCTAATAATTCGCCGGCAATATGTATG
AATGTTTAAGCCTTTCATGAATCATAAAAATAAATACAAGTTGATAAAAAGAGTGACTAAAAGATTTATAACTACAAATACCTCTAGCATTTAGA
ACTTCTAGGAATAAACCATTTTTATGGGCTTGTAAAAACTTACATATGTCCAAAGGAGTGCCGATTTTTCCTGACACATTCAAGAACTTTAAAGG
ATTTCCGTTTAGCACCGAATTAATGGAACTGCCAAAGTGTCCCATCCCGATTCCCATGCCAGATCCTGTACCAGGACTAATGCTGTTGGCTGCCG
CAGGAGCCAGATGCTTCAGCTGATCGAGGGTGGGTCCCAGAGTACTGGCTTTCAGACGCTCTAGCAGCGCCGATCCGCTCAGATTGTGCATTATC
TCGCTGGCAGTGGGCGTGGCAGCGGTCACATGGGCGGCATTTACCGCCGCCGCATTGCAGAATTTGCTGATGCTCAGTATGCAGGTGATGAAGAG
CAGGTGGAACGATGAGGTGAAGCTGAAGCTGATTAGCTGCTGCACTTTGCTCTGGTAATGTGTGCTGGCGCTGTAGAAGAAGCCACTGGTTTTGG
ACGGTTCTCTACAGCCACTGCTGCTGCTGCTGCTTCTGCTGTTGGCACTTTCATTTGTTGTTAACTCTGACTGGGTGGTGGTTTGAAAATATTCC
GTGAAATGCGGCATGCAGGTTGTGGCCATCTTTTGCAGCTGCTAGAATATATATACGGTAGAAATTGCACTTTAGGCTCAGTGGGTCACACACGC
TTTTCACTCTGGTTCGATTTGCCAACTTATTTATACACGTCCATTAAATAATAAGTTTAGGCGAATACACGCAACGTTTGCCAAAAAAACGTTCA
CAAAAGTGAGAGAATGAATCGACTGTATCGGGATGAGAGTGTAAGGCATAGGTACGATAAACATGCGGAAAAGGCGATGAAGGGAAAAAGAAACA
TACGATGTTGCGAAAAAACAGCATAAGAGCACAGAAAACACGAAATACACACATAAAACTGCAAGCTAAGGGCGACGCCTTTGGTCAAAGCGAGG
GTTAGCCCCTTATGCTGTCCCTCTCACTCATTTTAAAACATTAAAATAATTTTTTATTTGGATATATCTGCTATCAGCGGTATAACGGTTGATAA
GCCAGGTAAGCCTGGTAAGTCATGCGCAGCCACTACCCATTGACACCATTATTCCAGCTCGGAATGGGTTCTGGTTGTTCAAATCTTGTATTTAC
TTTATTGAATGGCAAAACACATGTTGGACTAAAATTTATGCTGTTTTTTCACATGACATATTGACGTAACGTTCGGCCAAAATAGATTCATACAT
TTTTTTTTAATTAACACTTATTTCCGCTCGACAAATGCGATGAGCTGGCCTTAAAGCCCCGGCTTGAACTTTTTTTTATTTGCTTTGAACTTTTG
CTTTCCGAAACTTTTTTCGCATTCCGAAATTTCTCGGTTTAACGGTGAAGTTATATCCAAAGCATGGGGCGTATGAGCGATAAGCGACCAGCGAC
GACCTAGCGACACGCACTGCGAGTACAAACTGCCGGAATATCGCTTCCGAAGTGAGCGGACCAATGGAACCGTCTTAGAAACTTCGGCAGTGCTC
GTCTTTCGTTCGGCAACGAACCGACGATCGCCACGCGTACCATATCACACCTGCGAAGAGAAAAGAGAGTGTCGACGTCATCATCGGGGGGAGCC
CCAAAGCGTTGAAAATCAAAAGCCTCGATCTCCAACACAAAGAGAAGACAAAGCTACCAGTGCGCAAATAAGCTGACATTGAATCAGAGCTAACA
GGTGGTTCTCTCTTCGGCCGCTCTCTTAGAACGTGTATCAATCTATTTTGGAGGTGTGTTCCACTATTTGTCGTTTCGGCATCCAATTAGTGAGG
TAGCAATTTCTAAAATTACAGGTCTAAATTGTTTGTTGGCCCGGGTCAATCAGTCAAGGCTTCGATTGAAACTAGTAATGGGCTTTGTAGCATAG
ACACACGTAAATCACAATTGGTCAATAAATGTTAAACCATTTACTGTAGCGGAAATTGATCTATTGACAGCACCTGTACCTCTGCATTTCAATTC
ATAACATGGTTTCCATTTGAATAACAAAGATGCTTGAGAAACACGATGGGCTTTTAGCAAGTCTGGATATCATCAAAGTGTAAAATCATCAAGCT
TTGATGAATTATTCCCCTTCGGTACATTTCCAATTGAGATTTCTTCAAGGAACAGAAATATATGTGCATTTTTAACAGCTGTGCATCTGAAGATG
AAACGAAATGCTACAAATTCAGCAAAAAATTGTAAATTGGACAATGTTGGAAATAAAAACTGGAAAAATAGCTGGCAACTTACCACTCACACTTT
GAAATCAATCAAATTAAAATCCCATCCACAAAGTCATGTAATTATATCACAGGAGTACGCTACACATAAGTATGTTCTGAGTTTATTATTCATCA
TATTTTCTTTTTAGTGGGGAAACATATACATATGTATGTACACTTAACAAATACAGT
(SEQ ID NO: 529)

Exon: 3237..3039
Exon: 2404..1849
Exon: 1020..1001
Start ATG: 2404 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT15529
CTAGGTCGTCGCTGGTCGCTTATCGCTCATACGCCCCATGCTTTGGATATAACTTCACCGTTAAACCGAGAAATTTCGGAATGCGAAAAAAGTTT
CGGAAAGCAAAAGTTCAAAGCAAATAAAAAAAAGTTCAAGCCGGGGCTTTAAGGCCAGCTCATCGCATTTGTCGAGCGGAAATAAGTGTTAATTA
AAAAAAAATATGGCCACAACCTGCATGCCGCATTTCACGGAATATTTTCAAACCACCACCCAGTCAGAGTTAACAACAAATGAAAGTGCCAACAG
CAGAAGCAGCAGCAGCAGCAGTGGCTGTAGAGAACCGTCCAAAACCAGTGGCTTCTTCTACAGCGCCAGCACACATTACCAGAGCAAAGTGCAGC
AGCTAATCAGCTTCAGCTTCACCTCATCGTTCCACCTGCTCTTCATCACCTGCATACTGAGCATCAGCAAATTCTGCAATGCGGCGGCGGTAAAT
GCCGCCCATGTGACCGCTGCCACGCCCACTGCCAGCGAGATAATGCACAATCTGAGCGGATCGGCGCTGCTAGAGCGTCTGAAAGCCAGTACTCT
GGGACCCACCCTCGATCAGCTGAAGCATCTGGCTCCTGCGGCAGCCAACAGCATTAGTCCTGGTACAGGATCTGGCATGGGAATCGGGATGGGAC
ACTTTGGCAGTTCCATTAATTCGGTGCTAAACGGAAATCCTTTAAAGTTCTTGAATGTGTCAGGAAAAATCGGCACTCCTTTGGACATATTGACT
AAAGTACCGGGATAA
(SEQ ID NO: 530)

Start ATG: 200 (Reverse strand: CAT)

MATTCMPHFTEYFQTTTQSELTTNESANSRSSSSSSGCREPSKTSGFFYSASTHYQSKVQQLISFSFTSSFHLLFITCILSISKFCNAAAVNAAH
VTAATPTASEIMHNLSGSALLERLKASTLGPTLDQLKHLAPAAANSISPGTGSGMGIGMGHFGSSINSVLNGNPLKFLNVSGKIGTPLDILTKVP
G*
(SEQ ID NO: 531)

Celera Sequence No. : 142000013384153
CATCAGTACGCACCAAGAATTCGCAATGATTAACAAAACGGTAGACACCGAGATCTACAATCACAAATATGATAACATAGTTACAGTACACAACA
CTTTCTTCGTAAAAAAACCATTTGTTGTAGTTGCTATCGAATAGTCGAAGTGAGAACTGACTGCTAAATGGCTGAAATAATTGTGACAAATACTA
CCCAGTCTTCAAATTGAAACGCGGAAATGGAACAAAATGTGATGTTGCACTTTTACTTTGCTCTTAAAAAAGTTTTTTACTGTAAATAAAATACA
TGTACTGGAATTTTTGTGTAAAATCGACATCGAATTAATTCGATTCCATCAAACACAGCTGACGCAAACATCTGTTAATCTCTTATACAAAGTAA
AGGAGAGTTGTATACCTTTAAAAAACTTTAAAACATTTTTTTTATTATGGTATCTTTTTCTAGCTTTTTAGTAGCACACAAGGACGAGGTCCGTG
ATATAAAAATTTTGTTAAAGAGAAGAAGAAGCATTAAATAGTTAAGTGGAAGATAATATATAAAAAAAGTATCCCTCTGTATCCCTCTTTCATCA
AACCTCTTCACGCAACGACGACAATTGTGGTGAACATTTCGTTGCAACCCATCACAAGCAATAAATCAACTGATGACAAGTATACACACATGTTG
ATCCGCAGGCCTGTGCAAAAGTTCGTCAAACATCGATGAGGTGCCACGTGGAACTTACATTTTGCTACGTTGAGATCAAACTTTTTTTTTATTTC
TTTCCGGGCACTAATAAGTGTTTCAATTTATGGACGTTTTGTAAAAATTGCAATAAATTTGTTTATTTACTCGCACATCAAAAAGCAGTTCGTAT
GAGAATGAGAACGTGTTAAAAATTTGGTTGAAATAAAAATGTCGTGTTTCATTTCCATCGTTTCAGTAGCAATAAAAAACGAATCCGATGGCGTA
GATATCGATATACCTGCATTCCCTTTCAAACGTGTTATCGTATTGTTCAGCCAATTGTGCAACGTGTTTGAGTAAATCTGCGGGCGAAAGACTAA
AAATGAAAGTAGAGGCATTGGACAAATTCTGGGCTGACAAGAGCCGCTACGATCTTGCCGAGAAGCGATTCTACGAGGGTCCCCAGAAGGTAAAA
TCTCTAAGCAATCACAGCCATAAGTACTTAAGTTGTTAGCCAGTTTCACGTGGCCGGTAAATCAGTTCAAATGGTTTCGGCAATGTTTATTGCAA
ATCTGTTTGTTTTAACAGCAAGGACGCCGAAACACACATGTTCTAAACTTCAATACATACGTAGAATGATCTATTAAAAGATTTCTATATTTATC
TGCCTTTGATTTTCAATTGCTGTGTTCATATTGCACATTACATTGGTATATTCTTGTAGCTGTATGTAACAGGTGAACGTTTAACACTTTTAAAA
AATATAACTATGTGCGTAAAGTGTATACAAAACAGAGTGTGAGAGAAAACTAACTCTGGCAAGCCAAATTTTGAATACACTTTCCGTTTGGCAAT
TGGTATAAATACAAAATATAGTATGCAAAACATAAGTACTTAACATGACACCTACACAACAAAATTCGTTTATTCAATGGAAATGTGCCAAAAAC
AAATCGATGTATACAAAGTTAAAACCTATTGAAATTCAGGGAAATACTATAGTTAAGTAAAGGTTTAAACACGTTGTATTCTATCTACACAAATA
TACTACACAAAATGCATAGCACTGCATTGTATAATATTTAAACTACGTACAATTTTTGGGCTGATTAGAGTGAGGCTTATCAGTATTTCAGCATG
CTTGCATGACAACAGACTTGAAGTAGATGCCCGTACATAAAACATCTCATTTTGCTTAAAAATTATTATCCCTAGAATCCTTTGTCAACCATTCG
ATACACCAAATGTCAGTTCACACAAGTAATCAATGGTGTTGTCTTATTTTTAAAGGTAACTGATCGCAGCCACTACAGCCCATTAGTAAGCGAAA
TCGCAAAGGCTAGGGAACACATACAGAACTCGCTGGAAAAGGTAACTATTGTGATAAATCTTTGTATTTCAACATTTGATTTGTTCACATTCCTA
GGTTTCTTTCGGTTTCTTTAAAACTTTGTAGAGAATTGTATAATTATTATTTACAATATATTTAGTCTGTACTTATGATCAACATATCCCAATGA
GGACTTGAATTTGAATTATTAATCAAGCCTTTTGTGTGTGTTCCAGATCGATGGCGTTACTCTGGACGATGGCTTAAATTCCGAGCTGGCCAAGC
GTCTGGCCCAATTGGAGGGTGAACACAAGGAGTTGAAGACCCAGGTTTCCTTGTTGAACGAACTTTTGACTGCCACAGTGAAGCGCTTGGAAACT
CAGCTGAAATTGACGAATGGAGTGTCGAAAGAGCCCGAGGTCGAAGCGAAAAAACCAGAAGCGAACGACGACGATGACGATGTGGATCTATTTGG
ATCGGACAGCGAGGAGGAGGATGGAGAGGCCGCCCGCATAAGGGAGGAAAGGCTGGCAGCCTATGCTGCCAAGAAGGCCAAGAAAGTTCAAATTA
TTGCCAAGTCGAACATCATTCTGGATGTTAAGCCGTGGGACGATGAGACCGATCTGAAGGTTATGGAGACGGAAATCCGCAAAATCACCCAGGAC
GGTCTACTGTGGGGAGCTTCCAAATTCGTGCCAGTTGCCTTTGGCATTCAGAAACTGAGCATTTCATGCGTGGTTGAGGATGATAAGGTTTCCAT
CGATTGGCTGACTGAGGAGATCGAGAAACTGGAAGACTTTGTCCAAAGTGTTGACATCGCTGCGTTCAACAAAATCTAAGGGGTAACATATAATT
TTTCAATTCACGATCGGATTTGCCGCATTACAAATGTGTTTGGGAGTCGTCTAAATAAATATTTTGATAAAAACCAACTTAAAAAACTGCATTTA
AACTGGGAGTAATTGGTAAATAGTTTACTTTAGGATATTTTTTATGCAAACGATATGTTTTGAATTCGCTAAAAGGCCATATTATTTCAAAATTT
ATAAGAAAAGAAGATATATATTAGTTTAAGTCATGTATTCGCCATTCTTTGATTAATTAAATTCATTTACGCACGAGTATAAAAACAATGCAAAT
TACCTATTAAATAAATATTCCAGGTCACAGCTAAATTATGCACATATTAATAATGATTAAACTGAGGGACTAGTTTCATAAGGCTCTACAAATTA
TAAATAGTTAATCATAAGTTATTTAACCATCCTAAAGCATAACTTCGTTTTCGGGTCTCGTCGACGTTTGGCGCTTAAACTCACAGCTGCCAGGA
GAATGTCGAAGAGTGGTCATCGCGGTGCTGGTTGGAGCATAGGATTTGGTCACGCCAGCGCGGGTTCTAGTCGATGCAGTGCTCGGATTTGATTG
CAGACCTTAAAGATTAAATAAATACAAATTACATGTAGTATATTCAACTAACTGCCAGTTAATTGATGCCACTGAAACTTACCAAACTTAAACAT
AATTTCGTTATAAATTCTGCGCTTAAACACAAATATAATGAAGACAAAGATTCCAAGTAGCACATTAAACGAATCGCTGATGGTCCAAAAGAACG
TTTTCTTGTGATCATAAAACAAAATGCTAACTATTTCCAACAGCCATGTGATGCCCATTACGAAACACAGTTTCGTGTTCATAACGAATCTGGTT
TTGTCCTGAAAGAATCGCCTTTTCAAAACTGGCTTGTCGCTGTTCAAGCTCTGCATTTTGTATATTTCATTTTTTACTTTGTTGCAATACTTCAT
TGTGAGCACGAATAGAACTAAGTTTATAATGAAAAGTATGCCAACTGGACCCGAAAAGAACAATAAGCTGGCTGAACCAAAAGAATCATCTGGAA
TTAATACAAAAATATACAAATACTTTAATATTTAAATCGTAATTTAATTAGATTTTTAACTTACA
(SEQ ID NO: 532)

Exon: 1001..1134
Exon: 1956..2036
Exon: 2232..2960
Start ATG: 1048

Transcript No. : CT15788
CCAATTGTGCAACGTGTTTGAGTAAATCTGCGGGCGAAAGACTAAAAATGAAAGTAGAGGCATTGGACAAATTCTGGGCTGACAAGAGCCGCTAC
GATCTTGCCGAGAAGCGATTCTACGAGGGTCCCCAGAAGGTAACTGATCGCAGCCACTACAGCCCATTAGTAAGCGAAATCGCAAAGGCTAGGGA
ACACATACAGAACTCGCTGGAAAAGATCGATGGCGTTACTCTGGACGATGGCTTAAATTCCGAGCTGGCCAAGCGTCTGGCCCAATTGGAGGGTG
AACACAAGGAGTTGAAGACCCAGGTTTCCTTGTTGAACGAACTTTTGACTGCCACAGTGAAGCGCTTGGAAACTCAGCTGAAATTGACGAATGGA
GTGTCGAAAGAGCCCGAGGTCGAAGCGAAAAAACCAGAAGCGAACGACGACGATGTGGATCTATTTGGATCGGACAGCGAGGAGGAGGA
TGGAGAGGCCGCCCGCATAAGGGAGGAAAGGCTGGCAGCCTATGCTGCCAAGAAGGCCAAGAAAGTTCAAATTATTGCCAAGTCGAACATCATTC
TGGATGTTAAGCCGTGGGACGATGAGACCGATCTGAAGGTTATGGAGACGGAAATCCGCAAAATCACCCAGGACGGTCTACTGTGGGGAGCTTCC
AAATTCGTGCCAGTTGCCTTTGGCATTCAGAAACTGAGCATTTCATGCGTGGTTGAGGATGATAAGGTTTCCATCGATTGGCTGACTGAGGAGAT
CGAGAAACTGGAAGACTTTGTCCAAAGTGTTGACATCGCTGCGTTCAACAAAATCTAAGGGGTAACATATAATTTTTCAATTCACGATCGGATTT
GCCGCATTACAAATGTGTTTGGGAGTCGTCTAAATAAATATTTTGATAAAAACCAACTTAAAAAACTGCATTTAAACTGGGAGTAATTG
(SEQ ID NO: 533)

Start ATG: 48

MKVEALDKFWADKSRYDLAEKRFYEGPQKVTDRSHYSPLVSEIAKAREHIQNSLEKIDGVTLDDGLNSELAKRLAQLEGEHKELKTQVSLLNELL
TATVKRLETQLKLTNGVSKEPEVEAKKPEANDDDDDVDLFGSDSEEEDGEAARIREERLAAYAAKKAKKVQIIAKSNIILDVKPWDDETDLKVME
TEIRKITQDGLLWGASKFVPVAFGIQKLSISCVVEDDKVSIDWLTEEIEKLEDFVQSVDIAAFNKI*

(SEQ ID NO: 534)

Classification: translation_factor

Celera Sequence No. : 142000013384153
GGTGAGGTAAGCAATGGATCCTTTAATCGTCTAAGTACTCTACGCACCATAAATCACCTGGAAAATGTCAACGATACGCAAGTATTTATCTTTTC
AATTAACTTAAGTCTAGTTATTAGCTGACTTTTTTCCATATATTCTTTCATGACACAAACTAAAATCGCAAACATAAATGTCATTTTTATAATAT
ACAAATCTCCTCTATCGCAAGTACTATTTATTTATTCTAATACAAATATATTAATTTTGTCATTCTCCAATCGGAATAAGTATAAATAAAGTATA
AATCCATTGGTTAAGAAAAGAAAAATCAAAAAAATAATTTTTATTCATTTTAATGTTATTAGTTAGTTTCTAATGTGATCTTTCATTAAATATTT
AATACTTATAAATTATAAATGAAAAGATATTCATAAAAATCGCAGACAATCAAATTAAAGCTTAACTCAGATGTTCTTCTTTCATACACGTTCGA
AATCTTCCTGTCGTTCCTAAGTCCCGTTCACACAGGCAGCTGCTTCATCTGAAATGCAGTTCATATATTGTTTTTGTTATAATTAAACGGTGATT
TTAACCCGGCCGGAGTGGAGTTGCTCATTGGAAATGCTTTTCTAAATTAATTTAAATTTAAAATAACGGCAACAGCAGCTAACACAACAAAAATG
TGAAATATTTGGGTATACATATACACCTACAGGATTTATAAGAGGAAAATTTAAATGCCGATTTTTTTTAAATAAAATAATTCTTGCCTAAATAT
GTGGACTAATTTTAAAACGTTCATTTGTTTTTGTTAAGCCATGTATAAATTTCTACAATATTATTGTTCGTCATTTTGAACTTGCAAAATTTGTT
TCATTCCAACGTTCCAAATCAGGGCAATACATATTTATTATCTACACCGAGTGAAAATATTTTCCGAGTCATCAGAAATTTGTATTATTGATAGC
ATGTTGTAAGGCGACTCGACTATTTTGAAGCTAAGTGAAATTTTATATTGAAACGCAAAGTTGAATACGTGAGCAGTATATGAAAATCGGTGAAT
ACAGTGACTTCATTAGTCAGCCGAAAGCAAAAGAGAGCGAAATACATTTTTTAAACAAACTAAACTAAAATTTCACTGTGAATAATGATGACTGA
AAAGTTAAATTCTGGGCACACTAATTTAACAAGCAAGGGGTTTGTATATTTTATATTTATTTATATTTTTTTTTTCACAAGAGGACCCAAGCTTG
GTGTCCCAACAAACATAATATGCATGCGTATTCATCAGCCCATATTTATGATTAGATGCCGAAAAGACAAGCCGTTTTATAGTTTAGAACGTCAA
TTTTTGCAAATGATTGAGCATGTAAAAGCCGAAGATCTGTATTTTAGCAACATCATGTAGTTAGGCTGTTTTCACTCAACAACTAAACCTGCAGA
ACATGTTATCTAATGAAAAAAACCAAACAATGTGATTCCCGTATTTATATTACTTTATTGTATGTAGTAGCGGAACATGTGTACATATGTATAAA
AGAGTTATCTACATATGTAGTTGCACTCGTGGACTTATTTACCGCTAAAAATGTTGCTAAATATAATTGCACTGACTTAAATCATTTAGAAACTA
ACACTGTATTTAGGTAAAACTTCTATTGGGTGATTCTCAACTTTTGAGATCAGAACAAAACAGGTATTTTTTTTTTTGCATTTCAGCGCCATGAAC
AGTTATTCGTGGGCTGCCATTTTAAAATTTGGAGTAGCGTTTCTTTTTCTCTCCTCCATAAATGTGCGAAAGAGAAAAAATGTTGAGTTCAATCG
CTTTTAGATTGTTCAGTTCTTAAATATTCAAGACATTATCCATCTTTGTTTACGATTTAAAATCAATATTAACATTATTATTAATATACATTAAT
ACATGGCTTAGACTTTAGCTTAAAATGCACTTTACATAAAAGAACTCATTTACAAAATTTTAAAAATCAAAAATTTTTAATATATATATATGCTT
ATATATGCCATCCATATATATATGGATGTGAATGACCTACATATATCGTAATACTTTAATTACCATTTTATTTTTTTTCTTTTCATCCAGGATTA
TAAATGATCTTCAAATTGCTGGAAACACAAGTGACGATATGGGCTGGAAATCAAAGCTGAAGCTGCCGCCAAAGGACAACCGATTCAAAACAACT
GTGAGTTTGCCGACAAATCAATCGGAATTTATACAATTTAAAGCACAAACAAACTAACAAATAAATGTATTGCCATTGCCTTACTCAGGATGTGA
CCGATACGCGAGGCAATGAATTCGAGGAGTTTTGCCTTAAAAGAGAACTGCTTATGGGTATATTCGAGAAGGGATGGGAGCGCCCTTCGCCAATT
CAGGAAGCAGCTATTCCTATAGCATTAAGTGGAAAAGATGTGCTGGCTCGGGCCAAGAACGGCACAGGCAAGACAGGAGCCTACTGCATCCCAGT
TTTAGAACAAATCGACCCAACCAAGGACTACATTCAGGCACTTGTGATGGTCCCCACCCGAGAGTTGGCGCTACAAACCTCACAGATATGTATTG
AGCTGGCGAAACATCTTGATATCCGGGTAATGGTCACAACGGGAGGTACCATTCTAAAGGATGACATTCTTCGTATTTATCAAAAAGGTGGGTTT
TGATGATAGTTAAATAACCTAATATCGGTTTAATTGCAACTTTCTAAATTTTCCCTACGCCTGCAGTACAATTAATTATTGCCACTCCCGGACGA
ATATTAGATCTGATGGATAAGAAAGTTGCCGATATGTCGCATTGCAGAATATTAGTTTTGGATGAGGCCGATAAGCTATTGTCGCTTGATTTTCA
AGGCATGCTGGATCATGTTATACTAAAGTTACCAAAGGATCCACAGATCTTGCTATTTTCCGCAACATTTCCACTAACAGTCAAGAATTTCATGG
AGAAGCATTTACGCGAGCCTTACGAGATCAACCTGATGGAGGAGCTAACACTGAAGGGTGTCACTCAGTACTATGCATTCGTACAGGAGCGCCAG
AAAGTACACTGCTTGAATACGCTCTTTTCGAAGCTGCAGATCAATCAGTCTATCATATTCTGCAATTCCACGCAACGTGTCGAGCTATTGGCCAA
AAAGATCACAGAGCTTGGATATTGCTGTTACTATATACACGCTAAGATGGCCCAGGCACACAGAAATCGAGTATTCCACGATTTCCGCCAAGGAC
TCTGTCGCAATCTGGTGTGCTCCGACCTGTTCACCCGTGGTATCGACGTGCAGGCCGTGAATGTAGTAATCAATTTCGATTTCCCACGAATGGCA
GAGACATACTTGCATCGAATTGGTCGCTCAGGACGTTTCGGTCATTTGGGTGAGTTTAATTGCATTCTCATATTATAGTTTAGCCTATTTACAAT
CTTCGTTTCTCATTTTAAGGTATTGCTATTAATCTGATAACCTACGAGGATCGGTTTGATCTGCATCGGATTGAAAAAGAACTTGGAACCGAAAT
AAAGCCTATTCCGAAGGTCATAGACCCCGCCCTTTATGTCGCAAACGTTGGCGCATCCGTTGGCGATACTTGCAACAACAGTGATCTGAATAATT
CTGCGAACGAGGAGGGCAACGTTAGCAAATAAAACGGATATGCCCTGTGTAACGCTAGTATCTGAAATAGAGTCTAAATCGTGGAATCAATAAAA
ACAGATGAACTATTTCAGAAATCAAAATTGTATTAAATAAATGGAAAGCAATTCAATTTTTAAATGCGCTCTTAAGATAACTGAAATGACTGGTC
TATAAAAAAAAAGGCTCGTTCACTTTGTGGGTTTTGGTGCTGAGAAGTATTAACATTAACTATTGGGGATTTGGTAAGGAAAGTTAGTCGAATGCT
ATTAAAAGGCAGGCTAAGGTCGTTTAATATCAATCCAGTTTTTAGTAAAGGGTTTAAATCAAATAAAAGGTCTAAAAGTAATTACAGGATTTTCG
GACAAGAGAAGTACACTTGGATCAAGCTAAATCCTAGATTTACTTACATGGAAGAATTACCATTGGCAATTACCCGATTTACTAGATTCCAAAAA
AAAAGTACAAAGGGATCATTATAATTTAAATAAAATTTATTTATTAGCATCCAAAATTGTAAGCTTTGCTTGTCAGAATATTTACAATAAATGTA
CAATATTAAACAAATCATATATATAGGATAGGGTCATAAATTTCAAAACTTTACGTATTAAATATGTTCGATGAGGAGGAAGAGGAGTCGGATTG
GTCAAAGTCGATTTTCGCATAGGTATTCCCATCCTCCGGGCATGCGGACACCGGCGGCGATTCGCGTGATCCTCTCTTCAGGTATTTAGCTGGAT
TTTGGCCACTGCAATGGGGAAGATCTAGGCTGGCGTAGTGCAGCTCCGGCTGGGATATGCGAGACGACGACCTTGAGGGGAAATTCAAATCTTTA
ATCTGTAGAATGTTCTGTGGTGTACTTGGATCTGTGCCAGTGCTACGCGAATCGGCGGCGGCGGCTGGCTTTGCTGAATTTATATTGAATTTGGT
GAGTGAGCTGCTGCTCACCGCGGTGGCGGTGGCATTATCGGGAATCGTATTCACACTCTCTGTAAGTCTCTGCGAACGCTCCAAGTTATCCTTGT
GTATACCCTTTTGGTATAGCTTCGATGAGATGAGTGAGCTGTCGCTTTTAATTTGCAGAATTTTGTAGCCGGCTTCGTTAAATTTTGTGAAATCA
TTCGATTTGTCCTTGATTT
(SEQ ID NO: 535)

Exon: 1001..1179
Exon: 2086..2185
Exon: 2274..2652
Exon: 2727..3374
Exon: 3440..3769
Start ATG: 1133

Transcript No. : CT15802
AAACGCAAAGTTGAATACGTGAGCAGTATATGAAAATCGGTGAATACAGTGACTTCATTAGTCAGCCGAAAGCAAAAGAGAGCGAAATACATTTT
TTAAACAAACTAAACTAAAATTTCACTGTGAATAATGATGACTGAAAAGTTAAATTCTGGGCACACTAATTTAACAAGCAAGGGGATTATAAATG
ATCTTCAAATTGCTGGAAACACAAGTGACGATATGGGCTGGAAATCAAAGCTGAAGCTGCCGCCAAAGGACAACCGATTCAAAACAACTGATGTG
ACCGATACGCGAGGCAATGAATTCGAGGAGTTTTGCCTTAAAAGAGAACTGCTTATGGGTATATTCGAGAAGGGATGGGAGCGCCCTTCGCCAAT

TCAGGAAGCAGCTATTCCTATAGCATTAAGTGGAAAAGATGTGCTGGCTCGGGCCAAGAACGGCACAGGCAAGACAGGAGCCTACTGCATCCCAG
TTTTAGAACAAATCGACCCAACCAAGGACTACATTCAGGCACTTGTGATGGTCCCCACCCGAGAGTTGGCGCTACAAACCTCACAGATATGTATT
GAGCTGGCGAAACATCTTGATATCCGGGTAATGGTCACAACGGGAGGTACCATTCTAAAGGATGACATTCTTCGTATTTATCAAAAAGTACAATT
AATTATTGCCACTCCCGGACGAATATTAGATCTGATGGATAAGAAAGTTGCCGATATGTCGCATTGCAGAATATTAGTTTTGGATGAGGCCGATA
AGCTATTGTCGCTTGATTTTCAAGGCATGCTGGATCATGTTATACTAAAGTTACCAAAGGATCCACAGATCTTGCTATTTTCCGCAACATTTCCA
CTAACAGTCAAGAATTTCATGGAGAAGCATTTACGCGAGCCTTACGAGATCAACCTGATGGAGGAGCTAACACTGAAGGGTGTCACTCAGTACTA
TGCATTCGTACAGGAGCGCCAGAAAGTACACTGCTTGAATACGCTCTTTTCGAAGCTGCAGATCAATCAGTCTATCATATTCTGCAATTCCACGC
AACGTGTCGAGCTATTGGCCAAAAAGATCACAGAGCTTGGATATTGCTGTTACTATATACACGCTAAGATGGCCCAGGCACACAGAAATCGAGTA
TTCCACGATTTCCGCCAAGGACTCTGTCGCAATCTGGTGTGCTCCGACCTGTTCACCCGTGGTATCGACGTGCAGGCCGTGAATGTAGTAATCAA
TTTCGATTTCCCACGAATGGCAGAGACATACTTGCATCGAATTGGTCGCTCAGGACGTTTCGGTCATTTGGGTATTGCTATTAATCTGATAACCT
ACGAGGATCGGTTTGATCTGCATCGGATTGAAAAAGAACTTGGAACCGAAATAAAGCCTATTCCGAAGGTCATAGACCCCGCCCTTTATGTCGCA
AACGTTGGCGCATCCGTTGGCGATACTTGCAACAACAGTGATCTGAATAATTCTGCGAACGAGGAGGGCAACGTTAGCAAATAAAACGGATATGC
CCTGTGTAACGCTAGTATCTGAAATAGAGTCTAAATCGTGGAATCAATAAAAACAGATGAACTATTTCAGAAATCAAAATTGTATTAAATAAATG
GAAAGCAATTCAATTTTTAAA
(SEQ ID NO: 536)

Start ATG: 133

MTEKLNSGHTNLTSKGIINDLQIAGNTSDDMGWKSKLKLPPKDNRFKTTDVTDTRGNEFEEFCLKRELLMGIFEKGWERPSPIQEAAIPIALSGK
DVLARAKNGTGKTGAYCIPVLEQIDPTKDYIQALVMVPTRELALQTSQICIELAKHLDIRVMVTTGGTILKDDILRIYQKVQLIIATPGRILDLM
DKKVADMSHCRILVLDEADKLLSLDFQGMLDHVILKLPKDPQILLFSATFPLTVKNFMEKHLREPYEINLMEELTLKGVTQYYAFVQERQKVHCL
NTLFSKLQINQSIIFCNSTQRVELLAKKITELGYCCYYIHAKMAQAHRNRVFHDFRQGLCRNLVCSDLFTRGIDVQAVNVVINFDFPRMAETYLH
RIGRSGRFGHLGIAINLITYEDRFDLHRIEKELGTEIKPIPKVIDPALYVANVGASVGDTCNNSDLNNSANEEGNVSK*
(SEQ ID NO: 537)

Name: DEAD-box helicase
Classification: RNA_binding
Gene Symbol: me31B
FlyBase ID: FBgn0004419

Celera Sequence No. : 142000013384326
ATCACCAAGAGCAGTGCCTACGGAGCCTGCTACCTGGGTGCGGATAGTGCGGACTTCGATCTTCCGAGAAACTATGCCGACAACGTCACAGTACT
GTACACGTACACCGATCCTCGAAAGAAAGCCAAAGCCACCAACGGCTGTAACTGTTAGATAAATTGTGTTTGACAACCCATTCCGCAATACACTT
CCCAATTGCCAAATTCGCAATCAATATTCCAGTTAGTGGTACGGATAGGTAGTATTATAGCTTATCAAAAAATAAATAATTTTATCCTTTGACGA
AATCCGCTGGAAAGTAAAGAAGTTTCCCTTTCAATCTTGCATCAAACTCACCTACATATACTTTCTAAACTTTTTTTGTTGGGTTTGTTAGAAAT
ACGTATGAAAATTTTATTCGATAATGTTCATTGTATTAATTGTATGTGTCTCAATTGTTGGCTGTCGTGGCTTCTTTTCATGTATGTGGGCATAC
ATGTGCGGCATCTTCTTTGTAATACTTTGATTGTGTTTAAAGCCAATTTGTTTTTATTTTCGCAGTGCTGTCAATTCAATTCTTTGGCTAATTTG
ATTCTCGAATCGGGAAGCAGAACATAAATGTATCTGTTTGTAGCGAAGGAATACATAGGCCAAAAACATAATATCTTAGGGAGCTTAGAATAGAG
TATTTGGGATAATGTACGAGTAGCTGAATCGAATGCCGTAGCAAGTGAATCAAAATTACATCTACATGTATATATATATAATTGCTTGGATAAAA
CATTTAACGTACTGTAAGATTGAATGCGACATACCAAAAGAGATTTTCAATAAAATCGAATTCAAATAGAACCAAGACCGCCACTTTGACTAAAA
AAACTGTCAAAGTTTCGGCAGCATAGCCAAGAAAACTTGGCTTTTCGGCTTCTACGTCGCTGTTTTCCTGGGGACTAATTCATCTGCGATTAAGT
GTAACCTATTTGTATGCGATTAGCTTAAATGCATCCCTTTCCGGGCGACTTCAATTGTTTATGCTCTGCCGCAGCTTCTGGGGATCCTGGTAGTG
CGACGAGGACGATATGACCGAGGGATGCTGAGGCGGTGGAAAACACCGCACGTGCTCCACATTTGAGCCCTCGCCATCGCCGCCCTTTAGATACT
TGTTGAGAATGGAGAAGATTTGTGAGTTTAATACTTGGAACCGACGAATCCGATCCACCATTCGCTTCAATTGCTGTTAAGGAATATTCAAATTG
TACTTTGGGCACTTTGGTAGTTATGTTAGAACTTACAATGCCCTTTACGTCCTCATCCTTGCCATCGACGCGCTGTACCCGCAGAATGTGGTAGC
AAAAGTCCAGAGCCTCGAAGCGACGCTGCTGTCCCAGCAGTACGATCATGACGCAGCCAGCCCAGTTCAGACCTTCGCCGAAGAGCTCCTCGATG
GTGTACTCCGTTCCCCTGACTGGAATGCAATAAACGAACTGCAGAGCCGACCAAAGGCGATGGAACTCCGAGCACTCATCCACGTGGATAATCCC
GTTGGCCGGTGGAGGACCACACCACACAGGGTCGTCCAAATAGCTCTTCACGCGGTTGAGAATAACTTCAAAAATGCTGAGGCCACAGCAAAGAC
GCTCACGAGTCAGCAAATCTCCCTCTCGTGCTATCATTGCTTGCTGTTGGTAAAGATTATTATTATAAAGTTAATCAATTAAGTTTGGGGGCTCA
CCTTTGCAGTGCCAATCTTTTCCACGTTTGAAACTATCTGCAGATTGGCAAACTGTGCTTCAAGACGCTTTTGCTTAGCCTCCGGTTTTTCATTC
TCTGAAATGGGTAGAGATGTAAGTAAGAAAAACTACCCATGAAAGCATCCACTTGTACATACCTTTGCAAAAAGGTCTGGGAAAGATGTTCTGGA
AGAGGGCGGCGTGCAGTAGATCGCACACCTCCTCCTGCGAGAGCGCCTGTTCGATCAGCAGGCAAAAGATAATGCTGTTGCCAAACTCCCGGAAA
GACTGAAATAGCTCTGTCTTCGCGTCCGGATATTGCACGATGTCTGTAAGATGAGCCTGATAGTAGCTGAGCACTCCAGGCGAACCATATTCGCA
ACGGGGTAGTTTGCATGACTTGGGCATGGCAATCATCAGCGTCTTGGTGAACTGCAGCAGCGAGCCCTGGATCAGTGGCTTAACAATGTCCTTCA
GTATAATGTCCATGACGACTGCTATGCCCTGATAGCCCAGCAGGCGGCACATGGCATGGAAATGCGGTGAACCTACAAAGCCAGTGTACTGGCCA
TACTGTGTGGAATAGGCAGCATTCAGCTGCTTGGAACCCCACAGATAGTAATGGGACATTTGTGGCGGCTTCTCACGCTGAATAGCCTGTGACGA
CGAAAGATTCACTTTGGTTCGAATGAAACTGCAAGAGATAATAGTAATAATAAGTATTTTAAACAATAGAAAATTGGCGGCACACCCACCGATTC
GTGGCTGCATTATAGCAGTAATTGACCAGAAAGTCGTAGTTCAATTCCACAAAGACGTGCAGTGTTATTCTGCCGTAAGGCGCCAGTACATTGTG
GTTAGCCTCCTTTACCATGCCGTCAAAGTTATCCAGGGCCAAGTACTTGCTTAGCAACTTGTGGCAAATTCGATTCGCCTCTAGCAGGCCTTCGA
GTTCCTGAAATTAAGCGAATTAGAGACCGATTCTAGACATCTGTAGGATTCCACTTACCACAATGCCGGTTATATCGTTGCCCTCGAAACGACTG
ATGGCCAACTCAATGCTCTTGTGCATGTTGGCGTTTATGCGTTGTGTGATCAGTTTGTTCAAGTCAATAGAACGGCCTTAAACGAATGGAGAAAC
CATTAACCAAAAGATCATGATGCAATGGGTGTTTTGCTTACCCAAAAGTTGGACATGTCGTTGTTTTAACAAGGTCTCATAACGATTATTGCGGG
GATACGACTGGAAGTTGAAACCGAGTACCTCGCACTCCAAACGGAATCGCTTGTCCAAGAAGATGCTGCCCGCCAATTGCTTGTAATGGGCAAAG
ATCTGCTCGCTCAGCTTGTAGACAAACTGATCGAAGCACAGATTGACTTCGGCCTCCACTTCGTCGTACAGGAACTGCTTTCGGAAGACAGTGAG
TGCGTAGTACGCCGAGTCGTTGTACAAGTCCAGGGGATACAAGACAAATCTGTGTGAGGCACTTAGTTAGTTCAGATCATTTCACCTATTCGCCA
TTTACTTACTCCATCATTGAGGGCTCCTTCGTTTGCAGAATGTGATCGGTTAGGATCCAGGGCATGGACATTTCAATCGGAAACTGAATGCGCTT
CTCCATGGTGATCAGATCCTTGCACTCCTCGTTGTGCTGATGCCGCACCAAGCACTTGTTAACCTTACGACCCATGGTCATCTCCAAGTAGAACT
CGCGATACCACAGCTGCGAGAGATCGCAGCACTTCTGAAGCGTGTCGCTGAAGTTGAGCAAGTAGCTCCAGTAGAACGATGTCTTGTGGAACGTG
TCGATCTGCAGCAAACAGTTTCCGTCGATGTCCTTGCGCAAAGTGCGCTTGCCGCCGCTTTTGTCGGCAATCAGAGACTCCAGCATGGTGCGCAC
CATGTATAGCTGAGTGGAGGAAGGTCCCACATTGAGGCGAGGCACCTGGATGCGGAAGCCGCCGTCGGGATCCTTCTTGCCCTTGGCCACTGGAT

CGTCGGTGGGCTCATAGCCCTTTTGCCAGTCCGCCGATGTCTCTCGCACCGACATGATGATGCTCCGGATAAGATCCTTCTTATTTTTTACGGCC
TTTCGCAGCGGTTCACGAAGCGAAAGCTGCACGAAGTCCTGCAGCTCGGAATAGATGTTACGCCGGATAGCCTCGCACAATACGGTTTCAATGCG
CGCCATTAGCACCTGCAGTCCCTTTATCATGGCGATGACCTCGATCAGCGCGAACTTCTCTTCCGAGGTGTAATTGTAGCGGGTGGCCCGCTCGT
ACTCCTCAGCCTCCACGGGGCACTCCTTGTTCTGGTGATGATCAGTCGGATGCAGGAGCTTCCAGGAGTACAACTCGGTGACCACACTGGTCCAC
TCGGACAGCAATTGAAGGCCGCGCAGAGCCAGGTCGGCCGTAATCCGGTTCTCGGCATCAGAGGGATTCTCCTTGACGGTGGTGGTCACCTCGTT
TGTGTATCGCGCCAGCTCCGAAATGTACTTGACGTGATCCTCGCGTATCTGCGGCAAATGCACCATTAGATCCGCCTGTGGGCTGATGGCGTTTG
AGCTGGACAGCGGCCACTTGCTGGAATCGAAGTGCTTGCTGCGCTTTATGTAGTTGAAGGGAGCAATCTGCATGTCGCCGAAGAGGGGCACCACT
TCCAGGTTCTTAAAGATGCGATCGATGCGATCCAGCCGTATCTTCTTCTTTTGATCAAGTTTGTTGATATTGCACGCATCGCTGTCCATAAGGAA
CAGGCCAAAGCCCATAACTTTTACCAGCATGTGCTTCTCCTCAGGGGTCAAGTACATCTTTGTCTCGAACATATGCACGCAAATGTTGACCACAT
CTGAGAGCAGATCCTCGTAGCCCACGATCTTCTCCAGCGTGTCCTTGACCGTGTCGCGAATCTTGTTCTGCGTGGCCAGGAACATGGACAGATTC
TGCGACTCCTGCAAGGTGTGCGAGTCCGACATCACTTTGAGGAACTGCGCAGCTCGCCTGTAGGTGGAGTAATCGTTCTTCACGCTGGACTTCAT
GTTCTTCAGCTCGTCCAGCACGGCAAACATGTTGATAAACTTGCCTAGCGTCAATAGGTACGCCTCGGACACGAAGTCCTTGCGCTTCTCGGCGT
GGCACAAGCGCTTCACCTCGCCGGAGAAGGCCTCGATGGCCTTGCGTTGGAAGTACATGAAGTTGAGCAGCTTGTTCACCTCCGGGGCTAGCACC
TCGACCGTCTTCTCGTAGATCTCCACGCGATTCGGCTGCTCATTGGACTTGGGCTGCGGAATGGCGCGCGAGCAGCAGCGCCAGGTGTAGAGCAT
TACTGCGTGTTTCTGCCCCTCGTCCAGGAGCACATTCTGCGGGCGGAGAGAAGGGGTTCAGAGCTGTGAGTAATGCTAATGCGATAAGCCGGATA
CGCTAACTCACCAAGTTGGCATGGGTGGTGGCCTCCTCGATGTACTTGGCGATACCCGTGACAAATCCATTGCGATCCTCGAAATTCGTATCGAA
GTTTGCCTTGTAGATAATCGAGCAGGGCTGCGCCTCGATGCAGGGCTGCTCGTCCGGCAGGGATAGCTCGTCCAACACCTCCACGTTGGACAGCG
CGTCGGCTAGCGTAATCTTCTCCGTCATGCTGGGCTGCTTATCATGCTCCAGCAGCGCGAAATGGTTAAATTCTAACAAGGCGGGGCCCCAATCC
AATCGACACAAATTTTTTTCGCCACAAATACAACACGACTTTTACCATTCGCCTGGGTGCGTGGACACGTGGCCATAATTAGCACATTTTTGCTG
GCGGTTGGCGTCTACGATGTGCTTATGCTTATATGGCTGCGCACCGCTAATTTCGATAAGAGAAAGATAATCGATAAATACGGCGCATTGGCGGC
ACATCACATCACTAGCGTCTGTGGTTCCGTTTCGTTTTAGCGAACTCAATTTCTCCTATTTTATATTGCATTTTCCGTTAAGAGTAGCCTACAAT
TCTGCAAGATGTCGATGTTTTGGGGTAAGTCGAACTGATCTCACTTGCCCCCTCCGGGCTGGTTGTGCCAACGAGCTCTTGGGTGCTCCGACCGC
GCTTTTATTGCCACCACGTGCTTGCCGCTCGATTTACCGGCAGCGTGGAGCGGCGCCATTTGCACGCCGATGTAAAGTAAACCATGTTTTTGACC
AACTGTGTCCTCTTCCAGGTTTGAACATGAAGCCTGAGCGCAAGTACTCGCAGACGATCATCAAGTCGTTCCACATCTCGGGCGTGGCACTCGAC
AAGGGCCAGGAGGCCAAGTTGTACCTCGCTGCCGAGAAGCAGGAGTACATCGTGGCCACCGTGACCAAGGCCATTCCACAGGTTGCGCTCGACCT
GAACTTCAGCAAGGGCGATCGCATCATGTTCTACACCGCCGGTAAGACCTTTTATGTCCACTATGTTCGCATGTTTATCCGTTTCTGACGCTTTC
GTTCGTTTCACAGGCGACGCCAGCGTTTCTCTGTTGGGCTACTTGCACGACATTGATTCCGAAGATGATGAGGATGACGATCAAATGACGATCGA
GAATTTGCTGAACTCCAAGGCGATCAAGAATAGCAAAAAGTCTGAAGATGATGAGGATGAGAATGAGAGCGGCGAGGAGGACGAGGAGGATACTG
ATGACGATAGCCAGATAATCGAGGAATACGAGTCCTTCCTCGAAAATGGTGAGGAGGAAGATGACGACGATGTTGATGAGGATAACGAGGAGA
(SEQ ID NO: 538)

Exon: 5458..5142
Exon: 5071..3240
Exon: 3184..2892
Exon: 2831..2719
Exon: 2664..2465
Exon: 2403..1868
Exon: 1806..1712
Exon: 1658..1272
Exon: 1213..1001
Start ATG: 5348 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT15834
AAAAGTCGTGTTGTATTTGTGGCGAAAAAAATTTGTGTCGATTGGATTGGGGCCCCGCCTTGTTAGAATTTAACCATTTCGCGCTGCTGGAGCAT
GATAAGCAGCCCAGCATGACGGAGAAGATTACGCTAGCCGACGCGCTGTCCAACGTGGAGGTGTTGGACGAGCTATCCCTGCCGGACGAGCAGCC
CTGCATCGAGGCGCAGCCCTGCTCGATTATCTACAAGGCAAACTTCGATACGAATTTCGAGGATCGCAATGGATTTGTCACGGGTATCGCCAAGT
ACATCGAGGAGGCCACCACCCATGCCAACTTGAATGTGCTCCTGGACGAGGGGCAGAAACACGCAGTAATGCTCTACACCTGGCGCTGCTGCTCG
CGCGCCATTCCGCAGCCCAAGTCCAATGAGCAGCCGAATCGCGTGGAGATCTACGAGAAGACGGTCGAGGTGCTAGCCCCGGAGGTGAACAAGCT
GCTCAACTTCATGTACTTCCAACGCAAGGCCATCGAGGCCTTCTCCGGCGAGGTGAAGCGCTTGTGCCACGCCGAGAAGCGCAAGGACTTCGTGT
CCGAGGCGTACCTATTGACGCTAGGCAAGTTTATCAACATGTTTGCCGTGCTGGACGAGCTGAAGAACATGAAGTCCAGCGTGAAGAACGATTAC
TCCACCTACAGGCGAGCTGCGCAGTTCCTCAAAGTGATGTCGGACTCGCACACCTTGCAGGAGTCGCAGAATCTGTCCATGTTCCTGGCCACGCA
GAACAAGATTCGCGACACGGTCAAGGACACGCTGGAGAAGATCGTGGGCTACGAGGATCTGCTCTCAGATGTGGTCAACATTTGCGTGCATATGT
TCGAGACAAAGATGTACTTGACCCCTGAGGAGAAGCACATGCTGGTAAAAGTTATGGGCTTTGGCCTGTTCCTTATGGACAGCGATGCGTGCAAT
ATCAACAAACTTGATCAAAAGAAGAAGATACGGCTGGATCGCATCGATCGCATCTTTAAGAACCTGGAAGTGGTGCCCCTCTTCGGCGACATGCA
GATTGCTCCCTTCAACTACATAAAGCGCAGCAAGCACTTCGATTCCAGCAAGTGGCCGCTGTCCAGCTCAAACGCCATCAGCCCACAGGCGGATC
TAATGGTGCATTTGCCGCAGATACGCGAGGATCACGTCAAGTACATTTCGGAGCTGGCGCGATACACAAACGAGGTGACCACCACCGTCAAGGAG
AATCCCTCTGATGCCGAGAACCGGATTACGGCCGACCTGGCTCTGCGCGGCCTTCAATTGCTGTCCGAGTGGACCAGTGTGGTCACCGAGTTGTA
CTCCTGGAAGCTCCTGCATCCGACTGATCATCACCAGAACAAGGAGTGCCCCGTGGAGGCTGAGGAGTACGAGCGGGCCACCCGCTACAATTACA
CCTCGGAAGAGAAGTTCGCGCTGATCGAGGTCATCGCCATGATAAAGGGACTGCAGGTGCTAATGGCGCGCATTGAAACCGTATTGTGCGAGGCT
ATCCGGCGTAACATCTATTCCGAGCTGCAGGACTTCGTGCAGCTTTCGCTTCGTGAACCGCTGCGAAAGGCCGTAAAAAATAAGAAGGATCTTAT
CCGGAGCATCATCATGTCGGTGCGAGAGACATCGGCGGACTGGCAAAAGGGCTATGAGCCCACCGACGATCCAGTGGCCAAGGGCAAGAAGGATC
CCGACGGCGGCTTCCGCATCCAGGTGCCTCGCCTCAATGTGGGACCTTCCTCCACTCAGCTATACATGGTGCGCACCATGCTGGAGTCTCTGATT
GCCGACAAAAGCGGCGGCAAGCGCACTTTGCGCAAGGACATCGACGGAAACTGTTTGCTGCAGATCGACACGTTCCACAAGACATCGTTCTACTG
GAGCTACTTGCTCAACTTCAGCGACACGCTTCAGAAGTGCTGCGATCTCTCGCAGCTGTGGTATCGCGAGTTCTACTTGGAGATGACCATGGGTC
GTAAGGTTAACAAGTGCTTGGTGCGGCATCAGCACAACGAGGAGTGCAAGGATCTGATCACCATGGAGAAGCGCATTCAGTTTCCGATTGAAATG
TCCATGCCCTGGATCCTAACCGATCACATTCTGCAAACGAAGGAGCCCTCAATGATGGAATTTGTCTTGTATCCCCTGGACTTGTACAACGACTC
GGCGTACTACGCACTCACTGTCTTCCGAAAGCAGTTCCTGTACGACGAAGTGGAGGCCGAAGTCAATCTGTGCTTCGATCAGTTTGTCTACAAGC
TGAGCGAGCAGATCTTTGCCCATTACAAGCAATTGGCGGGCAGCATCTTCTTGGACAAGCGATTCCGTTTGGAGTGCGAGGTACTCGGTTTCAAC
TTCCAGTCGTATCCCCGCAATAATCGTTATGAGACCTTGTTAAAACAACGACATGTCCAACTTTTGGGCCGTTCTATTGACTTGAACAAACTGAT
CACACAACGCATAAACGCCAACATGCACAAGAGCATTGAGTTGGCCATCAGTCGTTTCGAGGGCAACGATATAACCGGCATTGTGGAACTCGAAG
GCCTGCTAGAGGCGAATCGAATTTGCCACAAGTTGCTAAGCAAGTACTTGGCCCTGGATAACTTTGACGGCATGGTAAAGGAGGCTAACCACAAT

GTACTGGCGCCTTACGGCAGAATAACACTGCACGTCTTTGTGGAATTGAACTACGACTTTCTGGTCAATTACTGCTATAATGCAGCCACGAATCG
TTTCATTCGAACCAAAGTGAATCTTTCGTCGTCACAGGCTATTCAGCGTGAGAAGCCGCCACAAATGTCCCATTACTATCTGTGGGGTTCCAAGC
AGCTGAATGCTGCCTATTCCACACAGTATGGCCAGTACACTGGCTTTGTAGGTTCACCGCATTTCCATGCCATGTGCCGCCTGCTGGGCTATCAG
GGCATAGCAGTCGTCATGGACATTATACTGAAGGACATTGTTAAGCCACTGATCCAGGGCTCGCTGCTGCAGTTCACCAAGACGCTGATGATTGC
CATGCCCAAGTCATGCAAACTACCCCGTTGCGAATATGGTTCGCCTGGAGTGCTCAGCTACTATCAGGCTCATCTTACAGACATCGTGCAATATC
CGGACGCGAAGACAGAGCTATTTCAGTCTTTCCGGGAGTTTGGCAACAGCATTATCTTTTGCCTGCTGATCGAACAGGCGCTCTCGCAGGAGGAG
GTGTGCGATCTACTGCACGCCGCCCTCTTCCAGAACATCTTTCCCAGACCTTTTTGCAAAGAGAATGAAAAACCGGAGGCTAAGCAAAAGCGTCT
TGAAGCACAGTTTGCCAATCTGCAGATAGTTTCAAACGTGGAAAAGATTGGCACTGCAAAGCAAGCAATGATAGCACGAGAGGGAGATTTGCTGA
CTCGTGAGCGTCTTTGCTGTGGCCTCAGCATTTTTGAAGTTATTCTCAACCGCGTGAAGAGCTATTTGGACGACCCTGTGTGGTGTGGTCCTCCA
CCGGCCAACGGGATTATCCACGTGGATGAGTGCTCGGAGTTCCATCGCCTTTGGTCGGCTCTGCAGTTCGTTTATTGCATTCCAGTCAGGGGAAC
GGAGTACACCATCGAGGAGCTCTTCGGCGAAGGTCTGAACTGGGCTGGCTGCGTCATGATCGTACTGCTGGGACAGCAGCGTCGCTTCGAGGCTC
TGGACTTTTGCTACCACATTCTGCGGGTACAGCGCGTCGATGGCAAGGATGAGGACGTAAAGGGCATTCAATTGAAGCGAATGGTGGATCGGATT
CGTCGGTTCCAAGTATTAAACTCACAAATCTTCTCCATTCTCAACAAGTATCTAAAGGGCGGCGATGGCGAGGGCTCAAATGTGGAGCACGTGCG
GTGTTTTCCACCGCCTCAGCATCCCTCGGTCATATCGTCCTCGTCGCACTACCAGGATCCCCAGAAGCTGCGGCAGAGCATAAACAATTGA
(SEQ ID NO: 539)

Start ATG: 111 (Reverse strand: CAT)

MTEKITLADALSNVEVLDELSLPDEQPCIEAQPCSIIYKANFDTNFEDRNGFVTGIAKYIEEATTHANLNVLLDEGQKHAVMLYTWRCCSRAIPQ
PKSNEQPNRVEIYEKTVEVLAPEVNKLLNFMYFQRKAIEAFSGEVKRLCHAEKRKDFVSEAYLLTLGKFINMFAVLDELKNMKSSVKNDYSTYRR
AAQFLKVMSDSHTLQESQNLSMFLATQNKIRDTVKDTLEKIVGYEDLLSDVVNICVHMFETKMYLTPEEKHMLVKVMGFGLFLMDSDACNINKLD
QKKKIRLDRIDRIFKNLEVVPLFGDMQIAPFNYIKRSKHFDSSKWPLSSSNAISPQADLMVHLPQIREDHVKYISELARYTNEVTTTVKENPSDA
ENRITADLALRGLQLLSEWTSVVTELYSWKLLHPTDHHQNKECPVEAEEYERATRYNYTSEEKFALIEVIAMIKGLQVLMARIETVLCEAIRRNI
YSELQDFVQLSLREPLRKAVKNKKDLIRSIIMSVRETSADWQKGYEPTDDPVAKGKKDPDGGFRIQVPRLNVGPSSTQLYMVRTMLESLIADKSG
GKRTLRKDIDGNCLLQIDTFHKTSFYWSYLLNFSDTLQKCCDLSQLWYREFYLEMTMGRKVNKCLVRHQHNEECKDLITMEKRIQFPIEMSMPWI
LTDHILQTKEPSMMEFVLYPLDLYNDSAYYALTVFRKQFLYDEVEAEVNLCFDQFVYKLSEQIFAHYKQLAGSIFLDKRFRLECEVLGFNFQSYP
RNNRYETLLKQRHVQLLGRSIDLNKLITQRINANMHKSIELAISRFEGNDITGIVELEGLLEANRICHKLLSKYLALDNFDGMVKEANHNVLAPY
GRITLHVFVELNYDFLVNYCYNAATNRFIRTKVNLSSSQAIQREKPPQMSHYYLWGSKQLNAAYSTQYGQYTGFVGSPHFHAMCRLLGYQGIAVV
MDIILKDIVKPLIQGSLLQFTKTLMIAMPKSCKLPRCEYGSPGVLSYYQAHLTDIVQYPDAKTELFQSFREFGNSIIFCLLIEQALSQEEVCDLL
HAALFQNIFPRPFCKENEKPEAKQKRLEAQFANLQIVSNVEKIGTAKQAMIAREGDLLTRERLCCGLSIFEVILNRVKSYLDDPVWCGPPPANGI
IHVDECSEFHRLWSALQFVYCIPVRGTEYTIEELFGEGLNWAGCVMIVLLGQQRRFEALDFCYHILRVQRVDGKDEDVKGIQLKRMVDRIRRFQV
LNSQIFSILNKYLKGGDGEGSNVEHVRCFPPPQHPSVISSSSHYQDPQKLRQSINN*
(SEQ ID NO: 540)

Name: SHYC-like

Celera Sequence No. : 142000013384668
CAGCGGCTGCGACGGCACCACCGCCGCCCACCGGCATCGAGGAGAGCTTCTCGCGACCCTCCTTGATCAGGTCGTCGATGCTCTTGCCAGCCAGC
TCCTTGATGACCTTGGTCAGACGCTCGGCGTCGACCTCAACGCCCACAGAGCTGAGGATCTTCTCCAGATCGCTGTTGGCGGGCGAGTCCTTGCC
ACCGAGGACGGCCAGAAGGTAAGCAGCCACGTAACGCATGTTTAAGTCTTGGGTTCTTGACACGAAACGTGAATTGGCAAAATGTACGAAAAACA
CAACTTTCCTTTGCAAGTTGTCGTCGAAAAAGAGGCGGAAGTCAGTGTGGCCGCGCGGTCGAGGCTCGAAAATACCAGCTCATACTTATATATAC
CAAAGTATACCACATCCTTATCTAGCAATACCCCTAATGAAACGATAAATTCAAATATTATTTTCAATTTTGCTTTTAAATAAAAATTAGAGCAA
TATTATTGATTTTTGAACAATTTGGTGTGTTTTTTTTATATTTACAACATCAAAAAGTATTTATATTAGCTTAATAATATGACCTTTCTTACAGC
ATGGAAATGTTATCAGTTGCAACACTGGGTTTCAAACTTGGCTATCGTAATAGTGGGAAGCACTTTGCTCTTGCAGTAGGCGGTCACACCATTTG
AAACGGTTCTGTTAGGCGAGGTCTAACATACTGTTAAGTGCTGGAAAGAGAGCAAAATGAGAGTGATCGTAAGCTAAGAGAAGGAACTAGGGATG
CGTAAAAGTTAACAGCTGGCTATCGATGATTAACATGACCATCGTTTTAACAGCAGAACTTAACTGTTATTTGTACACATAAATATAAAACTGTA
ATAAAACTCGAAAAAGCTGTATAAAAAATAAATTTTTTTCGAAAATATGTTTAATATGAGATATTTATTATTCTTCAAAAACACTTTAAATTTAA
GTTGCACCCCCACTTGAAATAAATTGCAGAAAAGACATGAGACCCATCTTATTGTATGCTGTATATATAATTGCATATATAAATGATTGTTGTAC
AAAATTTTGAAATTGTATAATGCATTCCTGAACTTTGTGTATCACATTTCGATTTGGAGGGCCTTCAAACGCCCTCGAGAATCGTTTCACATGTA
ATGGTCATCAGATAGTTGATCGGCAGTAGTATTCACACTTAACTTACGACTACAAACAAATTAAGGTATTCTTTATTCCGGATCCGTATCCCCGG
ACACAATAACTGGACTGTCGCGAAAAAATAAACAAAATGCTTCACTACACTTAAAGGAACATTGGTAACAAGAACGAAGCGCGGCCGCAATGATC
AGTCCACTGCCACTTTCACTTCCACATCCATAATCCATAATCCATAATCCATAATCCATTATCCATTATCCTTCTGGGCATCGAGACTATAGGGG
TTCCTGCTGAAAGTAATCGTGCTCCAAACAGGCCAAGGCGGATGGTCGCAGGTGGAGGTCGTAGGAAAGCATTTTCTGCGGGCAAACATAGGGTA
TGCGTTAGTCTAGACCATGCAACAAGATATGTATCTTCATTTTCATACTCACATTCAACAGATCATCGGCGTACTTGCACAGGTGTGGGCAAAAG
TCTTTTGGTCTCTTTGGATGCCGCTGGGGAAAGTGTTCCAGGGCCACGGAAATGGTCTGTGGCCACTGTTGCTCGGTGGGTCTACCGGTCAGTCT
GCGTGAAATCGCATAAATGTAATTAAAAATCACCGATTTCAATGGCAGTATTTGTGCACTCACTCGAAGATGCGGTCCAGCTGATTCTTTTCGGA
GGTGCCCGGGAATAGGGCGCGCCGATTGAACATCTCGAAGATGATGCAGGCGGCACTCCAGATGTCCACGGTGCTGTTGTAGGGCTGGGCGAGCA
GAACCTCGGGTGCGCGGTACCACAAGGTGACCACCACGGAGGTGAGCTTCATCTCCGAACCGTAGGTCTTGGCCAAGCCAAAGTCGGCGATCTTG
AGGTGGCCCTGCGAGGAGACCAGCAGGTTTTGCGGCTTAAGATCCCGATGGATGATACGGTGTGAGTGTAAGAAGTCCACACCGGTCAGTAGTTC
CCTTGACAAGCGCTGCAATAGGAAATAATTTCATATACCATTTTCTGAAATTTTGATATCATTTTGAGACCCACCTGAATTGTGGGCGGCGACAT
GCCCGATTTGGGAAGTCTGTCTATAAGATCCGAAAGATCCTGCTCCACATGTTCGAAAACCAACAGAATCAGCAATTGGCCGTCGCGCTCCAGAA
ACTGGCATACTTCGTACAGTCTGAAAGAGAGGGGAAGTGCAATCTTTGTATGTACAAATTGTTTGATTTTGTGTGCGACAGAGAGCGATGTATGG
GGGAAATGTTGAGAGATATAAAAAAAAATGTGTCATAAAATGCTGCTGGTTGTGGTGCGCCAATACGCCATTGGCCATACTTTGTTCGTTTCGGGA
ACTACGCGAAGCACTCGAGACAAACACATGCGCACATGGCGATCAAAGAGCCAAAGAGAGCGTCCAGTAAGAGAGGCTACAGATCGTTTTCGGAC
AGAGGCAAAACGTAAACGTTAGCAGAGCAGATTAGCATTATGTTATGTTAGCATTATGTTAGAATCAGTTCGGGCAGTTATTTTAACATTGCCTT
TGAATTACTTAAAAGGCACAGTTTTATTGAAACCTTCTACTGTTACACTTGCTTTAGCAACTGGCACATTGGGTTTTTAAAAATACAGATAAATA
CAAGAAACTTAATTTGCCATTGATTTATTTCTTGTACCCCTCCAACACTTTTGGCTTCAAACAAAATAACAGCTGCACTTTGTAGCCATTTGCAA
CTTAACTTAACATTCTGTTGTGCGAGATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTGTCGATCTCTTTGTACTGTATTCGCGTCGCGCTCTCACGCTGCTA
AAGTGCAAGCGAGTGCGCACATCGATAACGCGCGACAGCAACATGTGGTTATCGAGCTGCTCTGTTAATTCAAATTCCTAACGGCCGCCGCAAAC
AAACATAATGCCAATACAAAATCGCCCACATTTGCGAACTGCAGTGATCAGTTATCAGCGGGAGCGGATCGACTTGCTTCAGACTTACTTGACTT

GACTGGCATATGTCAGAAGCGAGGGCGTTCGCCGGGGGCAAATCGTCGGAATATTACGGCTATAGCATGCACAGATAAACACAAGCGCGCTGACA
TTGCGATGCGGCTCTTTACAAATGAGTTTGGCAAATAGCTTTGGCGCCGCCACTTGGCCCCAATGGCGGGTGATAACACCCCTCATATACAGCTA
GCTAGCTATAGTTCTACATAAAGTACTCAACTCCAAGGCCATTTAGAAGCCCACTGCCCTTGTGGCAGCGTGTAAATCACCCATACTCACTTGAC
AATATTCGCATGATTGCTGGCATTCAGCTGCTTCAGCAGCGAAATCTCCCGCAGCGTGGACATTGGCACACCGTTCTCGTTCAGCGATATCCTAA
CCTTCTTCAGCGCCACTATGTTGCCGGTGATCACATCGCGGGCTCTGTAAACCGTTCCATAGGCACCTGAAAAGTGGATCGAAATTGTACATCAA
AATGCTTACAACGGGAAATAAATGCGAAAGACAGCCGAAAATAGAATAAAATAAAGTCAGCTGTGCCGATAAGATAAATGGCAGAAATCAGAGAG
GCGAGAGAAAGAGAGAAGGTGCCACTTAGCTTCTTCATATCATTATGGTGTATTTATACTTTTCATATTCAACATCGTATTTATAGCCCTTACGA
TTGAAGTGACTTGATTTATTTGCCTTGTTCGATGAACTAACTGTTTATAATGATTGAATGAATAGACAATGAATGCATTTAGCCCAAAAGAATCG
TATTGCAATGCATGCAATAATTGCATATATTAGAGACTATATTATATGCACTCAAAATTAGTCAAAATATTGCACGAAATTCAGACTAATTTCCT
CATGAAACTGTTGCTGTCTCAGGTACAACGTGATCTTAATTTCTACATGTTCACGGGCAAAGAAAAACGACAAGAGACGAGCAAAATTCCCAATC
AGAATCAAATTCTGGCATGCCAGAGAAATGTCACCGAAAATTTATCACCCGTACGGACAAATGGACAAATGGACAAACGGACGGACGGACGGACA
TGCGTGGGGGGTAGAAAAGCTAGAAGGCACCGGCTATTTCGGTTGACACTGACATACAGAAACAGCAGATATGTACTGATACACCCGAAATAAAC
GCAACTTGAGGGGGGGGGGGGGTGAATTTGGTTTTCCGTCCCTTTGTCACCGTCTCTAGACCACCTGGCTTATGAACTGTGCCGCTGTTGCTACA
TTCAAGTACAAGGCCGTGAGCTCGACTCGTTTTTGAACGTCGGCAACTGGTCTGTCCAATTGGAATTGTCAAAAAAATATACAAATATACAAGCA
AAATAAACTCGAAAAATTGCGCAAAGAAAACAACAAAGCAAAGCACTATGGGAAATTTACGCACTTTATCTGGCCGAAAACCGATTAATATATGT
AATATTAAATGCATGCATTTAGTTACAACGGTGACTACTGTTAGGCAATGCAAAAAAGTTAATTGAATGACTATCTGCAAACTAAAAAATATATA
TTATATATCATTAAAAATATGGGCTAGTGTAAGGCAATGCAAAAAAAGTTTGGAGTTAGTTTGGCCACAAAAAGTGGTCAAATTTTCCATAGTAC
AAAGTAGCAAAAATGAGACTGAGCGAAAGCGAATAATAATTGAATGAATGTGCACAGAAAGGCAGACAGCCGAAAGTTTGAGTGTATGTGTGTGT
GTGTGCGTTGTATAACAGATGAAATTGTGCGGACCCATGACTCGCACAACACCCAGTAACAATATCCATCATTAGCATTCGCCTGCCCATGATGA
TCGGCATGATCGGTGACGTAATTGATTTGGGCTTTATTTACAGCAAACAAGCGATCGTAATTACTGACCACAAAAAAAAAAGACCATGAGCCACT
TGTCAGATCATCATGGATGTGAGATCGGCAGAAACACGTAGTCCGCCGAGAGTGGACCTAAAAGTATGCAGGTAGAAGGTGTAGGATCCAATACA
GGGGAGTTTTCCATCCAATATTTCCCCTTTTCGCGGAATTTCCACGCTTAATTAGTAAAGGGGTAAAAAAACAACAACATTCCTCCAAGTGCACT
TGTCATTTCAGCTTCATAACAATGTCGGAGCTCCCGATTGATCGTAAACAGTAGTGAAACCAAATAGCCCAGACTTTGTAAGCAAATTAAAGTAA
TCAAACGTTAACAACAAGCGACCAGCAAACGAAAGCCTCTCGTGCGAAGAGAGCCGGACCTATCCCAACAACAAAGCAACCGCGTCCCATTATTA
AATCCCACCCAAGTCGCTCACCTTCGCCGATGATGTTGAGCTCCTGGTAGTTGAACGGATCGCCATCGCCGAACTTCTTCGCCTGGGACATTTTC
TGCCGCTTCAGCTGGCGTACATATGACATTTAGCTGGATTTTACGGTTATTTGCGTATTCCTCTAATATTCCGGGTAATCGAAACCGTTAGTTGC
ACCAGCTGGAAGTGAAGGGGTGTTTTTTTTTTGGTTATCGATCGTCTGCATGTCACGTATCGATATGTCCTTGTGTCCCCACGCGATAGTTCACA
CAGATCGTAGCGTGAGAGGGAGAGTGCGAGTGCGTGAGAGAGAGAGGGAGGGCCTTACCTGATTTCATACCTGTTGCCTTTTCTAGATAACCCCA
AAACTGGCGATAAAGACTGGTGTGACAGGTGCGCTAATGGAAGAAGTCTGGCTATATGCTCCGCTATGCTTTTCTATCTCCGAGAACCGAAAACC
GAAACATATACATGGACAACTACATATGTATGTATGTATGTAGATGGCGGCGGTCGTTGAACCGCGTTTAATGTTTTCGTACATACTCCGTTTTT
ATGTCTAACCAATCGCAGAACGGCAAAGGCCAACACTAGTTATGACTTATTCATGTTATTCAGTGACGCTGCTCGCCGTCTCCGTTTTGCGGCTT
CGTTCGTGCATCCTGTTGCTCTTATTCGAGCTTGACTGTGAACGCTGTACTGGTTATCTACTGTCGCGTTAGTTGGCGTGTGTCCACTATTCTCT
CCTATCTAAAGTGCTACCACTTTTCTGTCAGTGCATTTTTTTTGCCCGAAAAATATACATATACCGCAAAAAAGAACCCGAATACAATGTATTTT
GTTGCTGGCATTTGTCAATTAATTCTAATCGCGAGACAAGCGAAACAACAATAATAAGCGACACAGTCACAAAACTGGGTAGAAAGAGAGTGTCC
AGAATTGTGAAAGGTATTACGAGGTATTACGAGCTGTATATTTGGGTCTAAAATACATAGTTATTGTTGCACCAGTTTTCGCCCCCTCTCTCTCC
CTCGTCATCCCTCTCTCGCTCACCATTTGCGCTCTACTGATAAGGAAATTTCGGCTTCACTTTACTTTTTTTTCGGTGAACTTCAATGCCAATGT
TGTCGTTTTTCTTTCAACCGTTGTGCGAAATATTAGTTAAATATTAAGAAAATGTGGTTTTTATTTGCGAAGACTCGAACACACACACAACGCCG
CTAAGTGATTTCGCTTGAGAGATCGGTCTTACACACACACACATACACAAACACAAACGCACACACCGAGTGGTACACACACACAGGCGCAGGTA
TTATGTATACATATATGATTTTTATTCGCTTTGACGAAATTTTGGCATTTGTTGATAATCCAGCTAGAACCGCACGATAGGAGCAACGCGACGCG
AATTTTCGGTGCGAACACGGTTCAGTTGCCGGCAGTCGCACTTTAATTAAGTTTTTAAAACGTCTTATAAATTTTTACCAATATTCGTAAGAGTT
GAGTGATTTTGTGTTTTGTTGTTGGCACAGCTCTGGAAACTGTTTTAGATGGTCTACTTAACAGTGGCTTCTCTTCGCCTGTTATCGCCCGCTGT
TAGCAAACAGACGGCCGCTAACATTGTGCTGTATACGTCCAATCGGTTAAACGGTTAATTTCGAAATTGCTGCCAGCGATCGTTATTGAATGTTA
TTCCAATTCGATAACGTAAGTGTTATTGTGTTATACTAATGTTATTGATTTCTGGGAATTTGATATTTTCAACTTGTAATAATGCCCAAATTTAT
TTTTTTTGCAATGTGAATTTCAGGCATTTATATATGTAACATATATAAATTACAAATAAATAAATAATAATAAACATAATGAAAATAATATTTGA
AAAAAATTTTTA
(SEQ ID NO: 541)

Exon: 6327..5759
Exon: 5610..5437
Exon: 3581..3416
Exon: 2300..2165
Exon: 2102..1774
Exon: 1708..1573
Exon: 1500..1001
Start ATG: 5539 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT15896
TTATTATTGTTGTTTCGCTTGTCTCGCGATTAGAATTAATTGACAAATGCCAGCAACAAAATACATTGTATTCGGGTTCTTTTTTGCGGTATATG
TATATTTTTCGGGCAAAAAAAATGCACTGACAGAAAAGTGGTAGCACTTTAGATAGGAGAGAATAGTGGACACACGCCAACTAACGCGACAGTAG
ATAACCAGTACAGCGTTCACAGTCAAGCTCGAATAAGAGCAACAGGATGCACGAACGAAGCCGCAAAACGGAGACGGCGAGCAGCGTCACTGAAT
AACATGAATAAGTCATAACTAGTGTTGGCCTTTGCCGTTCTGCGATTGGTTAGACATAAAAACGGAGTATGTACGAAAACATTAAACGCGGTTCA
ACGACCGCCGCCATCTACATACATACATACATATGTAGTTGTCCATGTATATGTTTCGGTTTTCGGTTCTCGGAGATAGAAAAGCATAGCGGAGC
ATATAGCCAGACTTCTTCCATTAGCGCACCTGTCACACCAGTCTTTATCGCCAGTTTTGGGGTTATCTAGAAAAGGCAACAGGTATGAAATCAGC
TGGTGCAACTAACGGTTTCGATTACCCGGAATATTAGAGGAATACGCAAATAACCGTAAAATCCAGCTAAATGTCATATGTACGCCAGCTGAAGC
GGCAGAAAATGTCCCAGGCGAAGAAGTTCGGCGATGGCGATCCGTTCAACTACCAGGAGCTCAACATCATCGGCGAAGGTGCCTATGGAACGGTT
TACAGAGCCCGCGATGTGATCACCGGCAACATAGTGGCGCTGAAGAAGGTTAGGATATCGCTGAACGAGAACGGTGTGCCAATGTCCACGCTGCG
GGAGATTTCGCTGCTGAAGCAGCTGAATGCCAGCAATCATGCGAATATTGTCAAACTGTACGAAGTATGCCAGTTTCTGGAGCGCGACGGCCAAT
TGCTGATTCTGTTGGTTTTCGAACATGTGGAGCAGGATCTTTCGGATCTTATAGACAGACTTCCCAAATCGGGCATGTCGCCGCCCACAATTCAG
CGCTTGTCAAGGGAACTACTGACCGGTGTGGACTTCTTACACTCACACCGTATCATCCATCGGGATCTTAAGCCGCAAAACCTGCTGGTCTCCTC
GCAGGGCCACCTCAAGATCGCCGACTTTGGCTTGGCCAAGACCTACGGTTCGGAGATGAAGCTCACCTCCGTGGTGGTCACCTTGTGGTACCGCG
CACCCGAGGTTCTGCTCGCCCAGCCCTACAACAGCACCGTGGACATCTGGAGTGCCGCCTGCATCATCTTCGAGATGTTCAATCGGCGCGCCCTA

TTCCCGGGCACCTCCGAAAAGAATCAGCTGGACCGCATCTTCGAACTGACCGGTAGACCCACCGAGCAACAGTGGCCACAGACCATTTCCGTGGC
CCTGGAACACTTTCCCCAGCGGCATCCAAAGAGACCAAAAGACTTTTGCCCACACCTGTGCAAGTACGCCGATGATCTGTTGAATAAAATGCTTT
CCTACGACCTCCACCTGCGACCATCCGCCTTGGCCTGTTTGGAGCACGATTACTTTCAGCAGGAACCCCTATAGTCTCGATGCCCAGAAGGATAA
TGGATAATGGATTATGGATTATGGATTATGGATTATGGATGTGGAAGTGAAAGTGGCAGTGGACTGATCATTGCGGCCGCGCTTCGTTCTTGTTA
CCAATGTTCCTTTAAGTGTAGTGAAGCATTTTGTTTATTTTTTCGCGACAGTCCAGTTATTGTGTCCGGGGATACGGATCCGGAATAAAGAATAC
CTTAATTTGTTTGTAGTCGTAAGTTAAGTGTGAATACTACTGCCGATCAACTATCTGATGACCATTACATGTGAAACGATTCTCGAGGGCGTTTG
AAGGCCCTCCAAATCGAAATGTGATACACAAAGTTCAGGAATGCATTATACAATTTCAAAATTTTGTACAACAATCATTTATATATGCAATTATA
TATACAGCATACAAT
(SEQ ID NO: 542)

Start ATG: 641 (Reverse strand: CAT)

MSYVRQLKRQKMSQAKKFGDGDPFNYQELNIIGEGAYGTVYRARDVITGNIVALKKVRISLNENGVPMSTLREISLLKQLNASNHANIVKLYEVC
QFLERDGQLLILLVFEHVEQDLSDLIDRLPKSGMSPPTIQRLSRELLTGVDFLHSHRIIHRDLKPQNLLVSSQGHLKIADFGLAKTYGSEMKLTS
VVVTLWYRAPEVLLAQPYNSTVDIWSAACIIFEMFNRRALFPGTSEKNQLDRIFELTGRPTEQQWPQTISVALEHFPQRHPKRPKDFCPHLCKYA
DDLLNKMLSYDLHLRPSALACLEHDYFQQEPL*
(SEQ ID NO: 543)

Name: Cyclin-dependent kinase 4/6
Classification: protein_kinase
Gene Symbol: Cdk4/6
FlyBase ID: FBgn0016131

Celera Sequence No. : 142000013384668
CAGCGGCTGCGACGGCACCACCGCCGCCCACCGGCATCGAGGAGAGCTTCTCGCGACCCTCCTTGATCAGGTCGTCGATGCTCTTGCCAGCCAGC
TCCTTGATGACCTTGGTCAGACGCTCGGCGTCGACCTCAACGCCCACAGAGCTGAGGATCTTCTCCAGATCGCTGTTGGCGGGCGAGTCCTTGCC
ACCGAGGACGGCCAGAAGGTAAGCAGCCACGTAACGCATGTTTAAGTCTTGGGTTCTTGACACGAAACGTGAATTGGCAAAATGTACGAAAAACA
CAACTTTCCTTTGCAAGTTGTCGTCGAAAAAGAGGCGGAAGTCAGTGTGGCCGCGCGGTCGAGGCTCGAAAATACCAGCTCATACTTATATATAC
CAAAGTATACCACATCCTTATCTAGCAATACCCCTAATGAAACGATAAATTCAAATATTATTTTCAATTTTGCTTTTAAATAAAAATTAGAGCAA
TATTATTGATTTTTGAACAATTTGGTGTGTTTTTTTTATATTTACAACATCAAAAAGTATTTATATTAGCTTAATAATATGACCTTTCTTACAGC
ATGGAAATGTTATCAGTTGCAACACTGGGTTTCAAACTTGGCTATCGTAATAGTGGGAAGCACTTTGCTCTTGCAGTAGGCGGTCACACCATTTG
AAACGGTTCTGTTAGGCGAGGTCTAACATACTGTTAAGTGCTGGAAAGAGAGCAAAATGAGAGTGATCGTAAGCTAAGAGAAGGAACTAGGGATG
CGTAAAAGTTAACAGCTGGCTATCGATGATTAACATGACCATCGTTTTAACAGCAGAACTTAACTGTTATTTGTACACATAAATATAAAACTGTA
ATAAAACTCGAAAAAGCTGTATAAAAAATAAATTTTTTTCGAAAATATGTTTAATATGAGATATTTATTATTCTTCAAAAACACTTTAAATTTAA
GTTGCACCCCCACTTGAAATAAATTGCAGAAAAGACATGAGACCCATCTTATTGTATGCTGTATATATAATTGCATATATAAATGATTGTTGTAC
AAAATTTTGAAATTGTATAATGCATTCCTGAACTTTGTGTATCACATTTCGATTTGGAGGGCCTTCAAACGCCCTCGAGAATCGTTTCACATGTA
ATGGTCATCAGATAGTTGATCGGCAGTAGTATTCACACTTAACTTACGACTACAAACAAATTAAGGTATTCTTTATTCCGGATCCGTATCCCCGG
ACACAATAACTGGACTGTCGCGAAAAAATAAACAAAATGCTTCACTACACTTAAAGGAACATTGGTAACAAGAACGAAGCGCGGCCGCAATGATC
AGTCCACTGCCACTTTCACTTCCACATCCATAATCCATAATCCATAATCCATAATCCATTATCCATTATCCTTCTGGGCATCGAGACTATAGGGG
TTCCTGCTGAAAGTAATCGTGCTCCAAACAGGCCAAGGCGGATGGTCGCAGGTGGAGGTCGTAGGAAAGCATTTTCTGCGGGCAAACATAGGGTA
TGCGTTAGTCTAGACCATGCAACAAGATATGTATCTTCATTTTCATACTCACATTCAACAGATCATCGGCGTACTTGCACAGGTGTGGGCAAAAG
TCTTTTGGTCTCTTTGGATGCCGCTGGGGAAAGTGTTCCAGGGCCACGGAAATGGTCTGTGGCCACTGTTGCTCGGTGGGTCTACCGGTCAGTCT
GCGTGAAATCGCATAAATGTAATTAAAAATCACCGATTTCAATGGCAGTATTTGTGCACTCACTCGAAGATGCGGTCCAGCTGATTCTTTTCGGA
GGTGCCCGGGAATAGGGCGCGCCGATTGAACATCTCGAAGATGATGCAGGCGGCACTCCAGATGTCCACGGTGCTGTTGTAGGGCTGGGCGAGCA
GAACCTCGGGTGCGCGGTACCACAAGGTGACCACCACGGAGGTGAGCTTCATCTCCGAACCGTAGGTCTTGGCCAAGCCAAAGTCGGCGATCTTG
AGGTGGCCCTGCGAGGAGACCAGCAGGTTTTGCGGCTTAAGATCCCGATGGATGATACGGTGTGAGTGTAAGAAGTCCACACCGGTCAGTAGTTC
CCTTGACAAGCGCTGCAATAGGAAATAATTTCATATACCATTTTCTGAAATTTTGATATCATTTTGAGACCCACCTGAATTGTGGGCGGCGACAT
GCCCGATTTGGGAAGTCTGTCTATAAGATCCGAAAGATCCTGCTCCACATGTTCGAAAACCAACAGAATCAGCAATTGGCCGTCGCGCTCCAGAA
ACTGGCATACTTCGTACAGTCTGAAAGAGAGGGGAAGTGCAATCTTTGTATGTACAAATTGTTTGATTTTGTGTGCGACAGAGAGCGATGTATGG
GGGAAATGTTGAGAGATATAAAAAAAATGTGTCATAAAATGCTGCTGGTTGTGGTGCGCCAATACGCCATTGGCCATACTTTGTTCGTTTCGGGA
ACTACGCGAAGCACTCGAGACAAACACATGCGCACATGGCGATCAAAGAGCCAAAGAGAGCGTCCAGTAAGAGAGGCTACAGATCGTTTTCGGAC
AGAGGCAAAACGTAAACGTTAGCAGAGCAGATTAGCATTATGTTATGTTAGCATTATGTTAGAATCAGTTCGGGCAGTTATTTTAACATTGCCTT
TGAATTACTTAAAAGGCACAGTTTTATTGAAACCTTCTACTGTTACACTTGCTTTAGCAACTGGCACATTGGGTTTTTAAAAATACAGATAAATA
CAAGAAACTTAATTTGCCATTGATTTATTTCTTGTACCCCTCCAACACTTTTGGCTTCAAACAAAATAACAGCTGCACTTTGTAGCCATTTGCAA
CTTAACTTAACATTCTGTTGTGCGAGATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTGTCGATCTCTTTGTACTGTATTCGCGTCGCGCTCTCACGCTGCTA
AAGTGCAAGCGAGTGCGCACATCGATAACGCGCGACAGCAACATGTGGTTATCGAGCTGCTCTGTTAATTCAAATTCCTAACGGCCGCCGCAAAC
AAACATAATGCCAATACAAAATCGCCCACATTTGCGAACTGCAGTGATCAGTTATCAGCGGGAGCGGATCGACTTGCTTCAGACTTACTTGACTT
GACTGGCATATGTCAGAAGCGAGGGCGTTCGCCGGGGGCAAATCGTCGGAATATTACGGCTATAGCATGCACAGATAAACACAAGCGCGCTGACA
TTGCGATGCGGCTCTTTACAAATGAGTTTGGCAAATAGCTTTGGCGCCGCCACTTGGCCCCAATGGCGGGTGATAACACCCCTCATATACAGCTA
GCTAGCTATAGTTCTACATAAAGTACTCAACTCCAAGGCCATTTAGAAGCCCACTGCCCTTGTGGCAGCGTGTAAATCACCCATACTCACTTGAC
AATATTCGCATGATTGCTGGCATTCAGCTGCTTCAGCAGCGAAATCTCCCGCAGCGTGGACATTGGCACACCGTTCTCGTTCAGCGATATCCTAA
CCTTCTTCAGCGCCACTATGTTGCCGGTGATCACATCGCGGGCTCTGTAAACCGTTCCATAGGCACCTGAAAAGTGGATCGAAATTGTACATCAA
AATGCTTACAACGGGAAATAAATGCGAAAGACAGCCGAAAATAGAATAAAATAAAGTCAGCTGTGCCGATAAGATAAATGGCAGAAATCAGAGAG
GCGAGAGAAAGAGAGAAGGTGCCACTTAGCTTCTTCATATCATTATGGTGTATTTATACTTTTCATATTCAACATCGTATTTATAGCCCTTACGA
TTGAAGTGACTTGATTTATTTGCCTTGTTCGATGAACTAACTGTTTATAATGATTGAATGAATAGACAATGAATGCATTTAGCCCAAAAGAATCG
TATTGCAATGCATGCAATAATTGCATATATTAGAGACTATATTATATGCACTCAAAATTAGTCAAAATATTGCACGAAATTCAGACTAATTTCCT
CATGAAACTGTTGCTGTCTCAGGTACAACGTGATCTTAATTTCTACATGTTCACGGGCAAAGAAAAACGACAAGAGACGAGCAAAATTCCCAATC
AGAATCAAATTCTGGCATGCCAGAGAAATGTCACCGAAAATTTATCACCCGTACGGACAAATGGACAAATGGACAAACGGACGGACGGACGGACA
TGCGTGGGGGGTAGAAAAGCTAGAAGGCACCGGCTATTTCGGTTGACACTGACATACAGAAACAGCAGATATGTACTGATACACCCGAAATAAAC
GCAACTTGAGGGGGGGGGGGGGGTGAATTTGGTTTTCCGTCCCTTTGTCACCGTCTCTAGACCACCTGGCTTATGAACTGTGCCGCTGTTGCTACA

TTCAAGTACAAGGCCGTGAGCTCGACTCGTTTTTGAACGTCGGCAACTGGTCTGTCCAATTGGAATTGTCAAAAAAATATACAAATATACAAGCA
AAATAAACTCGAAAAATTGCGCAAAGAAAACAACAAAGCAAAGCACTATGGGAAATTTACGCACTTTATCTGGCCGAAAACCGATTAATATATGT
AATATTAAATGCATGCATTTAGTTACAACGGTGACTACTGTTAGGCAATGCAAAAAAGTTAATTGAATGACTATCTGCAAACTAAAAAATATATA
TTATATATCATTAAAAATATGGGCTAGTGTAAGGCAATGCAAAAAAAGTTTGGAGTTAGTTTGGCCACAAAAAGTGGTCAAATTTTCCATAGTAC
AAAGTAGCAAAAATGAGACTGAGCGAAAGCGAATAATAATTGAATGAATGTGCACAGAAAGGCAGACAGCCGAAAGTTTGAGTGTATGTGTGTGT
GTGTGCGTTGTATAACAGATGAAATTGTGCGGACCCATGACTCGCACAACACCCAGTAACAATATCCATCATTAGCATTCGCCTGCCCATGATGA
TCGGCATGATCGGTGACGTAATTGATTTGGGCTTTATTTACAGCAAACAAGCGATCGTAATTACTGACCACAAAAAAAAAAGACCATGAGCCACT
TGTCAGATCATCATGGATGTGAGATCGGCAGAAACACGTAGTCCGCCGAGAGTGGACCTAAAAGTATGCAGGTAGAAGGTGTAGGATCCAATACA
GGGGAGTTTTCCATCCAATATTTCCCCTTTTCGCGGAATTTCCACGCTTAATTAGTAAAGGGGTAAAAAAACAACAACATTCCTCCAAGTGCACT
TGTCATTTCAGCTTCATAACAATGTCGGAGCTCCCGATTGATCGTAAACAGTAGTGAAACCAAATAGCCCAGACTTTGTAAGCAAATTAAAGTAA
TCAAACGTTAACAACAAGCGACCAGCAAACGAAAGCCTCTCGTGCGAAGAGAGCCGGACCTATCCCAACAACAAAGCAACCGCGTCCCATTATTA
AATCCCACCCAAGTCGCTCACCTTCGCCGATGATGTTGAGCTCCTGGTAGTTGAACGGATCGCCATCGCCGAACTTCTTCGCCTGGGACATTTTC
TGCCGCTTCAGCTGGCGTACATATGACATTTAGCTGGATTTTACGGTTATTTGCGTATTCCTCTAATATTCCGGGTAATCGAAACCGTTAGTTGC
ACCAGCTGGAAGTGAAGGGGTGTTTTTTTTTTGGTTATCGATCGTCTGCATGTCACGTATCGATATGTCCTTGTGTCCCCACGCGATAGTTCACA
CAGATCGTAGCGTGAGAGGGAGAGTGCGAGTGCGTGAGAGAGAGAGGGAGGGCCTTACCTGATTTCATACCTGTTGCCTTTTCTAGATAACCCCA
AAACTGGCGATAAAGACTGGTGTGACAGGTGCGCTAATGGAAGAAGTCTGGCTATATGCTCCGCTATGCTTTTCTATCTCCGAGAACCGAAAACC
GAAACATATACATGGACAACTACATATGTATGTATGTATGTAGATGGCGGCGGTCGTTGAACCGCGTTTAATGTTTTCGTACATACTCCGTTTTT
ATGTCTAACCAATCGCAGAACGGCAAAGGCCAACACTAGTTATGACTTATTCATGTTATTCAGTGACGCTGCTCGCCGTCTCCGTTTTGCGGCTT
CGTTCGTGCATCCTGTTGCTCTTATTCGAGCTTGACTGTGAACGCTGTACTGGTTATCTACTGTCGCGTTAGTTGGCGTGTGTCCACTATTCTCT
CCTATCTAAAGTGCTACCACTTTTCTGTCAGTGCATTTTTTTTGCCCGAAAAATATACATATACCGCAAAAAAGAACCCGAATACAATGTATTTT
GTTGCTGGCATTTGTCAATTAATTCTAATCGCGAGACAAGCGAAACAACAATAATAAGCGACACAGTCACAAAACTGGGTAGAAAGAGAGTGTCC
AGAATTGTGAAAGGTATTACGAGGTATTACGAGCTGTATATTTGGGTCTAAAATACATAGTTATTGTTGCACCAGTTTTCGCCCCCTCTCTCTCC
CTCGTCATCCCTCTCTCGCTCACCATTTGCGCTCTACTGATAAGGAAATTTCGGCTTCACTTTACTTTTTTTTTCGGTGAACTTCAATGCCAATGT
TGTCGTTTTTCTTTCAACCGTTGTGCGAAATATTAGTTAAATATTAAGAAAATGTGGTTTTTATTTGCGAAGACTCGAACACACACACAACGCCG
CTAAGTGATTTCGCTTGAGAGATCGGTCTTACACACACACACATACACAAACACAAACGCACACACCGAGTGGTACACACACACAGGCGCAGGTA
TTATGTATACATATATGATTTTTATTCGCTTTGACGAAATTTTGGCATTTGTTGATAATCCAGCTAGAACCGCACGATAGGAGCAACGCGACGCG
AATTTTCGGTGCGAACACGGTTCAGTTGCCGGCAGTCGCACTTTAATTAAGTTTTTAAAACGTCTTATAAATTTTTACCAATATTCGTAAGAGTT
GAGTGATTTTGTGTTTTGTTGTTGGCACAGCTCTGGAAACTGTTTTAGATGGTCTACTTAACAGTGGCTTCTCTTCGCCTGTTATCGCCCGCTGT
TAGCAAACAGACGGCCGCTAACATTGTGCTGTATACGTCCAATCGGTTAAACGGTTAATTTCGAAATTGCTGCCAGCGATCGTTATTGAATGTTA
TTCCAATTCGATAACGTAAGTGTTATTGTGTTATACTAATGTTATTGATTTCTGGGAATTTGATATTTTCAACTTGTAATAATGCCCAAATTTAT
TTTTTTTGCAATGTGAATTTCAGGCATTTATATATGTAACATATATAAATTACAAATAAATAAATAATAATAAACATAATGAAAATAATATTTGA
AAAAAATTTTTATTACATACGATAAAATGTGAAAATTTTAAAACTGTCGTGGTCAACTACAATTGGTCGGCCATAATTAGTTAACTCCAAACATG
TGTGTCATTGACTTTTAGCATTTTTAGGATTTGGTAAACTTAAATTTTTATAACCCTGCAAAATAATACAAAATTCTGGAATAAAATGTCTTAAT
GATCTAGATTGGCGGCATAATTCAATTTGTAACTCAATCCGGCGATAAAGTCACTCGTTGAATGTATAATTTATTGACATGAGTTGAATGCCAAA
AGTCGCTCAACATTTTTTTGAGTGAAAGCTTGCTTACCGATTTCCAACGATCTGGCCGCACTGCCAATTTCGAAATCGAATCAAGGCATTCGCAG
TGGGGCGCGTAAATTTAAAAACAATGTTGCAAATACATTGTGAAACCAATAAACGCATTTAACAAACCGCCTATCACAAATGTTACCCATTGGAT
TGGCGAAAATTTCCATGTTTTTTTTTGGGGAAAAAGCGCGATTAATTAGTAACGAAATCAAATTAGAGCACAGTGACGAAGTCAGCCGAGTGCTA
ATTACCACCAGCGGGTATCAGGCACCTAAATTATGCATGACGTACGCC
(SEQ ID NO: 544)

Exon: 6933..6526
Exon: 5610..5437
Exon: 3581..3416
Exon: 2300..2165
Exon: 2102..1774
Exon: 1708..1573
Exon: 1500..1001
Start ATG: 5539 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT16072
CTCTTACGAATATTGGTAAAAATTTATAAGACGTTTTAAAAACTTAATTAAAGTGCGACTGCCGGCAACTGAACCGTGTTCGCACCGAAAATTCG
CGTCGCGTTGCTCCTATCGTGCGGTTCTAGCTGGATTATCAACAAATGCCAAAATTTCGTCAAAGCGAATAAAAATCATATATGTATACATAATA
CCTGCGCCTGTGTGTGTGTACCACTCGGTGTGTGCGTTTGTGTTTGTGTATGTGTGTGTGTAAGACCGATCTCTCAAGCGAAATCACTTAGCG
GCGTTGTGTGTGTGTTCGAGTCTTCGCAAATAAAAACCACATTTTCTTAATATTTAACTAATATTTCGCACAACGGTTGAAAGAAAAACGACAAC
ATTGGCATTGAAGTTCACCGAAAAAAAACTGGTGCAACTAACGGTTTCGATTACCCGGAATATTAGAGGAATACGCAAATAACCGTAAAATCCAG
CTAAATGTCATATGTACGCCAGCTGAAGCGGCAGAAAATGTCCCAGGCGAAGAAGTTCGGCGATGGCGATCCGTTCAACTACCAGGAGCTCAACA
TCATCGGCGAAGGTGCCTATGGAACGGTTTACAGAGCCCGCGATGTGATCACCGGCAACATAGTGGCGCTGAAGAAGGTTAGGATATCGCTGAAC
GAGAACGGTGTGCCAATGTCCACGCTGCGGGAGATTTCGCTGCTGAAGCAGCTGAATGCCAGCAATCATGCGAATATTGTCAAACTGTACGAAGT
ATGCCAGTTTCTGGAGCGCGACGGCCAATTGCTGATTCTGTTGGTTTTCGAACATGTGGAGCAGGATCTTTCGGATCTTATAGACAGACTTCCCA
AATCGGGCATGTCGCCGCCCACAATTCAGCGCTTGTCAAGGGAACTACTGACCGGTGTGGACTTCTTACACTCACACCGTATCATCCATCGGGAT
CTTAAGCCGCAAAACCTGCTGGTCTCCTCGCAGGGCCACCTCAAGATCGCCGACTTTGGCTTGGCCAAGACCTACGGTTCGGAGATGAAGCTCAC
CTCCGTGGTGGTCACCTTGTGGTACCGCGCACCCGAGGTTCTGCTCGCCCAGCCCTACAACAGCACCGTGGACATCTGGAGTGCCGCCTGCATCA
TCTTCGAGATGTTCAATCGGCGCGCCCTATTCCCGGGCACCTCCGAAAAGAATCAGCTGGACCGCATCTTCGAACTGACCGGTAGACCCACCGAG
CAACAGTGGCCACAGACCATTTCCGTGGCCCTGGAACACTTTCCCCAGCGGCATCCAAAGAGACCAAAAGACTTTTGCCCACACCTGTGCAAGTA
CGCCGATGATCTGTTGAATAAAATGCTTTCCTACGACCTCCACCTGCGACCATCCGCCTTGGCCTGTTTGGAGCACGATTACTTTCAGCAGGAAC
CCCTATAGTCTCGATGCCCAGAAGGATAATGGATAATGGATTATGGATTATGGATTATGGATTATGGATGTGGAAGTGAAAGTGGCAGTGGACTG
ATCATTGCGGCCGCGCTTCGTTCTTGTTACCAATGTTCCTTTAAGTGTAGTGAAGCATTTTGTTTATTTTTTTCGCGACAGTCCAGTTATTGTGTC
CGGGGATACGGATCCGGAATAAAGAATACCTTAATTTGTTTGTAGTCGTAAGTTAAGTGTGAATACTACTGCCGATCAACTATCTGATGACCATT
ACATGTGAAACGATTCTCGAGGGCGTTTGAAGGCCCTCCAAATCGAAATGTGATACACAAAGTTCAGGAATGCATTATACAATTTCAAAATTTTG
TACAACAATCATTTATATATGCAATTATATATACAGCATACAAT
(SEQ ID NO: 545)

Start ATG: 480 (Reverse strand: CAT)

MSYVRQLKRQKMSQAKKFGDGDPFNYQELNIIGEGAYGTVYRARDVITGNIVALKKVRISLNENGVPMSTLREISLLKQLNASNHANIVKLYEVC
QFLERDGQLLILLVFEHVEQDLSDLIDRLPKSGMSPPTIQRLSRELLTGVDFLHSHRIIHRDLKPQNLLVSSQGHLKIADFGLAKTYGSEMKLTS
VVVTLWYRAPEVLLAQPYNSTVDIWSAACIIFEMFNRRALFPGTSEKNQLDRIFELTGRPTEQQWPQTISVALEHFPQRHPKRPKDFCPHLCKYA
DDLLNKMLSYDLHLRPSALACLEHDYFQQEPL*
(SEQ ID NO: 546)

Name: cyclin-dependent kinase 4/6
Classification: protein_kinase
Gene Symbol: Cdk4/6
FlyBase ID: FBgn0016131

Celera Sequence No. : 142000013384627
TGGGGATGCTTATAAGGAACTTGGACCAAATATGGTATATTCTCACCTTGAACTCCTTCGCCGCCGCCGGATACTTGGTACAATCTAGGCGACCC
ACTCGAACGTTGGTGGCATGCAAAGCCTGAGCCACCAGAGCAAAAATGGGCTCCGTTTTCTTGCAGTAGCCGCACCACGGGGCATAGAACATGAC
CAACCATTGGCCCTCGTGTCGCACATCGATGAACCGGTCACTGAGCTCCAAAACCTTCGAGGATAGCCCCGTCGAACCCAGAGTCAGAAGCAGAG
CTGTTGGTTTTGTAAATCATTTAGCATCAGCTTGGATTTTTTCTATTGTTCGTAATTTATTTACCACTTATGAGGCCGAAAATCCACATAGAATT
TGGCGACATCCTTGCAGCAGGTTTAATTTGTACTTCCAAGTGTAATTTACGTGCCCCTTATTTGCTATATCATGCTTTCCGTTATTTTAATAGCT
TCTTTACTTAATTTAATTAGTTGATTGGTTTAATTTTCAGTTCCAAATTATTTTCCTTCGGACCACAGCAACAACAAAAGAAAACATTTGCAAAA
ACCACCCCCTTTAGACTGACCAGATGTGGAAAATATCCAAAATACTTAAGGAGATACTCTTTAGTCCAATGCGTAAATTGAACAAGTTTATTTAT
TAATTTTGTAGTTGTTTGGATTATGTTTTTAAAAGATTATTGAACTCAAGATTTTCATTCTACTATAACCTTAAAACTAAAATGAATTCGAAATA
AAAACTAATTAAATTTTTTTATATGCATCTCTAAGAATTTATCTTTAATAATGACATAGTTAATAATTACATTTATAAAAGAATTTTTAATTTTG
AAAATAAGTTTTTGAGCGGCCATAGAGCGGCTGCCTAAGGGTTAATCTGGTATATTTTTAGTCAGATGGCAACTCTTCAGCTTTGTTTACCTCAC
AAAATAGACTATCTGGCAACTCTTAGGCACACACGTGCATCTCCAGAGGAATTTTGTTTCAGTTGTTGTTCCTTATTTCTTCTTAACTAAATAAT
TGTATTAACTAAATAAAATGACGAATAATGCGAAGAAGGAACCCCAGCAAAGGGGCAAGCATCAGGTGCATAATGTGCGCTTCTACACTATAAAG
CCGCGTGAAATTGTCAGCTTGGCGTATAGTAAATCGAGCAAGTGCCTCGCTCTGAGTCGGTAAATTATTGAAAATTAAAAAAAACCTAATAATTA
CTGTGCAGTAAACTAATAAGTACACTCTTTGCAGTGCAACACCCGTCATTGAGCTATGGAACCTGGAGCACGCCCCGTATTTGGATCGTGTAATC
CACCTGCCCACCGATTCTCATGTGGAATCTATAGCCTGGGCGGGAAACCGCTTATTTTCCGTGGATTTAAGTGGTAAACTGATCGAGTGGGATGT
GATTAAGCTAAAACAACGATATGAGCACTCGCCCACTGGCAATGCTCTCTGGAGTATCGATGTGAATCCCGCGGAAACGGATATTGCCATTGGCT
CAGAGGAAGGGCACATCAACATCCTGAGTATTGAGAATGACGAAATCACCTATAAATCCCTATTTAACAAGCAAAAAGGTCGCGTTCTCTGCATC
AAGTTTGATAAGACTGGAACTAAACTGGTGACCGGCACTGAGGGATTTGTTCGCATTTGGAACGTCCTCAAGGGAACCACTCTGCACACGATGAC
CCTATCCGAAAAGAACGTAATAGTTTGGTCCCTGCAGGTGCTATCCGATAATACGATTATTGCCGGTGATTCAGCGGGATTTGTTACCGTTTGGG
ATGCGGATAACGCGACACAGATAGATTCCACACGAGTTCTGGATAAAAACGTATTTGCCCTGGCTGTGAATAATAAGGAGGATCGATTAGTTTGC
AGTGGAATGCAGCCGCCGCTCATCCGGATTTTCAGCAAAACCAAGATAAAGCGGGAAGAGTCCACCAGCGAGCGTTGGATTAAATTCCTACAGCG
CGATGCCCACAAACACTATGTGAAATCCCTGTTGGTTATCGACGATCAAATTTATTCGGGAGGCAGGGATGGCATATTGACCATTACGTCCAGTG
AACGAATGCAGGCACATTTGTCGCAGCATGCTCCCTTTCTGAAAGGTTCCGTAGCTTCCATGGCAATCAGTAAAAAGCTTTTGCTTTTGCGATAT
CCCAACAGCGTGCACCTGTGGCGCTTGGGTTCTGTGGCCCCGCAAGGCGAGGACAAGAAGAAACCCTGGGCACTGCCCGTCGGCCACACGGAGGA
ACAACTTCTGGAGCTGCCACCCCAGAAACTTCTCCAACTAAATGTCAAAGAGCACAACTTTATACAGTCTGCTGCCATTTCATCAGATGCAAACT
GGATTTGCTACTCTACCTTAAAGGAACTCCGAATCAGTCGTTTGAAAAGTGATCCCCTGCAGGTGGAGCGTCTGGTAGACGATCTTCCCGAGGAA
CTTCAACCAGCCAGTCATATAATTTTCACAAAGCAGGGAGATCTAGTGCTGCTCAACCCGCAGAACAATCATCTAAGTTGGTTTACTTTAGAGGA
AGATCTGGTTACATTCAAATATACCATCGATTTGAGTGAGAAGTGTAAGAATACGATTAGCCACGTGGTTATCTCTTCGCATGGCGAATACATTG
TGGCTGCGAGCTCAGACCACATAATATCAGTTTGGAAACTACATGGAAAACAATACAAGCACCTGCTGAACCTACCAAGACACCGAGCAGGTACC
ACCGCCCTATCCATGCACGAGGATTACCCACGCGTGGTGGTCGCCTACGCCAATGGCCAGCTGGTGGAGTACGATTTGGTCAATCGGATATTCAC
CTGTGAAACTAATGAGTACCTGATACCCGAGACCAGGCGCCATTGCATCAATGGAATCAGCCTGGATCCACAAAATCGTAATATATTTATTGTTC
ACACCGAGGGCAATTTGTATGTGTTGGAGAGGGATCAGCATCTGGATCCCAAAGAGCTTGTGAGCAACAGCAAGTCTAAAAAGTTATCAAATGGA
AACCGCTCTTCAGTTGATGGCGGCTCAAAAGGCCTGAGCCTCAAGACGACTCTGTCACGACAGGTAAGATTGGTAGGTCTGTTTACGCACAAGAC
TTTCATTTTGTAACACTTTGGCTCACAAGGTAATCTTAATTCATCCATGAAATAAGAATGAGAGGATTAAAATCTCCTTTTAGGCTTACCGACTA
CCCACTTTAACGTTTTCCGTCCTTTCTATAGCTGCCACAAATCCCAAACCCGCCCCTTATTACTTGCAAACACTTTCACACCTCAATTTTTTTCC
TTGCAGCACCTGGTGCACGTGTCTCGCCTGAGCCCTAACGAACTTGTCAACGTCAGCATTTCGACAAACAATCTGTTGGCTCCGCTGCCGCCGCC
GTACCAGCGGAAGAAGTTCGGTGCCTCGTAAATGGAGCGCCGCAGGATGAAGTTGAAGTGGAGTGGAGTGGCGAAGCTCCAGCATCACTTTGGCT
TACCCAGTAGTTTCCACTTAGTTACCAAATAAAATCAAAAGTATAAAACAATGGTGGAGTGGATTTTTCGCAGGCTTGTGCGGCTCGCACTCTGC
ATTCGCACGGAAATTTGTCAAATGTATTGCCAAAAATTTGTCTCCGGCCGTCTCGTCGACGACTACAATGTCTCTCGTTCCCATTCCCATTCCTG
TGATTTCTTGCAGGCGCTTCTACGTGGATTGTGCAACATTTCGCTTCGTTTTGTGTCGCCGGCATTTACTGTAATTGTTGTTGCTGTTATTTTTT
GGTTTTACACTGTCTAGCCAATGTCTAGACAAGTGCATACCACACAGACAGTCGAAAACACACGCACACAGTGGCGGCAAGCGGCGGTCGAGGGG
GTCTTTTGGTGGAGTCCTGGGGGGACGTCGATGCACAATTCAACTTTTAGCTCAAAAACTCATTGGCCGGCTGGGTCCGCTACCCCGCCGCTCCA
CCATTTCCACCATTGTGGCCGAATGGTTTGGGTGGGCGTTCTGTTTCTGATTCTCGGCAAAAAAGTCCGAGTATCCCGCAGCCATATTCGAATGC
CAGCAGAGGCCTGGACTTGGGCTGGGTCATGACCACTTTGGGATCAAAAAGGTGATTAAAACTTTACAATCGCAGCTCGGGGTGGTGATTCGTAT
CAGACGGCTTGCTGCATCGCCGGAATTAAAATGGATGGAAAGTATTAAACAAAACTAATTTAGAAATCGCTTCGCTTATAAACTAACTTTATAAG
CCAAGGCTGCAGGACTTTCCTCCAATTGCATGCATATCGCACATACTGAAAGGGATATAACCATTTACATATTATAAGTTATTAGGTTCCTCAAA
TATTGTGTTCAAATTTGATTTTAAGGTATTCAAAATTCGGTTTGGCCTTGTCAGTCGTTTTCCATCTTGTTATGTGCATTG
(SEQ ID NO: 547)

Exon: 1001..1199
Exon: 1270..3103
Exon: 3332..3451
Start ATG: 1063

Transcript No. : CT16106

ATTTTGTTTCAGTTGTTGTTCCTTATTTCTTCTTAACTAAATAATTGTATTAACTAAATAAAATGACGAATAATGCGAAGAAGGAACCCCAGCAA
AGGGGCAAGCATCAGGTGCATAATGTGCGCTTCTACACTATAAAGCCGCGTGAAATTGTCAGCTTGGCGTATAGTAAATCGAGCAAGTGCCTCGC
TCTGAGTCGTGCAACACCCGTCATTGAGCTATGGAACCTGGAGCACGCCCCGTATTTGGATCGTGTAATCCACCTGCCCACCGATTCTCATGTGG
AATCTATAGCCTGGGCGGGAAACCGCTTATTTTCCGTGGATTTAAGTGGTAAACTGATCGAGTGGGATGTGATTAAGCTAAAACAACGATATGAG
CACTCGCCCACTGGCAATGCTCTCTGGAGTATCGATGTGAATCCCGCGGAAACGGATATTGCCATTGGCTCAGAGGAAGGGCACATCAACATCCT
GAGTATTGAGAATGACGAAATCACCTATAAATCCCTATTTAACAAGCAAAAAGGTCGCGTTCTCTGCATCAAGTTTGATAAGACTGGAACTAAAC
TGGTGACCGGCACTGAGGGATTTGTTCGCATTTGGAACGTCCTCAAGGGAACCACTCTGCACACGATGACCCTATCCGAAAAGAACGTAATAGTT
TGGTCCCTGCAGGTGCTATCCGATAATACGATTATTGCCGGTGATTCAGCGGGATTTGTTACCGTTTGGGATGCGGATAACGCGACACAGATAGA
TTCCACAACGAGTTCTGGATAAAAACGTATTTGCCCTGGCTGTGAATAATAAGGAGGATCGATTAGTTTGCAGTGGAATGCAGCCGCCGCTCATCC
GGATTTTCAGCAAAACCAAGATAAAGCGGGAAGAGTCCACCAGCGAGCGTTGGATTAAATTCCTACAGCGCGATGCCCACAAACACTATGTGAAA
TCCCTGTTGGTTATCGACGATCAAATTTATTCGGGAGGCAGGGATGGCATATTGACCATTACGTCCAGTGAACGAATGCAGGCACATTTGTCGCA
GCATGCTCCCTTTCTGAAAGGTTCCGTAGCTTCCATGGCAATCAGTAAAAAGCTTTTGCTTTTGCGATATCCCAACAGCGTGCACCTGTGGCGCT
TGGGTTCTGTGGCCCCGCAAGGCGAGGACAAGAAGAAACCCTGGGCACTGCCCGTCGGCCACACGGAGGAACAACTTCTGGAGCTGCCACCCCAG
AAACTTCTCCAACTAAATGTCAAAGAGCACAACTTTATACAGTCTGCTGCCATTTCATCAGATGCAAACTGGATTTGCTACTCTACCTTAAAGGA
ACTCCGAATCAGTCGTTTGAAAAGTGATCCCCTGCAGGTGGAGCGTCTGGTAGACGATCTTCCCGAGGAACTTCAACCAGCCAGTCATATAATTT
TCACAAAGCAGGGAGATCTAGTGCTGCTCAACCCGCAGAACAATCATCTAAGTTGGTTTACTTTAGAGGAAGATCTGGTTACATTCAAATATACC
ATCGATTTGAGTGAGAAGTGTAAGAATACGATTAGCCACGTGGTTATCTCTTCGCATGGCGAATACATTGTGGCTGCGAGCTCAGACCACATAAT
ATCAGTTTGGAAACTACATGGAAAACAATACAAGCACCTGCTGAACCTACCAAGACACCGAGCAGGTACCACCGCCCTATCCATGCACGAGGATT
ACCCACGCGTGGTGGTCGCCTACGCCAATGGCCAGCTGGTGGAGTACGATTTGGTCAATCGGATATTCACCTGTGAAACTAATGAGTACCTGATA
CCCGAGACCAGGCGCCATTGCATCAATGGAATCAGCCTGGATCCACAAAATCGTAATATATTTATTGTTCACACCGAGGGCAATTTGTATGTGTT
GGAGAGGGATCAGCATCTGGATCCCAAAGAGCTTGTGAGCAACAGCAAGTCTAAAAAGTTATCAAATGGAAACCGCTCTTCAGTTGATGGCGGCT
CAAAAGGCCTGAGCCTCAAGACGACTCTGTCACGACAGCACCTGGTGCACGTGTCTCGCCTGAGCCCTAACGAACTTGTCAACGTCAGCATTTCG
ACAAACAATCTGTTGGCTCCGCTGCCGCCGCCGTACCAGCGGAAGAAGTTCGGTGCCTCGTAA
(SEQ ID NO: 548)

Start ATG: 63

MTNNAKKEPQQRGKHQVHNVRFYTIKPREIVSLAYSKSSKCLALSRATPVIELWNLEHAPYLDRVIHLPTDSHVESIAWAGNRLFSVDLSGKLIE
WDVIKLKQRYEHSPTGNALWSIDVNPAETDIAIGSEEGHINILSIENDEITYKSLFNKQKGRVLCIKFDKTGTKLVTGTEGFVRIWNVLKGTTLH
TMTLSEKNVIVWSLQVLSDNTIIAGDSAGFVTVWDADNATQIDSTRVLDKNVFALAVNNKEDRLVCSGMQPPLIRIFSKTKIKREESTSERWIKF
LQRDAHKHYVKSLLVIDDQIYSGGRDGILTITSSERMQAHLSQHAPFLKGSVASMAISKKLLLLRYPNSVHLWRLGSVAPQGEDKKKPWALPVGH
TEEQLLELPPQKLLQLNVKEHNFIQSAAISSDANWICYSTLKELRISRLKSDPLQVERLVDDLPEELQPASHIIFTKQGDLVLLNPQNNHLSWFT
LEEDLVTFKYTIDLSEKCKNTISHVVISSHGEYIVAASSDHIISVWKLHGKQYKHLLNLPRHRAGTTALSMHEDYPRVVVAYANGQLVEYDLVNR
IFTCETNEYLIPETRRHCINGISLDPQNRNIFIVHTEGNLYVLERDQHLDPKELVSNSKSKKLSNGNRSSVDGGSKGLSLKTTLSRQHLVHVSRL
SPNELVNVSISTNNLLAPLPPPYQRKKFGAS*
(SEQ ID NO: 549)

Name: WD-40 repeats containing protein

Celera Sequence No. : 142000013384256
GAACCAATCGATATTTGCAGTAGGGTAGCGCAATAAACTTACGTTTTATTTATTGAAAACAAATCGGTGTCACCACCAGCCGCCTTCGATAGAGC
TGTTATCGTTATCGCAGCCACCTATCGTTTAATTCGCTGGGCGTTTCACAATTTTTTTGGGAAACACAACAAAGCTTCACAAAGGACACGATGCT
CGTTCTGGTACTCGGCGACCTGCACATCCCGCACCGGTGCAGCAGCCTGCCGGCTAAATTTAAGAAGCTGCTGGTGCCGGGCCGCATACATCACA
TCCTGGCCACCGGAAACATCTGCACCAAGGAGTCCTACGACCTACCTGAAGTCCCTGGCCAATGATGTGCACATAGTGCGCGGCGACTTCGACGAG
AACCTGACGTATCCGGAGCAGAAGGTGGTCACGGTAGGCCAGTTCCGGATCGGTCTGTGCCACGGCCACCAGGTGGTTCCCCGCGGAGACCCGGA
GGCGCTGGCCCTCATCCAGCGGCAACTGGACGTGGACATCCTGATCACGGGGCACACGTACAAGTTCGAGGCCTACGAGCACGGCAACAAATTCT
ACATCAATCCGGGATCGGCCACGGGTGCCTTCAACCCACTGGACACCAATGTGGTGCCTTCGTTCGTGCTGATGGACATTCAGAGCACCACGGTG
GTCACGTACGTGTACCAACTGATCGGCGACGAGGTCAAAGTGGAGCGCATCGAGTACAAGAAGATCTAGGGTCCTAGTATTAGCCACCAGCCATT
CCCCTCCAATCCAACCCTTGACCCCTGCATTCTGAGCTCGGCTTCATTAAAGAAATTGTAAATGTACGTAGCAATAAATCAAGTTCTCATTTTTT
TATCTGATAAAAAATGCTAGCACCTTGTTTAAATAGAGAATAAAAGTACGAACGGACGAAAGTGAAGTTTTAGATTTAATGCAATAATAAACGAT
TACAAAGTAAGGAAAAACACCCCCAGAAATTGTGATACTCCCACAATAATCTGATAAAAAAGTTTAAATTTTATTAAATAGAATATAAAAAGGAG
TTACATCTGATGATCGAGTAAAGAGTCTGCTCAAAAGTTCGGATTTCATGCTCAGTTTCTCATTGCAACACACTCTCGATATAAATACATTGGGT
TCGGTTTGTGGCCATCGCTTTTCCATCGAAATAAATTATATAAATACTTTCCACGAGCCAGGACAGCAATGTTTGGCAACATCATCAATACGAAA
TGTTTGATCTAAAAATCTTTGAATTACGAAAACTTTGCACTTAGATTAAATACAATTATGATTGCTGCTGACGACAGTTGGAAAAGCAACGAACA
GGATCCCCGAGGAGGAGAACCGCCTTAGCCGAGGCTGTCCACGCACACAGTCTTCAGGGTCTTGCCGGCAATCGTGGTCTTATACTGCTCCGGTA
AAGCCAACTCGGTCTGGAAATCACAAAAAAAATAAATAAATGACTGAAGACAAGAGACAAATTTTTGAACTCACATAATCGCCGCTGTCGTCGGG
CAACAGGATGTTCATCTCCGAGGACTTGGAGTTGACGATCTCCACGCCCAGCGAGTCCTTGGACAGATACATCTGGCAGCCGTCGGTCTTGTCGA
TCGATACCGTCGGCACCGAGCCGAGCACCTGCATCTGCACGCTCTGGCAGTTGACGAACTCCACGGAGGCCACCACGGAATCGAACAGCAGGGAG
CACTTCTTGCAGGAGTCGAAGACGATGTTGTTCACCTTGCCCTTGACGGTCAGAGTGGATCCCTCACACTTGAACACATACACCACGTTGTTCAT
CTCGGCGTTCTCCACCAACAGCCCGGTGTTGTTCTTCTGGTACTCGATGATCCACTTCTTTCCGTCGCGCTCGAAAACGGGCGCCTTGGCTTGCG
CAGCTGATGGAGCAGCAACGGCCTTGCTGCCGCCCGACTGGGCTGGCGATTTGAACGGAGCCGGTCCAGTGCGTAGAGATGGATTTTTATGGGTC
TGCATGTCGCCAGTGACCTTCTTCAAGCCTGCGGGTTTATCAAAAGATACATTTTCTTACTATAGGAGCACTTAACCATTTTTGCAGTTGCTGCT
CACCCTTGGTGATGTCGGCACCCTGGTTGATCTGGGCGAAGAGGGCGCTGCGATCATCTCCGGCGCTATCCAGCTTGAGGGCACTCAGATCCAGC
ATGGGCGGCGGTGGGGGCAGACCACCGGGTGGCGGTGGTGGCGGGGCACCTCCGGCGGGGGCCGCTCCCTTGCCGGACCACACCAAGCCCGTGGT
GTGGTACTGCCGGATGTAGGCCTGCAGTTCGGTGAGCGTCTGCACCCAGGCGCGGGCCCACTCCACATGCGTAACATCCTTCTCCTTCCACTCCT
TGAGCACGCGGTTCGTGTAGAACTGGCCGGCGTCGTTCATCTCCTTGACATAGGGACCCGGGGTCTTCTCCACGCACACCCAGCCCAAGGCGGGA
ATGCTTTCGCTGATGGCCGACAGGTGGTTGAAGAAGGGCGAGGAGCGGTGCTTCTCGCGGAAGTCCTGGATGGCGCTGATCTGCGTCGAGGTCGG
CTTCAGAAGCTCCGCCTGCTTGGGCTGCGCCGGCTGGGCGATCTGGGTGGCCAGCGTCACGTACTGCAGTTGGGAGCTGTTGCGGAATTGAACGA
TGGCATTATTACACTTTTACCATAGATGACTCATCCAGACTGACTCACCCAAAGGCGCTCTTCACGAGCTCCGCATGCTGCGCCACATCGCCGCC
AATTTTGGCGGAGAGAGTTAGGTATTGGCTCAGCGGACCCGCCACAATGTCCTCGAATCCGGCGACACTCATGTTGCTGCTGGGCGGCGAGGGAG

GTGGAGGTGGTGTCTCTGCTTTTTCAAAAACTGGAAGAGCTTCTTCTTCTTCGGCTGGCGGAGGCGGGAGTGTGGGCGTGGGCAGTTCTATCGGC
TGTGGCGCTGTTAGAGTCCGTTCCAATCGGTCGACGAGGGTCTCCAGTCGCTCGCAAATGCTCTCCAAGTGGTCGACGGCGGCCGAGGGCTTGGC
TTCCGGCTCGTTATCTGAACCAAAATGACGCGGAGGAGAACGGCAAATGTTTAGTTCGTTTTGGCAATTATCTCGAATTATTCAAATAACACTGA
GTTTTATAAAGAAAATAACTTGAGTGAGATGATGCTTCAGCGTGATAAACCCCAGTGAATCGTGCACTCACAATACCTGACAAAAAAGGCGATAT
AAACTAAGGCGTCTCGAGAGGAATACCTCATCACGAGCTTGTGTATGATGATGAACTGGTGCGCTTAATACTTATAAAGTTCAATATGCAAAAAG
AGCTAATCCCAACGAGTGAAAGTAATAATCCACATGCAAAAACGGCACAAGACAACGAAAAATCATAAGAGAGAAGAACTAAGTTGAACCTTTAA
ACGGAAGCACTTGACTTGCGAACTTATTGGCCATCAGGAAGTTACGTGAATCGCTAGACTCTCAAAACTTCTTCACAGCGAAAACGAACACATAA
AGAACACAGAAAGTCAAGCATCCGCTTAAATAACTGCTGAGATCGAAAAAAAAAAGCAAAAGAATCGGACTCTATCGAAGCTCGCATACCCCGCA
CGGCCACGCTATGCTCCACAGCCGCATGGGCGGCCCGCAGGAGCTCCGTGTAGAGACGCTGGCGCTTCAGCTCCAGCTCGTCGCGTCCCACCGGC
GTGACCGGGGGCTCGATGCAGCCGCTGGACATGGAACGAGGACAGAGGAGACGATGTACTGGCAATTCAAAGCGGGGCTGGGAATGCAGGGGTCG
ACCTGTTCTGGTTTCAGCTTAACTATATGGATATTTTGGGCGTGAAACCAAAACAGGATCTTGGGTAAGCATACATGTCGTTCAGGCGCTCGTCG
TCGAACCACGAGGGTAATCCGTGGGCAAAGAAGAGTGTTTCCGAGACGACATCCCCCTCGATGTAGGGTGCACACATGCTCTCCCGCTTGGGTGG
CGGCAGTGAGTCGGAGAACACCTCGTCGTCGTCCAGCAAGGAGCCCTGATTCTGGCTGGCCAGCAGGAGCAGTGGCAGTGGATCCGGCTCGATGA
TCTCCGCCCGGTTGCTGATATTCACCTTCTTCTTGATCGACTGATGCGTTGAGTTGTGCCTGGACAGGCAGCTCTTGGTGGGCGGCGGCTGAGGA
GGCGGTGTGGTCGGCGTGACCGTCGCCACCACCACCACTTCGTCCGCCTCCTCCGCGTCGCCGCTGGTCATCGAAGCAGGTGGTGCCGTGGATGT
GGAAGAGTGCGTTGAGCGGGCCAGTGGCTCCGGTTCTTTGGGTGCTAGTGCTGGATTTGCTGGTGATGATTTGCTAGCCGCTTCAGCCTGAGTTG
GTTGGGCTGTGGAAGTGTTGCTTAAGATTACTCTACATGAAGCGACGAATTACCAAGACGATCATCAAGGAAAGCGCCGATACTTAAGTTGATTA
CTTCACTTCACTCTCTGCTCACCTCGCTTCCTGTCTTCATTATGTTTATTTATCGCATTTAAAAGCATTTACCATGGTCACTGGCAGATTGAGTA
GTTAGTTTTTACTGCTCACCTTATTATTATAGAATCTATAGAATCTTGAATTTTCTGTCTAAATTATTGACCTTCATTTTAGTTTCTATATTCGT
CACTACTATATACTATACGTTCACTTTGATGGATGAGCACGATCTAAGTGCTCAACAAAAAGTGTGTATGCAATGTCATTAGCTATTCCTCATTA
ATCAACTGAGAATCGGCGCAATTCCTTGATATTCATATGTATAAAATTCACAGAAATAAACCGAAGAGAAAGCACAGTGAAGACAACTCATAAGT
AAATAGAAAAGGACACTCAAGGCAGCTTGAAGTGCCCGGATTGAAATGAAAGGAAAGATCAGAAGTGGTGGTCAGCTGCAGTGGCATTGCAGTGA
GTGAGAGCCGGCCGGATAGGGGCCTTCGTTCCGGAGAGCAGACAAAAGCCGAGACAGCTGTTGAGCTCGAAGGCCGGAGAACGCGAATAGATGGG
GTGGTGGGTAAATACTTAGCGTTGCGTCAGTACCAGTGTTTGGCTGGGTGCTTGTGGGCACATCCTCGGGATTATGCGCTTCCAAGAGCTCCTTT
TCTGGTTTCACAGGCTCTGGCTCCTCCTTCGGAGTTCCTGGCTTGCCGTTCAGCTGGGGTTCCTCCTTTTCGGTGACCTGTCCGCCGTTCTCCTC
CTCTGCGTTCCGCTTTTCCTTCTCCTTCTTGCCCGCCTTGGGGTTCGATCGGCAGCAGGAGAACATTTTGCAGGCGTGTGGCTGGGCTTTTCCGG
TGCTCAACACTCTAGGTACGAATCAAGCACATTATGTAAGTTCCGTGGCTCGACTGCGGATGCCCGTGAAGCTCAAGCGGCGGTCACAACACTGA
CGGCACACCAAACCAAATCGAATCAGTAGAAGCAGTAACAGCAGCAGCCATATAAGACACTCAACGGGTTTCCAACGAACGTGGCCACTCCTTGC
TCACTGTGTACATATATTCAGTGTATGGCCCAAATTTAGTGGCACATTAATAAGGTCCTCCGAGTTGTCCGCGCCTTCAACTGGGTCAAGTGACT
GCCGACCAAGCACAGAACCAAATGGCACACAAATGCGATTACACACGGAGAACAGAACACACCCTAAACGAAGCGCACGCCCACGCACTCGGGGA
TTCGATTCGATTTCGAACTCGAACTCGAAGGTCTCAACAGGACTCTGTTAGGAGAGCTCCGCGCTGTTAACTGCTGAGTTTCGCCGCCTTGTTGG
GCTACTCCGCGCTGCTTTTGACCATTTGGGGCCAGCCACCGACTGGCAATGAAATGTGTTTCATTAATAACCGCTTTTGGCCTGACATGCAGGAT
TTTGTGCAAGCTCCGGCGATGTCTTGCACTTTTGCAGCAGAGAAAGCTTACGGTCCAGGCGGAAAATGGAAAACTCTCCGAGAGAGTTGCGCAGA
CACCACTGTGATTTCGTGATACCCTTCTCGCCACGGGTGGCGCGACTTAAGTGAGGGAAAACCACGGCGATCCCATAGTTTTATCAGCCCTGTAA
GGCAGGGTTCGCCTATCAATTAGTTGTGACAACACCGAGTTATCTTTACTATTTGGAAAGTTTCCAGGAATGATCGGTAATGAAACTATGATTCC
ATTTTGAGCATTACCATAACGTTTGTAAGCCATAGAGAGTAGAGAGATGCAATGATCATATCTTAGCCGGCTATAAAAACAGTTTTAAAATGTTC
AGCTTTTTGTGAAGTAATCTGCCGCAGAAGAGTATAAAAACGTCGACGTAACTGAAACTCCCATATCGTTTGCTTGCCAGTTTTTGTTTTGGCCT
TAGTGCAATGGGTTTATTGCACCGGCAACGTTGTTTTTGTTTTTAAGTAGCTTTAAACAAATGGCTGGCAATTAGAGTGGGAAATGCATCAGTAG
CCGTTGGATTGGAGGGAGGGGCTAAGCCGCCGAGGACAAGTAAGCCGAGATTCAACTTTCGCCTGGCGATACTAGTTCTCCTTGCAGTCTTGATG
CGTTTTCTGCGGCAGATGCGTTTGTTGCGTGCAGAAAGCAAAGAAGAAATGGGGAAGAAAAACTAGAAACCAAGATTAAATGTCTGCAGCTGAGG
AACCGTTATTCCCGCTGCGAGAGTGTGAGTGAGCTCGAATTACCAGGGGTGGGGGGTGTTCGTAATGGTAGAAGAAAAATCGCCCACCTTATAAG
GCGAGGTGTTATTTTCTTCCACCGAAATCGAGTGAGTGGTAATATCTGCCGATTTTCAATCGCGATTCGCTGATAAAAGCGTTTTGGCCAACTTT
TTGACTCATTCGCGCACGAATACAAGCAAACGTGTTTGCTCTTGCGTAAACTACATACATGCATACATACATATGCATATCAACTATGTGTCTGT
GAGTCAGCGAAACAAAAACAAAAAATGGCCACAACAGCTGAGTAGTTACTTTTTTTTATCGGGGGTTAACAATCGCAATGGGAGCTGCTAAGGGT
TAATTTGCATACACTTGCTGGCAATGAATTAGTTGTGTCTTTATGCCATGGAATCGGATATGAAATCATCGTTAAAAATACACCATGTAGATTTA
ATTTTACAAGCAACATGAATCACACAAAAATAGCCATCACACAGCTGTCTCTTGTCTTTTTGGCTCTCTTCGCTGTTGTTGTTGTTGTGTGTGTA
CAAACACCCACAGCCTGCATCACACACACACGCTCAAATTCGTGACAGCACCACCCACCCCTCACCAATAACCGTTAATTCCGCAGACACTTTCA
GCCGGCGAACGGGAGAAGAGAATTTGCGAATAATAGCAAAGCCCCGTTTAAATGAACGTTTTTAGCAACAATCAGGCGTTACTCACCTTCTTTTG
CTGCTGATGAATTTGCAAGGATCTGCAGTTGTATTCCAATTAGAACTGACGAGAAGCTGCGTAGCGAACACCGGCGAAATGGCGAAAATAATAAC
TTGGCGTGGCCTTTGGTGGGACCAGGCGTACATTCGTGGAAATAGTCAAGCGAGTTAACCCTTATGTGGGTGGCAGAATACTAAAAATATATGAT
ACAACAAATTTTAGACTTAAGAAAACGGATGTTTAAATGTATAAAATATGATGGAAGTGCAATAGCCAAGCTTATAAACTAATTCTTAAATTATT
TGCAATGCATTTAGGACTTTTCGATATACACGTAAATAAACTATATTTTGATTGAACACGGTACATTTCTACTAGAGTTCACCTTCAGATATTGA
CGCTATTTCTTGTCCTGTAAATTATTTTGTTAAATCGTTCACATTGTATGTCTAATAAAGATGTTTTCCAATAAAATGTTATTCCCTTTTCACTT
AGTCTAACATATTCATTAAATAATCAATGTTTTATTTTTTATTTAGTTATTTTAATTAGTTCTTAATTATAAAACTGCTCTAGATTCTCGATATT
TTGCGGAATCCGGCGCATGGTCACACTGACGAACACGTATTTTCATTATTCTTGCGAAGCGCATCGCTTAAAACTTGATTACGCTCGGATAACAA
GATGCACCCGCGTCTCAAGTGACTGAACAGGTAGCGAAGTGACCCTGGATGAGCGTGGGTAGGCAGCCGGCACCTCTGGAAAGCCCTAATCCCAG
GTCCGCCAGCCGTTTGCAGGTTATGTCCGCTTGTGTACACTGTGACGGGGAACCGAAGAAGCAACAGGAGCGGATTCCTGGCAGAAGAGACAACC
GCTGTACGAGATACCGCCCCTGACCTGCGCAACATGATCGAGGTGCTGTGCCTGCTGCTGGGCAGGATCCTGCTGCTCCTGGTCGGCGGCTACGA
ACTGATGTGGCGGCTCCGAGAGCGACTGAATGCACTGGCCGTCCGGTCATATGACCTTTGGCGCAGCAAAGCGGCACGTGAGGCGCACGAGCGGC
GCGTGCTCGCTGACTGCCGCTCCCAGTTGACGAAGACGCCGCAGCATCTGGTCCTGGTTATCTCCCCCGTAGATGCCGGCGTG
(SEQ ID NO: 550)

Exon: 7538..7506
Exon: 7432..7402
Exon: 3054..2709
Exon: 2641..2094
Exon: 2023..1500
Exon: 1438..1001
Start ATG: 7538 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT16203

FIGURE SHEET 302

ATGTACGCCTGGTCCCACCAAAGGCCACGCCAAATCCTTGCAAATTCATCAGCAGCAAAAGAAGATAACGAGCCGGAAGCCAAGCCCTCGGCCGC
CGTCGACCACTTGGAGAGCATTTGCGAGCGACTGGAGACCCTCGTCGACCGATTGGAACGGACTCTAACAGCGCCACAGCCGATAGAACTGCCCA
CGCCCACACTCCCGCCTCCGCCAGCCGAAGAAGAAGAAGCTCTTCCAGTTTTTGAAAAAGCAGAGACACCACCTCCACCTCCCTCGCCGCCCAGC
AGCAACATGAGTGTCGCCGGATTCGAGGACATTGTGGCGGGTCCGCTGAGCCAATACCTAACTCTCTCCGCCAAAATTGGCGGCGATGTGGCGCA
GCATGCGGAGCTCGTGAAGAGCGCCTTTGGCTCCCAACTGCAGTACGTGACGCTGGCCACCCAGATCGCCCAGCCGGCGCAGCCCAAGCAGGCGG
AGCTTCTGAAGCCGACCTCGACGCAGATCAGCGCCATCCAGGACTTCCGCGAGAAGCACCGCTCCTCGCCCTTCTTCAACCACCTGTCGGCCATC
AGCGAAAGCATTCCCGCCTTGGGCTGGGTGTGCGTGGAGAAGACCCCGGGTCCCTATGTCAAGGAGATGAACGACGCCGGCCAGTTCTACACGAA
CCGCGTGCTCAAGGAGTGGAAGGAGAAGGATGTTACGCATGTGGAGTGGGCCCGCGCCTGGGTGCAGACGCTCACCGAACTGCAGGCCTACATCC
GGCAGTACCACACCACGGGCTTGGTGTGGTCCGGCAAGGGAGCGGCCCCCGCCGGAGGTGCCCCGCCACCACCGCCACCCGGTGGTCTGCCCCCA
CCGCCGCCCATGCTGGATCTGAGTGCCCTCAAGCTGGATAGCGCCGGAGATGATCGCAGCGCCCTCTTCGCCCAGATCAACCAGGGTGCCGACAT
CACCAAGGGCTTGAAGAAGGTCACTGGCGACATGCAGACCCATAAAAATCCATCTCTACGCACTGGACCGGCTCCGTTCAAATCGCCAGCCCAGT
CGGGCGGCAGCAAGGCCGTTGCTGCTCCATCAGCTGCGCAAGCCAAGGCGCCCGTTTTCGAGCGCGACGGAAAGAAGTGGATCATCGAGTACCAG
AAGAACAACACCGGGCTGTTGGTGGAGAACGCCGAGATGAACAACGTGGTGTATGTGTTCAAGTGTGAGGGATCCACTCTGACCGTCAAGGGCAA
GGTGAACAACATCGTCTTCGACTCCTGCAAGAAGTGCTCCCTGCTGTTCGATTCCGTGGTGGCCTCCGTGGAGTTCGTCAACTGCCAGAGCGTGC
AGATGCAGGTGCTCGGCTCGGTGCCGACGGTATCGATCGACAAGACCGACGGCTGCCAGATGTATCTGTCCAAGGACTCGCTGGGCGTGGAGATC
GTCAACTCCAAGTCCTCGGAGATGAACATCCTGTTGCCCGACGACAGCGGCGATTATACCGAGTTGGCTTTACCGGAGCAGTATAAGACCACGAT
TGCCGGCAAGACCCTGAAGACTGTGTGCGTGGACAGCCTCGGCTAAGGCGGTTCTCCTCCTCGGGGATCCTGTTCGTTGCTTTTCCAACTGTCGT
CAGCAGCAATCATAATTGTATTTAATCTAAGTGCAAAGTTTTCGTAATTCAAAGATTTTTAGATCAAACATTTCGTATTGATGATGTTGCCAAAC
ATTGCTGTCCTGGCTCGTGGAAAGTATTTATATAATTTATTTCGATGGAAAAGCGATGGCCACAAACCGAACCCAATGTATTTATATCGAGAGTG
TGTTGCAATGAGAAACTGAGCATGAAATCCGAACTTTTGAGCAGACTCTTTACTCGATCATCAGATGTAACTCCTTTTTATATTCTATTTAATAA
AATTTAAACTTTTTTATCAG
(SEQ ID NO: 551)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MYAWSHQRPRQILANSSAAKEDNEPEAKPSAAVDHLESICERLETLVDRLERTLTAPQPIELPTPTLPPPPAEEEEALPVFEKAETPPPPPSPPS
SNMSVAGFEDIVAGPLSQYLTLSAKIGGDVAQHAELVKSAFGSQLQYVTLATQIAQPAQPKQAELLKPTSTQISAIQDFREKHRSSPFFNHLSAI
SESIPALGWVCVEKTPGPYVKEMNDAGQFYTNRVLKEWKEKDVTHVEWARAWVQTLTELQAYIRQYHTTGLVWSGKGAAPAGGAPPPPPPGGLPP
PPPMLDLSALKLDSAGDDRSALFAQINQGADITKGLKKVTGDMQTHKNPSLRTGPAPFKSPAQSGGSKAVAAPSAAQAKAPVFERDGKKWIIEYQ
KNNTGLLVENAEMNNVVYVFKCEGSTLTVKGKVNNIVFDSCKKCSLLFDSVVASVEFVNCQSVQMQVLGSVPTVSIDKTDGCQMYLSKDSLGVEI
VNSKSSEMNILLPDDSGDYTELALPEQYKTTIAGKTLKTVCVDSLG*
(SEQ ID NO: 552)

Name: Adenylyl cyclase-associated protein
Classification: enzyme
Gene Symbol: BcDNA:LD24380
FlyBase ID: FBgn0027062

Celera Sequence No. : 142000013384665
ATCTCATCTCATATGAAAGCAATATCATATATGTATGTTAATATTAAATAGATATTAAACATAAAAATCCATCCCACCCACATTCCGCTGAAAAA
TGAAAACACTCGCTTTTGCCGAAGTGGAATTTTATTGTAATTAAATTTGTTGGGTGTACAAAGGTATGTTTTAAGGACTTTCTCTCTGCATTTAT
TACAATTTCTTCAAATGGTTTTAATTGCTGGGCTTTTGCTTCGAAGACGGGCAATCAAGTTTCAAGAATCCTATTTTCTTTAATCATACAAATTA
TGTTTTATTTCGCTTTAATATATAAGGATACATATATATATCTGCTATATATAGAAGTGTGTTGACTTGCGTATATTTCGTGAAAAGTAAAAGTT
TTCTTCTTCGCAATTTCCCTTGAACTAACATTCCAATTCGGGTTTTGGTTATGTTTTTTTTTTCTGTTTTACTCTCATTATTTTGTTTGTTTGTT
TTTTTTAAATAATTTTGCATTTTCTGCATACATGTGGTTTTGTGTTTTGCAATTTTTTCAATGATTTTTCCTTGGGTTTTTATTTGTTTTTAGTT
TTCGATTTGTTTAATAAAAAAATATGTATTTCACTGCCCAGAGCGAAAGCCATTTCTTACTTCCGCTTGCGTTAATATATCATTTTATGTATGTA
TGGTGTAAAAACATCATTTACTGGTAAAACTCTCGATATCCTTTGTAACAGAAATCGGAACGCAAATGAAATCGAGGCGACTTACCAGCTCCTTC
TCATTAAATACATATATGTTCTTGCAAATGTTTATAAATGTATGCATGTTTTTCCTTCTCTCGGATAATAGTGTAATCATAAAAATCCTGTCTGC
TTTTTTGTTGTTTATTAATATGCTTCATAAGTTGTTTACGCTTTAGCGCTTTTCATGTGTTTCTTGTATTTCTCATATATGTTGTGGTTGTTTAA
TATGTGTGTTGCTGTGTGTGTGTTTTTGTGTTTATATATATTATTTTTTTTTTGCTGTTTTTACATAGGTTTTGCCATTTTTTTGTAGTTTTTTC
GATTTATGTTTTGTTTTCATTTGTCAACATATTTTTTCAGCTGTTGGTATTCTGTATTTTCTCTCTTTTTTCAAAGTAGCAAAAACTTGACTCTC
ATATTCTTGCGGTTTTCTTTTTCTTTCTTTCTTTCTATTCTTCTGTTCTCTGCACAGTTTGCTTTCCATTTTTTCGTTTTTATTTAACTCTTTT
GCAATTTTTTTGTTTTTTCTTTGCTTTTTTAAAAGTGTATGGTTGTCGCGTTTCTTTTTCTAAACAAAGCTTTCTTAAAGTTTGAATTTGAGAAA
AAAGAATTGAAAAAAATTACATATCGCTTTCGTGTTTGTTGTTGTTTGAAAGTGTGGATGGAAAAAGTGTACGAAAAACTCAATATGTATGTAAC
ACTAGAAACTTCTTTAAAATTTTTAAAACACAATTTCAATACTTGCAAGAAGCGGTTTACATGTATGCTTTGCTTTAATCTGTTTATTTTGCAAT
GGTTTTTTGGTGTTTTCATTATACGCATACAAAATAATATCGATCCAGTTAAAGCAATAACGAAATTTTTTTCATTTCACATTTTTCCGTTTTTT
TTTTTAATTAACATGTTTATGTAAAAAAAAAGAATTTATAAGTGGACTGCAGAATTTGATTGCGTGACTTTCTTCTTTTGCTTCGTGTACTTGCG
TAAATGCGTTCGAAATTAAATGATTGAAATTGCTTTTGTTGATGTTTCTGGGATTAGAAAAGAAAAAGCCGTAGATTTTTCGCTTTGTTTTTCTG
TGTTAATTGTGTGTCCTTGGCAATCCTCCCCTGCGCAAAGCATCAGTGAATGCGAATTTTTGTTGTTCATGTATTGAAAGATTAGTGGAAAACTG
CAAGGACAAAAGAGAGGCGAGTTTAGACAGCTTGAACTTTTCGGAAAATTTGTAGACTACTTACTTTTTGGGTGTAAAGTGTTCTTGTAAAATGT
TCATACGCTTGAGCTGTTCGAGCTTAGTTGGCGGGCTCGGTGACGCGGTGCACCTGAAGCACGGCCACAGCCTCCTCCACCTTGGCCTTAAGGGC
CTCCTGATCCTCGATCATGTGCAAGAGCTCAGAGTTTTCGATCTCCAACAACATGCCGGTGATCTTACCAGCCAAATTGGCGTGCATATGCTCAA
TCATCGGATACAGACGCTCGCCCAGGATCTGTTTCTGCTCCTGCGGCTTGGCGTTGGCCAGCAACGAGGCAATGAGCTTCTCAGAATCTGCAAGA
AAAATAGCAATGGTGCCATTAGTGACAAATTGTGCATATTTTCAGTCGACCTAAAACTTACTCTTTCCTTGCAATTGCTGTGGAATTGGCTGGGT
CTGATGCAACTGTGGCACTGGAGGATTGCGCATGTTTGAGGTGTACTTATAGTTGGAAGTACGCTGCTGGGCACCGCCAGCGATTTGGGCTCCGG
GGATCTGCATGTTGGGTGCTGCAGTTTGCTGGCCAGTAATAGCGCGTGCTCCAGTGTTGCGCATGTTGTTAGCCGCAGCAGCGGCGGCATGTGTG
CCCTGCACCTGAGGCTGTGCCCCGCGAGCGCCAGCAGCAGCCGAACGGAACTGAGTGGGCACCGCACCGGCTGTGCCCTGGAAGCCACCAGCAGC
GGCAGCTCCGGCCTGGACACCCTGTATGGCTGCTGGGGGACGCACCTGGGGCACCCAGCGGGGTGTGTTTCTCATCTGAGTGGCCACCTGGGAAC
CGAAGAAACGCTGATTTGACGGAAGGGTCGGCACAAAGAAGCCGCTAGCCGCGTTGGGCTGGTAGATCTGTCCCAGCTGCTGCATACGCATGCCG
GTCATGTGACGCATGTACTGCGAGGCGAGATGAGCCTTGCGCTCCTCCTTCCTTTGGGCCAAAGCAACGTACAACGGCTTACTGCCGACGACGCG

Date Recue/Date Received 2020-12-16

ACCGTTCAGCTCGGTGACGGCGCAGGTAGCCTCGCTTGCGGCATTGAAGCACACGAAGCCGAATCCCTTGGAGCGACCCTCCTCATCGGTCATGA
CCTTGGCCGATGTGATGTTGCCGTATGGAGAGAACGCGATGCGCAGACGATCGTCATCGATTGTGTCGTCCAGGTTCTTAACGTACAAGTTAACG
CCGAACACAGACTCGTGACGCTTCTGCTTCAGTTCCTCGAACTTGCGCTTCAGCTCCTGCTGGCGTTCGGCCTTCTTCTGGGCACGAGCCACGTA
CAGGGACTTGCCCTCTCCCATGTCCTTGCCATTGAGAGCCTGAACGGCCGCCTCAGCAGCCTCTGTTGTCTCGAATGCAACGAATCCGAAGCCCT
TGCTCTTGCCATCCTCCTTGGACATGACCTTGTAGCTGGTTATCTTGCCGTAGGGCTCAAAGAATTCCTTCAGTTTTTCATCGTCGAAATCCTCA
GTGAAGTTCTTCACATATACATTGGTGAAGAGCTTAGCCTTCTCGCCCAGCTCCTTCTCGCGCTCCTTGCGCGGGATGAACTTACCCACGTAGAC
CTTCTTGCCGTTGAGCAACATGCCATTGACTTTGTCGATGGACGTGTTTGCGGCCTCCTCGGTCTCGAAGTGGACGAATCCATAGCCCTTTGAGT
TGCCCTTTTCATCGGTGGCTACCTTGCAGCTTAAAATGTTGCCGAAGGCGGAGAAAGTGTCGTAGATTGCCTTGTTGTCGATGGCCCTATCTAAG
TTCTTGATGAACACGTTGCCCACACCTGAGCGACGAAGAGAAGGATCACGCTGAGACCACATAATGCGAATGGGCTTGTTGCGAACCAGGTCAAA
GTTCATGGTGTCCAAAGCACGCTCAGCTGTTGATGAAAATCGGGAAAACATTTGGTTACTACCGACACGATTTGGGTATATCAAGATCATTATAA
GTTGAAGGGGCTTAAATAACAATGTGACTCTTCAACTTCTGCACTGGCCATGAGCAAAAGCAGCGCAGTGCATGGTAAGTCAAGTCTGATCTTTT
ATCTGGCAACTATGAATCTTAGTCGTGTCAAAAAGGGTTGAATCTGACCAACCAATGGGTAGGAGTTGCTAGATGTCTAAATACAAGGACAATCT
TATCAGTCTAATCATGTGATACATTGAGTGTTTGTTATGCAGATGGTATGCAAAACCCATCAGCATGGTAAGTCGCATTGCTTTCTCTGGCAACT
ATGAATCTTAGTCGTGTCAAAATGGGTTAAATCTGACCAACCAATGGGTAGAAGTTGCTAGAAGCTTAGATAAGAAAGGGCATAATCCTTCGAGT
CTAATCATATGATGTATTATTTAGTGTTTGTTATGCTTCTACTTCTGTGGATGGCATAGATCAGCCATCTACATGGTAAGTTGCATTGCTTTCTC
TGGCAACATTGAATCTTAGTCGTGTCAAAAAGAGATAAATCTGACCAACCAATGGGTAGGAGTTGCGAGATATGAATCGAAAAAAGAAAAACATT
TAGGGTGTTACTAGTCTAGAACGAGATGGTATCATTTTTGAAAGGTCTGTTTTTCCAACCTAACCTTAACAGCTAGAGTTCAAGAAACTTGCTGG
AATGCGACAGACTTTCACACGCAGCGTAATCATCACCAACCGCCAGCTTTGTGCCATTGTGCGCTTAATTGAATAAACAAATGTAAGCGAACAAC
GGGAATCGAAGAAGCACCAACTATGCGCAGTGAAAGTTTTGTTTTCGTTTTTTTGTAAAAACAAGATTTTGATGGTTAAAAGAGAGGCCGAAAAGC
AGTTCACTGACATGTCAAGAATTTGGAAGTGTTGATGGATGGAATGCGGAGAGTATGGAAGATATGAGAAAGTGAAAGCAAAACAAAAGTTGGAG
GCAGTACGAAAACTAAAGAGCGAACGTGCGGAAACTCAGTTAATGGAATATAACCTAAAATAGATGAAGGCCAAAAAGAAATGGTCCAAACAACA
ATGAACACATGTTTTTGCGCGTCGGCGTGTGCGTGCGCGCAAGTTTGCCGCTTGGAAACAACACACATCACACGAATAAAACGAGAAGAACGGGC
AAGGAAACAATGAAACCACCAATGGGCGGGGCTGCGATAAGCAGTTTGGGCAGTATGGAACCATATTATTCCATCATAATTGCAATTTTGTGCGA
AATTGAGACGGAAATTTCTAGGCGAACAGTTGATGAGTGCCACGAGCCAGCTGTTTAGCCCCCATCATCCCCCCCGCACAAATCGTATACATCCAG
AATAACTGGAACTGATATAATCATGTGTGTGTGTGTACACACTGGCGGGAATTGAGTGCGTGTGTGTGTGCGCGACGAGATTAACGTAAGCAGTG
CACTGTGGAACAAGTTATGAAACACTTGGAAGCCGTTTATCTGGTCTCCTATGAAAGACATCTTTCAATAAAGTCCAGTTTGGACTTGCGTTTAG
CCCCACTGTATGACATGCGCTAGTGTGCGTGCGTGTGTGAGTAAGCGAGTGCAAAACTGCACACGTGTTTTCTTTGTTTCGCGCGGAAGGGGGCT
ACTTTTGCGGGCAGTAAGACTAAAAAAATTACACTACTTTTGCGGGGATTACTCACCATCGGCTGGCTGCTGGAAGTTGACGTAGGCATAGCCCA
ACGAGCGACGGGTAATCACATCGCGGCAGACACGAATGGACAGCACTGGACCAGCAGACGAGAACTTGTCAAAAAGTCCCGATTCGTTGACGTCC
TGTGGGAGATCACCGACGTATAGAGAAGCCATATTTGGTGATCAGGTCTACCTGCAATTTTTAACAATTAATTTCCACTTTTTTGACACTGAATT
TTGGGTTTTTTCTTAATCTTTACGGACCGGATGGATTCGACCAGGCAGGCGGTGAAATAGAAAGAAAAAAAGCGGCGTGGCTTTCGGTCTTCTAT
TCGTCTCTCTGTCTGTGTGTCTGGGTGGCAACACTGGTACATGTGACAGTCGGTAGACATGGCAACGTTGGCATTTGCTTTGTTGTTGCTCTTTG
CTCTCCCCTTTTATTTCTCTTCGTGTTGGAAAATTTCCACACAGACACAAAGATAGACACGCGTTTGCCTGATCGAATTTTGGGGAATTCTTTGA
TTTTCTCGAAAATATGCGACAACTAGTTCCTAGACCACTATTTTGCGGGCAATCTGGCGTTTATAGACGCCATCTTTGAGCGAAGAACGACCGCA
AACAAAGCAAATTTCGATGGGAAAGGAAAATTTCCCTATTCGCTTTGTCGTGCGTTGCGCCCTCTCACTCTCTACACCATTGTAACCAATAGCTT
TACACTGTACTTACTTCTCAAACACGCTCGATTTTTTTTGCTACTTTTTACAATTTTTTTTGTTACGTTTTTGTGTTTTAATATTTTTTTTTATT
TTTTATATGTTTTTTCTTCACAAAAAATATGTGATAAGCCGTGTGCTGAAAGCGAATCCACGACCGCTCACGTAAACGGACTCTACACGACTCAT
AGAGAGGAGATTCGTTAGCGATGACCCCACAAAGTATCGATTAAATCCCACTGCACAATGCTGCCACATAGGGTTAGAGACAAATAAATGTCACT
AAAAAATCCGTGAGGACAATTTACTAATTACGAAGCATTATTTTGAATTTCAAAAAAGCCAGCCATCACACATAAAAAATTTTTATATTTAGCTA
ATTCCCGAAACATGAAATACTTGTGCATTTTCAGGGGTTCTTTGGTAACTCTGCTTCATTTATGTTCTGATATTTTCGCCAATGTCCTTGAATAC
TTTGTCTCATAAAACACAATCCAAAATTAGGAATGCAGTTTTTTTTTCTTTTAAAAATGAGCGTAGACTTTTAGAAAATGATTTTTTGGCACTGC
ACAGATATTAGCGTATGCTCCGAAAACCGAATCCCATCTTTGTAATTCCCCACTGTGCGAACTTACCTAAATCAGAGAATAAAGCGATGAGGCTG
CAAGTCGACACTCCGAGAAGTGCTTGAGTACTTCTTTTCGTTCTCGATGGAAATCGGCACTACAGAGATTGAAGAATTTTTTAAGTTTTTTTTTT
GTGTTTTTGTTTTTACGAAATAGACCACATTCAAGGATGGCTGAGGATAATTTTTTTTTTCTTTTTCCCGTTTTGAACGTCTGGTGCATGTGCCC
TATCTGGCGATCGAGTACCTAATGAAGCGGTGTGAGGCGTCGGTGCCTGACAAGCTTCAAAGCGAAGTGTCACTTTGGGCGCCTACTGGCGTGTC
CTGAGTAAAATCTTAAAAGATTTGACATTTCGGAAACATTTATTTGGGCATTATATACTTCATTAAACATATTTCGATCTGGTTTGGCCAAACAT
TTACTTGGCTTGAGAATTAGTTTGCTTTCAACTCAATTTTGATTTTTCGTAGCATTTAATAGTTAAACATAAAACGTACTGGCTTAATTCATTAT
TGTGTAGTTTTG
(SEQ ID NO: 553)

Exon: 6422..5823
Exon: 5751..5567
Exon: 3826..2342
Exon: 2272..1965
Exon: 1897..1001
Start ATG: 5732 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT16411
ATTCGCTTTCAGCACACGGCTTATCACATATTTTTTGTGAAGAAAAAACATATAAAAAATAAAAAAAAATATTAAAACACAAAAACGTAACAAAA
AAAATTGTAAAAAGTAGCAAAAAAAATCGAGCGTGTTTGAGAAGTAAGTACAGTGTAAAGCTATTGGTTACAATGGTGTAGAGAGTGAGAGGGCG
CAACGCACGACAAAGCGAATAGGGAAATTTTCCTTTCCCATCGAAATTTGCTTTGTTTGCGGTCGTTCTTCGCTCAAAGATGGCGTCTATAAACG
CCAGATTGCCCGCAAAATAGTGGTCTAGGAACTAGTTGTCGCATATTTTCGAGAAAATCAAAGAATTCCCCAAAATTCGATCAGGCAAACGCGTG
TCTATCTTTGTGTCTGTGTGGAAATTTTCCAACACGAAGAGAAATAAAAGGGGAGAGCAAAGAGCAACAACAAAGCAAATGCCAACGTTGCCATG
TCTACCGACTGTCACATGTACCAGTGTTGCCACCCAGACACACAGACAGAGAGACGAATAGAAGACCGAAAGCCACGCCGCTTTTTTTCTTTCTA
TTTCACCGCCTGCCTGGTCGAATCCATCCGGTAGACCTGATCACCAAATATGGCTTCTCTATACGTCGGTGATCTCCCACAGGACGTCAACGAAT
CGGGACTTTTTGACAAGTTCTCGTCTGCTGGTCCAGTGCTGTCCATTCGTGTCTGCCGCGATGTGATTACCCGTCGCTCGTTGGGCTATGCCTAC
GTCAACTTCCAGCAGCCAGCCGATGCTGAGCGTGCTTTGGACACCATGAACTTTGACCTGGTTCGCAACAAGCCCATTCGCATTATGTGGTCTCA
GCGTGATCCTTCTCTTCGTCGCTCAGGTGTGGGCAACGTGTTCATCAAGAACTTAGATAGGGCCATCGACAACAAGGCAATCTACGACACTTTCT
CCGCCTTCGGCAACATTTTAAGCTGCAAGGTAGCCACCGATGAAAAGGGCAACTCAAAGGGCTATGGATTCGTCCACTTCGAGACCGAGGAGGCC
GCAAACACGTCCATCGACAAAGTCAATGGCATGTTGCTCAACGGCAAGAAGGTCTACGTGGGTAAGTTCATCCCGCGCAAGGAGCGCGAGAAGGA
GCTGGGCGAGAAGGCTAAGCTCTTCACCAATGTATATGTGAAGAACTTCACTGAGGATTTCGACGATGAAAAACTGAAGGAATTCTTTGAGCCCT

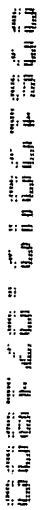
ACGGCAAGATAACCAGCTACAAGGTCATGTCCAAGGAGGATGGCAAGAGCAAGGGCTTCGGATTCGTTGCATTCGAGACAACAGAGGCTGCTGAG
GCGGCCGTTCAGGCTCTCAATGGCAAGGACATGGGAGAGGGCAAGTCCCTGTACGTGGCTCGTGCCCAGAAGAAGGCCGAACGCCAGCAGGAGCT
GAAGCGCAAGTTCGAGGAACTGAAGCAGAAGCGTCACGAGTCTGTGTTCGGCGTTAACTTGTACGTTAAGAACCTGGACGACACAATCGATGACG
ATCGTCTGCGCATCGCGTTCTCTCCATACGGCAACATCACATCGGCCAAGGTCATGACCGATGAGGAGGGTCGCTCCAAGGGATTCGGCTTCGTG
TGCTTCAATGCCGCAAGCGAGGCTACCTGCGCCGTCACCGAGCTGAACGGTCGCGTCGTCGGCAGTAAGCCGTTGTACGTTGCTTTGGCCCAAAG
GAAGGAGGAGCGCAAGGCTCATCTCGCCTCGCAGTACATGCGTCACATGACCGGCATGCGTATGCAGCAGCTGGGACAGATCTACCAGCCCAACG
CGGCTAGCGGCTTCTTTGTGCCGACCCTTCCGTCAAATCAGCGTTTCTTCGGTTCCCAGGTGGCCACTCAGATGAGAAACACACCCCGCTGGGTG
CCCCAGGTGCGTCCCCCAGCAGCCATACAGGGTGTCCAGGCCGGAGCTGCCGCTGCTGGTGGCTTCCAGGGCACAGCCGGTGCGGTGCCCACTCA
GTTCCGTTCGGCTGCTGCTGGCGCTCGCGGGGCACAGCCTCAGGTGCAGGGCACACATGCCGCCGCTGCTGCGGCTAACAACATGCGCAACACTG
GAGCACGCGCTATTACTGGCCAGCAAACTGCAGCACCCAACATGCAGATCCCCGGAGCCCAAATCGCTGGCGGTGCCCAGCAGCGTACTTCCAAC
TATAAGTACACCTCAAACATGCGCAATCCTCCAGTGCCACAGTTGCATCAGACCCAGCCAATTCCACAGCAATTGCAAGGAAAGAATTCTGAGAA
GCTCATTGCCTCGTTGCTGGCCAACGCCAAGCCGCAGGAGCAGAAACAGATCCTGGGCGAGCGTCTGTATCCGATGATTGAGCATATGCACGCCA
ATTTGGCTGGTAAGATCACCGGCATGTTGTTGGAGATCGAAAACTCTGAGCTCTTGCACATGATCGAGGATCAGGAGGCCCTTAAGGCCAAGGTG
GAGGAGGCTGTGGCCGTGCTTCAGGTGCACCGCGTCACCGAGCCCGCCAACTAAGCTCGAACAGCTCAAGCGTATGAACATTTTACAAGAACACT
TTACACCCAAAAATTTTCCACTAATCTTTCAATACATGAACAACAAAAATTCGCATTCACTGATGCTTTGCGCAGGGGAGGATTGCCAAGGACAC
ACAATTAACACAGAAAAACAAAGCGAAAAATCTACGGCTTTTTCTTTTCTAATCCCAGAAACATCAACAAAAGCAATTTCAATCATTTAATTTCG
AACGCATTTACGCAAGTACACGAAGCAAAAGAAGAAAGTCACGCAATCAAATTCTGCAGTCCACTTATAAATTCTTTTTTTTTACATAAACATGT
TAATTAAAAAAAAAAAACGGAAAAATGTGAAATGAAAAAAATTTCGTTATTGCTTTAACTGGATCGATATTATTTTGTATGCGTATAATGAAAACA
CCAAAAAACCATTGCAAAATAAACAGATTAAAGCAAAGCATACATGTAAACCGCTTCTTGCAAGTATTGAAATTGTGTTTTAAAAATTTTAAAGA
AGTTTCTAGTGTTACATACATATTGAGTTTTTCGTACACTTTTTCCATCCACACTTTCAAACAACAACAAACACGAAAGCGATATGTAATTTTTT
TCAATTCTTTTTTCTCAAATTCAAACTTTAAGAAAGCTTTGTTTAGAAAAAGAAACGCGACAACCATACACTTTTAAAAAAGCAAAGAAAAAACA
AAAAAATTGCAAAAGAGTTAAAATAAAAACGAAAAAATGGAAAGCAAACTGTGCAGAGAACAGAAGAATAGAAAGAAAGAAAGAAAAAGAAAACC
GCAAGAATATGAGAGTCAAGTTTTTGCTACTTTGAAAAAAGAGAGAAAATACGAATACCAACAGCTGAAAAAATATGTTGACAAATGAAAACAA
AACATAAATCGAAAAAACTACAAAAAAATGGCAAAACCTATGTAAAAACAGCAAA
(SEQ ID NO: 554)

Start ATG: 620 (Reverse strand: CAT)

MASLYVGDLPQDVNESGLFDKFSSAGPVLSIRVCRDVITRRSLGYAYVNFQQPADAERALDTMNFDLVRNKPIRIMWSQRDPSLRRSGVGNVFIK
NLDRAIDNKAIYDTFSAFGNILSCKVATDEKGNSKGYGFVHFETEEAANTSIDKVNGMLLNGKKVYVGKFIPRKEREKELGEKAKLFTNVYVKNF
TEDFDDEKLKEFFEPYGKITSYKVMSKEDGKSKGFGFVAFETTEAAEAAVQALNGKDMGEGKSLYVARAQKKAERQQELKRKFEELKQKRHESVF
GVNLYVKNLDDTIDDDRLRIAFSPYGNITSAKVMTDEEGRSKGFGFVCFNAASEATCAVTELNGRVVGSKPLYVALAQRKEERKAHLASQYMRHM
TGMRMQQLGQIYQPNAASGFFVPTLPSNQRFFGSQVATQMRNTPRWVPQVRPPAAIQGVQAGAAAAGGFQGTAGAVPTQFRSAAAGARGAQPQVQ
GTHAAAAAANNMRNTGARAITGQQTAAPNMQIPGAQIAGGAQQRTSNYKYTSNMRNPPVPQLHQTQPIPQQLQGKNSEKLIASLLANAKPQEQKQ
ILGERLYPMIEHMHANLAGKITGMLLEIENSELLHMIEDQEALKAKVEEAVAVLQVHRVTEPAN*
(SEQ ID NO: 555)

Classification: RNA_binding
Gene Symbol: pAbp
FlyBase ID: FBgn0003031

Celera Sequence No. : 142000013384618
ATCCTTTGTTAATCATGTTGCTATTTTTCAAATTTATATTCAAAAAAAAAGTATTGAACATTATAAAATTGTGAACTTCCCTTCTCAAAATATTT
TAAAATGTGAGAAAGTAATCAAGCTTTGTCTAAAAACTCCCTTTTTTCTACTACCTTTTAACTCATTTAATCCGCTCATAGAATATACTCCCAT
TTATCATACTCTTTCTACTCCGGTTTTTTGGCCTCTTAAGAACGCTTGCTCTCCCTCCGCTCTCTTGTTTAAACAAATACAAATCAAAACCGAAA
GCAAGAGCAAAGTGCAATAACGAAAACCACAAGCAAAGAGTGTTGTACAATTGCAGTTTTTGTTTTGCTTTAGCGTTCGCTAGGCAGCGCAGTCG
GATATACTGCCTCTTCGCTACTTCTGATGAGTTTTCTTCTTCTTCTGAATTTACCTGCTCGACAAGATCTTTGTGTACCCACACATACACGCGTA
CACAGCCTGCCCACACACTCTTAGTTGAAACGAGAAAGAACGTTTTGTAAGAGTACCAACTGAGACATACCCTTCACATTGTTTGTGCATCTAAA
TATGTACTTTATGTTGTAAGTAAATATGAGTTATAAAATAGTGTTACTTCAGCAATTAGTGCGCTGGTACAATATTTCAGTTTTTTCAGTATGCG
AAAGCCAATCAATTAAATTTTTACAACCTTAAAATCTAGATATGTTAACTATGCTCCTTGATGCATTTATGTAGACGCAATTCATGGTCCGAGTA
TACTCTTCCTCACTCAGCTATTACAGGGTAGGTAAAGAGCGGGATTTTTTAAAATATTTTTTTTCTCTCAAGTGTGCCTCCTTCATGCACGTGCA
TGTGCAGGAGAGGGAGCGAGAGAGATTGCGATTGCACTGGCTGCGCGCCTACGCTGCCGCTCTGCCGACGTCGCGGTAGAGGCTCTGTTGCCGTA
GTTTGAGGCCCCAGTGCGAACAGTTCATTTTTAGCCGCGGAGCCAGTAAGACGTGTTTCCTGCCCTCTTTCTTTGAGTCTGCGACACGTTTTAAG
TGCTCTTCCATAATTGACAACAGCAAAAGCAAAGAATAAAAAAAATAACAAAAAATAAAAAACGAAATCCATCGTGAACAGTTTTGTGTTTTTAAA
TCAGTTCTAAACACGAAAAGGGTTGATGAAAAACGCAGAAGAATCCGAAAAACTAACTAACCGAGCAAAAACTTGACTTGAGTGTTGTTTGACAA
ATCAGGAAAGATAAAAAACAAATCATAAGAAAAAACTGCACGAAAAATGAAAAAGTTTCTAATATTCAAAATCTTGCACAAGAAATACAAAATCA
ATTAAAGTGAACTCTAACCAAAAGTTGTACACAAAATAAAAAGCAAAACAAAGCAGCGAAGAACAATCACAAGAAGAGCAAAGTGCCAACAAAGT
GCAGGAAGGAAGGAAGCGGATAAGGACAAAAAGGAAGCCAGCACACACACACACCCACACAATGGCCGTGCCCTTTTATTTGCCCGAGGGCGGCG
CCGATGACGTAGCGTCGAGTTCATCGGGAGCCTCGGGCAACTCCTCCCCCCCACAACCACCCACTTCCCTCGAGCGCATCCTCGTCCGTCTCCTCC
TCGGGCGTGTCCTCGGCCTCCGCCTCCTCGGCCTCATCTTCGTCCTCCGCATCGTCGGACGGCGCCAGCAGCGCCGCCTCGCAATCGCCGAACAC
CACCACCTCGTCGGCCACGCAGACGCCGATGCAGTCTCCACTGCCCACCGACCAAGTGCTATACGCCCTCTACGAGTGGGTCAGGATGTACCAGA
GCCAGCAGAGTGGTAAGTCTACAAAGATCTCAATTCTCCACTCTTAAGAACTTTGAAATTGTGTGGGTTAATCAGGATATCCATTTAGTTTACCT
CAAATACATTTGCAGATACAAAAATAAGTTTCGATTCATATACGGTTATTAATTGCGAAATGTTTAAGAAGTTCCCACACAGAATAACTGCTTAC
GCATGTTGGTAATATATTTTCTAAAATGCTTATAACCAACACTTTATTTAAGCCCACTTGTTTTGCTATTAACAAGAAGGATTTTCATAGGATCT
CCTTGTAAAAGTAAACAAAAAATGTTATTAACTTGAAATTGCTTAAAGAATAGTAAATTTATTTCTTTCGAAAAAACAGCATTTTAAATGTTTGA
AGATATTTTCAAACTAATAGATTTGATCAATAAAAAATGGCGAACAATTTTTTTCTATACAAGCGACTTTAAAGGTTTCATATTTTTGATTACCG
CTTTTAATATCATTTAGTTTAGTTTAAGAAAGTTTCTGGACAGCCGGAGGGTTTCCCTCATTTTAAAATGGGTCAGCAATTAGCCAAGTTGTGAC
GTTATTTGTTAACTGCTTCAGTTCCCCTTGTGCAAGTTTCACTTTTCAAGGTTGTTGATTCATCCAGTTTCGAGTAACTGCGTCAACTGCATCCA
GGTTGTTTTTGTTTACTTTTACCCAGTTTTTTTTTTATTTTATATATGGTCAATTCAGCACTTTGTCAGCTTATCAGCAAAAAAAAAAGTGTAAA
AGGCAGAGCGGAAGGCAAATTTCTCGGCCACATTCGAAAGGAAGCCGAAAAAACGGTAATTCAATAAAAATTAATCGAACAAGTTCAAAAAGGGG



AAAATTGAGAAGTAATTGAGAAGTTTCGATTGGAGGAGAGAGCAAACTTAATAAACGAAGTCACAAAACTGCAAAAACTCAAAATCATGTGGGGA
ATTACTGGATCAAATTCCCAAAGTGGGAATCTTACAAATTAAAAAATTTTGTATTGAGACAAAAATCTACTTATGTTATAAATAAATGAAAATAA
AGTAGAAATGGTGATAACTAGCTCGATAAATCACATTAAGATCAATTTCCTTCGGTCATGATTATCTAAACTAGGCTGATAAAACTTTTAGTGTG
CTATGGCTTTAAGAAAGAAACGCCGAGACACATGCAAGACAACTGCCGAGTTGGCTGTCATGCGATATTGTTCGTAAATATGGTCAAAAAATTGG
GCGTGTGCTGGACCAGCAAGAAAATAAAGACCTGGCTGAAACCAGGGAAACATAACCCAGCGGCAATAAAACAGAGCTGGGAGCACAGAGCTAAG
CACGTTTAATTGGCACGCGCCAAACTCGAGTCGAATGTCTTACTTTTGAGACTTTTGAGTGAGTGTGGTGTGCCTGTGTGTCTGGGTATCTGCAA
GATATCTATCTATCTCGAGCGTACTGCTCGTATATCTTACCACTCGACTAACCCAAATTATTAAACGCCATTTGACCTTAGGCAACTAGTTTTCC
GATTTTCCAAAAGGGGGCCAAACGGGTTGAGGGTGTGGGCCATTTGCAAAGTGTTTGACTTAACGGTTGTTTAAGTAGCTTTTGTGCTCGGCCAC
GTTGAGTGCGGTCAGTTTTTATTGTTTTTCTTTTTTTTTGCGCGCGCGCTTTTCATGTTTGCTTTGCGGTTTTTCATTCGCGTTCCTTAATTTTGT
GTTGCCTTTGCATAATAGATTTTGTCGCTGTCGATGATTGCCAGCTGCGCTCTTTGGTTCCACCGAACAACCGAATTGTTACTTTATATTATTTT
GCTGTTTTATTTGGTTTGTTACCTTTTTTGCTGTCAGCAACAGTTGGTCAGACGAAAAAAAAGCGTTCCCTTCTCGAAATTACAGTGAGTCACTT
TTGGGCGCTTCAATCTGTTTTCGTCTATAATATCATAATTTATACAGAGATACTTTTTTTTCGCTTACGAGAGCTGATGCCCAGTGAAAATTCGA
TTGCGGGGCATTTATTTTGAAAAACGAGCTAAAAAGACTTGACGTTATCGTGAAAGTTTCGATTTAAAAGTAATTTTCCCTTATCTCATTTTCCC
GAACCACATCTAAGCCCCTACTCAACGCACGCCGATCATGTACTTTAGTTAGCCACTCAAGAGGATAATTTATCTAATCGTGACACATCCCGAAA
CTAGTGAACAATGCTTGAAGCCCTTGAAACAAGAAAGGGATAAACTGTAGTTAACCAAGAAGCGAGAACCCTTTTTCCTGGTTCCCCCAGCTATG
CCATACATACACACATACATGCAAGCCAGATTCACGGAATACTTTTAGCCAGAAACGCGCTTAGTCATCAGCCAGCTATCAACCCTAAAAGCCTA
AAAATGCGAGGCGCAAACAACCCCGACAAAAATTCCTAAATACCAACAGAGCTTTTCCCTACCAAAAGCAAAAAAAAAAATGCGGCAGGGAGCCT
TTTGTTTTGGGAGAGGATTATGCATACAGCATCCAGAGCCCACCACGTAACCCATTCCCAATGGCGACCAACAAAAGGTGCAATGACAGCAGCGG
TTCCCTAATCAGTGATGGGAACAGGTACATTTTATCTGTTGGCTAATTGGATGCAGATTAAAAGATGCGTAAACCTAGCGGTTATTATGTAAACT
ATTATGGACTATTACTTTTTTGGTTCAACATTTAGTTATTAACATAGATTTTTGTTATCATAGATAATAATATGTACCTATGTAGGTACAGTGCA
GAGTACAAAAATGTTCCCCACCGTACTCAACTCCAAGTTTTGGTCGCTCTGCTTTGGCTTGCAAATTCGCATCATTCGCTTTGCTGTTGCCAACA
GCTGTTCTGCTGCTAGGCGTTGTTTTTCGCTGCCGGCGTCTCTGCCGCACTTGACATTTTCAACCATTTTGTTTTGCTCGGCAACTTCGTGTAGG
TGGACTTTAGTAGAAAAGAGGAGCCATAATGGCGGCAAAAATGGCGACTCCTGCCGCATCCTGCCTGGCAACAAAACACAGCTGACTGCTGCGCA
GATAGAGCGAGATGAAGCCTACGCCTGGAGAAAGAGAGGGAGCGCAAAAACTCCGATTAACCGCAAGTTTTGAACTCCTCTTTTTTCTGCACAGC
ATCACAAAGGGGGTGGGAAAATAGGAGGAGGGTTGGATGGGAGGAGGTTTGCCTCCGCTTTTCATCATCGTCATTTCCATCTCGATTTGCTTGGC
CTGTTGCCAAGCTGATTTATACGTACAGGCGGCTTTTTATATTTTACATACTTTGCATTGCTTTTTTCTGTTTCTCTCGTTGTCTGCTTTATTTT
TTCGCTTTTCGTTGGTATTACGGCTTCGCCTTTACATTGACCGTGATTTTTGGTTTCCTTCTGGTTTTGTTTTCGATTTTTTTATTTTTCCCTTG
CAAATACATATGCAGCTTTTTTTTGTTGAGTTGCGTCCTCTGTAATTGTTACATTTCATTTAAGTTTTATATTGTCTTACAGCTCAGTTTTTTAT
GACTTTACTGCTTTCATAAATTTGGCATAAACATTCTTGACGATCTGCCCGAAACAGCTGCGACAAATCCAATCGGAAGTCTTTACTCGAAAATG
ATTCGCTCATAAAAGTTGAGAGTGGGTTATGAACAAAAAACTTGAAAACCAGCTGTCAAACACAATTTCTATCTGAGCCCAAAACTTTTGAAGAA
ATAGTTTCACTAAAAATACACTTCTAAAAAGGTATAAAATTTATTTTATTAGTATTTTGGATTGCCAAATATTTCCACCCATTTATATACATACA
TTTATATACATTATATACATATGTTCAGCATATTGAAAATTAAATAATCCAGTTTGTTTACATTTCACACCACTCAGCGCAATGAACTTTACACA
TTTTTCAAGTTTAAATGCCCGCCAGGCACTTTGCCTAATAAGAAAAAATATTACCTGAATGCGAATATAAACTTGACACTTTTGAGCCACTATAA
GCGACGGGACACGGCTGAATCGGGCTCAGACGGTAGTCAGCCAGGATGCCTAAGTTGGCTTTTGATTAAGTCTCCGCTGAGGCCGTGCTAAATTG
TTTGCACTGAGGCGTTCGGGTTAAGTTCAGGGGGCAGTGGGGGGTGTTAGGGATAGAACGTGCTCAAGTTTTTGTTATGAAATTGAGCCTAGACA
AGCTAGGCAAAACCCCATCTGCGCTGACAACTCGACTCCTTTTCAGGAACTAAGGACAATGCAACTTGTGCGACACGCTCAAGGCAGAAGTGGAA
AAGGATATGTATCAAAAGGCGGAAAACTAAGAACAGGATATACTCCTCGGCACAAAACAGACGGCAGACATCATACCTGGCTACTTGTTATAATT
GGCAAGCTGGCAAACGCTCCAGACACCAGTTAACTTTCAAATTTTCCTCGCGATGAGCTCTCAAAGGAACATTCGTTGAAGGTGTTCTCCGATTC
CCAAAGGGAAAATGTTCCTTCGCGATTTACCTTCCACATTTTAAAGAGCGCTGGGTGAGATCAAGTTTAAAGGGGCTTAAATGAGGAAGGATAGT
GGAATGGCATCTGATTTATTTGAAAGAGTTGAAAAACAAAAACACCTTTTGTTGTATATTATTTTTAACAAAACCCATTTCATTTGGCAATTCCA
ATTTTAATGTTCAACATTAAGTAAACTACTGAAATATGAACTCTGTTTAGAACTCCCCCTCCTATTTATCTACTGCTCGGGTTGAGTATCAATAT
CAACTTATTTGGTAAACAAATCAAATGCGCTTACTAAATGTGCAAAGTGCCAACGACAATTAAATCAACAAATAAGCTCGTGTAATTGTGTACGC
CAAAGGCAGTCGGTGGGTGGGTGTTTTCAGTGGTCTCGGTGGGTTGGTGGTTTGGTGGGTTGGTGGGTTGGTGGGGCACATCCGATCCACTGGAT
CGAGTATAGATAACCCTACGGGCACGCAAGCTCCGAGTGGTTGTGGATTGGATGACGCAGCGAAGACAGCCAGTCTGGCCCAGTCGCAAATGCAA
TTCCCATTCATTTATTAATAACTTTTTGCCGCGGCTGTTGAGACGTGCAGTTTGCCGTTTTGCGGCTGCAGTTTTGCTTTTTTTCTCTCTTTTTA
ATTATTTTAATTGCGTTGCATCTGATCGAATGCTGGCGTACAGTTTTATTTATTGTTTAATTGTAATTTTCGCATTTACGTTGTTAATTGCAGCG
TGGTACTGGGCGGAGATTCGGTTTAATCAACTACTAAATGCTTTTGGCTCGTTGCAAAGATTTTGAATTTGGTTAAGTGGCGATGGCATTTATGG
CCATACTTCAGTGCGGAAGTATGGAAAATTCGTGATTTTCATAAATAAGAACTAATGAGCTTTAGCAATTAACAAGAAATTAATAGAAATGTTTA
GTTAATCTGTAATATTTTACTAAATCTCCCAACTACACAGTTTTCAAATTACAGTGTAGAACATTTTCTTTAAGACTTCTTTATATTTGTTTGAT
CCTTTTTACACGCTGATTCAGCCAGTTATATTTTACTGTCTTCCCAAACCATTTTCAAATGTTCCTCTTGCTCACAAAACACATGCTCGCCATTT
TCCACTCTTCCGGAAAATCCTTTGGATCCCCGGAAAATATGCAAACAACTGCAAAGACCAAAGACTTGTGTTTCGCTCAGTTTCCTGTCAATCGA
TGTGCATCGTATAAGTTCCTTGGGAACGTCGTCTCATGCCTGATTTTCCTTTTGGCTTTTATAGCCTTTAAGCTGTTTTCCTTTTGTTGTGTG
GAGTGAAGAGAGGAAATTGAAAAATTGCATTTGTCTGTCGCTGATAAAATATTGAGCAGCTTGCTGCACATTCTCCCTGGTTTTAGCTGGGCTGT
CGTGATAAGCGTTTGAGCTATTTCCAGAAAAACGCTCTCATGGAGATTGGCAAAGAATGAAAATGCGATGTGGGTGGGAGAATTTCGGAATTCCA
TTCAGCTGTCCCTCAAAGGGTTTCCTCATTCTTTAAAGCCGTTTCCAACGGCTCTTAATTCCTGAAATATTTAATTAAATTCTTGCATATTAGCT
TTATGTGGGCTTTAATAATGGCTCGCGTGTTTGCTGGCCCCGTTTTTGTTTATATTAGTTTATAACCTTGCTGCGGGAAGATTAAAATATTTTAA
ACGCATCACGATGCGAACATAACTGGACTGGGTTAGATCATCAAAGCTTAGATTTAGAATTGCCGACGATATGAGCTTTAATATCTTCATACACT
TGACCTCTGTTTTTATTATCGAGAATTTCTGCTGACTGAGTGAGTTTAGTGATAATTGTATTGTTTGTATTCTTGGAGACCCACAAGATTGATGC
GTGAATTTGATTCAATCGGGATTTGCCAAATCATCAAACAAAGAAACTTTCTCCTTGCCATCGAGACATTACGCAAGTTAATTAAATTGCCATGC
TAAGAATCATCCTTATAACATCTCACGAGAACTTTCTCTTTCTGTTTACATGAATCACTTGTGACATTATCAAATTTGTCATTAGCTTCCGCATA
TTTTTCACCACTCACTTTTGGATATTTCCTTAATTCACAAACTTCTCGCATTCCACAAATGGCTAATTAGCGGCTTACCGAAATTGGCCAATAAC
AGCGGGATCTGATCTATAGATTGAGACTCGTACATAGATCGACACCTGATTGACATGCAGTTCGAGACAAAAACTGATCGAATTGTGCAAAACCC
CAAAAAAGGCATTTGTAAAACAGTCTTTTGTCATATATATAGAAAAAGCCAGAACACAGAGATTCTTAATCAGGAGTCGTCGGCATTGTTTTCGGAA
TTCTCTCCCAATTTCCTGAAGATCAATTAATTAGTCACTTGCCTTGGCCATGAGCAATTTTACCGTTCGACTGTGCGGGGAGAAAATCGGCAGCT
GTTGTTGCCTAATTAAATCGAGGTGACAGGCCAGACAGACGGACGATCAAGTGAAACTCGAGTTGACCAACCAAATTAGTAATCTCGCATCGTGA
CAGACGACAAATCGCCTTAAATGAACGACTTCAAATGTAATTTTTGTGGGATTTTTATTTACTGTTTTTGGTTGTGGTTACAGCTGCTTATTCTG
CTTCCTCTTCGTGTGTGGGCGTTATGTGGTTGGTAACTGTAAAATGAGTTTATACACATTTTTTTTTTTTTGGCCAAGTTATTCGGCATTATTCC
GACGTGCATCATATCATGTTGTAATCTTGGACTTTGCTTAACCCCAGTTTTGAGTTCGGTATGGAGTGTTTCTTTGTTCTGTCATCTTGAGCTTG
TTTCGGTTCTGTTTTTCATGTTTTCATTTTTAAATTAAATATTCATCAATAAATGTCAATGTCAAGTGAAGTTGCCGCTGGCTTTCGAGAGGTTT
CGAGATTTTGGGAGAAGAGATTGCAATTTGCTGAAAGACTTGGAGTTGTGATGGCACAAATGAAACATGCGGTTATTCTGTGAATCCATGACGGA
TTTATACATCACGTATGCTATATATTTATTTTTGATTTCAAAGATTCCAGTTTCAACTGGAATTAGCTTCTTTATTTTCTTAAAGTTCGTGGCTA

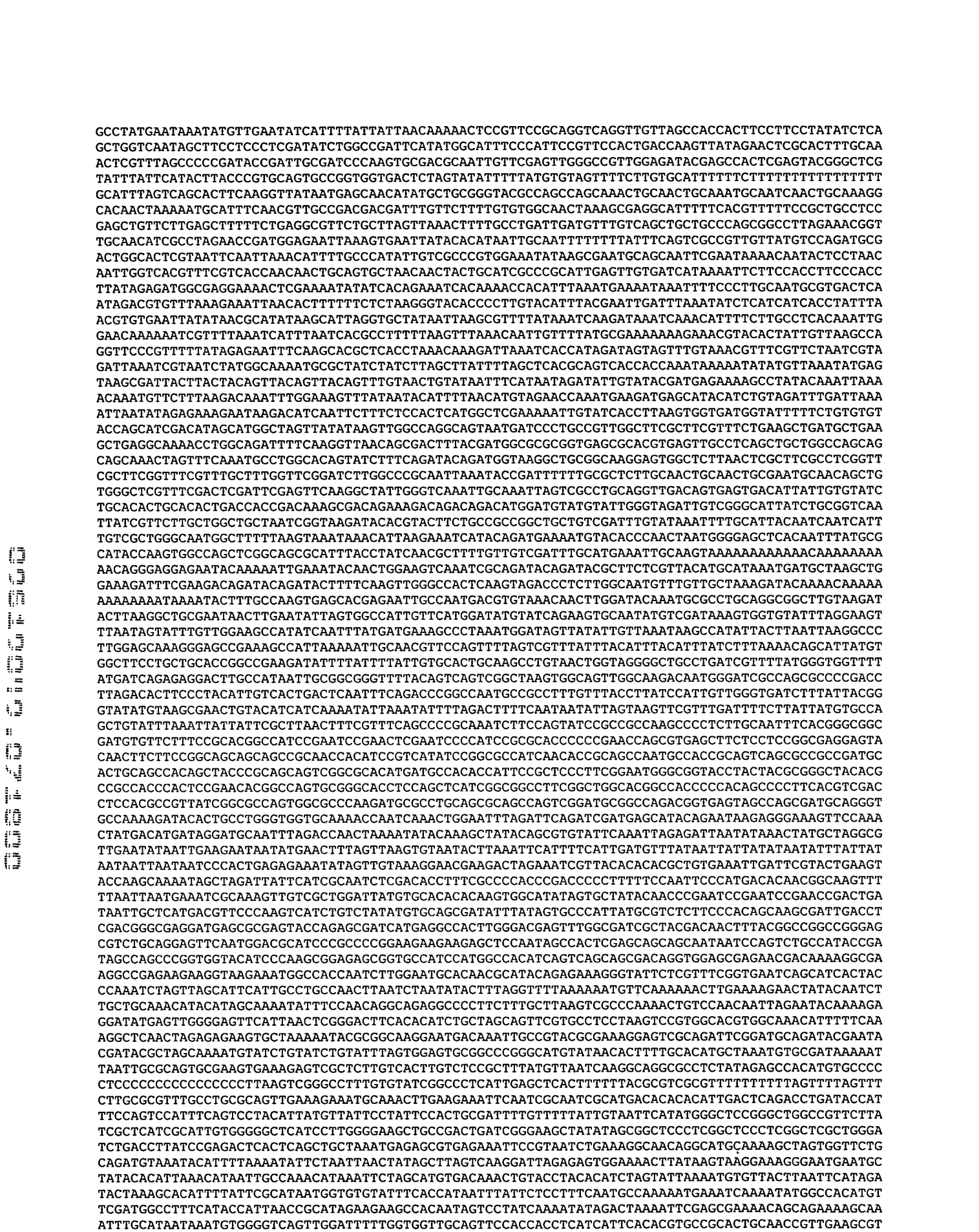


FIGURE SHEET 307

GGACTATTGGACAAATAAATGGTGTAAATTATAAAACCATTGATGCGGGTTGGGGGGGAGTCAAGTGCGCTGTATAGAAAAATAATTACACCAGT
GACCGGACAAAAGTTGACCGCCCATTTGGGTCAGGCCACATGAAGTTCATCCGTCGGGCAGTCAATAGTTTCGCTTGATTTACGGTTCAAAAGAG
GGGTGGTTCGGTCACGTGTGTGGTTTTAGATATTTAATGCCGCACAGGGGAGCTATTGGTTGAACTGAATGATTTCTTGAAATGCGTTATATTAA
AGCAACTTGTTCTTTATGTTTAAGATTTGCCTTCACGTGCACCTGAATATAACTAAATGCTATTGTTTTATTCTCCTTTCAGAAACCACAGAGCT
TCACTTGGCCAACTGTTGTGACCGTTTTCGTTTTGGCCATGGGCTGTGGCTTCTTTGCGGCGCGATGAAAGCGCAGGAGACGTGTAATCGAATGA
TCTATAGTGAAATCAGCTAGCCCTTAAGATATATGCCGATCTAAACATAGTTGTAGTTAAACCGTACATAAGTGCAACGAATTTATTGAACTGCA
GGAGCGAAAGCAGAAAGTCATTAATTCGTAAACGGATTGTTAGATACACAAACAGCCAACATACACGAAGAGTGTGCCTAAGATTAAGAAGGTTG
ACGGGACACAAGAACAATATATTCTATCTGTCTATGGTAACTGCATTTGTATTTCTAAAACGAAACGAAAGATAACAATCTTAACTGCTCAAAGT
AATGAAAACTCTTAGACTGGCAAGAGACTCAAATCACACTTATTTTTTTGCTGATCCATATTTTTGTACAACCTTTTGAGCGATATTTACAAATT
ATACTAGTACAAAAAAAAGAGAGAGAGAGATAAGCAAAAGAAAACTGCCACTTTTGAGATACTTTTGATAATCTTTGATTTGCATTTAATCATTT
CCACACTTGCATTTTTTATAAACAACAAACAAAATTACTTCCATTGTAGAACAAAGTAAACTGCAATTTCAATGTCTTCGCATTTGTAATTCCGA
ATTGCAAGAAAAACAAAAATATTTTAAATATGTTTAACTAGTAGAATTTTTTAAACGTAAGTCCACAAAAACAAGCACATCTAGCTTTAATTGTT
GAAACAAAAGCAGAAAAAACGCAACAAAAAAATGAATGAAAATCATTAAATTAATTTTGTATATAGTTTTTATGCCATTTTTGTGATGTTTTGTG
TCTACGGTTTATGTCATGTTATTTTAGTTAAATTTCTTATGATTTATGTTTATTTGTAATATTTTTTGTCATTGTTTGTTCATCATCATATTCAA
ATTGGTCTCACAATATAATAGTTTTAAGCTCCACGCCCGGGAGATTGATGGCAAAACGATTGAAATTTGGCCAGAAGAGAGATAGTTTTCCCCAT
TCGTACACAGTCTTTTTTTGGAATGCACATTAATGATCTCTCACAATGGAAATTAATGAAAATTGATCTCCGCAGCTAGCCAAAGTTAAAAAAGAA
ATGAAGAGGAAAACATATTCTATAGGCAATTTTCACTATATGCTAGAATTTCCCGGGCGTTTCAATGCTAATCGAATACAGTGACATGAAAGCAA
ACATAGCGAAAATATTAAGAAAATCAATCAAAAAGAAAGAAAAACCAATTCCCAAAAATCGCATTGATCTCATGGATTTATACAATACAATTACA
TCAACCGTTTTTTTACAATGAGAAATGTTATAAAAAGCAGAAAGTGAAACACAGAAACATAAACAAAAATTAACGAAAAGCTTAGATATAAGTTC
GCCAAGCGTTTTAGTTCTATTTTCTAGAATGTCTAAGTTGGTTTAGTGAGTTTATTAAGCTGTCTTCGGACACAAGTTTATTTGTATATAAGCAA
TATTATTTGTGTAGCCTAAGTGACAGTCCCAATCAAATCCAATCCAATATCACCCAGTCCCGGACATTTCCCAGCAAAACAATAGACTATTCTCG
CGTTCACATGTATCAATCTTAATTTGAATTACCACAAAATGAAATGAAATACTAAAACCATACACAAATGAAAAATTATTTTTGTAAATTGTTTG
CATCAAGTGAGCAAGGGGATTAGATTAAGGAATCATCCTTGCTTTATCCCCTGCTTATTGCTAATTAGTTTTCACAATGATCTCGGTAAAGTTTT
GTGGCCTTGCGCCCAAAAGTCGTACAGATTTTTGGTTTGCCATAAATACTCGAACAAAAAGTTAATGAAAAACGAAGCAAATGGAAAAAAAATCA
GAATGAAACACAAGAAATTTATATTTTTGACCCAATGCTACTTAATCCGTTTTTGTAATTTAAGTATCTTTACTCGACCTTGTATATAGCGCAGT
TCGAATCACAGAATCAAATGCCATTTTTGTATAGAATTTTATTTGGTGCCAAAACAGTGACAGATAATTAAATGTCTATGAACCCGTGTATTTCG
CATATTATACATTTATACATATATCGTAACTTCAATGATAAGTTTGATTCTGAAATTTTGTCAACTCAATTTAAGAAACATTTCTGTTGTAGTTT
AGTGATTGCTAGCAGAAAGCACTTTGTTTAATTGTACATTTTATATTATGCTGTAATATTTTAATATACATAAATATCATTATTGATCTCATGAA
TATGTTCATAAGACAACAAAAATTATATATATGAATACATCTATGTGTATGTGTAAATGAAATAAAAGCGCATAATTATTATGTAAGATTTATGG
AACAAATGAAAATAAAAGTGAAAAAAATATTTGAAAAAATTAAAAGTTTGTATATGATTTGAATGGGTTGTCATGGCATACAAGCGTTTTTTTTA
TAAGGTTATTACTCTTCATAAATTCATCAATCTCAAACATTATTATTATTTAATTATGTTGAATAACCAAAGAAAAGTAAGTAAAAGTATTTATT
TAGTATATTTTACATCGCAAGACATTTTACATATTTATAAAACTATCATTTTTCATTACCAATATTTTATTAAGATGGACGCAAATAAATGTAAA
GGAATATTTATATATTTATTTATTTGAAATATTTTACATGGCAACTTATTTTACATGGATTATGGCAAGCTGATCACATGTAAAATACATTTTAC
AAGGCCTACTTTCAGGCAGGTATGAGAAAAGATCACTGAAGCATTGCGTGTGAGAGAGAGAGAGTTTTCCTCCTACCCTGAAAAACGAACCTTTT
GTTATTGTTCAGGGTTGAAGTGTGCGTGAGGAAATATTTTTCTTCGATTTAAATGGCCACTTGGACGGCATATAACCAGGCGAAAGCTTAAACCA
ATTTGTAGTTTCAATTCCTTTCGTGGCTACGGATTAAGTGGCCATAATTGCTGCTCCTGCAGCCGCGCCACGTGACTTGGTAACGGGATACTGTG
CCGGCCACGTTGCTCGTGTCACAAAAATGATGTGTTATTAGCGGCTTAAGCAGGCGATGGCGATTATAATGAAACGCGGCACCAGGCTGGGCAAT
TATGTTAACCTGGCCACCGAAAAACCTCAGGCTCAGCGGTCATGACATCCGTTTCCGCCTTAAATCACGCGACACATGCAAGTGTCAATCAAAAC
GGTATATTTAATCAGAAACTGATATTTTCATTGAATGCAGGCGCGTGTGCGAATCAGTTGAACGGACATCAAAAAGCAACTGCTAATCGGAGATT
GGAAATCTTACA
(SEQ ID NO: 556)

Exon: 1001..1817
Exon: 13055..13562
Exon: 14237..14549
Exon: 16518..18867
Start ATG: 1487

Transcript No. : CT16413
ACGTGTTTCCTGCCCTCTTTCTTTGAGTCTGCGACACGTTTTAAGTGCTCTTCCATAATTGACAACAGCAAAAGCAAAGAATAAAAAAATAACAA
AAAATAAAAAACGAAATCCATCGTGAACAGTTTTGTGTTTTTAAATCAGTTCTAAACACGAAAAGGGTTGATGAAAAACGCAGAAGAATCCGAAA
AACTAACTAACCGAGCAAAAACTTGACTTGAGTGTTGTTTGACAAATCAGGAAAGATAAAAAACAAATCATAAGAAAAAACTGCACGAAAAATGA
AAAAGTTTCTAATATTCAAAATCTTGCACAAGAAATACAAAATCAATTAAAGTGAACTCTAACCAAAAGTTGTACACAAAATAAAAAGCAAAACA
AAGCAGCGAAGAACAATCACAAGAAGAGCAAAGTGCCAACAAAGTGCAGGAAGGAAGGAAGCGGATAAGGACAAAAAGGAAGCCAGCACACACAC
ACACCCACACAATGGCCGTGCCCTTTTATTTGCCCGAGGGCGGCGCCGATGACGTAGCGTCGAGTTCATCGGGAGCCTCGGGCAACTCCTCCCCC
CACAACCACCCACTTCCCTCGAGCGCATCCTCGTCCGTCTCCTCCTCGGGCGTGTCCTCGGCCTCCGCCTCCTCGGCCTCATCTTCGTCCTCCGC
ATCGTCGGACGGCGCCAGCAGCGCCGCCTCGCAATCGCCGAACACCACCACCTCGTCGGCCACGCAGACGCCGATGCAGTCTCCACTGCCCACCG
ACCAAGTGCTATACGCCCTCTACGAGTGGGTCAGGATGTACCAGAGCCAGCAGAGTGCCCCGCAAATCTTCCAGTATCCGCCGCCAAGCCCCTCT
TGCAATTTCACGGGCGGCGATGTGTTCTTTCCGCACGGCCATCCGAATCCGAACTCGAATCCCATCCGCGCACCCCCCGAACCAGCGTGAGCTT
CTCCTCCGGCGAGGAGTACAACTTCTTCCGGCAGCAGCAGCCGCAACCACATCCGTCATATCCGGCGCCATCAACACCGCAGCCAATGCCACCGC
AGTCAGCGCCGCCGATGCACTGCAGCCACAGCTACCCGCAGCAGTCGGCGCACATGATGCCACACCATTCCGCTCCCTTCGGAATGGGCGGTACC
TACTACGCGGGCTACACGCCGCCACCCACTCCGAACACGGCCAGTGCGGGCACCTCCAGCTCATCGGCGGCCTTCGGCTGGCACGGCCACCCCCA
CAGCCCCTTCACGTCGACCTCCACGCCGTTATCGGCGCCAGTGGCGCCCAAGATGCGCCTGCAGCGCAGCCAGTCGGATGCGGCCAGACGCAAGC
GATTGACCTCGACGGGCGAGGATGAGCGCGAGTACCAGAGCGATCATGAGGCCACTTGGGACGAGTTTGGCGATCGCTACGACAACTTTACGGCC
GGCCGGGAGCGTCTGCAGGAGTTCAATGGACGCATCCCGCCCCGGAAGAAGAAGAGCTCCAATAGCCACTCGAGCAGCAGCAATAATCCAGTCTG
CCATACCGATAGCCAGCCCGGTGGTACATCCCAAGCGGAGAGCGGTGCCATCCATGGCCACATCAGTCAGCAGCGACAGGTGGAGCGAGAACGAC
AAAAGGCGAAGGCCGAGAAGAAGAAACCACAGAGCTTCACTTGGCCAACTGTTGTGACCGTTTTCGTTTTGGCCATGGGCTGTGGCTTCTTTGCG
GCGCGATGAAAGCGCAGGAGACGTGTAATCGAATGATCTATAGTGAAATCAGCTAGCCCTTAAGATATATGCCGATCTAAACATAGTTGTAGTTA
AACCGTACATAAGTGCAACGAATTTATTGAACTGCAGGAGCGAAAGCAGAAAGTCATTAATTCGTAAACGGATTGTTAGATACACAAACAGCCAA
CATACACGAAGAGTGTGCCTAAGATTAAGAAGGTTGACGGGACACAAGAACAATATATTCTATCTGTCTATGGTAACTGCATTTGTATTTCTAAA
ACGAAACGAAAGATAACAATCTTAACTGCTCAAAGTAATGAAAACTCTTAGACTGGCAAGAGACTCAAATCACACTTATTTTTTTGCTGATCCAT

ATTTTTGTACAACCTTTTGAGCGATATTTACAAATTATACTAGTACAAAAAAAAGAGAGAGAGAGATAAGCAAAAGAAAACTGCCACTTTTGAGA
TACTTTTGATAATCTTTGATTTGCATTTAATCATTTCCACACTTGCATTTTTTATAAACAACAAACAAAATTACTTCCATTGTAGAACAAAGTAA
ACTGCAATTTCAATGTCTTCGCATTTGTAATTCCGAATTGCAAGAAAAACAAAAATATTTTAAATATGTTTAACTAGTAGAATTTTTTAAACGTA
AGTCCACAAAAACAAGCACATCTAGCTTTAATTGTTGAAACAAAAGCAGAAAAAACGCAACAAAAAAATGAATGAAAATCATTAAATTAATTTTG
TATATAGTTTTTATGCCATTTTTGTGATGTTTTGTGTCTACGGTTTATGTCATGTTATTTTAGTTAAATTTCTTATGATTTATGTTTATTTGTAA
TATTTTTTGTCATTGTTTGTTCATCATCATATTCAAATTGGTCTCACAATATAATAGTTTTAAGCTCCACGCCCGGGAGATTGATGGCAAAACGA
TTGAAATTTGGCCAGAAGAGAGATAGTTTTCCCCATTCGTACACAGTCTTTTTTGGAATGCACATTAATGATCTCTCACAATGGAAATTAATGAA
AATTGATCTCCGCAGCTAGCCAAAGTTAAAAAAGAAATGAAGAGGAAAACATATTCTATAGGCAATTTTCACTATATGCTAGAATTTCCCGGGCG
TTTCAATGCTAATCGAATACAGTGACATGAAAGCAAACATAGCGAAAATATTAAGAAAATCAATCAAAAAGAAAGAAAAACCAATTCCCAAAAAT
CGCATTGATCTCATGGATTTATACAATACAATTACATCAACCGTTTTTTTACAATGAGAAATGTTATAAAAAGCAGAAAGTGAAACACAGAAACA
TAAACAAAAATTAACGAAAAGCTTAGATATAAGTTCGCCAAGCGTTTTAGTTCTATTTTCTAGAATGTCTAAGTTGGTTTAGTGAGTTTATTAAG
CTGTCTTCGGACACAAGTTTATTTGTATATAAGCAATATTATTTGTGTAGCCTAAGTGACAGTCCCAATCAAATCCAATCCAATATCACCCAGTC
CCGGACATTTCCCAGCAAAACAATAGACTATTCTCGCGTTCACATGTATCAATCTTAATTTGAATTACCACAAAATGAAATGAAATACTAAAACC
ATACACAAATGAAAAATTATTTTTGTAAATTGTTTGCATCAAGTGAGCAAGGGGATTAGATTAAGGAATCATCCTTGCTTTATCCCCTGCTTATT
GCTAATTAGTTTTCACAATGATCTCGGTAAAGTTTTGTGGCCTTGCGCCCAAAAGTCGTACAGATTTTTGGTTTGCCATAAATACTCGAACAAAA
AGTTAATGAAAAACGAAGCAAATGGAAAAAAAATCAGAATGAAACACAAGAAATTTATATTTTTGACCCAATGCTACTTAATCCGTTTTTGTAAT
TTAAGTATCTTTACTCGACCTTGTATATAGCGCAGTTCGAATCACAGAATCAAATGCCATTTTTGTATAGAATTTTATTTGGTGCCAAAACAGTG
ACAGATAATTAAATGTCTATGAACCCGTGTATTTCGCATATTATACATTTATACATATATCGTAACTTCAATGATAAGTTTGATTCTGAAATTTT
GTCAACTCAATTTAAGAAACATTTCTGTTGTAGTTTAGTGATTGCTAGCAGAAAGCACTTTGTTTAATTGTACATTTTATATTATGCTGTAATAT
TTTAATATACATAAATATCATTATTGATCTCATGAATATGTTCATAAGACAACAAAAATTATATATATGAATACATCTATGTGTATGTGTAAA
(SEQ ID NO: 557)

Start ATG: 487

MAVPFYLPEGGADDVASSSSGASGNSSPHNHPLPSSASSSVSSSGVSSASASSASSSSSASSDGASSAASQSPNTTTSSATQTPMQSPLPTDQVL
YALYEWVRMYQSQQSAPQIFQYPPPSPSCNFTGGDVFFPHGHPNPNSNPHPRTPRTSVSFSSGEEYNFFRQQQPQPHPSYPAPSTPQPMPPQSAP
PMHCSHSYPQQSAHMMPHHSAPFGMGGTYYAGYTPPPTPNTASAGTSSSSAAFGWHGHPHSPFTSTSTPLSAPVAPKMRLQRSQSDAARRKRLTS
TGEDEREYQSDHEATWDEFGDRYDNFTAGRERLQEFNGRIPPRKKKSSNSHSSSSNNPVCHTDSQPGGTSQAESGAIHGHISQQRQVERERQKAK
AEKKKPQSFTWPTVVTVFVLAMGCGFFAAR*
(SEQ ID NO: 558)

Gene Symbol: W
FlyBase ID: FBgn0003997

Celera Sequence No. : 142000013384553
ATAATATGGAAAATCTCAATTTAAATTTGTTGTTGGCTGTTGCTTTGCTTGTTGTTGCTGCCGCTGCTGTTGTTGTTGTTGTTGAATTTCACGCG
AAAGCAGGCAAGACAACAACATAAAATCACAAACACTTGCACGCACATACGTCACACACACCCGCACACACACTTGGACAGCTGAGACATAAACA
CACGGAGAGCAAATCGCAGCGAGAATGGGAGAGAGAAAGAGACAGAGAGCGATAACAAATTTGTTTTCTGGTTTTTCTTCACGATTTTATTACAC
GCTTTTCGAATGGCTAACCATATTTTGATTCACATTTAATTCGCTCCAATCACAGTGTGTTCCGTGCGCTTGCTAATTTTCGATTTTCCACCGCA
GAACTCCGCCCGTTTTGCTGCTGTTTTGGCAATCGTCTCTCTCCTGGCTAAAAACATATGATTTCGGTTGACGGAATCACGATAAAAACACATAA
ATGCGAACAGGGCGCGCGCAACAACTTCCCACGACAAACTCTCGCTTCGGAATTTGGAACGAAACTGCCACTTTTGCAGCGAATCGCGCTTAAAT
ACCCGTCTAAAGATGGGAACGCATGGCGAACCGGTTCGATAGTTCGTGAGCGAACAGCCTTCGCACAGTGGTATGCAATCAAACTGAGCAGTAGA
TTAAGTACTTTTGTTTAACAAACCGGATAGCTCGAACTTTGAAAATAAGTTTTGGATCGGCAGGAATTAAGACTGTGCACAATTAATGCTTTTAA
TGGTGACTCAACACTTTGTGACGTCAGTAGTAGCATAAGTTCAAAATAATTAATTTGAGTATAGCTTTTGTTTAATGTATTGTATAGAATAACTA
GTAATACTGCTTTTTTGACTGCGATAAACATTTACGTAATAAAAACTGCATATATTTGCTTTGTGACAACCCTATTTTATTTTGCGTGCGTCACC
TTACATTTTGCTACCTTGCTGCATCAGCTGTTTGTGTTGTGCGGCGAAGAATGGATTTGACGCTGGACAAAAAGCTGCAGGGATTCCAGTTGGTG
GCACAAGAAAAGGTATAATAATGAATCGGAAGAGTGAAACTATTAACTACCTGCAATTCGACTGCAGCTTTGTTCCATACTATGTAGCATACCTG
GAAAGAAGGAGTTAATTTTGGAGCCCGACTTGATAAAGCCACTGGAACATGTTGTCACTGCCTCCTGGCTGAAGTAGGTGTTTAATCCATATTTT
ATGGATATTTACGTCTTATATATACCCCTTAACAGGTTGAAGGGCATACAACGGATCTACAAACATGATGCGGCACAATCTTTGCCCCGATCCGC
CGATCAGGTGCACATCTACATGATCCGCAGTGTTTTGGGTACATTTCAGACACTTCTCAAGCAATTGCAACCCGTGGCCTCAGAGGAAATGCCCG
ACATCTCCATGAAAATGTATCACATAGTCTGTGTGCCCAGTTGTTACTCCTATTTTCAAACCCTGCTGGAACAGGCTGGTTTGTACGGACTGGTG
CAACTTCATCACTTTAACTGGGACTTCATCTATTTTGATCAGGGAGTTCTCAGCTTGGAGCTGCCCAATGTGAGTAGATGTACATTGAACATTCA
GAAAAGAGTCTTTTATACTGGATATTCTTATTATTCAGCTTTACGAGTGTCTCTACCTGCAGAAGAACACATCTCCATTGCCTGCGGTGGCCCAG
AGCCTGCGATTGCTTCAGATGATTTGCGGACAACCGTCTTTGATTCTGAGCTTTGGCCACCACTCGTCGCAGCTAATGCAAATGGCGAAGACTCT
TGGCAAACTTCCGGCGCCCACAAATCCTCCAGACTATGGCGGCTGGCTGGTCATCGATCGGGATAAGGATTACCCCGCCAGCTTGCTCACTCCGG
CCATCTATGCAGGTCTTCTCTTGGAAGTTTTCGAGCATAGTTCTGGCGAGATTCTGGTAGACAATTCCAAGAACAAGATCCGCAGCCAGCGTGTG
GAGTTACTCCAGGGAAAGAAATCCAAGATAGGCGTAAACTCAGCCAGCAAGCCGTGTTCCATTCGTCTTAACTCCACATCCGATGAGATCTACGG
CGATAATCGGTACAAACGATTTGCTCAGGTCAGCAGTTTGATTCACGCACAAGTAAAAGCCCTGGGCTTGGAACTGCAGAAACTCAATGACATGC
AGCTGGACGAGATGCATGACTATGTGGCCAGGAAGCTACCCAAACTAACCGAGCTTAAGAGCAAAGTCCTTAGGCATCTGAATGCCAGCGAGATT
GTGATCCAAATGATGGGTAACTTCAGGAAGCTCCAAACGCTGGAGGAGGACATACTAAACAATGATTCAAGAAAGCGATTGCTAAGCGAGATCGA
CGAGCTGTTGACCACAGATGGTCAGAGATTTAATACACTGCGACTGCTGTGCCTCTTGCATCATTGCGTTGGCGTGGCGCCCGAGGAGCTGCAGA
TATTTGCGCGGAACTACTGCAATCTGTTTGGACACCAGGAATTGGGCGTGTTCCAGCAGTTGTCGCAGGCGGGCTTGTTGCCACCACTTGTGGTG
GAGAAAAAGGCGCCAACGAAACTGCTCTCAAATCTACCTCTGCCCAAGTTCCAGCAAACGGAGTTTCAGGCCAATGCTAATCGGCTAAAGCTGTT
GACCTCCAGTGGAGATGGTCAGGATGGAGGTTCCTCCTCCAAGAGCCAATCCAGTGGCTTGCAGACCTGTCCCAGTTTTGTGTTCAATGGCACCT
ACATACCATTGGTGGCTCAGCTCTGCTCCATTTTGCTGAAAATCAATAGTGCTGAGGAGTTGTCCTCGAAGCTGGGCATGATTGAGGGGCTGCAT
CTACACCTGGACAGCGGAAAAATCACGCCCAAGGCCTATGCCAGCCAAGTGAAGCTAAACGGAGTTGCAGATCAGGATATGTTCCCCTTGCGTCT
CAGGAATCTCTTTGTATTCATTGTGGGTGGTGCCAGTTATGCGGAAATCGCCGCCTGCGATTTTGTGGCAAAGCTAACAGGCGCCCAAATAACCG
TGGCATCCGACTCTCTAATGGCGGGCAGTGATTTGATCGCCACCGCCTTCAACCGCTGACCATGAAGTAACTAAGAATCTGTGTATCAAATGTTT
TATATATTTTTATACAAAACAATGATGACAAAGCTTGTGATTAACAATTTTCGAAATTTACAATTTAAACAATGCTCTTTTCGAATAAATATTAC
CTAAAAGTGGCATTTGCTATTTATCACCACTGGCTCTGGTCATTCCAGGCACTCGGTAGAGCAGCTCTCCATCGTCATCGTAATAGGCATCCTCC

ACCCGGTAAGTGGCTCCTTGGCGATGCAGTTTCCGGGGAATAACAATGCGTGTTTTCACCTGGGTTATTTCATACTTGCGCTGATCCGCGGCACT
GATCACAATCTCGCTGCTCGCAAACTTGGGCACGAAACTGGGCAGGAATCCGGTGCCACTGGGATTCTCGATGGGCCGCTTCATTTCCTCTGGAA
CTGCGGGCGCAGACTCAACGAGCTGCAATTCCTTAAGCTCCTGCAGCCGCATCTTCTTTTTATTACGGATTTTGTCCAACAAATAGGTTTCATCT
TCGGCAGCAGAGGGTGGAGCTTCATAGCCGGATGGGATTTGTGGTGTAGGCATCTCCTCTGTTGTTTTACTACTGCTGCCCAGCAGTTTGCGGAA
TTCGTTGCCTTGCGGAGTCGGTAGTTGTGATTTTGTGGGCCAATCCTGGATTTTAAGCTCCCGCAGATCCTGCCACCTTCGCTCGGCGAATTTCT
GCAGATGCTGGAGAAGAGACGGTGGGATACTGAAGTCACCCTTTCCCGTCCCTAAAAGCTGCCAGTTTTTAATGACGGTTTCATCGTGGGAGCGT
ATCCTTTGCACACTTCTCGGTCGCCACTTGGCCCGCAGAATTTTCTGCACAATGTCCGGAGTGGCGGGAAAACTTTCGGCCAATCGCTCAACGCT
CCATTCCTCGGGATCTCGCTCGTGCAGCAGGCGCATCTGCTCCTTTTCGGCATGAAGCAAGAGATTGGGCAACTTGGCGTCTCGGAAATACTTGT
GCTTTATCATAAAC
(SEQ ID NO: 559)

Exon: 1001..1057
Exon: 1113..1213
Exon: 1271..1589
Exon: 1654..3099
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT16445
ATGGATTTGACGCTGGACAAAAAGCTGCAGGGATTCCAGTTGGTGGCACAAGAAAAGCTTTGTTCCATACTATGTAGCATACCTGGAAAGAAGGA
GTTAATTTTGGAGCCCGACTTGATAAAGCCACTGGAACATGTTGTCACTGCCTCCTGGCTGAAGTTGAAGGGCATACAACGGATCTACAAACATG
ATGCGGCACAATCTTTGCCCCGATCCGCCGATCAGGTGCACATCTACATGATCCGCAGTGTTTTGGGTACATTTCAGACACTTCTCAAGCAATTG
CAACCCGTGGCCTCAGAGGAAATGCCCGACATCTCCATGAAAATGTATCACATAGTCTGTGTGCCCAGTTGTTACTCCTATTTTCAAACCCTGCT
GGAACAGGCTGGTTTGTACGGACTGGTGCAACTTCATCACTTTAACTGGGACTTCATCTATTTTGATCAGGGAGTTCTCAGCTTGGAGCTGCCCA
ATCTTTACGAGTGTCTCTACCTGCAGAAGAACACATCTCCATTGCCTGCGGTGGCCCAGAGCCTGCGATTGCTTCAGATGATTTGCGGACAACCG
TCTTTGATTCTGAGCTTTGGCCACCACTCGTCGCAGCTAATGCAAATGGCGAAGACTCTTGGCAAACTTCCGGCGCCCACAAATCCTCCAGACTA
TGGCGGCTGGCTGGTCATCGATCGGGATAAGGATTACCCCGCCAGCTTGCTCACTCCGGCCATCTATGCAGGTCTTCTCTTGGAAGTTTTCGAGC
ATAGTTCTGGCGAGATTCTGGTAGACAATTCCAAGAACAAGATCCGCAGCCAGCGTGTGGAGTTACTCCAGGGAAAGAAATCCAAGATAGGCGTA
AACTCAGCCAGCAAGCCGTGTTCCATTCGTCTTAACTCCACATCCGATGAGATCTACGGCGATAATCGGTACAAACGATTTGCTCAGGTCAGCAG
TTTGATTCACGCACAAGTAAAAGCCCTGGGCTTGGAACTGCAGAAACTCAATGACATGCAGCTGGACGAGATGCATGACTATGTGGCCAGGAAGC
TACCCAAACTAACCGAGCTTAAGAGCAAAGTCCTTAGGCATCTGAATGCCAGCGAGATTGTGATCCAAATGATGGGTAACTTCAGGAAGCTCCAA
ACGCTGGAGGAGGACATACTAAACAATGATTCAAGAAAGCGATTGCTAAGCGAGATCGACGAGCTGTTGACCACAGATGGTCAGAGATTTAATAC
ACTGCGACTGCTGTGCCTCTTGCATCATTGCGTTGGCGTGGCGCCCGAGGAGCTGCAGATATTTGCGCGGAACTACTGCAATCTGTTTGGACACC
AGGAATTGGGCGTGTTCCAGCAGTTGTCGCAGGCGGGCTTGTTGCCACCACTTGTGGTGGAGAAAAAGGCGCCAACGAAACTGCTCTCAAATCTA
CCTCTGCCCAAGTTCCAGCAAACGGAGTTTCAGGCCAATGCTAATCGGCTAAAGCTGTTGACCTCCAGTGGAGATGGTCAGGATGGAGGTTCCTC
CTCCAAGAGCCAATCCAGTGGCTTGCAGACCTGTCCCAGTTTTGTGTTCAATGGCACCTACATACCATTGGTGGCTCAGCTCTGCTCCATTTTGC
TGAAAATCAATAGTGCTGAGGAGTTGTCCTCGAAGCTGGGCATGATTGAGGGGCTGCATCTACACCTGGACAGCGGAAAAATCACGCCCAAGGCC
TATGCCAGCCAAGTGAAGCTAAACGGAGTTGCAGATCAGGATATGTTCCCCTTGCGTCTCAGGAATCTCTTTGTATTCATTGTGGGTGGTGCCAG
TTATGCGGAAATCGCCGCCTGCGATTTTGTGGCAAAGCTAACAGGCGCCCAAATAACCGTGGCATCCGACTCTCTAATGGCGGGCAGTGATTTGA
TCGCCACCGCCTTCAACCGCTGA
(SEQ ID NO: 560)

Start ATG: 1

MDLTLDKKLQGFQLVAQEKLCSILCSIPGKKELILEPDLIKPLEHVVTASWLKLKGIQRIYKHDAAQSLPRSADQVHIYMIRSVLGTFQTLLKQL
QPVASEEMPDISMKMYHIVCVPSCYSYFQTLLEQAGLYGLVQLHHFNWDFIYFDQGVLSLELPNLYECLYLQKNTSPLPAVAQSLRLLQMICGQP
SLILSFGHHSSQLMQMAKTLGKLPAPTNPPDYGGWLVIDRDKDYPASLLTPAIYAGLLLEVFEHSSGEILVDNSKNKIRSQRVELLQGKKSKIGV
NSASKPCSIRLNSTSDEIYGDNRYKRFAQVSSLIHAQVKALGLELQKLNDMQLDEMHDYVARKLPKLTELKSKVLRHLNASEIVIQMMGNFRKLQ
TLEEDILNNDSRKRLLSEIDELLTTDGQRFNTLRLLCLLHHCVGVAPEELQIFARNYCNLFGHQELGVFQQLSQAGLLPPLVVEKKAPTKLLSNL
PLPKFQQTEFQANANRLKLLTSSGDGQDGGSSSKSQSSGLQTCPSFVFNGTYIPLVAQLCSILLKINSAEELSSKLGMIEGLHLHLDSGKITPKA
YASQVKLNGVADQDMFPLRLRNLFVFIVGGASYAEIAACDFVAKLTGAQITVASDSLMAGSDLIATAFNR*
(SEQ ID NO: 561)

Name: VACUOLAR PROTEIN SORTING HOMOLOG -like
Classification: transporter

Celera Sequence No. : 142000013384253
GGTCAACAAAACGGCACGGACCGGCGGACTGGACTCAGTGCCATATAGAATCAGGTTAGCCATTGTGGTTGCTTAACTAATTGCCTTCTAGCTGG
TTGAATTGAGATTCGTAGCAGACAGTGTGCCATCCACAACTGACTCAAGGCAGTCTAAATAATTTAAATTTCTTTCAAACGCGATAAGATTAGAT
ATTAAACTTAGTTTCTTGATAATTACCACAAAGACGTCATAATGCTGCAAGTTTAAGTTTGCCTGATTGTTTATTAATGTCCGGGATAAGTCGGT
CTGCTATCTATTAGCTGTGTCAATATTTGATCAATGTCCCCGTGATTTATTTGATCATAGTTGGAGCACCAAAGGGGCTACTTATATACACTGCT
AGAAACGTCCAAACGAAACCTAAAGTAACCAGACTCATTAGCAGTGTTTCTATGCAAACATTTTCATATAAATATAATTATAAAATTATGAGTTT
AATATTATTACTTCTGTGTATCAGATCATACAATTTTATCCAAAATAACGATAAGCTTTATGCCAGCTTAACTTAAGCTTTAAGCTTTTAGAAAC
TTTCAAGCTTCGTTAGGAAGACTTGAATTGTAAATTTACATGGGTTCTACATGATTCAAATAGATGTATATTACAATAAATCATAAAACAAGTAA
CTGTATTAAATTAATTTCTTCTGACAACCAATGTTCCTGAGTTCACAGAGACCTACTTTGTTTTTGATGAGTATATGTTTTTTGTAGTTCACCAC
TGCATATGGTGTTTTAAAATTAGTATCATATAGATGATTCCAGAACTATCAGTTGGGGGTAATTAATGTTTGTTATGATGAAATAGGCATACATA
TTATATATATGGTTTTTTTTTTAACTGTTTAACACATGGTTTCGAGCTTTTATCTTAGATTTACGAAATGCTCTCTCATTTAGCAAAAAGCTTGAG
GCAATAAGGTGTGTATATATGTACAGTAAATAGAGAGATCAGTCGAAAGAAAAACACTGACGGGTAAACAACACGTATCATGTCGAGCTCTGGAA
TTGTACTCTATGGGACAGATCTCAGTCCCTGTGTGAGGACCGTCAAACTTACCCTAAAGGTCCTGAATCTGGACTACGAGTACAAGGAGGTGAAT
CTTCAGGCGGGCGAGCACCTGAGCGAGGAATATGTGAAGAAGAATCCCCAACACACGGTACCGATGCTCGATGATAATGGCACTTTCATCTGGGA
CTCCCATGCCATTGCCGCCTACTTGGTGGACAAGTATGCCAAGTCGGATGAGCTGTATCCCAAGGATCTGGCCAAGCGTGCGATCGTCAATCAGC

GTCTCTTCTTCGATGCCAGTGTAATCTATGCCAGTATAGCCAATGTCAGCCGCCCGTTTTGGATAAACGGTGTTACCGAAGTGCCCCAGGAAAAA
CTGGACGCCGTACACCAGGGTCTGAAGCTGCTGGAGACGTTCCTGGGCAACAGCCCCTACCTGGCCGGCGATTCGCTAACCCTAGCCGATCTGTC
CACCGGACCCACTGTAAGCGCCGTGCCCGCTGCCGTGGACATAGATCCTGCTACATATCCCAAGGTCACCGCCTGGTTGGATCGCCTCAATAAGC
TGCCCTACTACAAGGAGATCAACGAAGCTCCGGCCCAGAGCTACGTCGCCTTCCTGCGCAGCAAGTGGACCAAGCTGGGCGACAAGTGAAACTAA
ACTTATATTTAAATATGACATTTCACAAGTTTGAATTCCATCAATTAACAACATACACATCCATTTCTAAAACGTAAACTTCTTCAATAAAATAT
AACATATATATAAAATATTTAATTTATTTTTTTATTTAATTTATATTTATTTAAATATTTGAATTTATAATAAATACTGAAATTTATAAACTTTA
ATATGGGACTTGAGTCAGTAATTATTATCTCACAGTTGGGGAACCCGACCGTAATATTTTTATCGCTCATTTATGATATCGTCAGTGTACAATTA
CAAAAGTTTATTTAAGATACAAATGGGGCAAGCTCAGCGCACCCAATTGGGTTGTTTAGTTAAGCTCGTTTAGATTTCTGTGTGTGGCAAATTTA
GTGGAACTTGGGTCTCTCTGGTGATCGCATCATGTCGGATAAATTGGTTTTGTATGGCATGGATATTAGTCCTCCTGTTCGCGCTTGCAAGCTGA
CCTTGCGGGCCTTAAACTTGGACTACGAATACAAGGAAATGGATCTACTGGCAGGAGATCACTTTAAGGATGCGTTCCTCAAAAAGAACCCGCAG
CACACCGTACCACTCCTCGAAGATAATGGTGCCCTTATCTGGGATTCACATGCTATTGTCTGCTACCTGGTGGACAAGTATGCCAATTCGGATGA
GCTATATCCCAGGGATCTGGTGTTGCGCGCCCAGGTGGATCAGCGTTTGTTCTTTGATGCCAGCATTCTGTTTATGTCGCTGCGAAATGTCAGTA
TACCCTATTTTCTTCGCCAAGTAAGCCTGGTACCCAAGGAGAAGGTGGACAACATTAAAGATGCATATGGCCATTTGGAGAACTTTCTAGGGGAT
AATCCCTATTTGACCGGGTCGCAACTGACCATAGCTGATTTATGCTGCGGAGCTACTGCATCCTCGCTGGCCGCTGTTCTTGATCTGGATGAGTT
AAAGTATCCAAAGGTGGCTGCTTGGTTCGAACGACTCTCTAAGTTGCCCCACTATGAGGAAGACAATCTGCGGGGCTTGAAGAAGTATATCAATT
TATTGAAACCCGTATTAAATCTGGAGCAATAGTAATTTGTATTAAAAAAAAAATACCATCAAATGC
(SEQ ID NO: 562)

Exon: 1001..1821
Start ATG: 1030

Transcript No. : CT16545
AAAACACTGACGGGTAAACAACACGTATCATGTCGAGCTCTGGAATTGTACTCTATGGGACAGATCTCAGTCCCTGTGTGAGGACCGTCAAACTT
ACCCTAAAGGTCCTGAATCTGGACTACGAGTACAAGGAGGTGAATCTTCAGGCGGGCGAGCACCTGAGCGAGGAATATGTGAAGAAGAATCCCCA
ACACACGGTACCGATGCTCGATGATAATGGCACTTTCATCTGGGACTCCCATGCCATTGCCGCCTACTTGGTGGACAAGTATGCCAAGTCGGATG
AGCTGTATCCCAAGGATCTGGCCAAGCGTGCGATCGTCAATCAGCGTCTCTTCTTCGATGCCAGTGTAATCTATGCCAGTATAGCCAATGTCAGC
CGCCCGTTTTGGATAAACGGTGTTACCGAAGTGCCCCAGGAAAAACTGGACGCCGTACACCAGGGTCTGAAGCTGCTGGAGACGTTCCTGGGCAA
CAGCCCCTACCTGGCCGGCGATTCGCTAACCCTAGCCGATCTGTCCACCGGACCCACTGTAAGCGCCGTGCCCGCTGCCGTGGACATAGATCCTG
CTACATATCCCAAGGTCACCGCCTGGTTGGATCGCCTCAATAAGCTGCCCTACTACAAGGAGATCAACGAAGCTCCGGCCCAGAGCTACGTCGCC
TTCCTGCGCAGCAAGTGGACCAAGCTGGGCGACAAGTGAAACTAAACTTATATTTAAATATGACATTTCACAAGTTTGAATTCCATCAATTAACA
ACATACACATCCATTTCTAAAACGTAAACTTCTTCAATAAAATATAACATATATATAAAAT
(SEQ ID NO: 563)

Start ATG: 30

MSSSGIVLYGTDLSPCVRTVKLTLKVLNLDYEYKEVNLQAGEHLSEEYVKKNPQHTVPMLDDNGTFIWDSHAIAAYLVDKYAKSDELYPKDLAKR
AIVNQRLFFDASVIYASIANVSRPFWINGVTEVPQEKLDAVHQGLKLLETFLGNSPYLAGDSLTLADLSTGPTVSAVPAAVDIDPATYPKVTAWL
DRLNKLPYYKEINEAPAQSYVAFLRSKWTKLGDK*
(SEQ ID NO: 564)

Name: glutathione S-transferase (GST)
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384541
TTGGGCAAAACGAGAACAACAAATTATTTTGAACACACACACGTATACATATGCGTACATATGTACGATTTCATGTGTGTTTGGCCCTACACGCA
CCTTTGTTTTTGTTAGCACAGATTCTTTTTTTTCGGCCTCCCTTTTCGCTCCTTCGGCCTTGGCAACAATAACAACAACACACAGCAGTGGTAGG
CGTTTCGCACTGATTTTCGATTCCAAAAACACAGGTGCTGTATTCTCTTTAACCGCGAGCTAATTCTTTGTCTTTATTTCGGATTTTTCTATTTG
TTAATGCACATTTTCCGCGCGATTCTCGGACTCCGCCTGCGAAGCTCCAAAGAGCAATTGACAAAAACATCGAGAACTGCGCTCGGCGTTGCCAT
GCTGACTGCGCTGCCAGACGGCGTGGGTGGAGTCCACGCTGGAGGTAAGCCCAGACCGCAACCCTCTAACTGTGGCACAGTGGTGCAAATTAAGA
GAGGACTGCTGTCAAAAATTGTTTATAAAATTTGTTCCAGAGCCGTTATGTCATTGTTTCGTCATGTCAATTGTAAAAGAAAGCACCCTTTCAAA
ACGTTGTAAATAATTTCAACAAGTGCTACAGATATTTGTGTTATTCACTGGCATACAAGTTCGTTTAAACAAAATATTAAACATAAATAAACATT
AAAATATATTATTAAACAAAATATATTCTTGACTTGCAATAGATATGCCGTATCACTCATAAATGCAATACAAAGGGTAAATCATTATTTCCTGG
CTTAAAATTGTAATGAAACGGATAATGAATCACATAGCTATTCAGTTTTAGAGAATTTGTATGCACTTTGTCATATTTAACGTTAAAGTCGATCA
CTTTTTATTTAAGGGGCTAAAGTTGTTTTACTTTATTTGCCTAATTTAAATTTTTGCTCCTTATATTCAAAAATGCAGGCTCGATACCATCTCGA
CCGCGATGATTTGTTTGGGTTGGCAACGCCCCGACGTTTGTGGCGCAGCCAACTTCACGCGAGACGCAGCGAAAACAAAAAATACTAAGCTGAAG
TTAATTGAGAAAACCCCAAATAAAACGCGAGTGAAAGGGACCATGAACTTAGACCTGCGTTCGTACTCACGCCACTGGCTCACGGAGTTTATCGA
GCAGTACCAAGAGGAGGAGTGCCTCTGGCAGCCCAAGCACAACGACTACAGCAATCACACAGCCCGTAACAAGTCCTACGATCGCCTGGTGGAGA
AGCTAAAAGAAGTGGAGCCCAATCCGGACAGGGCGATGGTAGTAAGGTGAGAATTTCCATGTCAAATGTGCCACAGTTCAGTAAACACAATTCAC
GCTTTACAGGAAAATTAACTCACTGCGGTCCGCTTTTCGGCGGGAATTCCGCAAGACGAGTACCAAAGGCGACTACGCAACGCGTTTGTGGTACT
ACGACAAGCTGCTTTTCATCGCTGACCACAAGCCCAAGCGCCACGAACTCGGCTCCAAGCCCAAGAGAGAACTCCATATCAGCTTCGACGACGAG
GAGTCAATGGAGTTCGAGGACGACTCACATCACACGGGCACTCAGTCTCAGCACATGGAGTCCATAATACCCACGTCCCCGGACGATGTGGAAGA
AGTCGCGGCGACGGCCAACAATGTGGTCGTCAGCAGTCAGGGCGCCACTCTGAGCACCATTTCGGTGACGCCCGCGGAATGTGTGACCCTTGTCA
AGAGCGAGGAGCACCAGGCGGCCGAAGCAGCGGCAGCCGCAGCCCAAGCACACCAGCAAATGGTAGCCCATGCAGCAGCCCAGACCTCCATTGCG
GCGGCGGCGGCTCAGGGACATGCCGTGAAGGTCTTAGAGATCACCTCCCTAGACTCCAACTCCCAGCGCGAGATACAACAAGTGAGTAGCTCCAA
AGCAGTGAAGAGTTCCTTAGGGTCTTCAATCACCTCCTCTCCCCACGCAGGCGGTCAATCATCTGGAGCACCACCAGCAGCAGCTCCACCTGCAG
CAGACGAATGGCCAACATCAGGGCGTTCCCACCATCCAGATAGGCCGCGATCACTATCAGCCATTGTTTGGCAATGCCGGCACCACTGCCTATAC
CACCACAGCGGCTACGAGCACATCGCACCGGCAAGACGACGAGTACGATGCCATTGGCGTGAATGTGGCGAGCAAACTGCGCTCCATCAACCCGA
CGCAGCGGATCGTGGCCGAGAAACTGATCAGCGACGTTCTATTCAACGCACAGCTGGGCAACCTCACCGTTCACTCGGCCCTCACGCAGTAATCT
CTCTTGTCCCCCTAGACTAAGTATGTGTAGTCTCTGGCTTTATATCTCCATTTTGTCTGTGTCCCAACCTGCAGCCCGGCCAACATGTGTCGCCC
GGGCAGCAGCCGATTGTACCATACAGTTTGCATGTAGTTTTAATTATTCTATACAATAAATAGATTGTATGTCTTAAGCTCATCACCAGAGGGTT

TGTCATTCCGTCGAACTTCCTGCGCCCGTTAGCTTGTTCCACACAAACCTGGCAAACTGGACAAAAAGAGGAGCTGCTGTCTTGAGGTGATCGCC
TTAAGAATTAGGACTAACATACCGTGACCGGCGGCATCTCGATCTGTTCCGCCTCCGTGACCAGTTTTCGGTTGCTCTGCATGTAGCTCCAGCCC
AGATGGATCCCCACCAGACTGGGGATCATCACGACGGCCACCAGGTTGCGCGACACGAACGAGGGCTGCTTGCTCATCTTTACAAAATTCGTAAA
ACGGAATTATTATTATTTAACAGCTATCACAAATCAACAATGACGATGTGACCGCATTGCGATGTTTGTTTAATCTTATCAACGAAAAATACCAA
CCTATAACGCTGCCCCAAAACGGGCGGCTAGTTTTGAATAAAGTTTCTATCTCCCCCAACTTGGTCCAAAGTCCAACGTTTTCGGGGATAATAAT
GGGAAACTAAACGTCTCGCAATTCTTTGTCTGGGACTTCGATTGCTTGGGCAGATAAGCATCTGTCATTAGTTTGTTGCGGTGGCTGGTTTTAAT
AACAAATGCGGTGGAGGTGGTTAGAGTAGATCAATGGCATTGTAAAGGGGAACTTCACTTCTCGTAGGGTATATTAGTTGCTGCGAAATTCTTTA
AAGACTTTTTGTGATTATAGAAGGCCTGAAGTAACTGGTAAGGTCCTTCGCTTTTATAACTAACATAAGATTATAATAGTTAAAAAACAAAAATG
TGTAATTATACTACTTTACGTACAAGTTAAAATTGTCTAAGCTTTGAATTCAAATAACAGAAAGATGAAAAATAATTTTAGGTGCTTAAAGTTCT
TAGTGGACAAACTAATTCGGAAAAATTAGAAAATATGTATGAAATAATTATAAGCTGAAATCTGAAATTTTAACTTAATCTGTTTTAAAAACCGT
AAAATAAGCTATAAATTTATCGTCACAATAAAACCA
(SEQ ID NO: 565)

Exon: 1001..1281
Exon: 1340..1886
Exon: 1951..2456
Start ATG: 1088

Transcript No. : CT16581
AACTTCACGCGAGACGCAGCGAAAACAAAAAATACTAAGCTGAAGTTAATTGAGAAAACCCCAAATAAAACGCGAGTGAAAGGGACCATGAACTT
AGACCTGCGTTCGTACTCACGCCACTGGCTCACGGAGTTTATCGAGCAGTACCAAGAGGAGGAGTGCCTCTGGCAGCCCAAGCACAACGACTACA
GCAATCACACAGCCCGTAACAAGTCCTACGATCGCCTGGTGGAGAAGCTAAAAGAAGTGGAGCCCAATCCGGACAGGGCGATGGTAGTAAGGAAA
ATTAACTCACTGCGGTCCGCTTTTCGGCGGGAATTCCGCAAGACGAGTACCAAAGGCGACTACGCAACGCGTTTGTGGTACTACGACAAGCTGCT
TTTCATCGCTGACCACAAGCCCAAGCGCCACGAACTCGGCTCCAAGCCCAAGAGAGAACTCCATATCAGCTTCGACGACGAGGAGTCAATGGAGT
TCGAGGACGACTCACATCACACGGGCACTCAGTCTCAGCACATGGAGTCCATAATACCCACGTCCCCGGACGATGTGGAAGAAGTCGCGGCGACG
GCCAACAATGTGGTCGTCAGCAGTCAGGGCGCCACTCTGAGCACCATTTCGGTGACGCCCGCGGAATGTGTGACCCTTGTCAAGAGCGAGGAGCA
CCAGGCGGCCGAAGCAGCGGCAGCCGCAGCCCAAGCACACCAGCAAATGGTAGCCCATGCAGCAGCCCAGACCTCCATTGCGGCGGCGGCGGCTC
AGGGACATGCCGTGAAGGTCTTAGAGATCACCTCCCTAGACTCCAACTCCCAGCGCGAGATACAACAAGCGGTCAATCATCTGGAGCACCACCAG
CAGCAGCTCCACCTGCAGCAGACGAATGGCCAACATCAGGGCGTTCCCACCATCCAGATAGGCCGCGATCACTATCAGCCATTGTTTGGCAATGC
CGGCACCACTGCCTATACCACCACAGCGGCTACGAGCACATCGCACCGGCAAGACGACGAGTACGATGCCATTGGCGTGAATGTGGCGAGCAAAC
TGCGCTCCATCAACCCGACGCAGCGGATCGTGGCCGAGAAACTGATCAGCGACGTTCTATTCAACGCACAGCTGGGCAACCTCACCGTTCACTCG
GCCCTCACGCAGTAATCTCTCTTGTCCCCCTAGACTAAGTATGTGTAGTCTCTGGCTTTATATCTCCATTTTGTCTGTGTCCCAACCTGCAGCCC
GGCCAACATGTGTCGCCCGGGCAGCAGCCGATTGTACCATACAGTTTGCATGTAGTTTTAATTATTCTATACAATAAATAGATTGTATGTCTTAA
GCTC
(SEQ ID NO: 566)

Start ATG: 88

MNLDLRSYSRHWLTEFIEQYQEEECLWQPKHNDYSNHTARNKSYDRLVEKLKEVEPNPDRAMVVRKINSLRSAFRREFRKTSTKGDYATRLWYYD
KLLFIADHKPKRHELGSKPKRELHISFDDEESMEFEDDSHHTGTQSQHMESIIPTSPDDVEEVAATANNVVVSSQGATLSTISVTPAECVTLVKS
EEHQAAEAAAAAAQAHQQMVAHAAAQTSIAAAAAQGHAVKVLEITSLDSNSQREIQQAVNHLEHHQQQLHLQQTNGQHQGVPTIQIGRDHYQPLF
GNAGTTAYTTTAATSTSHRQDDEYDAIGVNVASKLRSINPTQRIVAEKLISDVLFNAQLGNLTVHSALTQ*
(SEQ ID NO: 567)

Celera Sequence No. : 142000013384633
CAGTTCGGTGGCTTGTTAGCCGTATATACATACATATTATATATGATATTATTGTGATAAATATTTATCATTGACTCATTTAAAGAATTTTGAGA
ATTCACGCGTTTGTAGCACATTCAAAATTTTTAAAAATTATTTTATTCATTTTAGACTGGGTTATTTGATATGGTTTTCTTATAATTAGTTCTTG
AAGAATTCTTTGTAGTATTTTAATATTTGTAGATACAAACAGTAATTTTTTTTAACCATAATATTTTTTTTTTATTTTACTTTGCTTTTATTTAT
TGAATCTTCTTGTATAAGAACTAACAATAAGTTTAAAAATCTTAACTATAACAAGTATTTTTTGAACAGTTGTATTATTTTTCCAACTGTTCTAT
GTTTAAACGGCCCTAATAATTTATTCGCTGGGTTGGTAGGTCCTTTCGCCGGAGACGGGAACGGCTGCTGAGCTGGATTAGACCTCGCGCTAGGT
GGTTGGGGTGCGTGTGAAGCGTGTGAACCATAATATGATATGAAAAGATATGATATTTACTATACCAATATTTTCGAAATATAAATAGAATAAAT
AAATAAATACATATATACTACAAAGGTATATATTAGGTATATTTGAAACAAAAATCATATTTTAACGATAACAGATGCAGAAATTGTATGAAAGA
CAAAAAATAATATTTGGTGAATATTATATTAGCCTGTGGTCAGGCTAAATATAAATGTAAATAAAATTCTTTATTGTTCTTACGGAAGTATTTCC
AACTGCCTACCAGCAGCATTTTTGGATTCAAATGGTCTCCAAGCAGGAATGAATGCAGTCACTAATTGGAATGTGTTCACCAGCATAGCGAGTCC
AATTTAAAATCCATTCTTCAAATCAGAATTGTACAGAGTAGCCGAATTTAACTATACTTACAATGGTCATTCAATTTGGGATTTTTCTTTTCCAA
CCTTATTCATATTATTTCATATCAGTTTTCAGAATAAAGAGACATTAGAATTTCCTTTTTTCGATTTATTTATTTCTTATATGATATTAGTGTTT
ATAGCTAAAGTTTTACATGGAAGACAATGATTCTTAGCCTAATTCTTATACGAAGACCCTAACAAACAAACATGGAAGACAATGATTCGGCTAAG
ACTAACTTAAGGCTAATAAGACACGATAAATCACAATGAGTTAACGATAGTAACGCTTGATTGTGATAATTGAATATCAATTAGAGTTGTGTTTC
CCTTGGGACGCGAGCCCAAAGAATCCAATCTATGCCTAATATCACCCTGAGATTACGAACATGCGAAGCTGAACCCGCATCCATCCGACGACCAA
TGGACGGAGACACTTGCACTTAAAGCTGCCAATTGGAGTTTTTCCCGGTGCATCGAGAAGTGGAACTGTGCATCCTGGCGATGTTTAGGCCTGAA
CCCAACGGTCGAACTGCTGGCGCAACTGCTGTTCGTGGTGCTGGCGAGCTCCCTCGGCTGAGGTCCAGAAGAAGGTGCCGCTGGTGGTGCGGGCG
AAGTGGACCGGGATGAAGGTCTGCTCCGGATGGACGGGCACGATGCTCTGTTGCTGACCCTGCTGCACGATCATGGCCACGTTGGTGGGGCACTG
GCGGAGATCGGTGTACAGTCGCTGCTCCAGCTCCTCGTTGGCCATGTTATCGCAACTGGCCGCCGGATCTTTGCGCATGTCCTCCAGCGAGGCGT
TGACTGCATTTTGGTTCTGGATCTCGGCCAGAGTCTTCCGGAGTAGCTGCTTCTTCTTCACCAGTCGCAGAAGGGGTTTGACCAGTTTCCTCAGA
CTCCGCATGGCCATCGTGTGCTGATCTGATTTCGGCTCCATCACCTTGCTGCTCTCAAACTTGTATTCCCGTGTGATGAACGACATTGTGTTGAG
GATTGTTGAGATTTATAATAAAACTTGGGATCTTAGTTGGTTGCACTCGGTTGAGAGTTGGTAGTATTCTGGTTTTCCTGCTGCACGACCGACTC
CTTATATACGATTTGCTCTCTTTGGTTTCTCTCGGCGGGGGAGAATTCTCGCACAGAGCGGCGGTTCTCTCGATCGATGGACCCAGCCAATGGGA
AGGCAGACTGCCTGCAGGTGGTTGCACAAACAGTGAGAGCGGGAGACAAAAGAGAGCCAAGAGAAAGCGGTCTCGGAATCAGGAGCATGTCCTTA
CCCTTGAGAAAGCAGGGTATGATGAATTTTTGAGTCTGTGCATAAAAAATAGATTTTACGAAAAATAAGGTTAATATGTTTTTATTGTGTGTATA

TCTTTTAAGTGTATTTTTTCTAAAAAAAATTATTTATAATAGTAATATTGAAAGGGGCCATATAAGGTTGAATTTAATTGAATTGAATTCATTGA
ATTTATAATAACTATAGTAATAAGATCATAAACTTGATGAAAAATATCAATATTTAAGGACTCTATTAAAATTAAACTTAAAAGACTAGCAAGAA
TAAAATGTATCCTAAAATATTTGGTATACAACTAAATTAAAAACTATTTAAAATTAAATAATTAAGATCGGCACAGCCTTACAAAAAAAGTTTTC
CTTAACAGCACACTGCTAAATTAAGGTATGTAGGAAGTACATCGGTAAAATTACAATAAATACAAAGAGATCGTTGTATATTTAACAATTATTTA
GTATTTTACTAATGGTATTTATTTTTTGGAACATAGCATACCATACTAAGTCATTTACTTTAAAATTTCATATGTTTCCCACGTGATTCAAATGC
TGGGTATTACCCACTCGAGTTGCTCATTCACTGCAGGTTTTTAACGGATTTTTTGACAGTCGCATAGATCTCGGTCGGTTCTCGATCTTTCGCCC
CCTCTGAGAGTACCATGCCTCACAACCTCTCTTTACCTGCTCGACTCTGTCGCAAGAAAAGTAGAAGTCCCTAAATCCCAAACGTAAAATTCCAG
GAGAGTACCGA
(SEQ ID NO: 568)

Exon: 1956..1001
Start ATG: 1891 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT16583
TCTCAACCGAGTGCAACCAACTAAGATCCCAAGTTTTATTATAAATCTCAACAATCCTCAACACAATGTCGTTCATCACACGGGAATACAAGTTT
GAGAGCAGCAAGGTGATGGAGCCGAAATCAGATCAGCAACGATGGCCATGCGGAGTCTGAGGAAACTGGTCAAACCCCTTCTGCGACTGGTGAA
GAAGAAGCAGCTACTCCGGAAGACTCTGGCCGAGATCCAGAACCAAAATGCAGTCAACGCCTCGCTGGAGGACATGCGCAAAGATCCGGCGGCCA
GTTGCGATAACATGGCCAACGAGGAGCTGGAGCAGCGACTGTACACCGATCTCCGCCAGTGCCCCACCAACGTGGCCATGATCGTGCAGCAGGGT
CAGCAACAGAGCATCGTGCCCGTCCATCCGGAGCAGACCTTCATCCCGGTCCACTTCGCCCGCACCACCAGCGGCACCTTCTTCTGGACCTCAGC
CGAGGGAGCTCGCCAGCACCACGAACAGCAGTTGCGCCAGCAGTTCGACCGTTGGGTTCAGGCCTAAACATCGCCAGGATGCACAGTTCCACTTC
TCGATGCACCGGGAAAAACTCCAATTGGCAGCTTTAAGTGCAAGTGTCTCCGTCCATTGGTCGTCGGATGGATGCGGGTTCAGCTTCGCATGTTC
GTAATCTCAGGGTGATATTAGGCATAGATTGGATTCTTTGGGCTCGCGTCCCAAGGGAAACACAACTCTAATTGATATTCAATTATCACAATCAA
GCGTTACTATCGTTAACTCATTGTGATTTATCGTGTCTTATTAGCCTTAAGTTAGTCTTAGCCGAATCATTGTCTTCCATGTTTGTTTGTTAGGG
TCTTCGTATAAGAATTAGGCTAAGAATCATTGTCTTCCATGTAAAACTTTAGCTATAAACACTAATATCATATAAGAAATAAATAAATCGAAAAA
AGGAAA
(SEQ ID NO: 569)

Start ATG: 66 (Reverse strand: CAT)

MSFITREYKFESSKVMEPKSDQHTMAMRSLRKLVKPLLRLVKKKQLLRKTLAEIQNQNAVNASLEDMRKDPAASCDNMANEELEQRLYTDLRQCP
TNVAMIVQQGQQQSIVPVHPEQTFIPVHFARTTSGTFFWTSAEGARQHHEQQLRQQFDRWVQA*
(SEQ ID NO: 570)

Gene Symbol: Tom
FlyBase ID: FBgn0026320

Celera Sequence No. : 142000013384113
CCCCCCCCCGGCACAATTGTTTATAGAAATCAAATGATTAATATATTATTATAGAAGAAAAACCGTTTAATAGCACAAGCGTAAACACCAATTGG
AAGCAAATCAATAAATTTGAAGGAAAGCTAAAAAAATCCATAAATAAAATATCATTGAAATGGACAACTAATGTGTTTTTATCAGACTGCTTACT
AAACTAAATATCATCTTTTTCAAAACCCCCCCAAAAAAATAAGGTGTTTTAGTTTCGGTGTGTTCTGTGAAATGGTATTTTTTATTTATTATACT
CTCGGAAATTATATCAATTTAAAAAAATTTACTTTTGAATCAGCGAACATATTTATAGGAAAAGGTTTGAAGTGTTTGTATGTGATAAATACAAA
TTAAACTACAATTATTGTATATGTGTTTGCAATCTTAGACAGCTATCGTATTTTGACTCTTGTTTGCTAAAAAAAAGCATAGTTTTAAAGTATTT
GCAAGACGTTTGCAGTCGAGTAGAATTTTTTTCAGATACAAAACATGAATTTCAATAAAAAAAAATGAATTAAACAACATTGAATGATGGTGTAGA
TACAATTAAAAACGAAATAAAATTAAAATGCTCCACAACGGATTTTTACAACAAATATCTATCCGTTGCGTTACAGAAGTTTTGTGAAAATTGCT
GTTTTCTAATTTCAAATTTGTATTTGTGTGTTAAACTAATTCTTTCCGATCATCGGAACTTCGTTTATGTTTAAAAGTCAAAATGTATCACAATT
TTGATCATTTTGTTATAATAAATACGGCTGCACCTGTCACAATGCTAATTATTTAGTACACATTTATGCTGAATGTCTCGACTATATTTAATGGG
TCTTGCACAAATTTGATTCAATGAAACCCAAAAGGTAGTATAGTAAAATTTCATTAAACCGATATTTACAAATACCAGAAAATAAGCAGATACTT
AAGGATGCACATTTAAATGAGTATGCATGGATCGCGCATTAAATCGGTGCTTTTAAATTTTAAAACGTATTTATGATATTCCTTTTACAATCGTG
ATTACAAGATATAGGAGAGCCCAGTTGTTAATTCGATGACAAAAAAAAAAAAAAGAATAATTTGTGGGGTGAATTATTCTTTATAAATCTCTACAG
AAAATGCCGGAAAAGTACTCCTTATCGAATATAAAATGATATAAGTATGTACAATGAGCAAAACCTACCATTCGATATTATATTTATAAAACATG
ATTTCCTCTCTCTACCTTTCTTGTACAGTGCACACAATTTTGGATAAAAGAACGTTTCTAACAAACTATTATCAAAATTTATTGACAGTCGAGTA
CTTTCTCAATTTCAGTATGAGATTTTTATACCCTGTATCAATATTTTTGTGTAGTATGCGTAAATGTAAAAACGATCGTACATATGTAAGTTTTG
GATACATATTCTATACAAACATATGCGTAATTGAGTAAAGCAAAGTGAACTCGGCTATATAATTTCACAATTATTTGAAACGCTTCAATCAAGTT
AAATGAAAATCCGTCAAAGCAACCTAATCAATTTGATGCCTGGCTTCAGTTATTAATGCTAAGAGTGCATCCAGTTTAAGATCTTTAAACCGTTC
AAAGTGGTCCATAAGTGGCTGAATTGCATCCGACTCAATGGCTGCCGAGATGGTCTGGTTTTGAATAGTGCGATTGAGGCAGGATGCAACCTGTG
CCAGAAATTCTCGCCACTTTTGCCTGTTCTCCTCGCTAAGAGTTGCGTCAGTTCGCGAGACGTAGATTTCCTCGGCGCGAAGTATCAGGGCAACC
AGCGAAAGGATTCCAAACTGCCAATTTAATAATTAGTACGCGTATCTATTACTTAATACTGAGGATAACTTACGCGACTGCAAAAAATTCCAGCA
AGTTTCTTGTCATTCAGCGTAATAGCAGATGAAATGCTCACTAGGAGTTCGAAAGTAGCTTTGTTAACGTGTTTTTTAAACTCTGGGTAAAGAGC
GTACAAGACGCCTTCAACGTCGTCCTTGTCCTTTTTCACCACTGTTTGTAGGGAACAGAAGACGCCGCTCCACACGACCCAGCGAATGCTTTGAT
CCGCAATAAAGGGCATTATGCGTCTAATAAGTATCTGCAAAGGAAAGATTGATTTAAATAAAATAGTGAGTTTCATGCGTATAGCACTAGAACAT
AAATCGAATTCTATTTGGTTGCACTTGTTAAAATTAGTATAAGAAAAAGTACACACCTTTCCCTTGCGCACATTCATCATGGCGATAACCTTGTC
GAAGGCCAGACCTGCCTTTAATTTATTGACCAACGCAGCTTTCGTCTCTACCTCATAGTTGAACTTGTTCTTTAGTTGCGGATTCATGGTTTGCG
GATTGGCGGCTTCAGCAGCACGTTCTTCGGGCGTTTTATTGGCCATTTCCAGCTGCTCAAGGGCTGCGATCCGTTCGGCTTCCTTTTTCTTTTTC
AGCTCAATGGTGGCCATCACTTCTGGGCTTTCCAAATCCTCCAACTTCAGCAGATAGCGATACAGTGTTTCAATCAGAAGCAAAATGTGTCGCGA
CTTCCGCATGCTACTGGGATTTACATCATGGCTCGCGGAGGTGGGCAGCGGAGTCGAGCTTTTTGATGAAGAAGTTGCGTTGGCTTCAGCAGCGG
CATTTGATTCACCACTCATAATGTCAGCATCGATAATTTTTCGCGGAGCTGTCACACTTCCGTACTGTAGCTTTCCCAGTGAGTTCTCGAACTTC
AGTGGTGAGAATATATAGCCTGTCAGGTTGTTGTTGTTACCACCTGATCCATTGTTCGTGTTGCCTGACGTGCTGTTGGTGTTCTCCGAGTTGCG
TCGCTCACGTCCGTGTCCATTGCGAGTACCATTCTTGTTGCCCAACTGTACGAGAATAAGCTGCGCATGGCCGCGTGGCTGAGTAAGCGGATGAT
TCAACTGGTTGTCCTTGTGCGCCTGACTGTTGCGCATTTGCCCGTTCTGTTGGGCCTTGCGCTCCCTGAACACCGTGTAGTAATAGTCGTCGATA
TACGGCGTGTCCGTATTCAGCTGCGAAAGCTGGATTCCGATTAGCCAGTGCTTGTCGCGCGTGCTCATTAGGTTGGCATATTCATCGTACTCTTC

CAGCGGGTAATTTCCTGTACCATCTGGACGTCGTCCTTGTTGCTGCTGTTGCGCCTGCGATCTCTGACGATCGCTGGCCACGGATCCTGCTCTGC
TCTGTTGCATTTGGCGTACAACAGCAGCCTGTTGAAGCAGCGGATGGTTTTGCTGGATCTCTTGCACTAGTCGCATGTTGAACATGTTATACATG
GAATTCGGTGGCTGCTGACCTAATAGACTTGTGGCAGCTTGCAGCGGGTGCGGCGGCATTCGCGGTGGCAGCATCTGGTGCGGATGGGGAGGTTG
CATAAAAGCCCCTGGATGGATTCCAGCGGCGCGCATCGCATTGAAGCTTGGATGCATCGCGAAATTGTTCAGGGCCGTGGGCAGAGCTTGTGGAT
TGGGTAGAGGTCGCTGGTTGCCGCCGGGCAGTGGAAAGTTGTGCGGCATGTGCTGCTGCATTAGAGGATGCTGGGGCAATTGCGGAATATTCCCG
GGCAGACCTTGCGGGTAAATAAATCCGGGCGGCACTCGGTTGCCACCAATACCGTTTAGTTGTTGCTGCGACGATGGCGTGGGCAGTAGCTCGGG
TCCGGGGAAACCCAAATTTGGCCTCGGTGGAGAGGTGTGCGGCGTGCCCAAGAAGCCAGGGGGTACTGCAATGAATTGTTAAATGGTGTTATTTT
CATATGTCGCAGAAATCTATCAGGGACTTGAAGTTTGTTCCTTAAATGGTTAAATCTGTCTTAAAAATTGTCCCCAAAAATAGATTCGTAAGAAA
TAAATATTTTTAGGAATTATACTTTTTGTTGGACATGTTTTCTTTTTAAATACTGAGGCCTGTTTTTGTATGCATCAATACTTTTTAGTTTTAAT
ATATAATTACCCTTGTGCTGCGCTTGTTGTGGCGGCTGCTGCTGCGACTGTTGTTTCTGATGATGCTGCTGCTGCAACATCTGTTGCTGCAACAT
GGTTGGTGTAGGCACCTGCTGCCTGTTACCCAGACTAAAATCATCAAACATTTTGCGTTCCGCCTGTTGCTGGCTCTGCTGCTGTTGTTTCGGAA
TGGCCTGCTGAATGATCATATTGCGCTCTATATCCTCGAGAGTTGTAATTTTTGGAAAAGGCTGTGGATTCAGTGCAAAGTTGGCATTCGCTTCC
TGCGGTGGCTTCATTTGTTGTGGTTGGTGCTGCTGATGTTGCTGCTGCTGTGGCTTGAAGGCGCTGCGCATAGGCTCGCGGAACAAATGTTGGTT
GTTGGGAAACGGCTGTGATCCCCAGACCCCGGAGTCCAGCTTAATGCGGTTGCTCAGCCCACCGGCTTCGCTATCAGTGGTGAAAGAGGACAGGT
CCATGTCGTCCAACTTCATGGAGGAAATGTTTAGCTCCAAGTCCGAGTCCCCTATGTGACGAGACTGTCGGAAGGGGGCATTCAAAGGGGCCGGA
GTGGAGCCGCTTGAAGAGGGCGCCGATGATAGCGGATTAGCGTGTCGCAGGAAGGCACCATTTCCCCTGATCGGCAAAATCCGTATTTCCACTAGA
TTCCGCGGGTCGCTTCCGCACCCTTTCGCCATTCCCGCCCAGGCGTACCATCGTCTCATGGGCTTCCTCCCAGTCGCCATTTATAGCGGATCCAA
AGGTTTCGTCATTGAGGGCATCGTATTCCGCCTCGACGATGCGTCCATCGCCACCATCTTCGTCCTGGAGAAACAATTGAAGCAAGTAAATTAGA
CATTCCTACTTTTTCTGCCCCCGGTGGCCTTCGATGCCCCCTTATTTGCCGAGTGAAAAGTGTGCGTTGGGCATTTGCCGACCCCTGTGCGGCCC
GCTATCCCGGATATTGCAGCCGCAATGTCGGGACCGCTGCTTACCGGTAGATTCGTGTCAAAGCCGAAAAACGAGTCATCCATGGCGATAAATCT
ATTGCTTTACAAAAAATTATCATGACTTGTCAGTGACAAGTTGTCACCTCAGCAGTATAGCTGTCAAAATATCGATGGTACTATCGATAGTCTGA
CGTCGATGGTTTTCTGACTATCGCCACAATACATCAATTTCGCTCGCATATAAATATTATCATATTACAAATGTTGGAATTAACATGCAAATTTA
AAATATATATTTTTTTCATACGTTTTTTTTCAATAGGTGAACGACTGAAGATTTGTCTAAATTTATAAGTTTGCATTTTGCTACAGTGATGTTAG
AAAAAAATGATGATTTAACCACTGCCAAATTTCGTATGTTGCATATTTATTTATTCAGTTTGGGACTTACCACGACTGGTTAATAAGTCAACAAC
ATTAGATTTTACTGATCAATGAAAAATCTGCCCTAATTAAGGTGCATTTGCACTCCTTCAATGTATTCGATATTTTGAACTAGTTCGAAACTTGA
AATCAGCGCCCGCAAGCTCATCCCTAAATTACTAGTTCTTGAACTATTGCTTTGGACGGAACTACGAGCCTGTTTCCTTTTCCAAAACAACTTAG
TCGAAATGAAGCGGAAAACGAGCGAGATCTGGTGCTTTTTCCGGGCGGTGGACGACACGTTTGCGGTGTGTAATATCTGCAAGGCGAAGCTCTCT
TACAAGACGACCACCACGAATCTAAGCAAGCACATGAACAGGATGCACCCCACATCGGGACTCAACCGGAACTCCAAGTACAAATTCCAGCCGCA
GACCACCATCGCCATCGACCGGAACAAAGCCAAGCCGCGCAACTCAACGCAAGAGCTGATATTGTTAGAATTCGTGAAGAAACATCCGCGTCTGC
TTCAGAATCCGACGTGGGAAACACGGGGCAATCTGGAGTCGCTGTGGGAGGAACTGTCATCCGAACTTAATAGCCACGGTCCGCCGCGAAAAGAT
ATAGCCACCTGGAGAAGGGTATTCTAACTTACTTTTTTTCTAACCGCTTGCATTATAAGTTGATTTGTTTGTAGG
(SEQ ID NO: 571)

Exon: 5060..4985
Exon: 4814..4001
Exon: 3770..2242
Exon: 2124..1879
Exon: 1822..1001
Start ATG: 5023 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT16663
TCATGATAATTTTTTGTAAAGCAATAGATTTATCGCCATGGATGACTCGTTTTTCGGCTTTGACACGAATCTACCGGACGAAGATGGTGGCGATG
GACGCATCGTCGAGGCGGAATACGATGCCCTCAATGACGAAACCTTTGGATCCGCTATAAATGGCGACTGGGAGGAAGCCCATGAGACGATGGTA
CGCCTGGGCGGGAATGGCGAAAGGGTGCGGAAGCGACCCGCGGAATCTAGTGGAAATACGGATTTTGCCGATCAGGGAAATGGTGCCTTCCTGCG
ACACGCTAATCCGCTATCATCGGCGCCCTCTTCAAGCGGCTCCACTCCGGCCCCTTTGAATGCCCCCTTCCGACAGTCTCGTCACATAGGGGACT
CGGACTTGGAGCTAAACATTTCCTCCATGAAGTTGGACGACATGGACCTGTCCTCTTTCACCACTGATAGCGAAGCCGGTGGGCTGAGCAACCGC
ATTAAGCTGGACTCCGGGGTCTGGGGATCACAGCCGTTTCCCAACAACCAACATTTGTTCCGCGAGCCTATGCGCAGCGCCTTCAAGCCACAGCA
GCAGCAACATCAGCAGCACCAACCACAACAAATGAAGCCACCGCAGGAAGCGAATGCCAACTTTGCACTGAATCCACAGCCTTTTCCAAAAATTA
CAACTCTCGAGGATATAGAGCGCAATATGATCATTCAGCAGGCCATTCCGAAACAACAGCAGCAGAGCCAGCAACAGGCGGAACGCAAAATGTTT
GATGATTTTAGTCTGGGTAACAGGCAGCAGGTGCCTACACCAACCATGTTGCAGCAACAGATGTTGCAGCAGCAGCATCATCAGAAACAACAGTC
GCAGCAGCAGCCGCCACAACAAGCGCAGCACAAGGTACCCCCTGGCTTCTTGGGCACGCCGCACACCTCTCCACCGAGGCCAAATTTGGGTTTCC
CCGGACCCGAGCTACTGCCCACGCCATCGTCGCAGCAACAACTAAACGGTATTGGTGGCAACCGAGTGCCGCCCGGATTTATTTACCCGCAAGGT
CTGCCCGGGAATATTCCGCAATTGCCCCAGCATCCTCTAATGCAGCAGCACATGCCGCACAACTTTCCACTGCCCGGCGGCAACCAGCGACCTCT
ACCCAATCCACAAGCTCTGCCCACGGCCCTGAACAATTTCGCGATGCATCCAAGCTTCAATGCGATGCGCGCCGCTGGAATCCATCCAGGGGCTT
TTATGCAACCTCCCCATCCGCACCAGATGCTGCCACCGCGAATGCCGCCGCACCCGCTGCAAGCTGCCACAAGTCTATTAGGTCAGCAGCCACCG
AATTCCATGTATAACATGTTCAACATGCGACTAGTGCAAGAGATCCAGCAAAACCATCCGCTGCTTCAACAGGCTGCTGTTGTACGCCAAATGCA
ACAGAGCAGAGCAGGATCCGTGGCCAGCGATCGTCAGAGATCGCAGGCGCAACAGCAGCAACAAGGACGACGTCCAGATGGTACAGGAAATTACC
CGCTGGAAGAGTACGATGAATATGCCAACCTAATGAGCACGCGCGACAAGCACTGGCTAATCGGAATCCAGCTTTCGCAGCTGAATACGGACACG
CCGTATATCGACGACTATTACTACACGGTGTTCAGGGAGCGCAAGGCCCAACAGAACGGGCAAATGCGCAACAGTCAGGCGCACAAGGACAACCA
GTTGAATCATCCGCTTACTCAGCCACGCGGCCATGCGCAGCTTATTCTCGTACAGTTGGGCAACAAGAATGGTACTCGCAATGGACACGGACGTG
AGCGACGCAACTCGGAGAACACCAACAGCACGTCAGGCAACACGAACAATGGATCAGGTGGTAACAACAACAACCTGACAGGCTATATATTCTCA
CCACTGAAGTTCGAGAACTCACTGGGAAAGCTACAGTACGGAAGTGTGACAGCTCCGCGAAAAATTATCGATGCTGACATTATGAGTGGTGAATC
AAATGCCGCTGCTGAAGCCAACGCAACTTCTTCATCAAAAAGCTCGACTCCGCTGCCCACCTCCGCGAGCCATGATGTAAATCCCAGTAGCATGC
GGAAGTCGCGACACATTTTGCTTCTGATTGAAACACTGTATCGCTATCTGCTGAAGTTGGAGGATTTGGAAAGCCCAGAAGTGATGGCCACCATT
GAGCTGAAAAAGAAAAAGGAAGCCGAACGGATCGCAGCCCTTGAGCAGCTGGAAATGGCCAATAAAACGCCCGAAGAACGTGCTGCTGAAGCCGC
CAATCCGCAAACCATGAATCCGCAACTAAAGAACAAGTTCAACTATGAGGTAGAGACGAAAGCTGCGTTGGTCAATAAATTAAAGGCAGGTCTGG
CCTTCGACAAGGTTATCGCCATGATGAATGTGCGCAAGGGAAAGATACTTATTAGACGCATAATGCCCTTTATTGCGGATCAAAGCATTCGCTGG
GTCGTGTGGAGCGGCGTCTTCTGTTCCCTACAAACAGTGGTGAAAAAGGACAAGGACGACGTTGAAGGCGTCTTGTACGCTCTTTACCCAGAGTT
TAAAAAACACGTTAACAAAGCTACTTTCGAACTCCTAGTGAGCATTTCATCTGCTATTACGCTGAATGACAAGAAACTTGCTGGAATTTTTTGCA
GTCGCTTTGGAATCCTTTCGCTGGTTGCCCTGATACTTCGCGCCGAGGAAATCTACGTCTCGCGAACTGACGCAACTCTTAGCGAGGAGAACAGG
CAAAAGTGGCGAGAATTTCTGGCACAGGTTGCATCCTGCCTCAATCGCACTATTCAAAACCAGACCATCTCGGCAGCCATTGAGTCGGATGCAAT

TCAGCCACTTATGGACCACTTTGAACGGTTTAAAGATCTTAAACTGGATGCACTCTTAGCATTAATAACTGAAGCCAGGCATCAAATTGATTAGG
TTGCTTTGACGGATTTTCATTTAACTTGATTGAAGCGTTTCAAATAATTGTGAAATTATATAGCCGAGTTCACTTTGCTTTACTCAATTACGCAT
ATGTTTGTATAGAATATGTATCCAAAACTTACATATGTACGATCGTTTTTACATTTACGCATACTACACAAAAATATTGATACAGGGTATAAAAA
TCTCATACTGAAATTGAGAAAGTACTCGACTGTCAATAAATTTTGATAATAGTTTGTTAGAAACGTTCTTTTATCCAAAATTGTGTGCACTGTAC
AAGAAAGGTAGAGAGAGGAAATCATGTTTTATAAATATAATATCGAATGGTAGGTTTTGCTCATTGTACATACTTATATCATTTTATATTCGATA
AGGAGTACTTTTCCGGCATTTTCTGTAGAGATTTATAAAGAATAATTCACCCCACAAATTATTCTTTTTTTTTTTTTGTCATCGAATTAACAACT
GGGCTCTCCTATATCTTGTAATCACGATTGTAAAAGGAATATCATAAATACGTTTTAAAATTTAAAA
(SEQ ID NO: 572)

Start ATG: 38 (Reverse strand: CAT)

MDDSFFGFDTNLPDEDGGDGRIVEAEYDALNDETFGSAINGDWEEAHETMVRLGGNGERVRKRPAESSGNTDFADQGNGAFLRHANPLSSAPSSS
GSTPAPLNAPFRQSRHIGDSDLELNISSMKLDDMDLSSFTTDSEAGGLSNRIKLDSGVWGSQPFPNNQHLFREPMRSAFKPQQQQHQQHQPQQMK
PPQEANANFALNPQPFPKITTLEDIERNMIIQQAIPKQQQQSQQQAERKMFDDFSLGNRQQVPTPTMLQQQMLQQQHHQKQQSQQQPPQQAQHKV
PPGFLGTPHTSPPRPNLGFPGPELLPTPSSQQQLNGIGGNRVPPGFIYPQGLPGNIPQLPQHPLMQQHMPHNFPLPGGNQRPLPNPQALPTALNN
FAMHPSFNAMRAAGIHPGAFMQPPHPHQMLPPRMPPHPLQAATSLLGQQPPNSMYNMFNMRLVQEIQQNHPLLQQAAVVRQMQQSRAGSVASDRQ
RSQAQQQQQGRRPDGTGNYPLEEYDEYANLMSTRDKHWLIGIQLSQLNTDTPYIDDYYYTVFRERKAQQNGQMRNSQAHKDNQLNHPLTQPRGHA
QLILVQLGNKNGTRNGHGRERRNSENTNSTSGNTNNGSGGNNNNLTGYIFSPLKFENSLGKLQYGSVTAPRKIIDADIMSGESNAAAEEANATSSS
KSSTPLPTSASHDVNPSSMRKSRHILLLIETLYRYLLKLEDLESPEVMATIELKKKKEAERIAALEQLEMANKTPEERAAEAANPQTMNPQLKNK
FNYEVETKAALVNKLKAGLAFDKVIAMMNVRKGKILIRRIMPFIADQSIRWVVWSGVFCSLQTVVKKDKDDVEGVLYALYPEFKKHVNKATFELL
VSISSAITLNDKKLAGIFCSRFGILSLVALILRAEEIYVSRTDATLSEENRQKWREFLAQVASCLNRTIQNQTISAAIESDAIQPLMDHFERFKD
LKLDALLALITEARHQID*
(SEQ ID NO: 573)

Name: BCDNA.LD27979
Classification: hypothetical
Gene Symbol: BcDNA:LD27979
FlyBase ID: FBgn0028470

Celera Sequence No. : 142000013384285
CTGAAAATTTCCGACCTTATTGCACAGCTTAAGTGCAAGGTTAATCCGGGCAGAGCCAGATCCCACAAGACCAACAAATCACCGTTTTTATAGTG
CGCGGATTTTAGTTTTTTCAAAGCAAAACGAAAGTTATCACCGATAGAACACACACACACACTTTTATACGTGTACACTACTGCGTATGCATATA
TAATATATATATATATATATATAGATATATAGATATTGAAGTATTTTGTTAGCCCTGGAAATCGAAACCCAAACGTTGCCTAGAATGGATCAACC
ATCCATGATACAATTGTATAACTAACTCAAGTCTCACAGCGCGTTATTTTATACCGATTAAATTGTAAACCGTAGACCTTAGGCGTACGCTCATG
TTATATCAGTCAGAGTTCTATATCAACAATTGTATAAAGATGATTGAATTGATGACAGTGACTTTTTTTAAATCACGCATATTTTTATAAAAATA
AGAGTAATAACAATGCATGCAACACATGTATTCACATGAATATATGGGGAGATTGCATAGCATGGGCTTGTACAGTGTACATAAAATAAGCCGTC
GCCGATTATATAGGACCCAAGAATATCATATTTTATATAGAAGCAAGCGCAAGCAAATAACCCAGGCAGCATGCCCTCAACTTTCAGTCGTAAAC
GGAGCGATTGGAAGTCGCTCCTAGTCTGTAAGATCCACGATTAACTAGCCGCTCTCTCCTTCGGTTAACTTCGTTCCGGTGTCACACATCTCTGC
AAGGAGGGCATTATTGGTGTAAGGCAAACTTTTGAAGAAGGCAACCTTAATGATAAAATATGTATTTAGATATCCCTAAGGTACCAGCTAATGTC
AAGATACTTTAATAAAACCGAATTCAAAATTGCAAGTATTGAAATATCGCCGACTAACTTTTATATGTGTTGGTTTTCTTTGGGTTTATATGTGC
TCTACAGTCAAAACTCATTTTCATTTCTGTTTTTTTTTTTTTTAGATTGGTTTATATTCTGGATATTAATACACTTTTAAGACATATAGACTAAA
TTCTTACTGCTATGTTTACACTGCGTTTGGTGGCTATATATTTATGCTAGGTTTCGAATAAACATTTCAAACACGCACACCAAATTTCCAACTCT
TATGAATATTTTGAAATCCATGCGCTGTTACATTTTGATGTGGGTGCGAGTGTATAAATGTTAAAAAATAGTTGCCATAACCGATAGAAATATAA
AATGGTAAGGAGATAACACAAAAAAGTAGAAAAAGAATCATGTACAATACAAATTAGGGGCGAGTGCTTATATACAGAGTGTTTGTGTCTAGTTT
TTAACTAAAACTAACGTATTTTTCCGTTTGCATTTGCATAGTTTTGAATATGTTACGCTTAGAACTAGATTTAAAGTTGAGGCGCTGCTTCTCTT
TGAATACAAAGAAATCCTGCTTTCTAAAGGATTTTCAACTTTCCGCTTATCTCTTTAGTTTGTCTAAAAAGGCCTCAATAACAACTTAATATAAT
AAAATACTAACATTTACAGCGTTTCGTTTTGAAAAAGAGAGATAATAAATAAACTAAGAGTTTTTCAAAAATATCAAAACGGGATTGGGCATAAG
GGGTTGGTGGTAAAGCAACGAGGGTCAGATCTCTAAAGCCTCGAATTGAGTAAACTAGTGGATCCGGTTTCATTTCTTGAAAACTTCGTGATACC
GGGAATTGAAGTGTTCTCATATTCTAAATAAATAACAAGTAAACGGTTTACCGTTTCCGATTCCAGTACCTTTCCGGGGAATGAAATTGGTAACA
TGGCCCTCGGCTACGATTTCGCAGCTTCTCTGTTTACAAGTTGGCTTGAATTGCATTTAAAATAAATACTACACTACTAGCAGGGGCTAAGATTA
CGTTTACACTGCTGCTAACTGTCCTGGAGGCGGACTCTCCTCAGATCTTTCTATTTGGGTCTGCTGCTTATTTTCCTCACTTGGTCGCCGCTTCT
TTAGTGGGGGAATTTCCGTTTCAATAGCGGGCGTTGGCTGCTGTTCTATAATGCAGGCGGTTCTTTTCTGGCCGGGACTGCTGTTGGGCAGCGGT
TCGTTGGATCCATTCACTATATCGGTGACTATGTGAGCCTCCAGTGAAGGCGGTAGCAATGGTGACAATGGAACGGCGTTCAGATCACATGCATC
CTCATCATCATCCTTATAATTGTGCCCCACATTGCCAAAGAGATCACTGTGTCTATTGTGTGATCTTTCCTCTTCTTCGTCATCATCATCGCTGT
AATCGTTGTCCCAGAATACCTGGGCTCCTGGAAACACATACGAATAGTTGTTGGTGTGCGAATAGAATGTTCCAGGCTGCAGACGCTCGGCTGCT
GTCTGTCGCTTTCCCCTCTGTTGTGGAATGGGCGTCAGGCTGGGCGCCACTGTCTTGGTCTCCTGAACAAGATTGCTGGGTCGCACGTAGCTAGG
CGTGGCTTCGTTGTCGCACTGCTCGATGCCGCTATCCTTGGAGGAATCAATGGAAAGATGGCGATAGCTCTCCACCGTTGTCTGAGGGCCTTCCA
GGCCCAGACGATCGCAACTTAGGGCTGTGGTCTCGTTCAGCTCAACCAGTATGTCTGTTTTAATACGTTCGATGGCTGCCGCTTCGGCGGCAGTG
GAACGCTTTCCACAGCTAAAAGTAGATGACTCAAATCCACTATCCGAGCAGGTGCCAGCTGATCCTAGTATGTAGTCCGCCGAACTATTTGATTT
AATAGACTGCGTATCCGTGTCCAGTTGCGACTGTCGCTCGCTCTCTGAACTGCAGTGGCGGTGGTGAAGTAGATGATGATGGAGGTGGTGATTAG
AGTGCTCCGGAGGCATTAGCTCCTTGCTTTCGGTAAGCACTGACTCATCGCAGCACAGCTGCCGCCAGCAATCATCGTTGTCCGACAACCGGTGG
CAAATCTGGTTGATGATCACATCGGAGTCGCCCAGCAGCTCCACATCGAACTTAAGGTGATGCAGCTGCTCGCGATTGATAAGAATCTGCGGCAC
CGTGGCCGGTATGCTGCTGGGAATGTGGGCCACAGGTCGGACCTTCAGCGAGGAGCCGATCACGATCAGTAGATCGCACACGTCCTTGTCGGTGG
CCATGACCGTGTGGTACTCATCCGGCAGTCCTGTTGGCAATATGAAAAGCAAACACAATATGATATATGGTAAATAGCGTTACTTTGTATTTTCA
ATAGTTTATCTCTTAAATAAACACTTCTTTTGATCGTCGAATTTGAAATTCTTGCATTTATTTTACCAAGGCTATTGATAATATATAATAAATCT
GTATAAAAATGGCACCTACCCTCGCCGAAAAAGACGATATCCGGCTTCATGATGCCGTTCTCGACCAGTTGGCGCAGCTCCTCCTCAGTAACGGC
CACCGAGGCATCCACGCTCTGCTCCTTATTGGGCTGGCACTGCGGGCACACCGGAATTCGCTGGGCAAATATGTCCGCCCGCAGGGCGTCAGCGT
TGCACTTGAAACGACACTTGGTGCACGAGGCCGTTGAAAAGGAGCCGTGACACTCGATTACTCGCTGAATGCCTGCCACCCGCTCGAGGGTGTCG
ATGTTCTGTGTGTAGTTGCGCAACAGTTTGCCCTTGGTCTCCAGCATTTTGATGAAACGATGGCAGGGTGAGGGCTGAAACTCGCCGGGATATAT
CTCGCGGGCAAACTTGTAGAACGGTCGTGGATCCCTCTTGAAGTAGTTGATATCAAACATGGCCTGCGGATCGGGCAGATCGGGAAAATCATGGG

CCAATCGCGCATATATGCCATTGGTGGACCGGAAGTCCGGAATGCCGCAGGAGACGGATACTCCGGCTCCCGTTAGCACAATGATCTTCTGTGAT
TTCTTGACCAAACTGATGACATCGTCGAAGGTGTTCACTGAGGCCAGCTTGTTGCGCCGCTTCGGCTCGTTCAACAGGTGGGCCAAATAGTCCCA
CAGCACGGAGTCGTCGGTGTCGCCCGCCAGGCCGGTGGCGAAATGCGGCATAATGCTGGCAATAACCTGGCGCGGCACACGACCTGTGTAAAATT
CTCGTTGCAACCAGCGCAGCTTCCAGTCGGGTTCCACGGATGAGGAGCAATTTGAGCTGGAGTCCTCATCCTCGTTGCTCGTTCCGGTGATTCCC
TCCTCGTCGTCCTCCTCCTCCTCCTCATCGTCCTCTTCCTCCTCCTCCTCGTCATCTTCATCCTCGCCCATTGACTTTGTGGGATTTTTGGTTTT
ATGCTCCAAATTGGCGCCAATCTCTTGTTCTTCCCTGGCAGCCAATGTTTTTGTTTTGATTTCACCATTTGCTTTGCCAGCAAGTTCGCTTGTTG
CTGGTTCTGTGGTTGTTGCTGTTGCTTCTGCCTCTGCCTCTGCCTCTGTTGACGTTGAGGCCAGAATTTCCGCGCCAAAATCAAACTTAGTTGGC
GGATAGAATTGCGTAGTGTCTGGCACCTGGTTGCCCAGATCTTTAGACCTAATGTGGCCCAGGCGAATTTCCTCGTAATTTTCCATCATTTTTTC
CGAACCCAAGCGCGCGCACACGCGCACACACACAGACTCACGGAGAGAAAACTCTCGTAGTTGGTGCTGTTGCTGGCTCTTCTTCTTCTTGCGCG
AGTGTTTCCTCGGTCTCTCCGCTTTGCGCTCTCGCCTCGTCCGTTTTCTCCGCTCTTTCGTTGGTACACACAAAAATTTTTACGTCGTCAGCTTC
GCACCCATTTGGCTTGATTGAAAAAATTCTCCAGCGATCGTTTGGCCGCGATTTTTTCAACCAACCCGACTTTATTTCACGTATATGCACGAAAC
TTAAATTTTAAAAAAATTTCGACACCATTTGGTTGCGATTTTTTCGTAATTTTCGAGCGTAGTTTCTGGAAAATTTTCCGATGAAAAAAGCAAGA
TGGCACACGTAGCTGCGCCTGTGTGTGTATGTGGGCTGGCAGACGTGATTCGGGTGGGACCCTGACACGTCGTGTGGAAAGTGCTAACGCGTTTC
TGCATGGAAAGTGCCGCCAGCATGACTCATCACGGTATGTTTTTAGTATTTTTTGGGATTTTTGAGGGTGATTACGTGTTGCTACAGTGGCCACT
GCCTTATGTCATATCTAATTTAATCCATTTCTTTAAAAACTGTTTAAAATATATCAATAATTTGTCAAAAAGTTAGTAAAATTAATTTTAAATTA
TGCTTCGAACTTTAATTTTAGCACTCTTTTACTTATCAAATTTACTCGATATTTAAACAATTAAGTAAAAATAATTTTTTTGTCCAATATTTACA
CATTTCATAGTAGTATTATAAATTGATGTATTGATAATATGCAGTTCATATGTCCAAAAACTTCCATCAAGCTGTTAAATACAAAAATGTGTAAA
CAGATTTCCAGAACGTTCCAGCAAGTGTCTACTGTTCCCCAAAAAAGCTGCGATTTTAAGTATTTATTTGGTACTTTCCCCAAAATTATAGGTTT
TTGGTAGAACTTGGGCATACTTGTTAGCCAATATGACTTGAAAATATTGTCATAAATACATTGTTAAATAATTTAATAAGTCGTACACTTACAAT
GTACAAAATATTTTAGTTTGTAGGGGGACTGGGGATGCAATAGGAAATGGACAACCTAAATTTATACGACGTTCTTAAAGTGGCTCCGGATGCAA
CTGATGAGGAAATAAAAAAGGTATGTAACAGTTCCAATTCGATATGTTGGTAAATAGTTTGTATTCACCTTTTCACCAATAGAACTACCGAAAAT
TGGCAAAAGAGTTCCATCCAGACAAGAATCCCGATGCGGGCGACAAGTTTAAAGAAATATCCTTCGCCTACGAAGTGCTGTCCGATCCCGAGAAG
CGGCGCATCTACGACCGATATGGATTGAAGGGCCTGCAAGAGGGCGCCGAGGGATTCTCTGATGCCTCCGAATTCTTCGCCCAGTGGTTCCCCTT
CGATCGAG
(SEQ ID NO: 574)

Exon: 4993..3345
Exon: 3165..1001
Start ATG: 4554 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT16687
CCGAATCACGTCTGCCAGCCCACATACACACACAGGCGCAGCTACGTGTGCCATCTTGCTTTTTTCATCGGAAAATTTTCCAGAAACTACGCTCG
AAAATTACGAAAAAATCGCAACCAAATGGTGTCGAAATTTTTTTAAAATTTAAGTTTCGTGCATATACGTGAAATAAAGTCGGGTTGGTTGAAAA
AATCGCGGCCAAACGATCGCTGGAGAATTTTTTCAATCAAGCCAAATGGGTGCGAAGCTGACGACGTAAAAATTTTTGTGTGTACCAACGAAAGA
GCGGAGAAAACGGACGAGGCGAGAGCGCAAAGCGGAGAGACCGAGGAAACACTCGCGCAAGAAGAAGAAGAGCCAGCAACAGCACCAACTACGAG
AGTTTTCTCTCCGTGAGTCTGTGTGTGTGCGCGTGTGCGCGCGCTTGGGTTCGGAAAAAATGATGGAAAATTACGAGGAAATTCGCCTGGGCCAC
ATTAGGTCTAAAGATCTGGGCAACCAGGTGCCAGACACTACGCAATTCTATCCGCCAACTAAGTTTGATTTTGGCGCGGAAATTCTGGCCTCAAC
GTCAACAGAGGCAGAGGCAGAGGCAGAAGCAACAGCAACAACCACAGAACCAGCAACAAGCGAACTTGCTGGCAAAGCAAATGGTGAAATCAAAA
CAAAAACATTGGCTGCCAGGGAAGAACAAGAGATTGGCGCCAATTTGGAGCATAAAACCAAAAATCCCACAAAGTCAATGGGCGAGGATGAAGAT
GACGAGGAGGAGGAGGAAGAGGACGATGAGGAGGAGGAGGAGGACGACGAGGAGGGAATCACCGGAACGAGCAACGAGGATGAGGACTCCAGCTC
AAATTGCTCCTCATCCGTGGAACCCGACTGGAAGCTGCGCTGGTTGCAACGAGAATTTTACACAGGTCGTGTGCCGCGCCAGGTTATTGCCAGCA
TTATGCCGCATTTCGCCACCGGCCTGGCGGGCGACACCGACGACTCCGTGCTGTGGGACTATTTGGCCCACCTGTTGAACGAGCCGAAGCGGCGC
AACAAGCTGGCCTCAGTGAACACCTTCGACGATGTCATCAGTTTGGTCAAGAAATCACAGAAGATCATTGTGCTAACGGGAGCCGGAGTATCCGT
CTCCTGCGGCATTCCGGACTTCCGGTCCACCAATGGCATATATGCGCGATTGGCCCATGATTTTCCCGATCTGCCCGATCCGCAGGCCATGTTTG
ATATCAACTACTTCAAGAGGGATCCACGACCGTTCTACAAGTTTGCCCGCGAGATATATCCCGGCGAGTTTCAGCCCTCACCCTGCCATCGTTTC
ATCAAAATGCTGGAGACCAAGGGCAAACTGTTGCGCAACTACACACAGAACATCGACACCCTCGAGCGGGTGGCAGGCATTCAGCGAGTAATCGA
GTGTCACGGCTCCTTTTCAACGGCCTCGTGCACCAAGTGTCGTTTCAAGTGCAACGCTGACGCCCTGCGGGCGGACATATTTGCCCAGCGAATTC
CGGTGTGCCCGCAGTGCCAGCCCAATAAGGAGCAGAGCGTGGATGCCTCGGTGGCCGTTACTGAGGAGGAGCTGCGCCAACTGGTCGAGAACGGC
ATCATGAAGCCGGATATCGTCTTTTTCGGCGAGGGACTGCCGGATGAGTACCACACGGTCATGGCCACCGACAAGGACGTGTGCGATCTACTGAT
CGTGATCGGCTCCTCGCTGAAGGTCCGACCTGTGGCCCACATTCCCAGCAGCATACCGGCCACGGTGCCGCAGATTCTTATCAATCGCGAGCAGC
TGCATCACCTTAAGTTCGATGTGGAGCTGCTGGGCGACTCCGATGTGATCATCAACCAGATTTGCCACCGGTTGTCGGACAACGATGATTGCTGG
CGGCAGCTGTGCTGCGATGAGTCAGTGCTTACCGAAAGCAAGGAGCTAATGCCTCCGGAGCACTCTAATCACCACCTCCATCATCATCTACTTCA
CCACCGCCACTGCAGTTCAGAGAGCGAGCGACAGTCGCAACTGGACACGGATACGCAGTCTATTAAATCAAATAGTTCGGCGGACTACATACTAG
GATCAGCTGGCACCTGCTCGGATAGTGGATTTGAGTCATCTACTTTTAGCTGTGGAAAGCGTTCCACTGCCGCCGAAGCGGCAGCCATCGAACGT
ATTAAAACAGACATACTGGTTGAGCTGAACGAGACCACAGCCCTAAGTTGCGATCGTCTGGGCCTGGAAGGCCCTCAGACAACGGTGGAGAGCTA
TCGCCATCTTTCCATTGATTCCTCCAAGGATAGCGGCATCGAGCAGTGCGACAACGAAGCCACGCCTAGCTACGTGCGACCCAGCAATCTTGTTC
AGGAGACCAAGACAGTGGCGCCCAGCCTGACGCCCATTCCACAACAGAGGGGAAAGCGACAGACAGCAGCCGAGCGTCTGCAGCCTGGAACATTC
TATTCGCACACCAACAACTATTCGTATGTGTTTCCAGGAGCCCAGGTATTCTGGGACAACGATTACAGCGATGATGATGACGAAGAAGAGGAAAG
ATCACACAATAGACACAGTGATCTCTTTGGCAATGTGGGGCACAATTATAAGGATGATGATGAGGATGCATGTGATCTGAACGCCGTTCCATTGT
CACCATTGCTACCGCCTTCACTGGAGGCTCACATAGTCACCGATATAGTGAATGGATCCAACGAACCGCTGCCCAACAGCAGTCCCGGCCAGAAA
AGAACCGCCTGCATTATAGAACAGCAGCCAACGCCCGCTATTGAAACGGAAATTCCCCCACTAAAGAAGCGGCGACCAAGTGAGGAAAATAAGCA
GCAGACCCAAATAGAAAGATCTGAGGAGAGTCCGCCTCCAGGACAGTTAGCAGCAGTGTAAACGTAATCTTAGCCCCTGCTAGTAGTGTAGTATT
TATTTTAAATGCAATTCAAGCCAACTTGTAAACAGAGAAGCTGCGAAATCGTAGCCGAGGGCCATGTTACCAATTTCATTCCCCGGAAAGGTACT
GGAATCGGAAACGGTAAACCGTTTACTTGTTATTTATTTAGAATATGAGAACACTTCAATTCCCGGTATCACGAAGTTTTCAAGAAATGAAACCG
GATCCACTAGTTTACTCAATTCGAGGCTTTAGAGATCTGACCCTCGTTGCTTTACCACCAACCCCTTATGCCCAATCCCGTTTTGATATTTTTGA
AAAACTCTTAGTTTATTTATTATCTCTCTTTTTCAAAACGAAACGCTGTAAATGTTAGTATTTTATTATATTAAGTTGTTATTGAGGCCTTTTTA
GACAAACTAAAGAGATAAGCGGAAAGTTGAAAATCCTTTAGAAAGCAGGATTTCTTTGTATTCAAAGAGAAGCAGCGCCTCAACTTTAAATCTAG
TTCTAAGCGTAACATATTCAAAACTATGCAAATGCAAACGGAAAAATACGTTAGTTTTAGTTAAAAACTAGACACAAACACTCTGTATATAAGCA
CTCGCCCCTAATTTGTATTGTACATGATTCTTTTTCTACTTTTTTGTGTTATCTCCTTACCATTTTATATTTCTATCGGTTATGGCAACTATTTT
TTAACATTTATACACTCGCACCCACATCAAAATGTAACAGCGCATGGATTTCAAAATATTCATAAGAGTTGGAAATTTGGTGTGCGTGTTTGAAA

TGTTTATTCGAAACCTAGCATAAATATATAGCCACCAAACGCAGTGTAAACATAGCAGTAAGAATTTAGTCTATATGTCTTAAAAGTGTATTAAT
ATCCAGAATATAAA
(SEQ ID NO: 575)

Start ATG: 440 (Reverse strand: CAT)

MMENYEEIRLGHIRSKDLGNQVPDTTQFYPPTKFDFGAEILASTSTEAEAEAEATATTTEPATSELAGKANGEIKTKTLAAREEQEIGANLEHKT
KNPTKSMGEDEDDEEEEEEDDEEEEEDDEEGITGTSNEDEDSSSNCSSSVEPDWKLRWLQREFYTGRVPRQVIASIMPHFATGLAGDTDDSVLWD
YLAHLLNEPKRRNKLASVNTFDDVISLVKKSQKIIVLTGAGVSVSCGIPDFRSTNGIYARLAHDFPDLPDPQAMFDINYFKRDPRPFYKFAREIY
PGEFQPSPCHRFIKMLETKGKLLRNYTQNIDTLERVAGIQRVIECHGSFSTASCTKCRFKCNADALRADIFAQRIPVCPQCQPNKEQSVDASVAV
TEEELRQLVENGIMKPDIVFFGEGLPDEYHTVMATDKDVCDLLIVIGSSLKVRPVAHIPSSIPATVPQILINREQLHHLKFDVELLGDSDVIINQ
ICHRLSDNDDCWRQLCCDESVLTESKELMPPEHSNHHLHHHLLHHRHCSSESERQSQLDTDTQSIKSNSSADYILGSAGTCSDSGFESSTFSCGK
RSTAAEAAAIERIKTDILVELNETTALSCDRLGLEGPQTTVESYRHLSIDSSKDSGIEQCDNEATPSYVRPSNLVQETKTVAPSLTPIPQQRGKR
QTAAERLQPGTFYSHTNNYSYVFPGAQVFWDNDYSDDDDEEEERSHNRHSDLFGNVGHNYKDDDEDACDLNAVPLSPLLPPSLEAHIVTDIVNGS
NEPLPNSSPGQKRTACIIEQQPTPAIETEIPPLKKRRPSEENKQQTQIERSEESPPPGQLAAV*
(SEQ ID NO: 576)

Name: silent information regulator 2
Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: Sir2
FlyBase ID: FBgn0024291

Celera Sequence No. : 142000013384004
AACGTATTGAACAATTATAATTAAATTATTTTTTTAATAAAGATAAGCTTAATTCATTCACGTAACTGGAAATCTTAATTGGAGATAATCTAGCA
CTGATAATATTCTTCGCTTTATAAATAAGTTCTAATTGAAATTAATTCAAATATATATTTATATATATGATATATAATTTTTAAGGAATTACAAG
AAGTCGTTCCACTTAGAGCAAATTTTCTTAGTAACTGTTGGCATATTTTCAGCGGAACGTTTAGAGGATCGTGGCCCTGTGTTCCTGGTTTTCTT
AAAGTTCATAGAGATTTCGTCGGAAAGTTCATCGGTTTTCGTAGGTTTTGCTGCAGGCTTTTGAGTAGTTTCAATGGTATTATCCACATAGTTTG
CCCATTTATTTGTTTTCTTCTGAGGTGTGGTGTTTTCCTCTTTTTCTTGGCAGTCTTTCTCCTCTTCGAGCTGTTGCTTTGCCGTGAGGAATAAG
CCCGTGTTCAGACATTCCTCCTGCATTCCGCGCTCTAAGTTGAGATGCTGCACCTTAACCCGGCATTCCGCTGCCGATCCTCGAAAGAATTCCTT
GAGCAAACTTTGCTTTTGGCGGCAAATTTTACACTGCCATGTGCTTGCCTTTTTCACGAAGTCCACCTTGTTTAAATTAGGTATATATATATAAG
TAGTTATTGAGTTCTAAGATATATTTCAGTTTGTTTGCACTCACCTGGTACATTTTGCATTGAATGCATTGTACCACGCGAATTTGCTGGGACAT
TATTCAAATTTGCGAAAAACCAAATAAAGAGACCAGGGATGGAAACCAACAGCACTGCAACAAGTGGAGTGAAAAAAATGTGGTTGCACAAATGT
TAAAGCGTGATGACTACAGTTTAACAAGTAGTAAAACATTTACCAAAATTTGTAATTAACTAATTTTGGTACCTATGGTTAATGATTTAGCCGGG
TGCTGATTCCGGTTCATAAGTGAACCAAATCGTTCCCCATCCCTGGTCCAAATATAAACAAACTTGCATCGTCTAATCGGCACTGTCGGTTTAAT
AAAATGCGATTGGTAAGTCATCCTGAGAAGTAAATAACAACTTAATTAGCGGAAGTGACTATCCACTTTGCAGTATTGTCTCAGCGGGGACCTGG
CCAAGCCATGTTATATCATTACCTTCAAGGGCCTGCGGATTATGCTGGACTGCGGTCTCACGGAGCAGACAGTCCTGAATTTCCTTCCGCTGCCC
TTCGTTCAGTCACTGAAGTGGTCCAATCTGCCCAACTTCGTGCCCAGTCGGGATCATGATCCCCAAATGGATGGCGAGTTGAAGGACTGCTGTGG
CCGGGTTTTCGTGGACTCGACGCCCGAGTTTAATCTACCCATGGACAAAATGCTGGATTTCAGCGAAGTGGATGTGATACTTATCTCGAATTATC
TTAATATGCTGGCCTTGCCGTATATCACGGAAAACACGGGGTTCAAGGGCAAAGTCTATGCCACGGAGCCAACGCTGCAGATCGGCCGATTTTTC
CTGGAGGAGCTGGTGGACTATATCGAAGTGTCGCCCAAGGCGTGCACCGCGCGCTTGTGGAAGGAGAAGCTTCATCTGCTGCCCAGTCCCTTGAG
CGAAGCCTTTCGCGCCAAGAAGTGGCGCACTATCTTTAGTCTTAAGGATGTCCAAGGCAGTCTGTCCAAGGTGACCATCATGGGCTACGACGAGA
AGCTGGACATCCTCGGAGCTTTTATCGCCACTCCTGTCAGCTCGGGCTACTGCCTGGGCTCGAGCAACTGGGTACTGAGCACGGCGCATGAAAAG
ATTTGCTATGTCAGTGGTTCCTCCACGTTGACCACACATCCGCGGCCCATCAATCAGTCGGCGCTGAAGCACGCCGATGTACTCATTATGACCGG
ACTGACGCAGGCGCCGACGGTAAATCCGGACACGAAGCTGGGCGAGCTCTGCATGAATGTGGCCTTGACGATCCGCAACAATGGGTCTGCCTTGA
TTCCCTGTTATCCTTCGGGCGTTGTCTATGACCTCTTTGAGTGCCTCACCCAGAATTTGGAAAACGCTGGCCTAAACAATGTTCCCATGTTCTTT
ATTTCCCCTGTGGCAGACAGCTCCTTGGCGTATTCTAATATCCTGGCCGAGTGGCTTAGTTCCGCCAAGCAGAACAAAGTGTATCTTCCAGACGA
TCCTTTCCCACATGCCTTTTACCTTCGCAACAACAAGCTGAAGCACTATAACCATGTGTTCTCCGAGGGCTTTAGCAAGGACTTCCGGCAGGTTT
GTCTAACATAATTGTGAAAACTTCATACTACAAATTCTCTGTCTTCCTTACAGCCCTGCGTGGTCTTTTGTGGCCATCCTAGCTTGCGTTTCGGC
GACGCTGTTCACTTTATCGAGATGTGGGGCAATAACCCTAACAACTCCATCATATTCACGGAGCCGGACTTTCCGTATCTGCAAGTACTGGCGCC
CTTCCAACCACTGGCCATGAAGGCTTTTTACTGTCCCATCGACACCTCTTTGAATTATCAGCAGGCAAATAAGCTGATCAAGGAGTTGAAACCAA
ATGTGCTTGTCATCCCAGAGGCATACACAAAACCACATCCCTCGGCCCCAAATTTGTTCATTGAACAGCCGGATAAGAAGATAATAACGTTCAAG
TGCGGCGAGATCATACGTCTGCCATTAAAACGGAAGCTGGATCGAATTTACATTACCTCGGAACTGGCCCAAAAGATATCGCCAAAGGAGGTGGC
GGCCGGCGTGACCTTCTCCACATTGACAGGAGTTTTGCAAGTTAAGGACAAGGTCCACTGCATCCAGCCATGTGCGGATAGCGTTAAAGACGAGA
CCATCTCGAGCAACAGCGCTCCGACAAAGGAGGATGTGCTGAAGAACGTCAAATACGAGTATGGCAGCATTGATGTAGATGCAGTGATGAAGAAG
CTGGCACAGGATGGCTTCTCCAACATCAAGCTAGACCGCACTGGCGGCGCTCTGACTCTGAACCTTGTCAATGAGGACACAGTCATTAAGTTCGA
GGACAACGAGACGCATATTATCTGCGGCGGAAAGCCAACAACCCGGCTCAAGCTGCGAGACACCATCATGAAATGCTTACAGAGTTTTTAAAAAC
ATAAATGTATTCCTTACACCTAAATAACAACACATCATTACGCTTAGTTCTTTGCCTCCATAACGTCAGAGCAACGTTGACACGTTTTCTGCTCA
TCCTCCAGACCATAGCGACGACAACGTGGGCACAGTGATATCTGAAGTTTACTTAAAGCAATATCCAAGTCGCTATTATGGGACTGTAAGAGCGT
AACTGACCCCACTTGCAATATCTCGCATAATTCAGAATTGCTCACAGACTCTCCAAGAGGGCTGTGAAGTTCTCGCAGCAAATCCAGCTGGCTTC
TTTCCTTTCCTTTGATGGTCACGGCCAAGTGCCAGGTGTTAACATCTCCAGCCTGTTGGTTAATAAGTCGTTTAACATCGAACGCTGCATTAATC
ACTTCAGTGGCTTTGGTGTCCTGCCATTCAGGATTAGTCTGAACAATTTGCTCGTGGAATGCACCACCTGTGGTGTCATAGTAGCTCCAGCTTTC
CTCCACCAGGAAGGGAACAATGGGCCATAAGCTCTTGCAGAGTTGTTGATAGCAGTGGGTAAGAGTTTGACGAATGGCCAGTAGCTCGTGATCAT
CACCACAATAAAGACGATCCTTGATGAGATGCACATAGACGGCGGACACCTGATTTGCAATGAAGTTTTGGACACAGGCGACAACACGATTGTAC
TCATAAGCTTGGTATAGCTTCTCCACCTTAAAAGCGATTGACATGATTAGTTGAAAAACTAAGATTAACAAAATTTCCTACCTCAGATTCAAATT
CAACCAGCTGGCTTAACAAATAACGATTAAGATAGCTCTTATCCGAAGTTCGTATAAGCTTCTCCCCCGATTGTTTCTCTCCAATTACGCCTTTT
AAATATCGCATAGTTCCGCGGATCTTGCATAGATTTTCTGCCGCTTGCTGCAGTAGCTTATCGCTCACTGTAATGGACATGTGCTGCGTTCCATG
GGAGGCAACCCACCAACGCAGTGCATCCGTACCATATTTCTTGGTT
(SEQ ID NO: 577)

Exon: 1001..1057

Exon: 1182..2276
Exon: 2334..3131
Start ATG: 1182

Transcript No. : CT16697
AATATAAACAAACTTGCATCGTCTAATCGGCACTGTCGGTTTAATAAAATGCGATTGATGCTGGACTGCGGTCTCACGGAGCAGACAGTCCTGAA
TTTCCTTCCGCTGCCCTTCGTTCAGTCACTGAAGTGGTCCAATCTGCCCAACTTCGTGCCCAGTCGGGATCATGATCCCCAAATGGATGGCGAGT
TGAAGGACTGCTGTGGCCGGGTTTTCGTGGACTCGACGCCCGAGTTTAATCTACCCATGGACAAAATGCTGGATTTCAGCGAAGTGGATGTGATA
CTTATCTCGAATTATCTTAATATGCTGGCCTTGCCGTATATCACGGAAAACACGGGGTTCAAGGGCAAAGTCTATGCCACGGAGCCAACGCTGCA
GATCGGCCGATTTTTCCTGGAGGAGCTGGTGGACTATATCGAAGTGTCGCCCAAGGCGTGCACCGCGCGCTTGTGGAAGGAGAAGCTTCATCTGC
TGCCCAGTCCCTTGAGCGAAGCCTTTCGCGCCAAGAAGTGGCGCACTATCTTTAGTCTTAAGGATGTCCAAGGCAGTCTGTCCAAGGTGACCATC
ATGGGCTACGACGAGAAGCTGGACATCCTCGGAGCTTTTATCGCCACTCCTGTCAGCTCGGGCTACTGCCTGGGCTCGAGCAACTGGGTACTGAG
CACGGCGCATGAAAAGATTTGCTATGTCAGTGGTTCCTCCACGTTGACCACACATCCGCGGCCCATCAATCAGTCGGCGCTGAAGCACGCCGATG
TACTCATTATGACCGGACTGACGCAGGCGCCGACGGTAAATCCGGACACGAAGCTGGGCGAGCTCTGCATGAATGTGGCCTTGACGATCCGCAAC
AATGGGTCTGCCTTGATTCCCTGTTATCCTTCGGGCGTTGTCTATGACCTCTTTGAGTGCCTCACCCAGAATTTGGAAAACGCTGGCCTAAACAA
TGTTCCCATGTTCTTTATTTCCCCTGTGGCAGACAGCTCCTTGGCGTATTCTAATATCCTGGCCGAGTGGCTTAGTTCCGCCAAGCAGAACAAAG
TGTATCTTCCAGACGATCCTTTCCCACATGCCTTTTACCTTCGCAACAACAAGCTGAAGCACTATAACCATGTGTTCTCCGAGGGCTTTAGCAAG
GACTTCCGGCAGCCCTGCGTGGTCTTTTGTGGCCATCCTAGCTTGCGTTTCGGCGACGCTGTTCACTTTATCGAGATGTGGGGCAATAACCCTAA
CAACTCCATCATATTCACGGAGCCGGACTTTCCGTATCTGCAAGTACTGGCGCCCTTCCAACCACTGGCCATGAAGGCTTTTTACTGTCCCATCG
ACACCTCTTTGAATTATCAGCAGGCAAATAAGCTGATCAAGGAGTTGAAACCAAATGTGCTTGTCATCCCAGAGGCATACACAAAACCACATCCC
TCGGCCCCAAATTTGTTCATTGAACAGCCGGATAAGAAGATAATAACGTTCAAGTGCGGCGAGATCATACGTCTGCCATTAAAACGGAAGCTGGA
TCGAATTTACATTACCTCGGAACTGGCCCAAAAGATATCGCCAAAGGAGGTGGCGGCCGGCGTGACCTTCTCCACATTGACAGGAGTTTTGCAAG
TTAAGGACAAGGTCCACTGCATCCAGCCATGTGCGGATAGCGTTAAAGACGAGACCATCTCGAGCAACAGCGCTCCGACAAAGGAGGATGTGCTG
AAGAACGTCAAATACGAGTATGGCAGCATTGATGTAGATGCAGTGATGAAGAAGCTGGCACAGGATGGCTTCTCCAACATCAAGCTAGACCGCAC
TGGCGGCGCTCTGACTCTGAACCTTGTCAATGAGGACACAGTCATTAAGTTCGAGGACAACGAGACGCATATTATCTGCGGCGGAAAGCCAACAA
CCCGGCTCAAGCTGCGAGACACCATCATGAAATGCTTACAGAGTTTTTAA
(SEQ ID NO: 578)

Start ATG: 58

MLDCGLTEQTVLNFLPLPFVQSLKWSNLPNFVPSRDHDPQMDGELKDCCGRVFVDSTPEFNLPMDKMLDFSEVDVILISNYLNMLALPYITENTG
FKGKVYATEPTLQIGRFFLEELVDYIEVSPKACTARLWKEKLHLLPSPLSEAFRAKKWRTIFSLKDVQGSLSKVTIMGYDEKLDILGAFIATPVS
SGYCLGSSNWVLSTAHEKICYVSGSSTLTTHPRPINQSALKHADVLIMTGLTQAPTVNPDTKLGELCMNVALTIRNNGSALIPCYPSGVVYDLFE
CLTQNLENAGLNNVPMFFISPVADSSLAYSNILAEWLSSAKQNKVYLPDDPFPHAFYLRNNKLKHYNHVFSEGFSKDFRQPCVVFCGHPSLRFGD
AVHFIEMWGNNPNNSIIFTEPDFPYLQVLAPFQPLAMKAFYCPIDTSLNYQQANKLIKELKPNVLVIPEAYTKPHPSAPNLFIEQPDKKIITFKC
GEIIRLPLKRKLDRIYITSELAQKISPKEVAAGVTFSTLTGVLQVKDKVHCIQPCADSVKDETISSNSAPTKEDVLKNVKYEYGSIDVDAVMKKL
AQDGFSNIKLDRTGGALTLNLVNEDTVIKFEDNETHIICGGKPTTRLKLRDTIMKCLQSF*
(SEQ ID NO: 579)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384546
GCAGCGGGCACCAGTGGTTCTGTGACCATATCGCTGCATCCGCTGGTCATAATGAACATCTCCGAGCACTGGACACGCTTTCGTGCACAGCACGG
TGAGCCGCGACAGGTGTACGGAGCACTGATTGGCAAGCAGAAGGGCCGCAACATTGAGATTATGAACTCGTTCGAACTGAAGACGGACGTTATTG
GCGATGAAACAGTGATCAACAAGGACTACTACAACAAGAAGGAACAACAGTACAAGCAGGTGGGTGTCCAAGCCTCTACATACGCTGCTTTACCA
GCTGTTACTCTTTTTTCCCCAGGTGTTCAGTGATCTCGACTTCATAGGCTGGTACACAACCGGCGACAATCCCACTGCCGATGACATTAAGATCC
AAAGACAGATAGCCGCCATCAACGAGTGCCCCATCATGCTACAGCTGAATCCGCTCTCCCGCAGCGTCGACCACCTTCCCCTGAAGCTATTCGAG
TCCCTAATCGATCTGGTGGACGGCGAGGCCACCATGCTGTTCGTGCCCCTCACCTACACACTGGCCACCGAGGAGGCGGAGCGCATTGGTGTGGA
TCATGTGGCGCGCATGACCTCGAACGAGTCCGGCGAGAAGAGCGTGGTGGCGGAGCATTTGGTGGCCCAGGACAGTGCCATTAAGATGCTAAATA
CACGCATCAAGATCGTGCTGCAGTACATACGCGATGTGGAGGCCGGAAAGCTGCGGGCCAACCAAGAGATTCTGCGAGAAGCCTACGCTCTCTGC
CACCGACTGCCCGTCATGCAGGTGCCCGCCTTCCAGGAGGAATTCTACACGCAGTGCAACGATGTGGGACTGATTAGCTACCTGGGCACGCTGAC
CAAGGGCTGCAATGATATGCACCACTTTGTGAACAAGTTTAATATGCTGTACGACCGCCAGGGATCCGCGCGCCGCATGCGAGGTCTCTACTATT
GATATATGCAAACAATCTATTAAAGCTTCGGAGATAAATACACATAATCGTACGATGGGTGAATGCGGTTTTATTTCAGCTGCCGCTGGGCAGGC
TACATACGTATACGGGTGGCATCAAGCGATATCACTTTCTTCCTGAGCTTCCAGCTCCTCTTGCTTCGTAAATTCAATTCAGATGCACAGACAAC
ATTTCCTAGACACTAAATTAGGTAATTTCGCAGCGGAATTAGTGGTTGTAGTCGTCCAGCTTGATGCTGGGGGCATACTGCTGCAAGAACTCCAC
CTCCAGCGGATGCATCTCCTTGGCGGGAATGATGAGCGAGTGCAGCGGTCCGCCCAAATCGGTCGAGCGCATCTCAAGCAGCGTGCCAACGGCAA
TCTGCTGCGACTCCTGGCCAACACGGGCCAGTCCAACGCACAGTGACTGCTCGTTGAGCACTGTGTTCTTCTCCAGCGAGTCCTTCTTCTCCACA
ATGGACAGCAACTGATGAGCCGCCTCCGCCACGGTCATGAAACGCGGTGGCATGTACTCCTTGCGTTTGCGCATCAAGGACTCCGGCGTGGGCTC
CTTCACCTTGATGTCCAGCAGGCACAGCGTGTGCATGTTGTGCAGGCGATTCAGCTTGATCTTGTCGTAGAAGCTGTCCGGCTTCCATGTCTCGT
CCCAGTACGGAATCGAAACGGTCTCGCCGAATTTGTACAATTGCAGGCCGCAGCAGCCGACGGCGTTCATGATCGATGCATTGTGGATGACCTTG
TAGGGGATGTTCTTCTCCTTGGCGCGCAGTATGAAGTCTGTGTGGGTGGTGGCGCCAAAGGGGTCGCCCACCACGAGCAGCGCAACATCGGATTC
GCCCGCACCCGCCAGGATCTCATCCGCACCCTGCTCCACCAGATCGCGGTCGGCTAGCAGCAGTGGTCGTCCATAGAACTCTTGCTGCGAACAAA
GTGGAGATGCAATTAGCATTGGGGGTGCTCCCAGAACGAAGGCCATTCCAGATACCTACCATATCCTCAAGGCTGCAGCCCAGAATCGAGGTGTA
CATCTCCAGATAGACGCGACTGCATTGCTTCACTATCTCCAGACCCTTGACCGTGATGTCCTTCAGGTCGCCAAGGCCGAGGCCGATTAGGTAGA
ACATGCTGGGCGACTGGTGCGACTGCTCGGCCACTGCAACTCCTGCCAAATGTTATTAAAATCGCTTTTTAAATGCAGTCAACACGTGCCGTCGC
GCGTTGTGTGACCGCCGCCAGAGCGCCAAGAAATACTCACATTGCGACAATGGGCTAAAAAAGCCTGTGCAGCAATGGCGCGTATTTTGAATTTG
AAGGCCATTTCATTTAATTGGGAAATAAACACTAAAAACTTTGGTCCACTACTTAAGAAATGATATATTTGGTTTGCTTTTTTGATCTCAGCTGT
ATGATACCTATGTTACTCTTAGACTGTAATAATAAGTAAACTACTTAACATAACTACACTCCAGCAATTATTGGAACTCTGAATTTGTTTGCTCG
GAAATCTTGAAGCTGCAAAGTTGGGGTCTGTGGATGAAAAATATCATTTAATTAACGTACTTACGTACTTACAACAATATTACGCCATTTCAACT
TACGTTGTTGAGGCGCCCCGAACCACGCAATAAGCTATGAATCGTTCAATCTGCAAAGCAATCTTTATCTTTACCGATTCCCTTATTATAAATGC

ATAGGCACTCACCATCATTTCAAAGTCGCCATAGGCGGCGGAGTGATCCATGCGCACCTGCAGGAAGTACTTGTGTATCTCGGCACCCAGATTGT
CCTTCCAATCAGGACACTCCTCGCGTATACGTCTGCAATTGATGATCATGCTGAAAGTGCGGATGAGCATAAACAAATCTGCCTGGCGTCCACTG
TTTGCCAACTGGCGCCAGTTGACCGTTTTGGCCATTTCAAAAGCCTTGAGAGCCTGCATATATATGGGTTTAGATTTTAAAGTGCTGATGGAATC
AGTTTTAGGTTCATACATATTCCTTCTGGTCCAGTTCAACTGGTTCTCCCGTGTACCGTCCCATTATGGTGAGTAGCAGGGCCATAGCTACATCG
TTGCCAAGATGGCAGGATTCTACCATGGCGGGAATCGCGGCCTGCAGGTCCAGCACTCTTTCCAGGCGCTCCATACCCACGCCAGTGATAAGGTT
TTCGTACAACCCACTGGCCATGTAGAACATCTAAAGGGAATAAGATGTAATTGATCGGAAATGTTAGGATAGCAGAAAGGGGAACTACCTCCTCC
GAGTCCAGGGACTCTGCCAGGTGACACACCACATCCACCATCATGTAGCGCTCCTTCATCAGCAGAACGTTGTCCCTTTGGTACGTCATCATCAT
AATGGAGAGGGTAAACAGATCGAGCAGCTGCTGCAAATTGAGTTCCAGCTTCCCGGCTAAGGTAGCCATCATGCGATTCAGCAACTAAGTTAATA
TAAACAAATTAGTAATAGTTATTAGGAAATAAACAGAATAATAACCTGTTTGCCGTCTGTGGTTTCTGCAGCGTAAGGAAACAAATGCTTGATGG
ACGACTTCCGGAGAAAGGACATGATGGATTCGTGGTCATAGCCTAGGCGCATTTCATCCACTTCCACGAGGGAATTATTCAACGATGAATCAGAT
AGATTCATTTTGTATTGGCGGTAAAAAATGCGCAAAGCAAATAAATAGAAATAATAAACTGAAAGAGTGACCAGGCACCAAGGGGTGGGTCAAAT
AGCCTAACGCCTAGTTAAGCGCTGTATCGCATGAACGTAAACGGTCATACCATTATTGTTGCTCCACGTGCGGCGATTTTTATTCATTTACTACT
TTAATAATCAATTTTAGTGAATTGACACTAATTAAAATGCCGCCTGTTAAGAAGCCCAAGGCGCAGAAGATCGAGAAGCAAAGCACGCCCAAAAA
GCCCATCGATGCAGCCAAGAATGTGGTTTCCGGACAGGTGAGCGGCTACCAAAAACAAATGCTCCTCCGTTGGGTTGGATAACCGTAAACTGCGT
CCATTTTAGCTAAAGAAAAAGGTGACCAAGGCCAGGCCGCAGAAGCCAAAGGGTCCAGAACGCGAGGCGTGGTCATTGTGAAGCACCTGCCTCACGG
ATTCTTCGAGCAGCAGCTGCGCCAGTACTTCCGACAGTTCGGTCGGGTGCTGCGCGTCCGTTTGGCCCGTTCGCTGCGCACCGGTAACAGCAAGG
GCTACGCCTTCGTGGAGTTCGAGTACCCGGAGGTGGCCAAGGTGGCTGCCGACACCATGGACAACTACCTGATGTTCCAGAAGGTGGTGAAGGCC
ACCTACATTCCACCAGAGAAGCAGACACTCAACTTCTTCAGGACTTCCTTGAAGAAGGTTGTCAATAAGGTGCGTTCAAAGGGAAATACATCTAA
TGTCCGTTTGTTATTCATAGTTGTACTTCACTTGCAGGCCGGCAAGGAAATCTATGTCTCGGATTTAACCAAAGCCACACAGCGCAGCGTGAAAA
AGCAGAATAACTGGGATGAGTCCGCCTGCCAGAAGCGCACCGTGGCCAATCTCAACAAGATCAAGAAGCTGCAGGAGAAGTACAAGGATCTGGGC
ATCGACTTCTCCAACTTACTGGTGGAACCAGTAAAGAAAGCAGCAGGCTCCGCTGAGGCATCTACAAGCCAGGCAGCCGCCAAGAAAGCCGGTAA
GAAACAAAAAACGGCCGCGAAGAAAGAACCAACGCTGGAGGATTTGCTGGGCAACACCATCAACGAGGACTCCGATGATGAGGACTACGTTGATG
CATCCGATGATGAGTCCGATCTGGAGGCTGAGG
(SEQ ID NO: 580)

Exon: 3783..3466
Exon: 3397..3224
Exon: 3165..2962
Exon: 2903..2673
Exon: 2599..2569
Exon: 2132..1960
Exon: 1889..1001
Start ATG: 3618 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT16835
AATCGCCGCACGTGGAGCAACAATAATGGTATGACCGTTTACGTTCATGCGATACAGCGCTTAACTAGGCGTTAGGCTATTTGACCCACCCCTTG
GTGCCTGGTCACTCTTTCAGTTTATTATTTCTATTTATTTGCTTTGCGCATTTTTTACCGCCAATACAAAATGAATCTATCTGATTCATCGTTGA
ATAATTCCCTCGTGGAAGTGGATGAAATGCGCCTAGGCTATGACCACGAATCCATCATGTCCTTTCTCCGGAAGTCGTCCATCAAGCATTTGTTT
CCTTACGCTGCAGAAACCACAGACGGCAAACAGATGATGGCTACCTTAGCCGGGAAGCTGGAACTCAATTTGCAGCAGCTGCTCGATCTGTTTAC
CCTCTCCATTATGATGATGACGTACCAAAGGGACAACGTTCTGCTGATGAAGGAGCGCTACATGATGGTGGATGTGGTGTGTCACCTGGCAGAGT
CCCTGGACTCGGAGGAGATGTTCTACATGGCCAGTGGGTTGTACGAAAACCTTATCACTGGCGTGGGTATGGAGCGCCTGGAAAGAGTGCTGGAC
CTGCAGGCCGCGATTCCCGCCATGGTAGAATCCTGCCATCTTGGCAACGATGTAGCTATGGCCCTGCTACTCACCATAATGGGACGGTACACGGG
AGAACCAGTTGAACTGGACCAGAAGGAATATGCTCTCAAGGCTTTTGAAATGGCCAAAACGGTCAACTGGCGCCAGTTGGCAAACAGTGGACGCC
AGGCAGATTTGTTTATGCTCATCCGCACTTTCAGCATGATCATCAATTGCAGACGTATACGCGAGGAGTGTCCTGATTGGAAGGACAATCTGGGT
GCCGAGATACACAAGTACTTCCTGCAGGTGCGCATGGATCACTCCGCCGCCTATGGCGACTTTGAAATGATGCTTATTGCGTGGTTCGGGGCGCC
TCAACAACGAGTTGCAGTGGCCGAGCAGTCGCACCAGTCGCCCAGCATGTTCTACCTAATCGGCCTCGGCCTTGGCGACCTGAAGGACATCACGG
TCAAGGGTCTGGAGATAGTGAAGCAATGCAGTCGCGTCTATCTGGAGATGTACACCTCGATTCTGGGCTGCAGCCTTGAGGATATGCAAGAGTTC
TATGGACGACCACTGCTGCTAGCCGACCGCGATCTGGTGGAGCAGGGTGCGGATGAGATCCTGGCGGGTGCGGGCGAATCCGATGTTGCGCTGCT
CGTGGTGGGCGACCCCTTTGGCGCCACCACCCACACAGACTTCATACTGCGCGCCAAGGAGAAGAACATCCCCTACAAGGTCATCCACAATGCAT
CGATCATGAACGCCGTCGGCTGCTGCGGCCTGCAATTGTACAAATTCGGCGAGACCGTTTCGATTCCGTACTGGGACGAGACATGGAAGCCGGAC
AGCTTCTACGACAAGATCAAGCTGAATCGCCTGCACAACATGCACACGCTGTGCCTGCTGGACATCAAGGTGAAGGAGCCCACGCCGGAGTCCTT
GATGCGCAAACGCAAGGAGTACATGCCACCGCGTTTCATGACCGTGGCGGAGGCGGCTCATCAGTTGCTGTCCATTGTGGAGAAGAAGGACTCGC
TGGAGAAGAACACAGTGCTCAACGAGCAGTCACTGTGCGTTGGACTGGCCCGTGTTGGCCAGGAGTCGCAGCAGATTGCCGTTGGCACGCTGCTT
GAGATGCGCTCGACCGATTTGGGCGGACCGCTGCACTCGCTCATCATTCCCGCCAAGGAGATGCATCCGCTGGAGGTGGAGTTCTTGCAGCAGTA
TGCCCCCAGCATCAAGCTGGACGACTACAACCACTAATTCCGCTGCGAAATTACCTAATTTAGTGTCTAGGAAATGTTGTCTGTGCATCTGAATT
GAATTTACGAAGCAAGAGGAGCTGGAAGCTCAGGAAGAAAGTGATATCGCTTGATGCCACCCGTATACGTATGTAGCCTGCCCAGCGGCAGCTGA
AATAAAACCGCATTCACCCATCGTA
(SEQ ID NO: 581)

Start ATG: 166 (Reverse strand: CAT)

MNLSDSSLNNSLVEVDEMRLGYDHESIMSFLRKSSIKHLFPYAAETTDGKQMMATLAGKLELNLQQLLDLFTLSIMMMTYQRDNVLLMKERYMMV
DVVCHLAESLDSEEMFYMASGLYENLITGVGMERLERVLDLQAAIPAMVESCHLGNDVAMALLLTIMGRYTGEPVELDQKEYALKAFEMAKTVNW
RQLANSGRQADLFMLIRTFSMIINCRRIREECPDWKDNLGAEIHKYFLQVRMDHSAAYGDFEMMLIAWFGAPQQRVAVAEQSHQSPSMFYLIGLG
LGDLKDITVKGLEIVKQCSRVYLEMYTSILGCSLEDMQEFYGRPLLLADRDLVEQGADEILAGAGESDVALLVVGDPFGATTHTDFILRAKEKNI
PYKVIHNASIMNAVGCCGLQLYKFGETVSIPYWDETWKPDSFYDKIKLNRLHNMHTLCLLDIKVKEPTPESLMRKRKEYMPPRFMTVAEAAHQLL
SIVEKKDSLEKNTVLNEQSLCVGLARVGQESQQIAVGTLLEMRSTDLGGPLHSLIIPAKEMHPLEVEFLQQYAPSIKLDDYNH*
(SEQ ID NO: 582)

Classification: enzyme
Gene Symbol: Dph5

FlyBase ID: FBgn0024558

Celera Sequence No. : 142000013384285

TCGTTGCTGATCGCCTTCATGTTGTAACTGGCGGGCAGGAAATAGCCCAGCAGAAGGTATCGATTGTTGAAGCTAAACACGGCCGGTCCACTCGG
GTACAGGTTATCCCAAATTCCGTGAAGTATTGTGCACTTGTCCTCATTGCCGATATACAGCTCGAAGGGACCCGTTCGCATGTTGCTGTTCCAGG
TGGCCTTCATTCTGACGGACAGGCAGCAGCCATCCTTTCCGCTGTTAAAGTGATAGATGCCCACCCCATGACGTTGTCCCTTGAACCAGTCACCC
GAATAGTTGTCCCCATTCACATACTTGTACCGGCCCTTGCCGTGCTTCAAGTTCTTTCGCCAGTTGCCCTCGTACACGGATCCGTCCGGATAGAT
GAAGATGCCGCGCCCACAACGCTTCCCGCAGCGATACTGTCCGTAGTATCGTGAACCATCCTTGAACACGTACACCCCGATGCCGTGACGGCGAC
CCTTCCTGTAGTTCCCATCATACTGATCTCCGTTGGGCAGGATGGCCCAACCTCTACCTTGTCTCTGTCCGGCAGCATTTCGACCGCCTATGTAG
AGCTGGGATTGAGGATTATTATAGATATTTGTTTTAATTGAGCTCCTTGCTTACTAAAAACTGTTACTACTAGAGAATGTTCGTATTAAAGTTAC
TCCACTAAAAATTTATTTCTTTTGAGGAAGGAAGATGCACTACTAAGAAACTCATCCATTTTGGAACTTACGCCTATATTGGGTCCCAAATCCTC
CTCTTCCTCGGGCGCCGACAGATCCTCCTCGGACATTTCGGTCATGGCCATGGTGATGATTTTGAGTTAACTAACTCCTTTCGGTTCTTTTTATT
GCCGAGTGAAGTAGATTTTTACTTACGAATTACGTTCGGGAAATATTTTGTGTAGGCATTAAATAAATGTATTCTGTTTGTATAGTTAACTTAGC
AAAGGCTTACTACAATAAATATCAGAATCGAAGAATGATGAAATCGAGGGCTACGTTTTCGCCATAGAAGTAGTTGGCCAGTGGATATCGTATGGT
CAGGGCAATCAGTGTACACAGCACCTGGAATCCCATCAGCATCTGGGTGACCACTCGCTCGTGGACAGGTCCGAAAACGACTAGGACAAAGTTAA
TGAGCGTAAAGTTGTTGGTCCTAACAACTCCGTCCGCTTTGGTATGCCAGCTTATTAGTCGCAAGTTCCGCAGTACTGTGACCATCAGGCGACCC
GGAGCGTTGAGATCCTCCAGGCGAAACTCCGTGGTGCTGATGTGGAGCAGATCCGTCTTGCTGTCGTACTTGGGCAGCCGGTGACGCGGACATGG
CACAAAGTGGAACAGCTGCGGCGTGGAGTACAGGAAATTCAGGATCTGCGGCAGGAAGAAGAGCAGCAGCGTCTTGCTGAAGTGGCCCAGGATTC
CAACCACGGCGAAAGTCATGCCGGCAAAGTAGCAGTAGGTGTCCCCAACAAACACCTGCGATGGATATCTGCGAAATAAGTAAGATAGAAAATAT
ATTACAAACGAAAAGTTAGTTAGAAGTAAAAAAAATATTAGGAATTAACAACAAAATTACGCATGACAGAAAAATTAACATTATTATCCGAACTT
TATTACATAAAAGTTTTATTTTTTGTGAATATGATAATTATTAAATTTAAGCTGACGAAAAGAGATTATAACGTATTTTTAAGTTTCAAATAACA
TCCTTAATAATTCGATAACAGTAACAACCAGTGTTGTAAGGCCCATCGATGCGAAACAGCCAGATTTACAACTGCAGCGGCGAACAAGCTGACTGA
GGACATTTGCGTCAGCTGTGCGGGGGAGTTGAGGGGTGCCGTAAAATTTTTGGGCGTGTTTGCCAGCAGAAGAAAAGCGTGAAAAGTACGAAAAA
TCGAAACGGAATGAGCAGGATGAACTGCAGAAAGTGAACCAGTGACCATGGTGAGAAGCACATTCCTGGCCACCTACAACCAGACACCGGTAGCC
GGCGTTGGACGGCTGGCCATCACCAAGAAGCTGGTGCTCTGGTTGGTGCTGGTGCTGCAGGTGGGCTTCATCGGCTGCATATGGCTGCTGCAGAT
GAGCCGTGGCCAGGAGTCGCAGCAGCGCAGTGCAATGGACCAACTTGGCGGACGGGTCAACTTCGTGGCCAGCGGTGAAGCCCCTATGGAGAAGA
TGGCACTTGTGGGCGGAACCCACTGTCCGCATCTGCAGGAGAATGTCAACCGCTACGACAAGGACTTTTATCAAATGAAACCGGAACGACTGAAC
GAATCCCACCTGCCCGACTACAATGTGCCCGCCTATGTGGACGCGGAGATGGGTCTAACCCCAAACCTCTGGTGCTATCGCGAGGGGACCATCAA
CGAGAGCCAGCGGCTCAACGATGTGGACTATCTGATGGCGCCGCCTCAATGCAGATGTGAAAGTGGCTGGCACGGCAGAGATTGCGGCCAGCCGG
AGATCATATGGCGAGCCCTGATGACGTCCAATCGGGCCAGTAAACGAGGCGGTAGCACACCGCTTCAACTGGTCGAGGCCAGTTCTTCTTCACTG
CACCGCCTGTTCTATATGCTTGAATTGGGCGCCTGGGACCACCTAAGTCTGGAGCTCTTGGAGCTGCAAATTCGAGCGCTCATCGAGGTTGTGGA
CTACTTTCTCATATACTATGTGAGCAACGGCAGCAAGGAGCGGAGTCTGGAGAGCATGCTGGGCAGCCAAACGAGCTATACGCTACTACGCTGCT
CCTCCGAGAGCAACTGCACCAGCTCAATGGCCTACAGTCACTTTAGGCGGCAGCTGTGGCAGCAGTGTGGTGTCCAAATGCAGGCACAGGACCTG
CTGCTGCACGGGGACAGTGGAACGGTCTACGCGCCAGCAGCACTCAAGTTTCTGAAGTACTATGCCAAGGATGTGCTGCCGCTGAAATTTCGTTT
GAAGTACAATGTATATGGATTCTACTGGCAGCATCCGAAGAAGACCCTCCTAAATGGGGTGATAAGTTCCTTGGGGCACCTGCACAGTGCCCAAC
TGGATGCTCACCGCCTGCACCGGCTGGCGAGCAGCACACTGGGTGATCTCAACCACTACGGCGGCTGGAACTGCGAGCTGTGCCTGCCTCCCGAG
CAGATTGTGCTCCTGCTGCAGAGCTCCAGTCCCCGCAAGCTGCCAGTAAAACTACCCAACGATACCCGCAATGCCCACATCGATGCCAACTACAT
GCAGCAACTGATAGCCAATGGAGTTCACATCGATGGCACCACGCAGCTGCACCGCTTGCGGGAGCAGAGCGAGAAGTATTTCGCTCCGGAGGAGG
CGCTCCAGCACAGCAGCCAGTACGGCCAGCTGCTGGTGAACCTATACGATGTGGACGTCCTGGAAGATCTGCAGGACGAAGACTAACTACGCCTG
CCGAAGTTTGACTTGGGCATGGCAGCCTATCGAACCAGCATAAACCTACGAATATATATATTTATATGTGCCTGCTTTTGAATCCCCATCAAAGT
CTAACAATCTCATAATCATCATATCATACTCTGCCTAATCCACTCATGCGAATGCCCTTCTGTGTTTTTGGCCAGGTGAATTCCAAATTTAGTAT
CTCAGCAGACAGGACAGACAGACCCGCCATCTGTGATAAGAAAAACCAGAACTAAACAATGAATTTATGAGAGGAAGTCGATGCAACCAACTGAG
AGAAGTCTCAAATTTGCTGGAAAAAGTTGTGAAATGGGTTGATCGCAATTTAGCATTATTTTTAAGACATAACACACACGATCTGTATGAAAAAG
CTTTTTAGACTTACTTTAAATATTAATACCAATTATCAGAAGGCAAGCAAATTTAAGCTTAGTTTTGGTTACAATTTTGAAGCAATTTTGAATTT
GTGTTATTACTTTATTACTAACGTACCCTAATTATAATTAGACGAAAATTTGTTGACCTTCCAGATCAATTCAGTATTTATAAAAATAAAAATCA
ATTGGATTACTCACTTGTTGAACTTCCATAGCGCTAGGGTGGTGGCCAGGAAAGGCAGCATGAAGTAAATGGAGAATATATGCGAATCCACCTGG
TGACCGAGCAACAGTTCAATGGCATTGAAGACCAGAATGGAGCCTGCAATAATAAAGGATTGTCCCACCTCCAGGCCATTGATGCCCGCCAGGAT
GTTGATGGCATTTGTGCAGAATACCGCCAACATGCCCATGAAGACGTAGTACAAGGCACCTTGAAGAAATCAAAATAGGTTTCATCTCTTGATTT
TCATTTCTGGAAAACCTTAGCTACCTATATTCAAGGAGGTCCCAATCAGATTCCTTGCAAAGTTGGGCATAATGACCGTCGTGGAGTTATAGTTT
ACGTAGTACACCATTAGCAGCGGCAACGTGGCGATGGTGGGCAACAGGAGCTTGTGGCGCCATCGCAGGTCGAGAACGTCATCGGCGAAGCCCAA
GAAGATCATGCAGCAAATGGAAAGAAGGGCGGCAATCAATTCCACGAACTGTGTGGGGAATAACAGCCGATAAGGTGGAGCACAAAGACATCTAT
CAATTAGATAGCTACCTTATCATGTGGAAAGGTATCTGGTTTGCCTCCAGTAATCGCATCCGTGGCAGCTGCCTCGTCGAAGGCGAAGGGAATCG
GTATGAACAGAAACAAGGACACCAGGAACACACAGCCAATAAGCACACCAAAGGATTCAGGTCTAGAGTTTAGGAAGCGTTTTAGTTAGAAAACC
TACAAAACAAAGGAGAGCGAACTTACACCTGCGGCTTGTCCTTCTTGCACAGATCGTTGCCAAAGAGATTGGCCTTGATGAACATCTCGCGGAAG
CGGGGTATCATCCGGACTGTCATGCAGTAGGCGGCGCCCGAAATGGCCGCATTGATGGCTATGGCGACTCCCGACATGGTCGGCCTTGAAAATCC
ACCTTCCGCTGCACTAATTCAATTAGCTGGTGCAGCTCTGTGCGCAGCAAATTTGCCGGAGTCACGCGTACGGAGTGCGCTGTTTCAATTGGGAT
AGTGGGAGGCCGCGGAAAACCAGCCGATCACTCGATCATGGTGCAGAAATCAATTACGCCGACAAAAAAAAGTACACGCAATTGAAACTCAAATT
GCTGATAACAACAAACTCAGCTGTTCGGCGGCTAGTGTGCCCGTACTTTCGACTGTTAGACAAACCAAACAGCTGATTTTAGTTTACTAATTTAA
ATTATTCATATATAAAATACCACAAATGAATTTAATTTTATTTTGACCTACCTTAGTGAAAATAGTTTTTAATTTGTATAGTCGGCAATAATCTT
AATTTAATTTCGCTTACATATCAAAGTTAGAAAATGTTATAGTATTTCTAAAATCAAGAGATCGTTAAAAATTTAAAGACTGAAAGTAAAAACAC
TTTACTAGATGAAAAAGGCTTAACTTTATTTAATATCAATGATTACAACACTTGGACCAACTCCGTTATTACACATATAGATAAAGATATCTACA
ACGAAATAGATAAAATATGTTGCGAATACTTGTTCTTTTCGAGCTTCCTTTGTCAATTTGGATTCGGTAAAGATTGCTACCTATCCCTGAAGAAG
GGGAAGACCTTTTGCAGCTCCGCCTTCGACTTGCAGGCCTCCACCTGCGGCAGGGTCTCCACCAGATTGAGCAGATAAATCTGCAGCTGCTGGCG
GCGTTCCTCCACGAAGACCAGGTTCATGTTGCCGAAATGCTTCTTTGGTGGAAACTCCACGGCACTGACCACCGGATGGGTCTTAAGCAGTGACT
TGTGCAGCTTGTAGAACTCGCTGTAGCGTCTGAAAAACGTCCAGTGCTCCAAACGCTGCCTCATCGTGATGTGAACTTCGTAAGTGTAGTGGGAA
CCAGATCGTTGTGTCTTTGCCAGCTTTACATGCGGAATGGTTATCAGGAAATTGGAGCACAGCGATGAGCTGGGGTCGATGCCGGTCTCTTCAAA
CTGTTTGGTTAGCCTTCGGATAAGCAGGCGATTTTGAAGACTAAGCTCCGCCACACGGGTTTCCAGCAGAGCGCATCTTTCGTTTAGCTGGTTGA
CATGCTCTTCCAGCGCAGCTTGCTGTTGGCTGTTAGCCAAGCAATTGGCAGAGGAGGAGGACTTGCTCCACTGCG
(SEQ ID NO: 583)

Exon: 5155..4777
Exon: 4717..4576
Exon: 4513..4300
Exon: 4239..4082
Exon: 1480..1001
Start ATG: 4922 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT16853
AACAGCTGAGTTTGTTGTTATCAGCAATTTGAGTTTCAATTGCGTGTACTTTTTTTTGTCGGCGTAATTGATTTCTGCACCATGATCGAGTGATC
GGCTGGTTTTCCGCGGCCTCCCACTATCCCAATTGAAACAGCGCACTCCGTACGCGTGACTCCGGCAAATTTGCTGCGCACAGAGCTGCACCAGC
TAATTGAATTAGTGCAGCGGAAGGTGGATTTTCAAGGCCGACCATGTCGGGAGTCGCCATAGCCATCAATGCGGCCATTTCGGGCGCCGCCTACT
GCATGACAGTCCGGATGATACCCCGCTTCCGCGAGATGTTCATCAAGGCCAATCTCTTTGGCAACGATCTGTGCAAGAAGGACAAGCCGCAGGTA
CCTGAATCCTTTGGTGTGCTTATTGGCTGTGTGTTCCTGGTGTCCTTGTTTCTGTTCATACCGATTCCCTTCGCCTTCGACGAGGCAGCTGCCAC
GGATGCGATTACTGGAGGCAAACCAGATACCTTTCCACATGATAAGTTCGTGGAATTGATTGCCGCCCTTCTTTCCATTTGCTGCATGATCTTCT
TGGGCTTCGCCGATGACGTTCTCGACCTGCGATGGCGCCACAAGCTCCTGTTGCCCACCATCGCCACGTTGCCGCTGCTAATGGTGTACTACGTA
AACTATAACTCCACGACGGTCATTATGCCCAACTTTGCAAGGAATCTGATTGGGACCTCCTTGAATATAGGTGCCTTGTACTACGTCTTCATGGG
CATGTTGGCGGTATTCTGCACAAATGCCATCAACATCCTGGCGGGCATCAATGGCCTGGAGGTGGGACAATCCTTTATTATTGCAGGCTCCATTC
TGGTCTTCAATGCCATTGAACTGTTGCTCGGTCACCAGGTGTTTGTTGGGGACACCTACTGCTACTTTGCCGGCATGACTTTCGCCGTGGTTGGA
ATCCTGGGCCACTTCAGCAAGACGCTGCTGCTCTTCTTCCTGCCGCAGATCCTGAATTTCCTGTACTCCACGCCGCAGCTGTTCCACTTTGTGCC
ATGTCCGCGTCACCGGCTGCCCAAGTACGACAGCAAGACGGATCTGCTCCACATCAGCACCACGGAGTTTCGCCTGGAGGATCTCAACGCTCCGG
GTCGCCTGATGGTCACAGTACTGCGGAACTTGCGACTAATAAGCTGGCATACCAAAGCGGACGGAGTTGTTAGGACCAACAACTTTACGCTCATT
AACTTTGTCCTAGTCGTTTTCGGACCTGTCCACGAGCGAGTGGTCACCCAGATGCTGATGGGATTCCAGGTGCTGTGTACACTGATTGCCCTGAC
CATACGATATCCACTGGCCAACTACTTCTATGCGAAAACGTAG
(SEQ ID NO: 584)

Start ATG: 234 (Reverse strand: CAT)

MSGVAIAINAAISGAAYCMTVRMIPRFREMFIKANLFGNDLCKKDKPQVPESFGVLIGCVFLVSLFLFIPIPFAFDEAAATDAITGGKPDTFPHD
KFVELIAALLSICCMIFLGFADDVLDLRWRHKLLLPTIATLPLLMVYYVNYNSTTVIMPNFARNLIGTSLNIGALYYVFMGMLAVFCTNAINILA
GINGLEVGQSFIIAGSILVFNAIELLLGHQVFVGDTYCYFAGMTFAVVGILGHFSKTLLLFFLPQILNFLYSTPQLFHFVPCPRHRLPKYDSKTD
LLHISTTEFRLEDLNAPGRLMVTVLRNLRLISWHTKADGVVRTNNFTLINFVLVVFGPVHERVVTQMLMGFQVLCTLIALTIRYPLANYFYAKT*
(SEQ ID NO: 585)

Name: N-acetylglucosaminephosphotransferase
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384548
CATACAAATATTATGTGGATAAATGGTCAGATGCTGATGAATCGGGAGAATCCAAGGATCAGGAGTCCTTTGCTCATTACCAACGCAACCAGCAG
CGCTCTAAGGCAAAGGCCACCAAGGAATCTATTAGTGACATGAGAGAGGTGAGGTTCCCCTTACATCCAGGACTTCTTTTGGTCTTTACTTGCCA
GTTCTCTCCTACAGATCATCCGACAAGCCTTCAGGAGCTCTGAAGTGAAGAGCCTGCGATTTCTTTTTGGCAACAATATGTTCATGCCCTCGGAG
GCCTATACTCTGCACATACCACATGATTCCATATCCAGAGATCACTATTGCGAGCACCATGCTCTGCCCGAAGGTCGCATCAACCAGGCGCTGCT
CCGCCTGCTCACCTGCGAGGAGCTGTACAGGCTATTCTCCACCGAACTAAAAGTCACCAACGTGTTTCTAGAAATGGAGCTCCTTACAGACTCCG
ATCGACCCCAAGGATCCCATTGTGACTCCTTTAATCTAATCCCAAAGCATATATTAAGCCAACTTCCGCGCAGCTGCAAGAACATACACCTGCAT
CTACTGCATTGCAGTGAAAACACACCGAATGAATTACGCTGCTGCAAGGAGATGGATATTTACCACGATCTTGGCGTGCGGAATCTGGATAAATC
TGGGGAAGACGTTAGCCAGACCAACGAAGAGCATGACGTTTTGAAAGCAGCAAATGAAACCAGCGGTTGGTGGCAGGCCGAGGTCATAGTTCGCG
GTTTCAGAGCTCCTGGCAACCAAAAATCGGGAGATTTGTGGTCTAGCTAACATTTTATAACTTGGATTCTTGCTATTCGGCGTGTTTGTGTCAAA
AATAAAGTTTCGAATCGTTTATATTTCAAGTATTAAGTTATTTTATTATGTATATAATTGTTTAATTTTATTTTTGGTTTCGATTTATTGAGAAT
GTTTTGAAAACCCAAGGCACTCAAAGATGATCCATCGTGGTATTGGTATTATCATCTTAGGTAGTGATAATCATGGAAACTGGTGCACTGCGCTC
TCGCTGCTTGGCCACAATCTTGTTGGCTATGCGATCCAAGTTACGTTGTCCTTGCGGAGTCAGCTTACGACCACCATCCGGGTGCCTCTCCACCA
TGTTAGCAGCTTCCAAGGCTTGAAGAGCCTGCTCATGTGTTAGATACATGCTAAGTAATATTAAATATAACCTTAAAGTACAACCATTTCCCACT
CACCTTGCGAATACAGCCATCCGATGAGCGACAGTGCTTGGACGGACGAACACCGTTGCGCTTGCGCCCGCTATAGACCTTGGTGAAGGCCCCAA
CGCCGGCGGGACTGCGCAGGTACAGGTGTCTCATAATAGAGGCGCAGCGAGTGTAGAACCAGTCGTCGTCGGTAGGAGCAGTCTCCTTGAACTTG
CCAGTCTTCATATAGACGGCCTGTTCGGGCACAAAAATTTTTCCGGATTTTTTGAGAAAAGCAGCCATGTTTTTGGTCAGAACGTGCTGATCGAT
TTCCTTTACTGTGACTCCAGGCATGTTGCTCTCTACGTTCTTGAAAGCACGTTTTTAAGGCTCATGGGTCCGATATATGTATGTATGTATTTAAA
AAAGTCTTACCTTTTGAGAAGAAAAAGGTTTGCTTCCGGTTAGTTTGCTGACTTTAGTCAAAATGGACGATTGGCAAGTGACGTTTGAAAGAGGG
ACCAGGTCATTGACCCCAAAGGATTACTTTCCGATAGTTTTGTCGTGCAGTATTGGTGAACTTGGCAATTCTTTTCGAAAACTTAACCTATAAAC
TTGGAAAGGAACGCAATGTAGCAAAACTACTGTTCTTGGTGACAGGGGGTTTAAGGTAGACTAACAAGGACAATTTTATGACACTGAAGCCCTAT
GGAGTAAGAATCAAAGAACTGCTGTATTTTGGTTTGTATAAATGAATAAAACGTTCTACGCTAATTGAAGAGCATTCGAAGAGGTTTGAATACAG
CGCCATAGGGTGACCAGCTTGTGGAGCATTGAAGGTATTTCTTGTTTTAAGAATGATCACGGGATGGTCACACTAGAAATACAGCCAAACAAAAC
AACAAAAAGCATTTCGAGCGCTAACAAATATATATCTTTCGACTTGACTCATTCGCATTCCGGTTGACCGTGTCGCGCCTGCAGCATGTCTGAAA
AGCCGACTGTTCTGATTTTGGGTGGTAAGTGGTCCCGCTGCATCCTCCTCATCGTCATCCTGCCCCCGCTCCCCACTCCACACTTCCGCTTATCA
GCATCGCTGACTGCATCGCTGCTCTTCCTCTTCCCGCAGGCTGCGGCTTCATTGGACGCAACTTGGCCACTTATCTGCTGGACAATGAACTGGCG
CAGGAAATACGACTGGCCGATAAGACCCCTCCGCAGATGGCATGGCTAAACGAGGAGCAGACGCGGGTCTTCGAGAGCGATCGGGTGGAGTTCTG
CAGCGCGAACCTAATAAACGCCGGTAGGTAATCACTACATTAGGGTGGCTCGTTCCACCAGGATGCGGATCACA
(SEQ ID NO: 586)

Exon: 1544..1239
Exon: 1168..1001
Start ATG: 1544 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT16966
ATGCCTGGAGTCACAGTAAAGGAAATCGATCAGCACGTTCTGACCAAAAACATGGCTGCTTTTCTCAAAAAATCCGGAAAAATTTTTGTGCCCGA
ACAGGCCGTCTATATGAAGACTGGCAAGTTCAAGGAGACTGCTCCTACCGACGACGACTGGTTCTACACTCGCTGCGCCTCTATTATGAGACACC
TGTACCTGCGCAGTCCCGCCGGCGTTGGGGCCTTCACCAAGGTCTATAGCGGGCGCAAGCGCAACGGTGTTCGTCCGTCCAAGCACTGTCGCTCA
TCGGATGGCTGTATTCGCAAGGCTCTTCAAGCCTTGGAAGCTGCTAACATGGTGGAGAGGCACCCGGATGGTGGTCGTAAGCTGACTCCGCAAGG
ACAACGTAACTTGGATCGCATAGCCAACAAGATTGTGGCCAAGCAGCGAGAGCGCAGTGCACCAGTTTCCATGATTATCACTACCTAAGATGAT
(SEQ ID NO: 587)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MPGVTVKEIDQHVLTKNMAAFLKKSGKIFVPEQAVYMKTGKFKETAPTDDDWFYTRCASIMRHLYLRSPAGVGAFTKVYSGRKRNGVRPSKHCRS
SDGCIRKALQALEAANMVERHPDGGRKLTPQGQRNLDRIANKIVAKQRERSAPVSMIITT*
(SEQ ID NO: 588)

Name: ribosomal protein S19 like
Classification: ribosomal_protein

Celera Sequence No. : 142000013384589
TCCACGAGATTCTCCACCTCGCTGACCTCTCCGTTCTTGATAATATCGAAGATGTCGTCCAAACTCACGGTGGTGGCACCATCGAGCCCCTCAAA
GAGGAGCACATTTTCGTGGTCCTCGACGCCGCTACTGCCGTGTCCACCGTCCGTGCCGCGACCCGTTAATGGCGGCGAATGCGGTCGATGATCCA
AATGGATGTCGTCGGCGTGGGCATGGCCATCCTCCTCCGCGACGACCATGTTGCAGGAGGAGGAGGCGGTTAGGGGCAACGCCCACACACTGCGC
GCCGCCCCCGGACTTGGATGCACCTTCGAGGCCATGTAGAACTCGAAGTCCACGCCCAGACGGTCCGCCGTTCCACCGTTGCCTTGATGCAGGGG
GTTTTCCAGTAGGTGTGCAATCTTGTCGCCTTTTTCCGTTACGCTCCGACCGAAATTTGTACTCTGTTTGGCCAATCTTAGGCGTGGAATGCTAG
GTAAACACGACTGCACTCGATGGCGAGGAAATTATGTCAGCACTGTGAGAAAATCAATATTTGTCCCGAATCGCAGGACTCGAATTGGGGCCACT
TTCGAACTCGACTTGGCGCCAAACAAATCAACAGCTGACCGTTATTTTCGCAGTTGGGCGCGCAGTGTTGCCAACACATACTGGTAATTAAGACT
TTTCTCAGCGAGGGGTGATTTAAGATTTAAGTCAAGAAGTATTAAAGAAAAAATATATATATTTAATTTGTTGGAAGGTCAATTGTTGAAACCGA
GGTATCATTTAGCTTAACTTAAATATACTAGAAATCTCGTGGCATAAGCAAACTAAAAAAAAAAAGGTTTATCAACTGACTTTTATATTAGTTTTA
ACATTATTGGGAAACATTTGTTTTCCGCCGCTAGAAACCTTTAAAATGTATACTACTATATTGCTTGGTACGAATGTTGCATTTTGAACTGATGC
TAGCATTGCATTTTGTAAGGTTCCCATGTCTCTGTTATTTTGCCACCTGGTAACACTGTGCCCCTTTTTGATAAATTTGTTTCGTAAAAAATGGG
CGACAACGTGGTGACGGAACTAAATAACTTGGATTTGAACAATCAAAAGGCATGTTAAACTCTTTTCGAACTGCATTCGAGTGTATGAGAAGTGC
TAGTTAGCCGAATTATGTTGAAGTTGGCGCCGCAGGGCGGCAGATATTATAGCCAAATAAGCCGCATTTGCCAGTGGATTTTGCCGAAAATTCAG
ACGCAGTCGAAGCCACCAAAACAACAACAACAACAGCAACCACAATTGAAAGAACAACAACAACACAGCTACGCAACTTTGGTTGGTGTTTTAAG
CTAAAAAGAATTGACCTAAACTTCAATTTAAACGCCTGTTACTGCTGGCACGTGTAAATGTTATGCTTGTCTGTGTGAGTGTATGCGATTCTCCA
ATGAATCAGTGCCGCCGGCTGTGACGTCACTAACAACCAACCAACTTCATGAGTGTCTGTTTTTTTTTGCTACTCTATTGCATCAGCCATAAAAC
GACGAAGATACGCTCAAAGACGGCTCGATAAAACAGAGATAGGAGCACCGAAAACATAGCACCGAAAAGTGCTCATTGCCATGTCCCCAATTGTT
TAAACAATAAGAAAACATCAGTCGAAAGTAGATACCGAAAAAGAGCATTTGTCTAATTGCATACGTAGCACACTTGTGGCCACTTGAATATCTCC
GGTTTATATTGATTTTTAACCTATTTCCGATGGATTTGCAGGCTGCCAAGATGAAGAAGGAGAAAAAGGAGAAGCCATCCGGCGGTGGAGATACT
CGCAAGGGTAAGTAATTCTAACTAAGAATTAAAAACACAAAACGCACTTCCGTCTGTAAGATATGTAGCATATCTTTAAGATTAGCTGCCTTCTT
CTCTCTAATACCTGAAATTCCACTGATCTCTGCTATATTGATTTCAGAACTCAGTCCCTTGCCCAAGTACATCGAGGAGCGCAATGTCTTCTGGG
AGAAGTGCAAGGCGGAATACGAGGCCGAACTGGCGGCCAAGAAGCGTGAGCCCATCAAGGTGACACTGCCCGATGGCAAGCAGGTGGACGCCACC
TCCTGGGAGACCACTCCGTACGAAGTGGCCCGCGGCATTAGTCAGGGTCTCGCTGACAACACCGTCATCTCCAAGGTGAACGGCGAGGTGTGGGA
TTTGGACCGTGTGCTCGAGGGAAACTGCACCCTGCAGCTTCTCAAGTTCGACGACCCTGAGGCGCAGGCCGTCTTCTGGCACAGCTCTGCCCACA
TCATGGGTGAGGCCATGGAGCGCATCTATGGTGGACACCTGTGCTACGGTCCGCCCATTGAAAACGGCTTCTACTACGACATGCATCTGGAGGGC
GAGGGTGTAAGTAATTTGTGATGTTCAGTAAGAATTAAATTAAATTGAACGCCCAATTAGATCTCCACCAACGACTACGGCGCCATGGAGGGTCT
GGTTAAGCAAATTGTCAAGGAGAAGCAGAACTTCGAACGTCTGGAGATGAAGAAGTCCGACCTGCTGGAGATGTTCAAATACAATGAGTTCAAGG
TGCGCATTCTCAACGAGAAGGTGACCACCGACCGCACCACTGTCTACAAGTGCGGTTCTTTGATCGATCTCTGCCGCGGACCTCATGTTCGTCAC
ACCGGCAAGGTGAAGGCCCTGAAGATCACCAAGAACTCCTCTACCTACTGGGAGGGTAAGGCTGACGCTGAGACACTGCAACGCGTCTACGGCAT
CTCGTTCCCCGACCCGAAGCAGCTCAAGGAGTGGGAGAAACTTCAGGAGGAGGCGGCTAAGCGTGATCACCGCAAAATCGGTCGCGAGCAGGAGC
TGTTCTTCTTCCATGAACTTTCGCCTGGCTCATGCTTTTTCCAGCCGCGAGGAGCGCACATCTACAACACCCTGATGGGCTTCATCAAGGCGGAA
TATAGAAAGCGTGGTTTCCAAGAAGTCATTTCCCCCAACATCTACAACGCTAAGTTGTGGATGACCTCCGGCCACTGGCAGCACTATGCCGAGAA
CATGTTCTCCTTCGAGGCCGAGAAGGAGAAGTTCGCCCTCAAGCCCATGAATTGTCCAGGACATTGTCTCATCTTCGATAACCGCAATCGATCCT
GGCGAGAGCTGCCACTGCGAATGGCCGACTTCGGTGTGCTTCATCGCAACGAGCTCTCCGGTGCTTTAACCGGATTAACTCGCGTGCGTCGCTTC
CAGCAGGACGATGCGCACATCTTCTGTGCCCCCGAGCAGATTAAAAGCGAAATGAAGGGCTGCCTGGAGTTCCTGAAGTATGTGTATACCATTTT
CGGATTCTCCTTCCAGCTGGTGCTGTCCACACGCCCGGATAATTACCTTGGCGAGTTGGAACAGTGGAATGATGCGGAAAAGGCGCTGGCTGAAT
CACTCAACGAGTTTGGAATGCCGTGGAAGGAGAACCCCGGCGATGGCGCCTTCTACGGACCGAAGATTGATATTACCATTATGGATGCACTGAAG
CGTGCCCATCAGTGCGCCACCATCCAGTTGGACTTCCAGCTGCCAATTCGTTTTAATCTCAGCTACATCGCCGACGATGGCGAGAAGAAGAGGCC
GGTGATCATCCATCGCGCTATTCTTGGCTCAGTGGAGCGGATGATTGCCATTCTCACGGAGAACTTTGCTGGCAAGTGGCCCTTCTGGCTATCAC
CGCGCCAGGTGATGGTCGTTCCAGTGGGTCCTGCCTATGATCAGTACGCCCAGTCAGTGCGGGATCAGTTGCACGATGCTGGATTCATGAGCGAG
GCGGATTGCGATGCCGGCGACACGATGAACAAGAAGATACGCAATGCTCAGTTGGCCCAGTTCAACTTCATTCTGGTGGTGGGCGACAAGGAGCG
CTCCTCGAATACCGTTAACGTGCGCACTCGGGACAACAAGGTGCACGGCGAGGTCTCCGTGGCGGAACTCATCACAAAGCTGCAAAAGATTCGCG
ACGAATTCATCGCCAACGAGGACAGCTTCTAAGACTCTATTTCGAACTATTTATCAAAAGTATACTTAACATTTGCATAGCAAAGCAAGTACGCA
TTTTTGTTCTTTCTATGTATTTACGCTTACGAAACCGGAATTCACAAATAAAAAACCAAATCCAAACACATTTTAAGGTGTTTCAAATAGAAGAG
AAGAGCATGCAATCAAATAAAAGCAATTCGATTCAATATACGATTATTAAGCTTCCCCAACTAAAAATCGTATTTTTCTGATCCACCTTAAGCCG
CCTATTTCACTCCAGTTTCTTGACGAATCAGTGGAATTTGTCAGCAATTGAGGACTAGTCATGCCGACACAGAGGTGCGCTGTAGTCCATTCAGG
AACGATTTGGAATGATAAGATAAGTCGGCCCACATTTGGCGGAAAACTTTTTGGGAAAGGTGTGCGTGCACCCACAACGTATGAGTCATGTTTTG
AATTTATTTTTTTGTATTAATTTATTGCTAGTATCTTGTATACTTTTCATTTTCATAATTTGATTTATTAAAAATTGCATCAATAGTTTATGTTT
TTATTCAATTATCAATTTTGTAAGCTTTTGCTTTTCGCGTAAAAAATGCACAAAGTTCTCTCGCTAATCGAAGCAAAAATCGTTAATAATATTGT
TAAGTGTTTGCTCTGCTCGTGCTCTGCTTATCTGTTTCAGTTTTAGTCATAAAAATACATATTTTATATTTGTGTATATTTATTCATAAGATGCA
CGTGGCCAAGTCCTATGCCATCCACAGTTCCAGTTAGCAGTCGCGTTCGCTGTGCTAAAAAAAAAACCGAAATCCTAACCAAAACTGGCGAAACA

Celera Genomics Proprietary and Confidential

AAAGCCGCAAACAGAACAGAACGGGGGCTAAAATTGGAAACAAAATGCCTGGCTGGTGGAATCATTGAACACAGACTGGCTGCGTGGTATCTACG
ACTGCTGGAGATGCCGAGAGCTGGAATGTCGGAGGATCCTGGGACCGCCTGGCCTGACATAAGTACATGGTCTTGGGTTTTT
(SEQ ID NO: 589)

Exon: 1001..1094
Exon: 1752..1812
Exon: 1948..2381
Exon: 2436..4022
Start ATG: 1761

Transcript No. : CT16980
TAACACTGTGCCCCTTTTTGATAAATTTGTTTCGTAAAAAATGGGCGACAACGTGGTGACGGAACTAAATAACTTGGATTTGAACAATCAAAAGG
CTGCCAAGATGAAGAAGGAGAAAAAGGAGAAGCCATCCGGCGGTGGAGATACTCGCAAGGAACTCAGTCCCTTGCCCAAGTACATCGAGGAGCGC
AATGTCTTCTGGGAGAAGTGCAAGGCGGAATACGAGGCCGAACTGGCGGCCAAGAAGCGTGAGCCCATCAAGGTGACACTGCCCGATGGCAAGCA
GGTGGACGCCACCTCCTGGGAGACCACTCCGTACGAAGTGGCCCGCGGCATTAGTCAGGGTCTCGCTGACAACACCGTCATCTCCAAGGTGAACG
GCGAGGTGTGGGATTTGGACCGTGTGCTCGAGGGAAACTGCACCCTGCAGCTTCTCAAGTTCGACGACCCTGAGGCGCAGGCCGTCTTCTGGCAC
AGCTCTGCCCACATCATGGGTGAGGCCATGGAGCGCATCTATGGTGGACACCTGTGCTACGGTCCGCCCATTGAAAACGGCTTCTACTACGACAT
GCATCTGGAGGGCGAGGGTATCTCCACCAACGACTACGGCGCCATGGAGGGTCTGGTTAAGCAAATTGTCAAGGAGAAGCAGAACTTCGAACGTC
TGGAGATGAAGAAGTCCGACCTGCTGGAGATGTTCAAATACAATGAGTTCAAGGTGCGCATTCTCAACGAGAAGGTGACCACCGACCGCACCACT
GTCTACAAGTGCGGTTCTTTGATCGATCTCTGCCGCGGACCTCATGTTCGTCACACCGGCAAGGTGAAGGCCCTGAAGATCACCAAGAACTCCTC
TACCTACTGGGAGGGTAAGGCTGACGCTGAGACACTGCAACGCGTCTACGGCATCTCGTTCCCCGACCCGAAGCAGCTCAAGGAGTGGGAGAAAC
TTCAGGAGGAGGCGGCTAAGCGTGATCACCGCAAAATCGGTCGCGAGCAGGAGCTGTTCTTCTTCCATGAACTTTCGCCTGGCTCATGCTTTTTC
CAGCCGCGAGGAGCGCACATCTACAACACCCTGATGGGCTTCATCAAGGCGGAATATAGAAAGCGTGGTTTCCAAGAAGTCATTTCCCCCAACAT
CTACAACGCTAAGTTGTGGATGACCTCCGGCCACTGGCAGCACTATGCCGAGAACATGTTCTCCTTCGAGGCCGAGAAGGAGAAGTTCGCCCTCA
AGCCCATGAATTGTCCAGGACATTGTCTCATCTTCGATAACCGCAATCGATCCTGGCGAGAGCTGCCACTGCGAATGGCCGACTTCGGTGTGCTT
CATCGCAACGAGCTCTCCGGTGCTTTAACCGGATTAACTCGCGTGCGTCGCTTCCAGCAGGACGATGCGCACATCTTCTGTGCCCCCGAGCAGAT
TAAAAGCGAAATGAAGGGCTGCCTGGAGTTCCTGAAGTATGTGTATACCATTTTCGGATTCTCCTTCCAGCTGGTGCTGTCCACACGCCCGGATA
ATTACCTTGGCGAGTTGGAACAGTGGAATGATGCGGAAAAGGCGCTGGCTGAATCACTCAACGAGTTTGGAATGCCGTGGAAGGAGAACCCCGGC
GATGGCGCCTTCTACGGACCGAAGATTGATATTACCATTATGGATGCACTGAAGCGTGCCCATCAGTGCGCCACCATCCAGTTGGACTTCCAGCT
GCCAATTCGTTTTAATCTCAGCTACATCGCCGACGATGGCGAGAAGAAGAGGCCGGTGATCATCCATCGCGCTATTCTTGGCTCAGTGGAGCGGA
TGATTGCCATTCTCACGGAGAACTTTGCTGGCAAGTGGCCCTTCTGGCTATCACCGCGCCAGGTGATGGTCGTTCCAGTGGGTCCTGCCTATGAT
CAGTACGCCCAGTCAGTGCGGGATCAGTTGCACGATGCTGGATTCATGAGCGAGGCGGATTGCGATGCCGGCGACACGATGAACAAGAAGATACG
CAATGCTCAGTTGGCCCAGTTCAACTTCATTCTGGTGGTGGGCGACAAGGAGCGCTCCTCGAATACCGTTAACGTGCGCACTCGGGACAACAAGG
TGCACGGCGAGGTCTCCGTGGCGGAACTCATCACAAAGCTGCAAAAGATTCGCGACGAATTCATCGCCAACGAGGACAGCTTCTAA
(SEQ ID NO: 590)

Start ATG: 104

MKKEKKEKPSGGGDTRKELSPLPKYIEERNVFWEKCKAEYEAELAAKKREPIKVTLPDGKQVDATSWETTPYEVARGISQGLADNTVISKVNGEV
WDLDRVLEGNCTLQLLKFDDPEAQAVFWHSSAHIMGEAMERIYGGHLCYGPPIENGFYYDMHLEGEGISTNDYGAMEGLVKQIVKEKQNFERLEM
KKSDLLEMFKYNEFKVRILNEKVTTDRTTVYKCGSLIDLCRGPHVRHTGKVKALKITKNSSTYWEGKADAETLQRVYGISFPDPKQLKEWEKLQE
EAAKRDHRKIGREQELFFFHELSPGSCFFQPRGAHIYNTLMGFIKAEYRKRGFQEVISPNIYNAKLWMTSGHWQHYAENMFSFEAEKEKFALKPM
NCPGHCLIFDNRNRSWRELPLRMADFGVLHRNELSGALTGLTRVRRFQQDDAHIFCAPEQIKSEMKGCLEFLKYVYTIFGFSFQLVLSTRPDNYL
GELEQWNDAEKALAESLNEFGMPWKENPGDGAFYGPKIDITIMDALKRAHQCATIQLDFQLPIRFNLSYIADDGEKKRPVIIHRAILGSVERMIA
ILTENFAGKWPFWLSPRQVMVVPVGPAYDQYAQSVRDQLHDAGFMSEADCDAGDTMNKKIRNAQLAQFNFILVVGDKERSSNTVNVRTRDNKVHG
EVSVAELITKLQKIRDEFIANEDSF*
(SEQ ID NO: 591)

Name: threonyl-tRNA synthetase
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384663
ATAGCAGTCGAATGGAGACGGCACAATGCCCACTGCGTTCTGCAGGAACTTCAAGCTTTTGTAGAGCTTCTCCGAGTTCATGGTGATGCCACCCA
TGACCACATCCGTATGACCGTTCATGTACTTGGTCAGGGAGTAGCAGACCAGATCAGCGCCCAGCTCCAAGGGTCGCTGGAAGTAGGAGGTCAGG
AAGGTGTTGTCGACGGCCAGGACGATATCCTCGCGTACTCCATGGACCAGCTGCGCAATAGCCTCGATGTCGGCTACCTTTACCAATGGATTAGT
TGGTGACTCGATCCACACCAACTTGGTCTCCGGCTTGATGGAACTTTTAATTAGATCCAACTTCGTGGGATCCACAAAGGTGGCTGAGATTCCCA
GACGGGTGGCAACCTGTCGGATCAAACGGTTGGTGCCTCCGTAAACATCGTCGCCCATGATGATGTGATCGCCGCTGCTCAGCATAGTTAGCACA
GCGGTGGTGGCTCCCAATCCCGATGAGAACGTGAGGCCGTATTTGGCATTATCCAAGGCGGCGAAGCACGTCTCCAGCACGTTCCTAGTGGGATT
TCCACTGCGGGAGTACTCATAGCCCCTGTGCTCGCCCGGTGCATCTTGCTTGAAGGTGGTGCTCAGCGATATCGGCGGAATCACGGCAGCACTCT
TCCACTGGTCGGGGCTCTGGCCCGAGTGGATGGACTTGGTGGCGAAGCCGCTCGGCTGGACTCTGTAGCTCATCTTGTCTGGGTAGGAGGATCGT
TGGGAACTGACTGACACGTGGAGAGAGACCGTCGCGAATATATATACTCCTGCCAGATGTTATCGCCTAGCCGGTAATTAAATATTTCGACCGTT
ACAACACTACATTCGCCGACAGTGATGGAGCTCTAGCTATTAAACGGCTAGAAAACGGAACCCTTCAAAAGTAACGATACATATATGCATTGAAA
CGATGGATATTCTTACTTTCCTTAGAACTTCTTCGATTATTTATACAATAATTTATTTGTTGATAAAGCACAATAATATTACAATCGCAGCTTAA
GAGTAAATACGATACTGAACAGAAAGGGACATGCGGAATGGGTTGGGAACTATACTCCAAGGTCTACCACAGTTTGTCGCTGAACACGATCTCCT
TGAAGATGCAATCCTGCTTGGCGATGCTGACCATTGCCTTCTTCGACTTCATGGCATCCTGCACCTTCTCGCGCACCTCGGCCGCCTTCACATCG
TTGCGAATGTAAAAGAGCCGTACCAGGTGGTCCTCGTTCAGAGACGGATAGCTGCCCAGCAAGGTGTGCAGGTCCAAGACGAGCAGTTCGATATC
CGAGCTAAGCAGTGCCGATAGCGTGGATATAAGATCCAATGGAGAGTCGCTGAGGGAAATCTTCGGCGCGATTTTCTCAAAGAAGAGCTTAAACC
GCTTGGCTTCGGTCTTGATTTTTCGCGTAATGGCATCGCACTCGGCCCGTGGCTTAGACAGTCGCTTGGATAGCAGTGCCCTAATGTAGCGCTTG
GCCAGCAGCTTCTGGGCCTCGTTGATGACCATCTCGAAGTTATTGGGTCGCAGGTGATTATAGTCCTGGAAGTAATCGTCCAGCGTTACACAAAT
GGTGTCCACGGCAATGTTACTGGCCAGCCACTTGGCAGTGAATAGGTCGTTAAAGTGACACTCCATGTCCAGGAAGGCTTCCTCCAGCAAGTAAC

TTGCGGCATGAGCCCGGATCCGCTGGAATGTGGCAAGCAAACGTTCGAAATCCTCATAATGCTCAGTACGTGACTTGGGCCAGTAGAGTTGTTTC
ATCTGCTGCGCCAGTTCAACCATTTGCTGACTGTTATTCACGATGGTGATGATGTAGTGAGTGAAGTATTTGATCTGGTCCCGATTGCGAAAATG
GTGTTCCTTCAGCTCGATTACGTTCTTAAGATATGTCTGGCCAAAGATCTCCACCTGCTGAATGCTCATTACCAACGCCTTGAACGTCAGTTCCT
GATGAATTGTGTTGGTCACCTGCAGATGCTGGTCGATCATCTGGAATATGATGACAGGCGCTGAAGTGTGGTAGTACTCCTCATCCTGATCGGGC
ACCGTCTCAGTAAACCACTCCTGCTTCTCCGTTTCTGCGGCCTTGGTCATCCATTCCTGGAAGTTTCTCTGCATATTTTGCAGATATTCATCTTC
CAGCGCTTTGAGATGTTCCGGACGCAGCAGAGTACCTATCTGTCGGTGTACATCCACATTAAGATCCGGATGGGACATCAGCTCGACGCCAGGAT
AGGTGTGTGTAACCCAAGCCATCATTGATACATATTCATTGCCCTCCAAGCCCGAGCGCACAATGTTGTCAAGCTGGAATTAGTAAATATTAGTG
GTATAAAAACATTAATCAATTTAAATGATTGACGATTACTCACATAGCTAGAAAGTCCTTCGTGATAGAACTTGACATATTCGCCGAAAATGTCG
TAGTGCGGCGGGAAGCAGGGCACACAAAGGGACTTCACAACGCGCAGATCCTCGAGAATGATTTGACGCAATATCTCCAGGTCTCGTACTAACCA
CATCTTGTTATCGGCCCGCTCCTCTAGCTTGGATCCCTCTATGCGCGTTATCACCGACTGTTGTAGCACGTCCATGATCATGCGGCGCCAAGCCT
TTGGTCTTCCAGGCGGCAGGAATCCTGTGACCTTTTGCTGCTGCAACGCGAACTGGTCGTTTTTCTCTTCCCGCTCTATGATGCGTAGGGCGGTA
ACGATGATGGTGGGCTTCTTGCGCAGAGTGTTCAGCGTGCGGCTAAGAATGAGTCGCAGCTTTTTCTCCAGCTCTTGGGATACCGTGTCAACCTT
CTCGAAGTGACGCTTTAGGGTGATCTTGTCGGACGCATGCTGCTTGGGCTGCTTGTGCAGTTCGTAGAGAAGATCATCCCGCGAATTCTCCAGAT
CCGCCAGGCACTGATGGGCATTAAGCAGCTTATCATCCTCGATCAGCGCCATCGTCTTTTGTACGCTGGCATCTACGTTGAAGATGTGCTTCAGA
TTCTCCATGGCGGTGGCGTACTGGGAGTGCTTTGTGTTTTCCTCCCGCACAACTTCCAAAGCGTCGTAGACTTCGGGAACGCCCCTCAGCAGGCG
CTCCACCTCGTCCATTCGACGCCTTACCTCGCGCACGTCCTGCATGCAGGTCTCCAACTGCTTAAGTCCCACCCTGACCCCGTCCAGCTGTCCTT
GCATTCCGGTCTTAAGGAGCGCCTCAACGGATGCCTTCTTCCGGGCGATTCGGTGGCGATATTGTTCCACCTTCTCCAGTTGACCTGGTCGCTGC
AACATGTTCTGTATGTCCTTGAGCGCTGCCTGGCGAGCCTGCTCCTCCAGCTGCTGTAAATCCATCTTCAATTTATTTGGATCACTTTCAGTCTC
TGTTTTGGTCAATCTTCGTCAGCAGTGGAAGTGCTGGTGTGACCATATAGCAGTGCGGCTGACAATCTCACTTCCAAGAACTACAGTGTAACTTG
ACAATAAGCTATATTCTACTCTTAAAATTATTATAGTTTTATTGTGTCTTAAAATTTTTATTTTATTCTTCAAGCTTAAAAAATTATGAAGTTAA
AGTATATCTTTTAGTTTGCCAAAGCAACAGAGGATTCGACCTAAGTATGGAAAACTGTACTTATCGATAAGTTATCTTCTCATTGGTCTATCGCC
ATCGAGAGCTTTGTTTGTTTATAATTTGCAGCCAAACGTTTGAACGTAAACAACGCCCTAAGCAAAACATGAGCACGGAAAAAGAGATAATTTTG
CAATTTGCTCCGTGGGAATCTTTTGTGTCGCCCACTTTCTGGCACAAGCTAGCGGAGCTTAAGCTCGACCACGATCGCCTGTCCGACTCGAAACG
CTCCATTACTGGACACTACACAAATCGTAATGCAAGTGGATGCCTTTTGGAAGTAGACTACACGGCCTACAACAGGTGAGCTTGAAAACTACGAG
TTTGATGAAACCAGCGCTTGACCACCCACATTCCAGAATGGCAAAGCCTCCAAAATTCAGCCATTCCGCTATAGGCACCATCTACAATAAGAACA
CAATCGAAGAGTTCAAGGCCCTGGACAAATTACAACTGCTGGCCGATGAGGGCAAGGAACTGCTGGCTGATATGTGCAGTGGTGGCGCCTTGAGA
GATCCCAGTCTATTGACCCGGTTCTTTGTTCTCTCCTTTGCCGATTTAAAGTGTCACAGCTACTACTATTGGTTCGCCTTTCCGTGCCCGCTGAC
GCCCACCTTAAAGCTTCAGGGAGCCGTCCAAAAACTGCGGGACTTGCCCAATAGTAGTAGCTATATAATGGCTCTAAAGGCCTTACCCACTGAGT
CACAGAACTTCTTCATTCTGTATGCTAATGTGGAGAAGAACATTTTCGAAGCCCGTAGTTTAAGTTCCCTTGACGATAAAAATGT
(SEQ ID NO: 592)

Exon: 3455..3163
Exon: 3060..2692
Exon: 2622..2419
Exon: 2353..1001
Start ATG: 3390 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT16986
AGCACTTCCACTGCTGACGAAGATTGACCAAAACAGAGACTGAAAGTGATCCAAATAAATTGAAGATGGATTTACAGCAGCTGGAGGAGCAGGCT
CGCCAGGCAGCGCTCAAGGACATACAGAACATGTTGCAGCGACCAGGTCAACTGGAGAAGGTGGAACAATATCGCCACCGAATCGCCCGGAAGAA
GGCATCCGTTGAGGCGCTCCTTAAGACCGGAATGCAAGGACAGCTGGACGGGGTCAGGGTGGGACTTAAGCAGTTGGAGACCTGCATGCAGGACG
TGCGCGAGTACGCCACCGCCATGGAGAATCTGAAGCACATCTTCAACGTAGATGCCAGCGTACAAAAGACGATGGCGCTGATCGAGGATGATAAG
CTGCTTAATGCCCATCAGTGCCTGGCGGATCTGGAGAATTCGCGGGATGATCTTCTCTACGAACTGCACAAGCAGCCCAAGCAGCATGCGTCCGA
CAAGATCACCCTAAAGCGTCACTTCGAGAAGGTTGACACGGTATCCCAAGAGCTGGAGAAAAAGCTGCGACTCATTCTTAGCCGCACGCTGAACA
CTCTGCGCAAGAAGCCCACCATCATCGTTACCGCCCTACGCATCATAGAGCGGGAAGAGAAAAACGACCAGTTCGCGTTGCAGCAGCAAAAGTCG
GTGATAACGCGCATAGAGGGATCCAAGCTAGAGGAGCGGGCCGATAACAAGATGTGGTTAGTACGAGACCTGGAGATATTGCGTCAAATCATTCT
CGAGGATCTGCGCGTTGTGAAGTCCCTTTGTGTGCCCTGCTTCCCGCCGCACTACGACATTTTCGGCGAATATGTCAAGTTCTATCACGAAGGAC
TTTCTAGCTATCTTGACAACATTGTGCGCTCGGGCTTGGAGGGCAATGAATATGTATCAATGATGGCTTGGGTTACACACACCTATCCTGGCGTC
GAGCTGATGTCCCATCCGGATCTTAATGTGGATGTACACCGACAGATAGGTACTCTGCTGCGTCCGGAACATCTCAAAGCGCTGGAAGATGAATA
TCTGCAAAATATGCAGAGAAACTTCCAGGAATGGATGACCAAGGCCGCAGAAACGGAGAAGCAGGAGTGGTTTACTGAGACGGTGCCCGATCAGG
ATGAGGAGTACTACCACACTTCAGCGCCTGTCATCATATTCCAGATGATCGACCAGCATCTGCAGGTGACCAACACAATTCATCAGGAACTGACG
TTCAAGGCGTTGGTAATGAGCATTCAGCAGGTGGAGATCTTTGGCCAGACATATCTTAAGAACGTAATCGAGCTGAAGGAACACCATTTTCGCAA
TCGGGACCAGATCAAATACTTCACTCACTACATCATCACCATCGTGAATAACAGTCAGCAAATGGTTGAACTGGCGCAGCAGATGAAACAACTCT
ACTGGCCCAAGTCACGTACTGAGCATTATGAGGATTTCGAACGTTTGCTTGCCACATTCCAGCGGATCCGGGCTCATGCCGCAAGTTACTTGCTG
GAGGAAGCCTTCCTGGACATGGAGTGTCACTTTAACGACCTATTCACTGCCAAGTGGCTGGCCAGTAACATTGCCGTGGACACCATTTGTGTAAC
GCTGGACGATTACTTCCAGGACTATAATCACCTGCGACCCAATAACTTCGAGATGGTCATCAACGAGGCCCAGAAGCTGCTGGCCAAGCGCTACA
TTAGGGCACTGCTATCCAAGCGACTGTCTAAGCCACGGGCCGAGTGCGATGCCATTACGCGAAAAATCAAGACCGAAGCCAAGCGGTTTAAGCTC
TTCTTTGAGAAAATCGCGCCGAAGATTTCCCTCAGCGACTCTCCATTGGATCTTATATCCACGCTATCGGCACTGCTTAGCTCGGATATCGAACT
GCTCGTCTTGGACCTGCACACCTTGCTGGGCAGCTATCCGTCTCTGAACGAGGACCACCTGGTACGGCTCTTTTACATTCGCAACGATGTGAAGG
CGGCCGAGGTGCGCGAGAAGGTGCAGGATGCCATGAAGTCGAAGAAGGCAATGGTCAGCATCGCCAAGCAGGATTGCATCTTCAAGGAGATCGTG
TTCAGCGACAAACTGTGGTAGACCTTGGAGTATAGTTCCCAACCCATTCCGCATGTCCCTTTCTGTTCAGTATCGTATTTACTCTTAAGCTGCGA
TTGTAATATTATTGTGCTTTATCAACAAATAAAT
(SEQ ID NO: 593)

Start ATG: 66 (Reverse strand: CAT)

MDLQQLEEQARQAALKDIQNMLQRPGQLEKVEQYRHRIARKKASVEALLKTGMQGQLDGVRVGLKQLETCMQDVREYATAMENLKHIFNVDASVQ
KTMALIEDDKLLNAHQCLADLENSRDDLLYELHKQPKQHASDKITLKRHFEKVDTVSQELEKKLRLILSRTLNTLRKKPTIIVTALRIIEREEKN
DQFALQQQKSVITRIEGSKLEERADNKMWLVRDLEILRQIILEDLRVVKSLCVPCFPPHYDIFGEYVKFYHEGLSSYLDNIVRSGLEGNEYVSMM
AWVTHTYPGVELMSHPDLNVDVHRQIGTLLRPEHLKALEDEYLQNMQRNFQEWMTKAAETEKQEWFTETVPDQDEEYYHTSAPVIIFQMIDQHLQ
VTNTIHQELTFKALVMSIQQVEIFGQTYLKNVIELKEHHFRNRDQIKYFTHYIITIVNNSQQMVELAQQMKQLYWPKSRTEHYEDFERLLATFQR

IRAHAASYLLEEAFLDMECHFNDLFTAKWLASNIAVDTICVTLDDYFQDYNHLRPNNFEMVINEAQKLLAKRYIRALLSKRLSKPRAECDAITRK
IKTEAKRFKLFFEKIAPKISLSDSPLDLISTLSALLSSDIELLVLDLHTLLGSYPSLNEDHLVRLFYIRNDVKAAEVREKVQDAMKSKKAMVSIA
KQDCIFKEIVFSDKLW*
(SEQ ID NO: 594)

Name: sec6 -like
Classification: transporter

Celera Sequence No. : 142000013384663
TTAATTCTCATTTTGTCATTCAGCTGAAGCTGCTTGGCTATCTAATGGGTACGATATTAATTGGAGTGGCTGGCGTCGCTATTTATCGTTACAAG
TACTAAGGACAAGCATTGCACACGAACTACTGGTTATTTTAAGCAATTGAAATGCATTTTTTAAGTATATATAGAAGGCAAAATTATGAATGTTG
GAAAGTCGCAGTTGCTTATTATGATGATATGGCTCTCGTTGTACATTTAATGCTATGCACACTTCACAATAGTATGTATCTTTCAAATAGTATGG
TTTTGGATATCGTACATATAATGTTAAAGCTTAAGTTTAATCAACTACATTCTGTCAGACAAGTAACGGGAATTGTTAAAATAAACACAATATTC
TCATCATTATGTTTTATACAATTTTCAAACGAAATAAAGCAACACAATCGAAATCAGACCATATTTATGAACTTGCAATAAGGTTCGAAAGAAAG
CATATGAAATACCATATGAATGTAATGATACTGATAAGAGCAGCACTGATAAGAACTCCTAACTTGATTTTTTTTGTTCGTTACTTAAATAATGC
ATGATTTAACTAAACTCTGCTCTAATCTAAAAGGCAAACGAACTTTTGTAAAAACAAATCGGAACATCCGTTCAAGAGATATAATTTTCTTCTAT
CGCGACTTAGAATGATTAAATGATGGTGCGAATTTAAACATGCTGATTCATTGTTTGCGTATGGTAATCGACATGACAATGGGTATATTTGGGTC
TCCCAAGGCTGTTTCTATGGGGGGTCGTGGAGGTAATGCAGCTGCGATCGTATATAAACCTATCAAGACATCAACAATTTTCAGTATCTGATCAC
TATATCAACAATAATTGTGAAAAAAAAAACCAGCAATAACACAAAGCTTTATTTACCACATCTTATCAGTTCGCCACAATCTGTAATATCTATTCG
ATCTATCCAGAAAGTCTATATGTTTACAAACGTATGTTTATAAGCAAGTGTTTATAAATATCTTTCATTTGAGACAAAACACTTTTATTGGGGTG
ATTAATATACAAATTCATAAGCTTTCGGTTAAACAAATTCCTGCGAAAAATAAAAAAAATACATGTGATGCGAGTAACTTAGGCCTTCGATGCAA
TTTCAAGGGCCTGCTCCAGATCCTTGATCAAATCATCGGCATCCTCCAGTCCGACGGACAAGCGAACTAGACCGTCAGTGATGCCCAAAGTTTTC
CTATCCTCCGCTGGAACCGAGGCATGGGTCATTATTGATGGAAGCTCGGCCAGACTCTCGTAGCCACCCAGACTCTCTGCCAGGGTGAACACCTT
GAGGGCCTTGAGGAAAGCCGAGGAGTGCTTCAGCTCGCCCTTAATGTAGAAGGAGAACACGCCGCTGTATCCGTATGCCTGCTTCAGAGCGATCT
TGTGCTGCGGATGGGAGGGCAAAGAGGGATGCAACACCTTCTCCACGAACGGATTCGTCTCCAGGTATTTGGCAACCTTCAGAGCATTCTTCTGG
TGCTGTTCCATGCGCAGCGAGAGCGTCTTAAGACTTCTGTTCACCTGATAGCAGTCGAATGGAGACGGCACAATGCCCACTGCGTTCTGCAGGAA
CTTCAAGCTTTTGTAGAGCTTCTCCGAGTTCATGGTGATGCCACCCATGACCACATCCGTATGACCGTTCATGTACTTGGTCAGGGAGTAGCAGA
CCAGATCAGCGCCCAGCTCCAAGGGTCGCTGGAAGTAGGAGGTCAGGAAGGTGTTGTCGACGGCCAGGACGATATCCTCGCGTACTCCATGGACC
AGCTGCGCAATAGCCTCGATGTCGGCTACCTTTACCAATGGATTAGTTGGTGACTCGATCCACACCAACTTGGTCTCCGGCTTGATGGAACTTTT
AATTAGATCCAACTTCGTGGGATCCACAAAGGTGGCTGAGATTCCCAGACGGGTGGCAACCTGTCGGATCAAACGGTTGGTGCCTCCGTAAACAT
CGTCGCCCATGATGATGTGATCGCCGCTGCTCAGCATAGTTAGCACAGCGGTGGTGGCTCCCAATCCCGATGAGAACGTGAGGCCGTATTTGGCA
TTATCCAAGGCGGCGAAGCACGTCTCCAGCACGTTCCTAGTGGGATTTCCACTGCGGGAGTACTCATAGCCCCTGTGCTCGCCCGGTGCATCTTG
CTTGAAGGTGGTGCTCAGCGATATCGGCGGAATCACGGCAGCACTCTTCCACTGGTCGGGGCTCTGGCCCGAGTGGATGGACTTGGTGGCGAAGC
CGCTCGGCTGGACTCTGTAGCTCATCTTGTCTGGGTAGGAGGATCGTTGGGAACTGACTGACACGTGGAGAGAGACCGTCGCGAATATATATACT
CCTGCCAGATGTTATCGCCTAGCCGGTAATTAAATATTTCGACCGTTACAACACTACATTCGCCGACAGTGATGGAGCTCTAGCTATTAAACGGC
TAGAAAACGGAACCCTTCAAAAGTAACGATACATATATGCATTGAAACGATGGATATTCTTACTTTCCTTAGAACTTCTTCGATTATTTATACAA
TAATTTATTTGTTGATAAAGCACAATAATATTACAATCGCAGCTTAAGAGTAAATACGATACTGAACAGAAAGGGACATGCGGAATGGGTTGGGA
ACTATACTCCAAGGTCTACCACAGTTTGTCGCTGAACACGATCTCCTTGAAGATGCAATCCTGCTTGGCGATGCTGACCATTGCCTTCTTCGACT
TCATGGCATCCTGCACCTTCTCGCGCACCTCGGCCGCCTTCACATCGTTGCGAATGTAAAAGAGCCGTACCAGGTGGTCCTCGTTCAGAGACGGA
TAGCTGCCCAGCAAGGTGTGCAGGTCCAAGACGAGCAGTTCGATATCCGAGCTAAGCAGTGCCGATAGCGTGGATATAAGATCCAATGGAGAGTC
GCTGAGGGAAATCTTCGGCGCGATTTTCTCAAAGAAGAGCTTAAACCGCTTGGCTTCGGTCTTGATTTTTCGCGTAATGGCATCGCACTCGGCCC
GTGGCTTAGACAGTCGCTTGGATAGCAGTGCCCTAATGTAGCGCTTGGCCAGCAGCTTCTGGGCCTCGTTGATGACCATCTCGAAGTTATTGGGT
CGCAGGTGATTATAGTCCTGGAAGTAATCGTCCAGCGTTACACAAATGGTGTCCACGGCAATGTTACTGGCCAGCCACTTGGCAGTGAATAGGTC
GTTAAAGTGACACTCCATGTCCAGGAAGGCTTCCTCCAGCAAGTAACTTGCGGCATGAGCCCGGATCCGCTGGAATGTGGCAAGCAAACGTTCGA
AATCCTCATAATGCTCAGTACGTGACTTG
(SEQ ID NO: 595)

Exon: 2354..1001
Start ATG: 2305 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT17004
CTCTCTCCACGTGTCAGTCAGTTCCCAACGATCCTCCTACCCAGACAAGATGAGCTACAGAGTCCAGCCGAGCGGCTTCGCCACCAAGTCCATCC
ACTCGGGCCAGAGCCCCGACCAGTGGAAGAGTGCTGCCGTGATTCCGCCGATATCGCTGAGCACCACCTTCAAGCAAGATGCACCGGGCGAGCAC
AGGGGCTATGAGTACTCCCGCAGTGGAAATCCCACTAGGAACGTGCTGGAGACGTGCTTCGCCGCCTTGGATAATGCCAAATACGGCCTCACGTT
CTCATCGGGATTGGGAGCCACCACCGCTGTGCTAACTATGCTGAGCAGCGGCGATCACATCATCATGGGCGACGATGTTTACGGAGGCACCAACC
GTTTGATCCGACAGGTTGCCACCCGTCTGGGAATCTCAGCCACCTTTGTGGATCCCACGAAGTTGGATCTAATTAAAAGTTCCATCAAGCCGGAG
ACCAAGTTGGTGTGGATCGAGTCACCAACTAATCCATTGGTAAAGGTAGCCGACATCGAGGCTATTGCGCAGCTGGTCCATGGAGTACGCGAGGA
TATCGTCCTGGCCGTCGACAACACCTTCCTGACCTCCTACTTCCAGCGACCCTTGGAGCTGGGCGCTGATCTGGTCTGCTACTCCCTGACCAAGT
ACATGAACGGTCATACGGATGTGGTCATGGGTGGCATCACCATGAACTCGGAGAAGCTCTACAAAAGCTTGAAGTTCCTGCAGAACGCAGTGGGC
ATTGTGCCGTCTCCATTCGACTGCTATCAGGTGAACAGAAGTCTTAAGACGCTCTCGCTGCGCATGGAACAGCACCAGAAGAATGCTCTGAAGGT
TGCCAAATACCTGGAGACGAATCCGTTCGTGGAGAAGGTGTTGCATCCCTCTTTGCCCTCCCATCCGCAGCACAAGATCGCTCTGAAGCAGGCAT
ACGGATACAGCGGCGTGTTCTCCTTCTACATTAAGGGCGAGCTGAAGCACTCCTCGGCTTTCCTCAAGGCCCTCAAGGTGTTCACCCTGGCAGAG
AGTCTGGGTGGCTACGAGAGTCTGGCCGAGCTTCCATCAATAATGACCCATGCCTCGGTTCCAGCGGAGGATAGGAAAACTTTGGGCATCACTGA
CGGTCTAGTTCGCTTGTCCGTCGGACTGGAGGATGCCGATGATTTGATCAAGGATCTGGAGCAGGCCCTTGAAATTGCATCGAAGGCCTAAGTTA
CTCGCATCACATGTATTTTTTTTATTTTTCGCAGGAATTTGTTTAACCGAAAGCTTATGAATTTGTATATTAATCACCCCAATAAAAGTGTTTTG
TCTCAAATGAAAGATATTTATAAA
(SEQ ID NO: 596)

Start ATG: 50 (Reverse strand: CAT)

MSYRVQPSGFATKSIHSGQSPDQWKSAAVIPPISLSTTFKQDAPGEHRGYEYSRSGNPTRNVLETCFAALDNAKYGLTFSSGLGATTAVLTMLSS
GDHIIMGDDVYGGTNRLIRQVATRLGISATFVDPTKLDLIKSSIKPETKLVWIESPTNPLVKVADIEAIAQLVHGVREDIVLAVDNTFLTSYFQR
PLELGADLVCYSLTKYMNGHTDVVMGGITMNSEKLYKSLKFLQNAVGIVPSPFDCYQVNRSLKTLSLRMEQHQKNALKVAKYLETNPFVEKVLHP
SLPSHPQHKIALKQAYGYSGVFSFYIKGELKHSSAFLKALKVFTLAESLGGYESLAELPSIMTHASVPAEDRKTLGITDGLVRLSVGLEDADDLI
KDLEQALEIASKA*
(SEQ ID NO: 597)

Name: ECDYSTEROID-INDUCIBLE POLYPEPTIDE EIP40
Classification: enzyme
Gene Symbol: Eip55E
FlyBase ID: FBgn0000566

Celera Sequence No. : 142000013384546
CGCGCTTAGTACTCGATAACAAATCGTCGGCGGGACTGGACTACCGACTATTTCAACGAATCATTCGATTCCCGATTGCTTCCGTGAAATCGATA
TTTTCTGACCCAGCTTCATGACATCCCTGTTGAGTTGAATACGCAAAGGTGGCAACCTTATACGGCGACTGAATAAAATAAAAGTGGAATTGTAA
ATTATAAGTGTAAGCACTAGCAATGGCTGCCACCCCAAGCGCACCCGCCAAGTCCGAGATGATCGACCTGACCAAGTTGAGTCCGGAACAGCTGA
TTCAGATCAAGCAGGAGTTCGAGCAGGTGCGTTCCGCATGTGGGTGTGTGATGAGTCAAGTGTGCTCGCGGAGGGGGTTTCTGGAGGAGGGGCGC
CCCAATTGGCACATGCTTCTAAAATCGGTACATTTTTGTGATCCTTAGGAGATTACCAACGTACAGGACTCGCTGTCGACGCTTCACGGCTGTCA
AGCCAAGTACGCCGGATCCAAGGAGGCGCTGGGAACCTTTCAACCCAATTGGGAGAACCGTCAGATCCTGGTGCCCCTGACCAGCAGTATGTATG
TGCCAGGACGGGTCAAGGATCTCAACAGGTTCGTCATAGACATCGGCACCGGCTACTACATTGAAAAGGTGATTTACATTTCCAATCGAACCTAG
AATATTTATTGATTGCCATCTGTTTCTCAAACAGGATCTGGAAGGCTCCAAAGACTACTTCAAGCGACGCGTGGAGTACGTGCAGGAGCAGATCG
AGAAAATCGAAAAGATCCACCTGCAAAAGACGCGCTTCTATAACTCAGTGATGAGTGTGCTGGAGATGAAGCAGGCTGCTGCAGCGAAATTGCAG
TCGCAGCAGCAATCGCAGCCGGCGGTTACCCAGAGCTCCTAGACTACGGAGAACGACAGAGACACGAGACACGGAAAGCATTAAATTATTAAACT
TATTAACGAGATGTGTGCATTTAATTAACGTAGTTTATTAAATTGTTCAGCTATTTCTTGGCTTCTGCCAAAGCCTTGGTGAGAACCTTGACCTT
CTGCTCGTACGCGGACTTAAGATCCTGTAGGGAAAGAAGGTAATAGTATATCAAGTATATCATTGGACTCGAGTTATAAGGCACCTTGAATATCT
GTGACTGGGTGTCGTACTCCGAACGCAGCTTGTCATACACTCCTTTGGAGATGGCTAGTTTCTTCTCCGTGAGCACACACTTGTCTTGCTCCGCC
TTGATCCACTGCTGGCTCTTCTCCAGACGAGCCTGCGTGTGATCACATTCGGCGGTCTTTAGCTGCAACATGTCCTTGGTCACCTGCAGCACATC
CTTAATCGAGTCTACTTGTGTCCTAAGCACTGATATCTGCTGCTCCTGCTGTTTGTTCACCTTGGTCTTCTCGAACAGCAGGGTTTTGGCCTTTA
GAAGCAGCTCCTCCTGCTCTTGTCGTGATTTGGGAGCATCTGTGCCGCCCAGCATGACGGACTGCTTGAGCGACTGCTCCAACTGGACCACTCTC
CGCTTTAAACGCTCATTTTCCGCCTTGGCTTCCTGCAATCAGGGTCAGTAAGTGGGTGCAGCCCGTGGAGACGAGTAACTAACCTCAAAGTCTTT
GCGGAGCGCTCCGATCCGTTTGCGAGACTCCTCTAGTAGTGCCTGTTTTTCGCTTTCCAACGTGAAAACCATGTCCAGCAGTTCGTTCTGCGGCT
GCTCCGGCTGACGCACTTCCTCCTGCCCATTTGCTGTTATATTGTTGTTTAGGTCACCGCCAACAGCTTCATCTTCGTTATGATCGGCCATTTTA
TGAAGAATTCTTTTTAAATGATAAAAATTCGTAGAGCAATGTGCGTTTTCCGTGCTTTTTGGGATGTGTTTTCTTTTTGTATTAATAGACCAAAT
AGATGCACGCTCTATTTATAGGACATCCCACTCTCCGGATCGCTCTCTGCCTGCTCTTGGCCAGATCGCTCTCCCGAAATAACAAACTGTTTCCC
TCCAATTTAGTTTACGCCTCAGCATATTCTGAAGATCAGTTTATTATACATTGAAGCATGGATGAGAAAGGATTGCGGATGTGCGGTGTTAATAC
AGATCGCGAAGGGCAACACAATTAAATTGTTGTTACAATCAATGGGGCGACAATTGAAAGTGAGTGATTTGATTAAAATTAAATGCCTAAACAAG
ATAGAAGAAATGTGCTTCGCTCGCGGTGAAGAATGTCTAACCGTCCAGCTCGCCGGCAGCGCATGCATCGGCGTAACTCTTGCCGCTCTTGTCCT
CCGGATTCAGCTTGATCATGTCGTCAATACGCAAAATGGTAATGGCGGCCTCCGTGGCGAACTTCAGCGACTTGATCTTGGACATGGCGGGCTCC
AAAACTCCAGCCTTCTTGTTGTCCCTTACCACTCCCTCGATCAGATCCAGACCGGTCCACTTAAGATCCGAACGCTCGGGCTTCGTCTGGCTGGA
GTTGTGGTAGGAGCGGAGCTTGGCCACTAGATCAGTGGCATCCTTGGCCGCGTTCACGGACAGAGTCTTGGGAATGACCAGCAGCGACTTTGCGA
ATTCGGCAATGGCCAGCTGTTCGCGGGAAGCCAGCGAGGTGGCAAAGTTCTCCAGGTAGATCGACAAAGCAGCCTCCACACAGCCGCCGCCGGCT
ACAACCTTCTTGCTCTCCAGCACACGCTTCACCACGCACAGAGCGTCGTGGACGGAGCGCTCCATCTCATCACAGTAGAAGTCATTGGGACCACG
CAAGATAATGGATGCGGCAGCACTAAAAAGGCATAGGGATACGATAAAGCAAACTATGTTACTGCATGATATAATCTGCACTTACCGTGCCTTAG
TGCCCTTGATGAGGATAAGTTCAT
(SEQ ID NO: 598)

Exon: 1874..1604
Exon: 1552..1130
Exon: 1069..1001
Start ATG: 1801 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT17018
ACACATCCCAAAAAGCACGGAAAACGCACATTGCTCTACGAATTTTTATCATTTAAAAAGAATTCTTCATAAAATGGCCGATCATAACGAAGATG
AAGCTGTTGGCGGTGACCTAAACAACAATATAACAGCAAATGGGCAGGAGGAAGTGCGTCAGCCGGAGCAGCCGCAGAACGAACTGCTGGACATG
GTTTTCACGTTGGAAAGCGAAAAACAGGCACTACTAGAGGAGTCTCGCAAACGGATCGGAGCGCTCCGCAAAGACTTTGAGGAAGCCAAGGCGGA
AAATGAGCGTTTAAAGCGGAGAGTGGTCCAGTTGGAGCAGTCGCTCAAGCAGTCCGTCATGCTGGGCGGCACAGATGCTCCCAAATCACGACAAG
AGCAGGAGGAGCTGCTTCTAAAGGCCAAAACCCTGCTGTTCGAGAAGACCAAGGTGAACAAACAGCAGGAGCAGCAGATATCAGTGCTTAGGACA
CAAGTAGACTCGATTAAGGATGTGCTGCAGGTGACCAAGGACATGTTGCAGCTAAAGACCGCCGAATGTGATCACACGCAGGCTCGTCTGGAGAA
GAGCCAGCAGTGGATCAAGGCGGAGCAAGACAAGTGTGTGCTCACGGAGAAGAAACTAGCCATCTCCAAAGGAGTGTATGACAAGCTGCGTTCGG
AGTACGACACCCAGTCACAGATATTCAAGGATCTTAAGTCCGCGTACGAGCAGAAGGTCAAGGTTCTCACCAAGGCTTTGGCAGAAGCCAAGAAA
TAG
(SEQ ID NO: 599)

Start ATG: 74 (Reverse strand: CAT)

MADHNEDEAVGGDLNNNITANGQEEVRQPEQPQNELLDMVFTLESEKQALLEESRKRIGALRKDFEEAKAENERLKRRVVQLEQSLKQSVMLGGT
DAPKSRQEQEELLLKAKTLLFEKTKVNKQQEQQISVLRTQVDSIKDVLQVTKDMLQLKTAECDHTQARLEKSQQWIKAEQDKCVLTEKKLAISKG
VYDKLRSEYDTQSQIFKDLKSAYEQKVKVLTKALAEAKK*
(SEQ ID NO: 600)

Celera Sequence No. : 142000013384832
ATGCAATATATTCAACTACTATCATTATTTTGCGGATCGGCGATTCTTAAGGTTGCGTTCCAGTTTGTGATGAGGCTTGCCTTCGTTCTTTCCTG
TCTTCTGAGTGATTCTTTGAGCATCCCGACTGCGAGTTTGGCGCACGGATTGCTGGGCATCCTTGGGAGGATTGGTTTTACGCTGCTTTGGAGGC
GGCGGCGTGAAGGATTCGTCGCTATCGTCTAGGTGGTCCTCATAGAGAGCATCGTCTTCTAAGTATTCCGTCACGAATTCTTCCTGCTTCACATT
GTCCATGTCTTCAAAATCGTCAAGATGTTCCTCCTTCTCATCGACGCCGCCTTCTCCTTCGCCGTCGTCTTCGAACTCGTTCTGGTACGGCTCCA
TTTCCACCACATGATCGTCCTCGATGTGGCGCTGCAGGCATTTCTGCGTCAAGAAGATGTGGTCACAGAACTCGCAGGCATGGCGCTCGCTCTGC
TTGTGCTGGTCCATGTGGCTCTCGACACTGTCGATATCTTCGATCTGCTTGCGACACATGGGACATTTCAGGCTGGCGGTGGCATGAATGAGCGC
ATGATCCAGTAGGTCGTTATAGTTGCTGTACGACACCTTGCACTCACTGCACACGAACGAGGCGTCGGAAGTCTGCGTGTGCGTGCGCAGGTGGC
GCGAGAGATGATGCGACAGCATGTAGGACTTGTGGCAGTACTTGCAGGGATAGGCTCTCTTCCCGGCGTGGGCAACCAGGTGGCGGGCCAGCTTG
GAAGCGGTGGAAAAGCTTCTCTCGCAATGCTGACAGGGGAAGGGAAGATTGGTGGAGTGGACTGTCTGAAAGTGGACATAATCGTTAGCCGGGGC
AATCCCAAATATGCTTGTCAACCCACCTCATGACGCTCCAATCCCTGCTTGAAGGCAAACGACTTGGTGCAGACACCGCATTGGAACGGACGCTT
CTTCTGATGTCGCTCGGCGTGCTTCTCCATCTCCTGGCGCGAAAGGAAGGGCTTCTCGCAGTACACGCAGATGAACTTGGGTACGTCCGTGTGGG
TGCGCTCGTGGCGATGGAGCAATGCCTTCCGTGTGAAGGCTTTCGAGCAGATGGCGCACTTGAATGGCCGCTCGCCGGTGTGCACAAAGTTGTGC
TTGGCCAGGTCGTACTTGGAGAAGAAGCTCTTCTCGCACAGGAGACACTGGAAGCTGCGCGAGCGAGTGTGATTCAGCCGATGGATCTCGAGCAG
CTGCTGCAGCGGAAAGGAGCGTTCGCAATCGGGACAGGGGAACACATCGGTGGCCACCTTCTCGGCGTTCTTGGTCGGATCATCTTGATCGTCCA
ATGGCAGATCCGAGTCCAGAACCTCTGTCACTATGGCCACATTGCCACTATCATCTCGCTTGACTTTGGGTGTGGCCAGGCGCGGTTCCACCGGA
GCGGCGGGTCCCTTGTTCAAGATCCTAATCGAGGACTTGTTCAGCACCTTCGGCTTGACGGGTGATGCCTTCTGGGGGATATCGGGGAACTCCTT
CTCTAGCTCACTGGCCATATCCTCCAGCATGCTCTGCACATCGTCCATGGACAGCTCCTGGTTGTTATCCACCTTCAGCTCATAGGCGTGCGAAC
GACGTGGCACTGGAGAGGAACCGGCTACCGTCCTGGGGGTCACCATGGCGCTCTCCAGCACCTGGACGTCCTCGATGATCACCTGACTACTGGAT
TTGGCCATTGTGTTCAGCAGCTTTTTGGGCGTTTCGCTTGGCTCGGCTGTCTTTGCTGGCACGACCAACAACTTCTTGGAAGCCACCATCGTCAT
GGGCGCACGGGGCTTCTCCAGCGGCGATGGCCAGTTACCCGTGAGCGGATACTGGCGCAGGAGGGTCTCCGCCCGCTTGCACATCTGCTTGAAGC
GGTAGCAGTGCTCGAAGAGGAGGCGGCACTCCAGACAGATGTGCCCCGGCATTCCGTCGCCGGCGTAGACCTGTTTTTAATGTTAGATTAGATAA
ATGTGTGAGTGACTAGGAAGCTACATTTATTCGGGGAAGTCCGTGCTTAAGCCAAATAATAAGGTAATATTCGTGGAACACCCCTATATGTTTTT
CGCTACATAATAAATTAAACGCCATAAATGTCTCTTTCCCTTAAAATGAACAATATAATGTTAGAGTTTAAATTTAAACAAAGGCGCCGAGGACC
AGAACACCCTCTACAAATTAATCGATGGCCACCAATCGATGATTAGTGCTATCGACGAGCGGCCATCGCCGCTTGGCGGCAAGTGCATACACACG
ACTACATGCAATCGCAGTTTGTTTTCGCCGCTCAGAGCACGCTTAACCTCCGTTAATTGATTGATTAAACACGTCCGACTGTGAGCCATAAAAGG
ACATTCGCTCGATCGAAAGCCGACAAAAGCTGGCTGAGAAGCGCAAAACAGCTGCGCTGCGCAAAGTTTGGCCAACGCAGAGCAATAGAAAACAG
AAGCAGTGTCAGAATAAAACAAGAATCAGACCAAAAAGGGCGCAACAACTGCGGAGAGAGAAAAGGAAGGAAAGAGCAGCGCGTGAGCGAGGGAG
GAGCAGGAGGGAGCGAACAAAAGGCAAGAGGAAACACAAGGAGAAACGCAAACAATCAAAACAAGAACTTAAGCAAGAAAAGGGGCGCAAGATGA
CCGACGAGTGCGTAACCAGAAACTACGGAGTAGGCATTCGCAGCCCAAATGGATCGGAAAATCGGGGCAGCTTTATAATGGCTGATAATACCGAT
GCCAAGGGCTGTACGCCGGAGTCTCTTGTTGTTGGTGGTGCAACTGCAGCGAGGTGAGTCCATGTGCCTCGCTCTCTCCCTCTCCCATCTCTCTC
TTTATGTTTCTGTGTTTTGTTATCAATGCAAGTACTGGCATAACTGCTATATCCTAGTTTCAAATGCAGCATATAAAGCTCTTTTTTTTTTATTT
ATTCCATTTTCATTCCACAATCTATTATTTTTATATTATTTATACTGTCTATTGCCAACATTTAAAATCAATGTGTCAATCTGTCTTTATAATGT
TGTTAAAATGGCTGAAGTCACAAAGTTTGAAAGCACTTGACTTTAATTCTATTGTTCTATTTAGTCTTATTCACAAATATATTTGAAAATAATTA
CATAAATAAATACCCAATCATCGATTATTTCGCCGATTACCTTATCTTATCATGCTGCTTCCCAAATGGCTATTATAATTCTGATTTCTTTTTCC
CCAGCCCCTTGCCGGCCAACAAGTTTGTGGCTCGAATGCCCGTGGAACGATATGCAAGCGAATACAACATGAGTCACAAGCACCGCGGAGTTGCG
CTGATCTTCAACCACGAATTCTTCGACATACCCTCGCTGAAGAGCCGCACCGGAACAAATGTCGATGCCCAAGAGCTGAAAAAGGCCTTTGAAAA
CCTGGGATTCGCGGTGTCCGTGCACAAGGACTGCAAGTTGAGGGACATCCTGAAGCACGTGGGGAAGGCCGCCGAGTTGGACCACACGGACAACG
ACTGCCTTGCGGTGGCCATACTCTCGCACGGGGAGCACGGCTACCTGTACGCCAAGGATACGCAGTACAAGCTGGACAACATCTGGCACTACTTC
ACTGCCACCTTCTGCCCCTCGCTGGCGGGCAAGCCGAAGCTGTTCTTCATCCAAGCCTGCCAGGGCGATCGCTTGGACGGAGGCATCACTCTGGA
GAAGGGCGTTACCGAGACGGACGGGGAGTCCTCGACGAGCTACAAGATACCCATACACGCCGACTTTCTCTTCTCCTACTCGACCATTCCGGGTA
AGGAATATGATTAGGTAACTATTTTAGTGAATTTCACTAGCAATCTCGTCCTGTTAGGCTACTTCTCCTGGCGCAACATCAACAATGGCTCCTGG
TACATGCAATCGCTGATCCGCGAGCTGAACGCCAATGGCAAAAAGTACGACCTGCTCACCCTGCTTACATTCGTTAACCAGCGCGTAGCCCTAGA
CTTTGAGTCGAACGTGCCCGCCACACCGATGATGGATCGCCAGAAGCAAATACCGTGCCTCACCTCCATGCTGACGCGCATACTGCGCTTCGGCG
ACAAGCCGAACGGCAATAAGGCTGGCTAGGAAGAGATCTCCCTTCGAAGAAGAACTTTCAACAGAGGTTGTACAACCATCGCCCGCAATCATTCA
CGTTGGATTCCAATTCACTTCAAGTTTAGTTTTAGCTGACGCGTGCGATTATCCCGATGGATATTGAAGCACCCGACTCCCTTTCATTCATTCCC
CTGCCTTTCCCATGCCCATTTCGGCCTTATCATTGACGAAATTCGTTACCCATTTACCCACTAGATGACTTCCGTATGCATAAGCGAGACCTTGC
CAATAGAAAACCCACAAATTTGAGATAAGATAATACAATGAAGATTTATACATACATACATACTTTTATGTACACGCAAACATTTATATTTGATA
TGAATAAAAATGAATTAAAAACATAGCAAGGTATCTCCCCAATTGAACGTAGATGGGTAATTTCGATCTAAGCAACTTTGTTTGAAGACAGGAGC
TGTCTGGGCCAGATTGAGTACGTTGATATGGGAAATAAAAGATAACAATGAAGACTTGGTTGGCTGAATCAGTGAAATTGTACGAAACTTTAGTG
GAATTCAAATTAGCATTATTAAGAGTGATTAATTAAGATTTTTCTCACTCTAATTTTATTAATTTCCTAAATTTTATATTTATTTCCTAATTTTA
TAATTTAGGAAATTAATAAAATTAACCAAATGATGATTTTTGCGTAAATATAAGTATCGAAGGAACTATTAATGCATTTAAATATGATCTCGATT
TGAATTTAGCGCCAAAAACAACTGACAGCTGTCAGGGCGATCAGCTGTTGACGCACTAGTGTGCGTGTGGCGCAGTACAGTTGCCCCAAATCGCA
GAAATTTTCATTTTTCTTTGCACAAGAGGAAAAAGGGAAAGCCCAATGATTAGCCAACTAATTGGGCTGTAACCTGGTCGCACTTTTCAAGGACA
TTCGGCTGGGAAAGGGAAGCGGGGCAGTTTGGAGCGGGGAAACTTAGCCAAGACGCCTCGCAGTCGATGCGGAAACCCGCGATGCGGCTTCTTAG
CCAAGTTATGCGTGGCGCTGGTTAGTGCAAGCCAGAACCCATGGATGGAGCCGCTTACCTCGATCGCCGTGATGGCCATAATCTGCAGCGGCAGA
TTGGCGGTTGTTTTCACCCGCGGATTCTCCTCGAAAATCGAGGCCAGCTTCTGCTCGGTCAGACAGAAGCGGCAGACCCTCTTCTCGGTCAGCAT
GGCCTCGCGCACCTCCAGTTTCGCGGCCATCGGCAATTGGCGGTAATTCGTTCCGGGCGGCGGTAGAAACGCGGAATTTCACTTGCAAAGTGCGT
ACAGATTACAAATGAGAGGAAAACAATCGCTTGGCGTCGCTTAGAGATGTGCACTATGCAGATATCGATGTTTCTGTGT
(SEQ ID NO: 601)

Exon: 1001..2808
Exon: 3235..3797
Exon: 3858..4494
Start ATG: 2657

Transcript No. : CT17064
GCTTCTCGCAGTACACGCAGATGAACTTGGGTACGTCCGTGTGGGTGCGCTCGTGGCGATGGAGCAATGCCTTCCGTGTGAAGGCTTTCGAGCAG
ATGGCGCACTTGAATGGCCGCTCGCCGGTGTGCACAAAGTTGTGCTTGGCCAGGTCGTACTTGGAGAAGAAGCTCTTCTCGCACAGGAGACACTG

GAAGCTGCGCGAGCGAGTGTGATTCAGCCGATGGATCTCGAGCAGCTGCTGCAGCGGAAAGGAGCGTTCGCAATCGGGACAGGGGAACACATCGG
TGGCCACCTTCTCGGCGTTCTTGGTCGGATCATCTTGATCGTCCAATGGCAGATCCGAGTCCAGAACCTCTGTCACTATGGCCACATTGCCACTA
TCATCTCGCTTGACTTTGGGTGTGGCCAGGCGCGGTTCCACCGGAGCGGCGGGTCCCTTGTTCAAGATCCTAATCGAGGACTTGTTCAGCACCTT
CGGCTTGACGGGTGATGCCTTCTGGGGGATATCGGGGAACTCCTTCTCTAGCTCACTGGCCATATCCTCCAGCATGCTCTGCACATCGTCCATGG
ACAGCTCCTGGTTGTTATCCACCTTCAGCTCATAGGCGTGCGAACGACGTGGCACTGGAGAGGAACCGGCTACCGTCCTGGGGGTCACCATGGCG
CTCTCCAGCACCTGGACGTCCTCGATGATCACCTGACTACTGGATTTGGCCATTGTGTTCAGCAGCTTTTTGGGCGTTTCGCTTGGCTCGGCTGT
CTTTGCTGGCACGACCAACAACTTCTTGGAAGCCACCATCGTCATGGGCGCACGGGGCTTCTCCAGCGGCGATGGCCAGTTACCCGTGAGCGGAT
ACTGGCGCAGGAGGGTCTCCGCCCGCTTGCACATCTGCTTGAAGCGGTAGCAGTGCTCGAAGAGGAGGCGGCACTCCAGACAGATGTGCCCCGGC
ATTCCGTCGCCGGCGTAGACCTGTTTTTAATGTTAGATTAGATAAATGTGTGAGTGACTAGGAAGCTACATTTATTCGGGGAAGTCCGTGCTTAA
GCCAAATAATAAGGTAATATTCGTGGAACACCCCTATATGTTTTTCGCTACATAATAAATTAAACGCCATAAATGTCTCTTTCCCTTAAAATGAA
CAATATAATGTTAGAGTTTAAATTTAAACAAAGGCGCCGAGGACCAGAACACCCTCTACAAATTAATCGATGGCCACCAATCGATGATTAGTGCT
ATCGACGAGCGGCCATCGCCGCTTGGCGGCAAGTGCATACACACGACTACATGCAATCGCAGTTTGTTTTCGCCGCTCAGAGCACGCTTAACCTC
CGTTAATTGATTGATTAAACACGTCCGACTGTGAGCCATAAAAGGACATTCGCTCGATCGAAAGCCGACAAAAGCTGGCTGAGAAGCGCAAAACA
GCTGCGCTGCGCAAAGTTTGGCCAACGCAGAGCAATAGAAAACAGAAGCAGTGTCAGAATAAAACAAGAATCAGACCAAAAAGGGCGCAACAACT
GCGGAGAGAGAAAAGGAAGGAAAGAGCAGCGCGTGAGCGAGGGAGGAGCAGGAGGGAGCGAACAAAAGGCAAGAGGAAACACAAGGAGAAACGCA
AACAATCAAAACAAGAACTTAAGCAAGAAAAGGGGCGCAAGATGACCGACGAGTGCGTAACCAGAAACTACGGAGTAGGCATTCGCAGCCCAAAT
GGATCGGAAAATCGGGGCAGCTTTATAATGGCTGATAATACCGATGCCAAGGGCTGTACGCCGGAGTCTCTTGTTGTTGGTGGTGCAACTGCAGC
GAGCCCCTTGCCGGCCAACAAGTTTGTGGCTCGAATGCCCGTGGAACGATATGCAAGCGAATACAACATGAGTCACAAGCACCGCGGAGTTGCGC
TGATCTTCAACCACGAATTCTTCGACATACCCTCGCTGAAGAGCCGCACCGGAACAAATGTCGATGCCCAAGAGCTGAAAAAGGCCTTTGAAAAC
CTGGGATTCGCGGTGTCCGTGCACAAGGACTGCAAGTTGAGGGACATCCTGAAGCACGTGGGGAAGGCCGCCGAGTTGGACCACACGGACAACGA
CTGCCTTGCGGTGGCCATACTCTCGCACGGGGAGCACGGCTACCTGTACGCCAAGGATACGCAGTACAAGCTGGACAACATCTGGCACTACTTCA
CTGCCACCTTCTGCCCCTCGCTGGCGGGCAAGCCGAAGCTGTTCTTCATCCAAGCCTGCCAGGGCGATCGCTTGGACGGAGGCATCACTCTGGAG
AAGGGCGTTACCGAGACGGACGGGGAGTCCTCGACGAGCTACAAGATACCCATACACGCCGACTTTCTCTTCTCCTACTCGACCATTCCGGGCTA
CTTCTCCTGGCGCAACATCAACAATGGCTCCTGGTACATGCAATCGCTGATCCGCGAGCTGAACGCCAATGGCAAAAAGTACGACCTGCTCACCC
TGCTTACATTCGTTAACCAGCGCGTAGCCCTAGACTTTGAGTCGAACGTGCCCGCCACACCGATGATGGATCGCCAGAAGCAAATACCGTGCCTC
ACCTCCATGCTGACGCGCATACTGCGCTTCGGCGACAAGCCGAACGGCAATAAGGCTGGCTAGGAAGAGATCTCCCTTCGAAGAAGAACTTTCAA
CAGAGGTTGTACAACCATCGCCCGCAATCATTCACGTTGGATTCCAATTCACTTCAAGTTTAGTTTTAGCTGACGCGTGCGATTATCCCGATGGA
TATTGAAGCACCCGACTCCCTTTCATTCATTCCCCTGCCTTTCCCATGCCCATTTCGGCCTTATCATTGACGAAATTCGTTACCCATTTACCCAC
TAGATGACTTCCGTATGCATAAGCGAGACCTTGCCAATAGAAAACCCACAAATTTGAGATAAGATAATACAATGAAGATTTATACATACATACAT
ACTTTTATGTACACGCAAACATTTATATTTGATATGAATAAAAATGAATTAAAAACATAGCAA
(SEQ ID NO: 602)

Start ATG: 1657

MTDECVTRNYGVGIRSPNGSENRGSFIMADNTDAKGCTPESLVVGGATAASPLPANKFVARMPVERYASEYNMSHKHRGVALIFNHEFFDIPSLK
SRTGTNVDAQELKKAFENLGFAVSVHKDCKLRDILKHVGKAAELDHTDNDCLAVAILSHGEHGYLYAKDTQYKLDNIWHYFTATFCPSLAGKPKL
FFIQACQGDRLDGGITLEKGVTETDGESSTSYKIPIHADFLFSYSTIPGYFSWRNINNGSWYMQSLIRELNANGKKYDLLTLLTFVNQRVALDFE
SNVPATPMMDRQKQIPCLTSMLTRILRFGDKPNGNKAG*
(SEQ ID NO: 603)

Name: caspase-1 precursor
Classification: endopeptidase
Gene Symbol: Dcp-1
FlyBase ID: FBgn0010501

Celera Sequence No. : 142000013384832
TGGGGGTGGGGTAGTTGAGGGGCACGGAAGGAACTGAACAAAATTGAAATAAAATAAAGCACCATAAAACGTACTTAAGATTGACGATTGTGTTT
TTTGGGGGAGCGATCAATGAAAGAGTTTCGATGAAGACAATATATGGCAAGTACAGTTGAGCTCTTTTTTGGATTTGGGCATTCGTGTTGTCTGC
AAAGGGTTATTGATAATTCTATGCTCTTCCCAATTTAGTTAATATTCTTTTATTACTAAATTATGAGGGAATTTTTGTGTCTGATTTCGAGACGG
GGGAACAATCGAAGGAGCCAGAAAGCGACCGAAGAACGCGTTGAGTAAATGCACATTCTGGAATATTTATATAGTACATTTGAATATATATGTAC
TTGATTAGATATAATTGGCTGTCAGTATGTCTCTTGATCGCTCCACTCAATCGCACCAATACTCGGATTCGGATACCGAGCAACCGCACAGATAC
ATTTTCGAAACAAACAAAATGTCGGCAGCTGCTTGTTGTGTTAGCTTATAAATTAAAACGCGTTTCATGGCATTATTATTTGATGGTTTTTTACT
TTTTTTTTTTTCGTCTTATGGCTGCTCAATTCATTCGATTGTTCGTATATTCACATTCTTTTTAGCCCATTCGTACCCATATACCCCCGATATCG
CTCACACCTCCTTCCCCCCCTTCTCCGCTCGGTTCATCTGTCCGCCTGTCTGCTAATTGAAAATCAATTAATGTGACTGCATCCTATAGCTGCTC
ATGTCAAAGTCAGATATCATCCAGGGTAGGGTAAATTCGATGGAATAAGGGAATGAAAACAAGAGAAGGAATTCAAGACTCAACGACTCAGATTC
AGAATCCGAATCAGAATCCTTTTGTTTTCACTGACCTTACTGTCTGAAAACAAAAACCCAATTGATGTGCCCCAAGTAACACTCTGATAATTACC
GAAAAACTCCAAATTTTTCGATTGCTTTCGACTTTGGCAGTATTCATCGCCAAGTTCATTGGGTTTTCGAGTGCGTCCCGCGAATCGCTTTCGTT
TGGTGCGGAATTTGGCACAAGTTTTGTATGCTCAACTACTGGGAAGGCCAATCTGGGGCTTCTAATTCCACTGTGCGGGTAATTTGGGGACTCTT
GCCAGTTACTAGTTACCTCCCAATACGAATCACTGATTTCTCACCTCCTGCCACTCGCTTCTTGCTTCCGTTGCAGGTCAACAAACAGTATTCGG
CCACCGATCTGGAGGCTTTTATGAAGATTGCCGCCAACTGGCAAAATTCCAATCACAACTTGCTGGAGGGCGTCGACATAAAGACGGGTAAGTTA
AACAAAACGAAGTGACCGTTGAAGGAACTTAATTCAATCATCGAATGCTTGCAGAAATGACACAGTACATGAACAGTCCTTCCATGAACATGTAC
AAGAAGAGGGAACGCACCCAGAACTGGAACCACCAGGAGAAGAAATACCTACTCGATCTGTGTCGCAAGGACATGCGCATTATCGAGAACAAGAG
ATTGGATGCCGGTCTGACCGCCGTGAAGAACAAGGCATGGAAGATTATCCACCAGAAGTTCTCCAATCAGTTTGGCACCGATCGCACCTGCAATC
GCCTGAAGGAACAGTGGCGTCGCATGAAGGGTAAGTCTTTATAAAATACATATATTTAATGGCAAAGCTAACCTTTTCGATCTCATCCTTTAGCA
TGTACTCGCAACGAGATCCTGGACTACAATAATCGCCTGGCCAGGTTTGGAGCAGAGGTGGCCGATCGCAAGAAGCCATCTCCGTTCACCTTCGA
GGTGTGGGATTTCATGCAGGAGGCGAAGAAGGCATGCAAATCGGAGGCCCTGGATGGCATTGATTACTCTAAGATTCCACTGGCCTTGGAGGAGG
GTTTTGAGTATCGTGAGGATTACAAATTCAATCCCGAAGACCACGACATGGATGAGTAAGTTGATCGCTATGTGGTAGTCTGAATAGATCTTTAT
TGAGCATTCTCTATTTGAGCAGCAGCCGCACACCGCCGCAGGAACTGTGCGATGTGGACATCAAGGAGGAGGAGAACAACGAGACCTTCAACGAG
ACCTTCAACCATCACCACCTCAACCAGAGCGACATCCTTGGCAGCGGCGAGCGTCTCAGTGTGTCGCCTAATCACAGCATCAGTCGCAACGGGAT
CCACGAGGCCGAGAGTCCCGCCACGATTTCCACATCTAATGTCCTGGACTCGAGCGGTGCCTATATGGCCGGAGGAGGTGACATGTCCGGCTTCC

AGGCCAACTTCAACATGAACAACATATCCGCCACGCTGGAGGCACTGAATGCCCTCCGTTCTGGCCAATTTCCCAGTGCAGCAGCAGCGGCAGCG
GCCGCCATTCACCAGCACCAGGCACAGGCCCAGGTCGCCATGCATCACCAGCACAATAACAACAACAACAATAACAACAACAACGAGGACGACGA
GGACAGCATGAAGCCGCAGTCTAAGAGACAGCGCACCAGCAGTGGTAGCATGTTGGGCAGCGAGGATCAGGCACCAGTCCTGGCCCCATCAGTGC
CAGCATCCTCGGACTCGCAGGCCCTAGAGCGGTCCGGCAGCAGCAATGGATTGACCATGCCGGGAACGGCAGTCAGCACCAATGCCAACAGCAGC
AGCAGCAACAACAACAACTTTGAGCTGCGCATGTTCATGGAGATGCAGAGCAAGGAGCACATGATGCGCATGAAGATCCTGGAGGTGCAGTTGCA
GGCGGCAAAGCACAGTCGCGACCTAGTGGAGATCAACAAGACACTGGCGCTGCAGAAGCTGCAGTTGGAGCTGGCCAGCAAGCGACTGCCCAGTT
AGGAGGCAGTGCAGCAGCAAAAGGAGCAGCAGCAGCAACAGCAGCAGCAGCCCATCGCCGTTTCATGTTACATTAGTTTATAGAAATAAAGCCTG
TCAACTCGGTCACGTTCGCAGGCAGAGAGCGTGATTGGGAATCGACTAGAGTTAGCACTAGAGTTAGTCTTAAGTTGAAAGCAGGATCCACAGCT
ACACATCCAGACCCGACACACAGAGAGACATTCCTGGCATTGTTGATCAGTATTTGAAAGCTAGAAGCGAAACCCGACACACAGAACCGAACCCA
AGAACCCCAGCGAGGATCAGGAGGCGCTCGGAAGTATGCCATAATCTTATGATGATGATGACGATGATGATGATGAATCGCCTACCTCACAAGCA
CACACACACACACACACACAATATGCACACACTCAGCTAGCAGACACACACACACAGACACACTCTCTTCTGGCCTAACCAGCACTTGACCAAGT
CAAGTCAAGTTTAGTTAGTTTCTAGTTTTAGTTCGTATGGGAACCACTCTCTCCAAGTTGCTCAACTACCACAAATGTATTGTACTTACGTTCTT
GACCTCTGCTACCCCACAACTAACGATTTGAACGAACATGAAATGCACACAAGATTATTTTTCATAGTCCTAAGAGAAGAACCTTATATATGTCA
ATGCATCATACACAATCGGCAGTTGTCTCTGATTTTGATTCTTACTTGAACTTGTATTTATTTGTATCTTTGTATAGACTATGTTGATATATATA
TGACCCTATATATGTTTGTTTCAATGCCATATTACATGAAAGTTCTTTTTAATTCATATTTTCCGTTTGCGCTGCAAAACAAATTGTTACCATAT
ATAATATATGATATGTATGTACCCTACGTATAAGCAGGCTTGAAGAAGGCCGCCAACTCGGCTTCAGTTGTCGTAGAAGACTTCTTTGTAAAGCG
TGTAAATGAGAGATACAAATTATTTTAAATAAAATACAAAACAAAACAAGCAAATGTTTCAGCTACACTTTATTAATTTTGTTCATGGTTCATCT
GTGAGCCTTCGGTCTTGGTTTTTTCCAACGATTGTATCTGCTTATCCACCTTGATGATCTTTGTTGTGACTTCGTTCTTCTGGCTGAGAATCTTT
TCTCGCAACGACTTCAGCTGTTCCCGTTGCTGGGTAAATTTGCAATTAAATTTAAATAGATTACTTTCGTTTTTTGAGATCACAAACCAACCAGT
TTAAGGAAATGTATGTTCTCCTCCGCCCTGGCTTTTTCGAACAAATGCTTGGATATGTTCCTGGATACAGAGATGCATCTAATAAGCGAAGCCAT
AAGTGCTCAGAACACGGAACTCACTTGTTGGATTGTGAAAACTGACACATCCTGGGTCGCAACAGTTGGAAAAGCTTTTCGACCAACTTCAGCAT
TGTATCCTTACGGAGGAAGATAATTTGGAATTTACTATAGTAACTGATGAGGTATTTCAAGGTGGAATATTGACAAACTTAAAAGTGATAGCCTA
CCGTTTGATAGGTCATTTTTCGAGACTCTTTTTGAATTGCTCCAACAAATCCTTCAGAGCTTTCAATTCCTTTAGCAGATTCTCCTTGTGTTTCC
TTGATTTGTGGCTAGTTTTGGATTCCAAAATCTTGATCTCCTCTTTCAATTTGACGATATCATTGGCGATTTCTTTAACCCTGTTCTTTTTTATC
TTCATAAATTGCTCTGAGGCCTATGGAATACCCAATTCTACAAGGTTATTCACAACATTAAATAGTTTCGATACATACAAGTTTGAGAACATAGT
TAAGTTCCTCGCCTCTGCCCTTCTCGGAAAATTTGTCAGTGAATTGACGTCTATCATATGTAAAAAAAAAATTATTTTTACGGGTCATTTGAATA
ATAAAATACTTACTTAGCAGGAAATTCGTTTAAATTATTATTCGACCTTGGGTGGAAAATGTTTCTACCGTGGTAAAAGTTTCTATGCCTTGGTA
AATTTCTGTGCAACTCATTGGAAGGCCAACTAATATTTAGAAGATTTACAAATAAAGTTTGGATAAATTTCCAGTACTACATACCAAACTCTTTC
TTGACATAGCACCTGAGGTTGAAATAGCCTGTTGCACGATGCCGAGCCTAAGATTCGTGCAACAGGAAACATGGCTTCTTAAGTT
(SEQ ID NO: 604)

Exon: 1001..1322
Exon: 1385..1645
Exon: 1709..1955
Exon: 2018..4025
Start ATG: 1073

Transcript No. : CT17108
CAAGTTCATTGGGTTTTCGAGTGCGTCCCGCGAATCGCTTTCGTTTGGTGCGGAATTTGGCACAAGTTTTGTATGCTCAACTACTGGGAAGGCCA
ATCTGGGGCTTCTAATTCCACTGTGCGGGTAATTTGGGGACTCTTGCCAGTTACTAGTTACCTCCCAATACGAATCACTGATTTCTCACCTCCTG
CCACTCGCTTCTTGCTTCCGTTGCAGGTCAACAAACAGTATTCGGCCACCGATCTGGAGGCTTTTATGAAGATTGCCGCCAACTGGCAAAATTCC
AATCACAACTTGCTGGAGGGCGTCGACATAAAGACGGAAATGACACAGTACATGAACAGTCCTTCCATGAACATGTACAAGAAGAGGGAACGCAC
CCAGAACTGGAACCACCAGGAGAAGAAATACCTACTCGATCTGTGTCGCAAGGACATGCGCATTATCGAGAACAAGAGATTGGATGCCGGTCTGA
CCGCCGTGAAGAACAAGGCATGGAAGATTATCCACCAGAAGTTCTCCAATCAGTTTGGCACCGATCGCACCTGCAATCGCCTGAAGGAACAGTGG
CGTCGCATGAAGGCATGTACTCGCAACGAGATCCTGGACTACAATAATCGCCTGGCCAGGTTTGGAGCAGAGGTGGCCGATCGCAAGAAGCCATC
TCCGTTCACCTTCGAGGTGTGGGATTTCATGCAGGAGGCGAAGAAGGCATGCAAATCGGAGGCCCTGGATGGCATTGATTACTCTAAGATTCCAC
TGGCCTTGGAGGAGGGTTTTGAGTATCGTGAGGATTACAAATTCAATCCCGAAGACCACGACATGGATGACAGCCGCACACCGCCGCAGGAACTG
TGCGATGTGGACATCAAGGAGGAGGAGAACAACGAGACCTTCAACGAGACCTTCAACCATCACCACCTCAACCAGAGCGACATCCTTGGCAGCGG
CGAGCGTCTCAGTGTGTCGCCTAATCACAGCATCAGTCGCAACGGGATCCACGAGGCCGAGAGTCCCGCCACGATTTCCACATCTAATGTCCTGG
ACTCGAGCGGTGCCTATATGGCCGGAGGAGGTGACATGTCCGGCTTCCAGGCCAACTTCAACATGAACAACATATCCGCCACGCTGGAGGCACTG
AATGCCCTCCGTTCTGGCCAATTTCCCAGTGCAGCAGCAGCGGCAGCGGCCGCCATTCACCAGCACCAGGCACAGGCCCAGGTCGCCATGCATCA
CCAGCACAATAACAACAACAACAATAACAACAACAACGAGGACGACGAGGACAGCATGAAGCCGCAGTCTAAGAGACAGCGCACCAGCAGTGGTA
GCATGTTGGGCAGCGAGGATCAGGCACCAGTCCTGGCCCCATCAGTGCCAGCATCCTCGGACTCGCAGGCCCTAGAGCGGTCCGGCAGCAGCAAT
GGATTGACCATGCCGGGAACGGCAGTCAGCACCAATGCCAACAGCAGCAGCAGCAACAACAACAACTTTGAGCTGCGCATGTTCATGGAGATGCA
GAGCAAGGAGCACATGATGCGCATGAAGATCCTGGAGGTGCAGTTGCAGGCGGCAAAGCACAGTCGCGACCTAGTGGAGATCAACAAGACACTGG
CGCTGCAGAAGCTGCAGTTGGAGCTGGCCAGCAAGCGACTGCCCAGTTAGGAGGCAGTGCAGCAGCAAAAGGAGCAGCAGCAGCAACAGCAGCAG
CAGCCCATCGCCGTTTCATGTTACATTAGTTTATAGAAATAAAGCCTGTCAACTCGGTCACGTTCGCAGGCAGAGAGCGTGATTGGGAATCGACT
AGAGTTAGCACTAGAGTTAGTCTTAAGTTGAAAGCAGGATCCACAGCTACACATCCAGACCCGACACACAGAGAGACATTCCTGGCATTGTTGAT
CAGTATTTGAAAGCTAGAAGCGAAACCCGACACACAGAACCGAACCCAAGAACCCCAGCGAGGATCAGGAGGCGCTCGGAAGTATGCCATAATCT
TATGATGATGATGACGATGATGATGATGAATCGCCTACCTCACAAGCACACACACACACACACACACAATATGCACACACTCAGCTAGCAGACAC
ACACACACAGACACACTCTCTTCTGGCCTAACCAGCACTTGACCAAGTCAAGTCAAGTTTAGTTAGTTTCTAGTTTTAGTTCGTATGGGAACCAC
TCTCTCCAAGTTGCTCAACTACCACAAATGTATTGTACTTACGTTCTTGACCTCTGCTACCCCACAACTAACGATTTGAACGAACATGAAATGCA
CACAAGATTATTTTTCATAGTCCTAAGAGAAGAACCTTATATATGTCAATGCATCATACACAATCGGCAGTTGTCTCTGATTTTGATTCTTACTT
GAACTTGTATTTATTTGTATCTTTGTATAGACTATGTTGATATATATATGACCCTATATATGTTTGTTTCAATGCCATATTACATGAAAGTTCTT
TTTAATTCATATTTTCCGTTTGCGCTGCAAAACAAATTGTTACCATATATAATATATGATATGTATGTACCCTACGTATAAGCAGGCTTGAAGAA
GGCCGCCAACTCGGCTTCAGTTGTCGTAGAAGACTTCTTTGTAAAGCGTGTAAATGAGAGATACAAATTATTTTAAATAAAATACAAAACAAAAC
AAGCAAATGTTTCAGCTACACTTTATTAATTTTGTTCATGGTTCATCTGTGAGCCTTCGGTCTTGGTTTTTTCCAACGATTGTATCTGCTTATCC
ACCTTGATGATCTTTGTTGTGACTTCGTTCTTCTGGCTGAGAATCTTTTCTCGCAACGACTTCAGCTGTTCCCGTTGCTGGGT
(SEQ ID NO: 605)

Start ATG: 73

MLNYWEGQSGASNSTVRVIWGLLPVTSYLPIRITDFSPPATRFLLPLQVNKQYSATDLEAFMKIAANWQNSNHNLLEGVDIKTEMTQYMNSPSMN
MYKKRERTQNWNHQEKKYLLDLCRKDMRIIENKRLDAGLTAVKNKAWKIIHQKFSNQFGTDRTCNRLKEQWRRMKACTRNEILDYNNRLARFGAE
VADRKKPSPFTFEVWDFMQEAKKACKSEALDGIDYSKIPLALEEGFEYREDYKFNPEDHDMDDSRTPPQELCDVDIKEEENNETFNETFNHHHLN
QSDILGSGERLSVSPNHSISRNGIHEAESPATISTSNVLDSSGAYMAGGGDMSGFQANFNMNNISATLEALNALRSGQFPSAAAAAAAAIHQHQA
QAQVAMHHQHNNNNNNNNNNEDDEDSMKPQSKRQRTSSGSMLGSEDQAPVLAPSVPASSDSQALERSGSSNGLTMPGTAVSTNANSSSSNNNNFE
LRMFMEMQSKEHMMRMKILEVQLQAAKHSRDLVEINKTLALQKLQLELASKRLPS*
(SEQ ID NO: 606)

Name: RNA binding protein
Classification: RNA_binding
Gene Symbol: apt
FlyBase ID: FBgn0015903

Celera Sequence No. : 142000013384541
ACCTGAATGTCAAGCCCAGCTGTGCCGGAGCCTGCGCCTTGGCCGTGGACACCGTCACGCCGTAGTCCTGCAACGTGCTGTCGTCCTCCATGACA
TCGTTGTCCTGATTGTATAACCGCTGGTCCACGGGCTGCACCTTTAGTATGCCTGCGATCGATGGGGTTGTATGATCAGTCATGGAGTTACCCAA
TAATGGCGCTGCTCTATAAATAGAAGCCAACACTTACCCTCAATCATTCGCTTCAGCTCGGCCACCGTTGTGTTCTCCTTGGCGTCCGTGAAGAT
GGTGGTCTTTTGCCGCCTGATCATAAGGAACACGTCCTGCAAAAGAGAGGGTTAGCCATTAGATTTGATTCGATGCGAAGTGATTCGTTTCGGTC
AAAGTTCAGTGGCGCTTTTTCAGTGTGTCATGCTTTCTGATCTTGCCATCACACAGGCGACATTTGTGCACATGCATTAAGAGCGCGACGGTGTC
TATGGCAGCAGCATCTGCGATGCACTGCATCCTTGCTAGGCTGCACGACACCGGCACGAGCACTCACCATATTGAGGAGTTTGTGGCGCTGGCTG
CGACTGAGGCTGCTACGCGGATGTGGGTTAACCAGGTGCGTGGGCTAGTGCGCTGTGTTCGGCAACTGACGGCGTGGGTGGCGCTTCCTTTGGCG
GTCGCGGGCGGACGTTTCGATCGGCTGGAATTTTCCTACTTCGCTTGCACCACCGCTGCTGGGCGCTTCTATTTTTTGCTCTGTGCCGCTCGACC
GGAGTTGGGGGCGGGCGCAGGTGGGCGTGGCGTGCGGTTCGCGGTACGATGAGCGTGCGTGAGTGTGTATGTTTGTGCAACAGCTTCCTCGGTTG
CCCCCCACTTGTAGGTTTTCGTAGTTTTACGATTTTTTCTAGCCTTTTGCTGCTGCTTTCTCAACTAATTAGAGCTGTCAAACCATCGATGGTCG
CATCGATAGTGAGCTATCGATAGTTCAGGGTCAGCGGCCTTCGTTGTCTAATGCCATCGCTAATCCGATATTATTGCAGGGCTTTTAGCAAGGGA
TTGTCTAAAGCCTTGGTGAATTCTATTAATGTGTATTAACAAATACTTCACAATTCCGTTTAATGTATATTTTCCATTAGTTTATAAATAAAATA
ATTCGCATAAGTAATGAGCTTTTGCAGCCCTGGTTATTGCCAAGAAAATGTACTAGAAAATACCGCCATAGCTGTCAGTGTCACTTTTCCCGTTT
CTCCTGTTTTATTTGCCACGAAATGGTTTTGCTAGACAATTCGAACGTAAATAAATGAAATACCTTTAAAAGAAGCCGATAAGTAACCGTATCTC
CTTACAGTTTATCCTGCGCCTGGAGAAGATCGCAAATGCGGCCAAGAAGGACTCCTCCTTCACGCTGACGTTCAAGCGATGTGAGTGTTCGACAC
CGAAAAACATGGTACACTAGGAACTAATTTACAATTTATTTAATGTGCCGCAGATGATGGCAACGATAAGCCCGTGCCGAGGGAAGGACGGCCAC
CGCTGCCCAAGCCGGAGACCTACATGTGCCTGATGCGCGCCCAGTCCAAGTCCCAAAAAGTAAGCCCGATTGAAAGCTCCACGTTTCGACTCCTT
ACCAAATAAACCTATTTTTCCGGCAGATTTCCACCGTTGTCCGGCAGGAGGATGTGCCCGCCATGATGAGCATGTACTCGCAGTTCATGAAGAGC
AAGATGGACGGGCTAAAGCGGGTTAAGAAAGTCAAAAGCAAGGCCAAGGCGACAAAGGGTTAATCGGGGCATAGTCTTAGTTAGATTTTATTTGA
CTGTTTACTGGTCGTTTGTTTTAAACCTTAAATGCATCATTTTGTACGGAAAGCACGCTATACTTCTTATTTCTATCATCAATCTGACGCAGATC
GAGCAGCCACTTCGGCAGTTCCCACTGCCGCAACCCGTATATGAACTTTGGTCTTATCAGGTCAACCAAACTGTAAAGATCCTCGTTTATTTGGT
TCTCAGCTAATAGCTCTTCGTCCACGTACAGTACATCGATTCCCTGACAGAGGCCCGTGTGAAGGGAGCCCGAAGCCTTTGGCAGAAAGTCCAGA
TACCCAGATAGGCAGTCCACAATTAAATATCGTGCATGGCCGTCTGCAAAGAGATAAGTGTTCTCAGACTACCAACAGGAACCAATGGCTCAGTA
CTCAGGTAGTACTCACTTTCTATGTAGAATAGGTTGCACTCCAAGCCGTTTTCCTTTCTTCCTGCTGGTATCAATGTGATTGTGATCTCGTTTTC
ATCGTACACTAGTCGGGTGGGCTTATTCGGCAGTAGTATTTCAAAAGTGCAGCTTTCTGAAACATCTGCATGTGATTGCAGCCGTGAGATGTCCA
GCTGCGAACCCACAGCTAACTGGCACCAATTTTGTGGTGCTATTAGATCTCCTAAGGCGGCTGACGTGAAGAGCAAGGGTCCACGGTGCTGGAGG
GCCAAATTGTATTGGAAGTGAATTTATATAAAACTAGGTGGTGTACGCACCTCCTCGTAGGAACTGTAGACTTTTCCTTTTTCCAGTATTAAGGG
CTGGCCTATATCGTTTAAAAACATTGTTAATTATGCGCCAATTCCTCAGGAAATTTGTTTTTCTATGTGTTACCAGATCGCATTGACAAGAAAAT
CCCAATTCTTCAAGGACTATTTTCTAAGTTCAAAACTACAGCGCGAGATTTTAAAGTAGAATTCTGGATAATTTTGGAAATATTTGCAGAAAATC
CCCTCATTGAAAGAAACTTTTTAAGTATTTAAATATTACCATCTGCACTATGAAATCATCCAACCTTCCCTTTTGTAGCGCACTTCAATAAAAAA
CACAGATTGTAG
(SEQ ID NO: 607)

Exon: 1001..1060
Exon: 1219..1281
Exon: 1338..1410
Exon: 1479..1579
Exon: 1642..1862
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT17184
ATGCCATCGCTAATCCGATATTATTGCAGGGCTTTTAGCAAGGGATTGTCTAAAGCCTTGTGTCACTTTTCCCGTTTCTCCTGTTTTATTTGCCA
CGAAATGGTTTTGCTAGACAATTCGAACTTTATCCTGCGCCTGGAGAAGATCGCAAATGCGGCCAAGAAGGACTCCTCCTTCACGCTGACGTTCA
AGCGATATGATGGCAACGATAAGCCCGTGCCGAGGGAAGGACGGCCACCGCTGCCCAAGCCGGAGACCTACATGTGCCTGATGCGCGCCCAGTCC
AAGTCCCAAAAAATTTCCACCGTTGTCCGGCAGGAGGATGTGCCCGCCATGATGAGCATGTACTCGCAGTTCATGAAGAGCAAGATGGACGGGCT
AAAGCGGGTTAAGAAAGTCAAAAGCAAGGCCAAGGCGACAAAGGGTTAATCGGGGCATAGTCTTAGTTAGATTTTATTTGACTGTTTACTGGTCG
TTTGTTTTAAACCTTAAATGCATCATTTTGTACGGAAAGCACG
(SEQ ID NO: 608)

Start ATG: 1

MPSLIRYYCRAFSKGLSKALCHFSRFSCFICHEMVLLDNSNFILRLEKIANAAKKDSSFTLTFKRYDGNDKPVPREGRPPLPKPETYMCLMRAQS
KSQKISTVVRQEDVPAMMSMYSQFMKSKMDGLKRVKKVKSKAKATKG*
(SEQ ID NO: 609)

Celera Sequence No. : 142000013384548
CACACTCACCGCGGGCGCAAATGCAGCACAAAGCAGACTAGAAATAACAATCGTTATCGAAAAGGTCGTCGAAATGGGCATAAATATTTTTATAA
ACAGTAAATATATAATTTCTTGTGGAGATCACGTTAAATGTGATGAGCTTTACAGTCGGATTGCGGAGAAAACAGTGAGTATGTTATGTATAATT
TTCATAAGATTTTGCAATGTGGCCCTTTTTTTTACAGAACCTGCAACCAGGGGAATACTACTTAGTCAGCAATGGCAAGCGCTTGGAGGGAGAAA
TTTCATCTGGAGATGTTCACTGCGTTCTCCGCCAGCTCGGTGGCAAAGGAGGATTTGGTTCCATGCTTCGAGCCATTGGTGCGCAAATTGAAAAG
ACAACCAATCGCGAGGCTTGCCGCGATCTAAGTGGTCGCCGTTTGCGGGATATCAACGAGGAGAAGCGGGTGCGCGCCTGGCTGGAGAAGCAGGG
CGAACGGGAACGGGAGGCCGAGGAGCGTAAAAAGCGAAAAATCGAGAAACTGCTGGCCGTGCCCAAGCACGACTTTAAGGACGATAAGTACGAGG
AAGCCAGGGCTAATCTGACCGAGAAGGTAAACGACGCCTTCGAGGAGGGACTCAAGCAGGCCGAGGAGAACAAGGAGAAAGGCGTCGAGGAAGCA
ACTTCCAGTGGCACAAAGAGGAAATCCCCCGCCGTAGACAAGACCAAGGCAAAAAAGAAGAAAAAGGGCACACTCTGGATAGACGATGACATCTC
TGGATCCGACTCTGACTCTGACGACAGCGAGGAGGAGCCAAAAACACAGAAAAAAGCTATACAAAACTAGATAAATAACTTTTGAATTAAGTATG
TACCAAAGACGTTCTTATTTCAAAATTTACCTGAAATAAACATAACAATATAAATACTTCTCATTTAAAATTTGAAAGATTTAGATTTAATACTA
TGGGGATAATTAAGTAATTTATAAATATACATTTAAAAGAGAAAGAAAAATCACGGTGACACAAACTGTGAAGAAACCCAGGCCAATCCCCATTT
CAGGTTGGTTAGCATGAATTTCAGTGCCTTGGTCCACTGCTCCTCCGAGTTAAACTGGATTCTGTAAGGAAACCATCATTATTATAGGTAAAATC
TTTACCATTTCTAAACCTACTTAATAGAATAGGAATTTCCCGTGGAGGGATCGATGATCTTGCCCTTCTCCATCTTGTAGGGCAGCAGGAACTCG
GTGTCGCGCTTCTCGACCTCCTTCTGGAACTGGGTAAGACAGTCGAGAAAAGCTACCATGGCAGCATCAAACTTGGTGTCCCAGAAAAACTTAAA
TCCGCCGCTGCCATAAAGCGGGAGCTCTCGATTCTCGCCGAGCACCTCAACATACGAATGATTTCCAAAGGGTACTACACGATACCGCTCGAAGG
TGAGCCCTATCTTACGAGCAAGCGCAGAGAGCAGAAGCACCGTCTGGCCCCAAGCGGCGTTGATCTCTGACCAGTCCACGGATACAGAGGGCAAT
CGACCCAGCCTAAAGTTATTAATGGTACCGAAATGCCCGGCATGCCAGATGTGAAAGGTGATGTTGAATATGTTGGTGTCGCGCAGTTTGTCCAG
CTGCTGTTTCGAGTAGGCGATCTGACACTCCAGACTTCGTTTGTCATCCTCGGTGAGCATTAGCTCACGCCTGTGCTTGGTATACTCGCGCCAGT
AGCTTTCCTCCTGCTCGTGCAGCTCCTCTCGCTCCTGTTCCTCCTCGGCAATGGCATCATTTAGCGATTGTTCCTCCTTTTTGAGCTCTTTTAGC
TCCGACAGAAGCTGTTGCTCGCTGCGCTTTAGTTCGTCGAGCTCCTTGTCCAGGGCCTCAACGTTGGGTGCTACACGCTGTTGCTCTAGTTCATC
CAAATAAGCCTTGTACACATCCCACTCGTCCTCAGCGATGCGCAGTTCCCTGTCCATGATTTCCAGCATGGAGTCGGCACACTCTTCGCACAGCG
GATGGTCAATCTCAGAGTTGGAGGAGAGGCAGTCAAACAGCTCCGCTTTCAGCTTAAAAGCAGCACTCATTTTCTTGTTGTCCCTGCCATCGGAA
ACCAGCATAAAACCAGTGCCATTTATAGAGTCCGTAAGCCTGTAGGGCGGCACAAAGTGGTCGAAGCTGCTGGCGTCCTGCGGGTCCAATGTATT
GCCATTGTCTCCGTAGATGGGCACTGAAAAAGTGATTTATTAGACTAATTTCCAGAGTGTATCACCCATCATCACCTACAAGATAACTCCGCCAT
TGCGTGCACGCTAATCTTCTCCAGCTGCTCGTCCAGGACGATGGGCTGCAGGCAGCGCTGACAGGCGAAGGACACCGCCTGCTTTTCCGCCTCAC
TCATTGTCGTTCCTGTTTGTTGTCCTTCGATTTTTGCATACAATTAAATCTTTCACCGAGTGTAAAAACACAAATAATCCATCAGCTGTTTGCAA
CTGCTACCAGAGTTGCCACCCCCTCCGAAAAAGAGTGTGGAAAAATGGCGCAGTTAATCGGACAGTAAATCGTCAACCAACAACAACCTGAGACA
GTAAAAAAGAGAGAAATAACAGAAAACCAGTTTTAAACAATAACATTGCCTAATTGTGTCCGCCGGAGATGCTTAAGCGTGCCGCGAAGCTGCAG
GCCTTGACCACAATTCCCGCTGATAAGAGAGAACTCAAGGGGTTGGCTTTTGGTTTGTTTTGGTAAGCGACAGAACATTAGACGGAGTGCCGTCG
CCAGTGCTGCCAACCTATTTTAGCTATAGCAAATATTTCATAGTAGCAAAGAGGTAGAACCCAAATACAATTTTTATAAATAATAGTTTATAGTT
AGCGAACGGACTAAAAGAGAAACCTGATATCGAACGACTTATTATATTTTTTGTTAACTCAATTTTAAACTTACTCCAGCGTAAACCATACTTTA
TAAATAGTTTACCAAAAATGATAGCACAAGTGCCAGAAAGCTATTCACTTCATTTTTAATTTGATTAGGTAAATTGTGCGAAGGAAGTATTTAAA
AAAATGTGAAATGACGTACTAAGCACCCCACATATAGACTAAGAATTAAAGGTTAAGGACATTGACTTTCGCAATCTTTGTATTGTAGTTAAGCC
ACAAGCATTGATAAGCAAAGAAATTGTAAGAGTGAAATAAAATCATAATAAGATGAATTAATTAAAGTAGAGAAACTGATAAAGACTTGCACTTG
AAGCTGACACATGTGTTTAATAACTATATAATTGCTAAGGGAAATTTTGTTTTTGAAAAGTTTCCGTTATCAAGCTCGAAATTTCTAGCAATGGG
GCAGCACGAAATTTGCCGCTGTAAATCTAGCTTTCAAAACCTGGCAGCACTGTCGGTGGTCACATTGTAGCCTCTTCGCATTTGACGACCCATGG
AAAACTTTCAGTCTCTTGCAGGCAGCACAGCGATACGGAAGCAACAATTGAAACGTCCAGAACTCCTCCTCCCACGAGTATTTAAATTCTGACAC
AAGAGTGCCTGAACCAAAATCCCACTCACCGAATGCTGGTGCTTTGATTTGCAACTGTTCCTAGGTTCCGGCTGAATCCCTAGATTTGCGGATCT
ACGCAACTCATTCACTCAAAAGCCAGCCGAATTTATCGCGCCAGATTAAACAAACAGAAACAAAAAACAGAAGCCGAGACCAGTTCCACATCGTG
CCATTTTTATCTGGGCATATAGGCAGACGTGATTACGTGATTAGTGCGGC
(SEQ ID NO: 610)

Exon: 2755..2265
Exon: 2208..1161
Exon: 1106..1001
Start ATG: 2379 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT17226
CGACGGCACTCCGTCTAATGTTCTGTCGCTTACCAAAACAAACCAAAAGCCAACCCCTTGAGTTCTCTCTTATCAGCGGGAATTGTGGTCAAGGC
CTGCAGCTTCGCGGCACGCTTAAGCATCTCCGGCGGACACAATTAGGCAATGTTATTGTTTAAAACTGGTTTTCTGTTATTTCTCTCTTTTTTAC
TGTCTCAGGTTGTTGTTGGTTGACGATTTACTGTCCGATTAACTGCGCCATTTTTCCACACTCTTTTTCGGAGGGGGTGGCAACTCTGGTAGCAG
TTGCAAACAGCTGATGGATTATTTGTGTTTTTACACTCGGTGAAAGATTTAATTGTATGCAAAAATCGAAGGACAACAAACAGGAACGACAATGA
GTGAGGCGGAAAAGCAGGCGGTGTCCTTCGCCTGTCAGCGCTGCCTGCAGCCCATCGTCCTGGACGAGCAGCTGGAGAAGATTAGCGTGCACGCA
ATGGCGGAGTTATCTTTGCCCATCTACGGAGACAATGGCAATACATTGGACCCGCAGGACGCCAGCAGCTTCGACCACTTTGTGCCGCCCTACAG
GCTTACGGACTCTATAAATGGCACTGGTTTTATGCTGGTTTCCGATGGCAGGGACAACAAGAAAATGAGTGCTGCTTTTAAGCTGAAAGCGGAGC
TGTTTGACTGCCTCTCCTCCAACTCTGAGATTGACCATCCGCTGTGCGAAGAGTGTGCCGACTCCATGCTGGAAATCATGGACAGGGAACTGCGC
ATCGCTGAGGACGAGTGGGATGTGTACAAGGCTTATTTGGATGAACTAGAGCAACAGCGTGTAGCACCCAACGTTGAGGCCCTGGACAAGGAGCT
CGACGAACTAAAGCGCAGCGAGCAACAGCTTCTGTCGGAGCTAAAAGAGCTCAAAAAGGAGGAACAATCGCTAAATGATGCCATTGCCGAGGAGG
AACAGGAGCGAGAGGAGCTGCACGAGCAGGAGGAAAGCTACTGGCGCGAGTATACCAAGCACAGGCGTGAGCTAATGCTCACCGAGGATGACAAA
CGAAGTCTGGAGTGTCAGATCGCCTACTCGAAACAGCAGCTGGACAAACTGCGCGACACCAACATATTCAACATCACCTTTCACATCTGGCATGC
CGGGCATTTCGGTACCATTAATAACTTTAGGCTGGGTCGATTGCCCTCTGTATCCGTGGACTGGTCAGAGATCAACGCCGCTTGGGGCCAGACGG
TGCTTCTGCTCTCTGCGCTTGCTCGTAAGATAGGGCTCACCTTCGAGCGGTATCGTGTAGTACCCTTTGGAAATCATTCGTATGTTGAGGTGCTC
GGCGAGAATCGAGAGCTCCCGCTTTATGGCAGCGGCGGATTTAAGTTTTTCTGGGACACCAAGTTTGATGCTGCCATGGTAGCTTTTCTCGACTG
TCTTACCCAGTTCCAGAAGGAGGTCGAGAAGCGCGACACCGAGTTCCTGCTGCCCTACAAGATGGAGAAGGGCAAGATCATCGATCCCTCCACGG
GAAATTCCTATTCTATTAAAATCCAGTTTAACTCGGAGGAGCAGTGGACCAAGGCACTGAAATTCATGCTAACCAACCTGAAATGGGGATTGGCC
TGGGTTTCTTCACAGTTTGTGTCACCGTGA
(SEQ ID NO: 611)

Start ATG: 377 (Reverse strand: CAT)

MSEAEKQAVSFACQRCLQPIVLDEQLEKISVHAMAELSLPIYGDNGNTLDPQDASSFDHFVPPYRLTDSINGTGFMLVSDGRDNKKMSAAFKLKA
ELFDCLSSNSEIDHPLCEECADSMLEIMDRELRIAEDEWDVYKAYLDELEQQRVAPNVEALDKELDELKRSEQQLLSELKELKKEEQSLNDAIAE
EEQEREELHEQEESYWREYTKHRRELMLTEDDKRSLECQIAYSKQQLDKLRDTNIFNITFHIWHAGHFGTINNFRLGRLPSVSVDWSEINAAWGQ
TVLLLSALARKIGLTFERYRVVPFGNHSYVEVLGENRELPLYGSGGFKFFWDTKFDAAMVAFLDCLTQFQKEVEKRDTEFLLPYKMEKGKIIDPS
TGNSYSIKIQFNSEEQWTKALKFMLTNLKWGLAWVSSQFVSP*
(SEQ ID NO: 612)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384004
AATAATTTGTTTGTAAATTTCTATTTTTACTTTGTGAAGTAATGATTTTATATTAATAATATAATTACCAAGACTAAACGGAATAATTATAAGGT
TGTGTATTAGTAGAGAACAAAAACAGAATGAAATACATTTGTAGGAATCACCTAATATTTAATTATATTTTATATTATATTAATTATAATTATAT
TTGTTCTTTATACAATTTTATACATTGTATTTTATAGTTTTATTAAATATTCCCGCTTAAAAAATAAAATGTTGTTTCTATTTAAATTACCGCAG
CTGTTGGTGGTAATTTAGATGACCTGATTCGATTTGGTATTATGGGAACTTTTCCAGATTTGGTCACACTGCCCTTTACACTGTTTTGGTTTTCG
TGAAAATGTCCACATACTACTTTGTTATTGTGGGTCAAAATGATAATCCCATTTACGAGAAGGAATTCAGCACCGTGAACAAGGAACTAAGGGTA
TGTAGACCTGGGCAACGTCTCATAGAACTGTGTAAATACATTCTCCTTCTGCAGAAAGAGGACCACAGGCACCTCACCCAGTTTATTGCCCATGC
CGCCTTGGATTTGGTGGATGAGCACAAATGGAAGACGGCCAATATGCAGCTGAAATCCATTGATAGATTCAATCAGTGGTTTGTTTCGGCCTTCA
TCACAGCCAGCCAAATACGATTCATCATCGTTCATGACAACAAAAACGACGAGGGAATCAAGAACTTCTTTAACGAGATGTATGACACGTATATC
AAAAACTCCATGAATGCCTTCTATCGCATCAACACACCCATTAAATCTCCGATGTTTGAGAAGAAGTCGGAGATCTTTGGTCGGAAGTATTTGTT
ATCATAAATTTGTTAAAACCTGTAGCCATTAAGTAATTGTGTAATATAAAACTTGAAATAATTTAAAAGCATAACTTTACCCTTTCTTATACAGT
TGAGAAGACCCGAAACCAATGAATAATCTAGTTTATATTTTATTTAATTTATTTAGAAAAGCAGCCTAGGCTTAACATTGATGGACTTGTTTTAT
TCACTTTTTACTCAATGCGCCCTCGAATCAAATCTAAAACGATTTAACGCCCGTCTCCAGACGACAGTCCCAGACTGGAGTAAATTAGATGTGTG
GGTTGAATAGATGAACAACGCATGGAATCAATTTGAAACTAAAGCAACAAAATATACGGAATTTGTAATGGGTCTTTGCAAAGAAATCTCTTGGT
GGTGGCGAGGAAACCGTCCGTCCTGCAGCTTAGTGCTTCTTGTTCTTTCCAGAGCGCTCATATTTGCTCTTGGACTGGTGCCACAGAGCCAGAGG
AATGGCCAGGGAAGGCAGAGTCATCACGGCGAAGGCCACCCAGTCGAAGAAATGGGAGGAGAAGCGCTTGTTGTACTCGTTCAGGTTGACAATTC
CACCCTCACCGGGCTCAGAGCTGACCGCCAGTTGGAGCTGCAAGAATTGTTGGGTATTAAGTTCTTTGATCGATCTTTCAACAGGTAACGGGCAT
TTTTAAAAGACTGTTGTGTATAAATTCACTTAGTTGAGATTATTAAATTTAAAAGTGAATGATTTTGGTTTGCTTTGGCGGTGGCTTCTGTAACA
CTGAGATTAGATAAGATTTTTCAGGGCGGACACTGAGATTTGATGCCCCCACATTCAGCTATAACTTACCGTCTCCGACTCCTCGACAGCCTTGT
AGGACACCTCGGCGGCGGTGAAGTTGAAGTAGCCGAAGGCCTTGGGCCTCACCACCAGGACATGGGTGAAGTTGGTCTGGGGAGCGATCCTATCG
ACCACGGCGGTGGGCTGTCCTCCGACAACGTCGAAGGCCTCCGGGTGGAAGCCGGAGTCTACCAATCGCACCTTGGTGGCGGCACCGCTGCCCAC
GTTGAAGATGGTGTAGCGTACCAACAGGTCGCTCTTCTCCACCAGGTACTTGTTCAGGATCTGCTTAGAGACCAGGAGACGGGCACGGGTCTCGT
CTTCCGACAGGCAGGTGCTAAACACCGCGCACAGGGCGAACAAAGTCAGCAGGTGCTTGAACATTCTACAATCACAGATAATATGAAGTTTTATT
TTCACGTTTCACTTTTTTGTTGACGTGGAAGGGTCGCCGAAAAACGAGCGGCACATAAGGGCGACCGCTTTCCGGTGTGTTTTCTAGACATTCAC
GCATCATAGCTGCCCCGAGCACACGTTCAGCATAAACGTACACATTTTAATTCATAATTTAACTACTTACTTGTAATTTGGGTATTTCCTTATCG
AGTATTTCAGTACAACTAAGCAGCAGTCGTAGCAGGCAGCCGCTTTCTCGGTGGTTCGTGACGTGGAATGGATTCGCTGTCAAACTTCGTGCGTC
AGTGGTGCCAGGGCTGCGTCAACATATCGATGTATCTGCTGGCTGTCGGCAGTATATTAATACCAACACCATAGTATTTTCGTCGGTTATGAACA
CAACACAACTAAATTTTTTTGTGAAATTCATAAAGCTTAATTTGTTTTTTTATCACCAGTGAATATATTTAGTAATAATGAACGAAATAGTTTCA
AATTAAAACCGTTAGAAGCCGCTATGGTGTAGCTGTGTGCAGTGCTACATAAAAAGGAATTATGTTTATAATAACAAAAATTAAAAAAAAAAACG
TTTTAACGTAAACGTATACACTTAAATCTTTTCGAAATTAAATTATATTAAAATCGGTTTCAAATTGTTTTCTATAAAGTTTAATTTAGCTTTAA
ACAAAAAATTAAGTCGTTATTTTTAATTTGCATTCATATATTATTTAATAAAAATTTAAATTGCATGCAAAAGAAGTAAGGAAGCCTGAAATTTT
AATTATTTCTGAAATTTTAATTATTTCTGAATAGCGCACAACTACTCGTGGAGATTCGGCAACTCCGCTCCCCAGCGTCTGTTAAGCCGCTGTTA
ATAAGCAGCAGCTGTTGTTTGAAACACCATAAACAAATGTAAACAAAACTCTTTTTATGCCTTTTATGACTTTAACTAATGTTTTGCTACGCGGT
TTTAAAATAGTTAGGCATTTTATCTGCTTTTGTTCGTACATTTGGCATACATTTCAAATAGAACAGCTGTTAGCCGGCACCCGGGAATGCCCTTG
AATGACATTGCACCCTACATCAAGGTTCTCGGCCTCTCAGTTCACTAATGCATCATGATAAAATTACCTCAAATCACGATAAAGAAATGAAATTC
AAGGGGACAATAGTAGATAACTGGATTAATGGGTTCTTCAGCATTTTAACGACGCACCCCCAATACTAGATTAGGACTGACTAATAGCACGCACT
AATGATAGAGGTTATCTTGATCGCCATGACCGAACCGATTTGGCTTATCAGTGGGAGGCAAATTTCGCTGTGCACACTCAATTTTCATCGCACGC
AACCGCGGTTAAGTCGTCCAGTTGGAA
(SEQ ID NO: 613)

Exon: 2447..2439
Exon: 2336..2256
Exon: 2059..1685
Exon: 1462..1001
Start ATG: 2447 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT17318
ATGGTGTTGAACCACCGAGAAAGCGGCTGCCTGCTACGACTGCTGCTTAGTTGTACTGAAATACTCGATAAGGAAATACCCAAATTACAAATGTT
CAAGCACCTGCTGACTTTGTTCGCCCTGTGCGCGGTGTTTAGCACCTGCCTGTCGGAAGACGAGACCCGTGCCCGTCTCCTGGTCTCTAAGCAGA
TCCTGAACAAGTACCTGGTGGAGAAGAGCGACCTGTTGGTACGCTACACCATCTTCAACGTGGGCAGCGGTGCCGCCACCAAGGTGCGATTGGTA
GACTCCGGCTTCCACCCGGAGGCCTTCGACGTTGTCGGAGGACAGCCCACCGCCGTGGTCGATAGGATCGCTCCCCAGACCAACTTCACCCATGT
CCTGGTGGTGAGGCCCAAGGCCTTCGGCTACTTCAACTTCACCGCCGCCGAGGTGTCCTACAAGGCTGTCGAGGAGTCGGAGACGCTCCAACTGG
CGGTCAGCTCTGAGCCCGGTGAGGGTGGAATTGTCAACCTGAACGAGTACAACAAGCGCTTCTCCTCCCATTTCTTCGACTGGGTGGCCTTCGCC
GTGATGACTCTGCCTTCCCTGGCCATTCCTCTGGCTCTGTGGCACCAGTCCAAGAGCAAATATGAGCGCTCTGGAAAGAACAAGAAGCACTAAGC
TGCAGGACGGACGGTTTCCTCGCCACCACCAAGAGATTTCTTTGCAAAGACCCATTACAAATTCCGTATATTTTGTTGCTTTAGTTTCAAATTGA
TTCCATGCGTTGTTCATCTATTCAACCCACACATCTAATTTACTCCAGTCTGGGACTGTCGTCTGGAGACGGGCGTTAAATCGTTTTAGATTTGA
TTCGAGGGCGCATTGAGTAAAAAGTGAATAAAACAAGTCCATCAATGTTAAGCCTAGGCTGCTTTTCTAAAT
(SEQ ID NO: 614)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MVLNHRESGCLLRLLLSCTEILDKEIPKLQMFKHLLTLFALCAVFSTCLSEDETRARLLVSKQILNKYLVEKSDLLVRYTIFNVGSGAATKVRLV
DSGFHPEAFDVVGGQPTAVVDRIAPQTNFTHVLVVRPKAFGYFNFTAAEVSYKAVEESETLQLAVSSEPGEGGIVNLNEYNKRFSSHFFDWVAFA
VMTLPSLAIPLALWHQSKSKYERSGKNKKH*
(SEQ ID NO: 615)

Classification: hypothetical
Gene Symbol: SsRbeta
FlyBase ID: FBgn0011016

Celera Sequence No. : 142000013385214
AATTAGCGGAATAGCTTTTATTGGACGGGCTAAAAAAAAAAAATCAAAGCCAATCAGTGGCGTGATCCGAAATCAACACCATCTTGGCCATCACCT
AGATGGGTGGTGGAAGATAGTGGGCTGGTGAACTCGATCCCTTTTGACATGTTTACACATTTAATTAACTTACACGCGCCGAAAGTTTCCGGACA
CGTTAGATAGTCCCCGTCTAATCACACCCAAGCGAAAACCCCACCCGCATGAACTTCCAAAATGGGGCTAAGAAAACAAAAGGATAAAGACCCTT
TCGCAACCCAACCCCTAAGTCTTCCCTTTTTGACAATTTGAAACCAGTTCAAGTGGTTTAATCATTTAACGCACATCATAAAAATCGCATCAAGT
GATTTTTATTTACACGCCCAGGACAAAAAGGATCCCCAAAACCTAAACGGAATACAATGATTGGGGCGGGGGTGCGAAATGGTTGGGGGTGAGCC
ATCCCTTTGAAACCCAAGGCGTTGGCTAAGAACAAGAAAAATGAACTCGCTCACTAGATAAGGTTTCGGTTAGTTGATAGACTTTTACGCTGTAA
TGAAATCTTAGAAATTCCATTTAAGAAGGAAATATATATGTATTACAAATAAGCTTAACCGCAAAAGGTATTAGCTTTTAATCTTAAGGAATATA
TAAGTCTTTATATAATGAGTACGAACTTCCTAAACATTTTTCCTTACTCCAATTTGTGATTAACTAATTTTATAGAACTATTTAACCTCAGAACA
AGAGCACATATCAGTAATTAAATTCAAGTTTTCATGTAGGTTGTGTTAGCGAAGTATTTAATCATATAGTTTTATTTTTTAAATACATGTTAAGC
TGGTGAGGCGTAGTGTATATGTGAATTTTATTCAAAATTTAATGCGCAACCGCATAATGGACATAAGATGTGAGACTTTAGATGAATTTGCGTGA
AGATTGATCTTGATCAGAGGCAGACGACCGAAGAATGCGGATTACACTGCTTAACTGAAGGTGTTGACCTGTGAATAAATAAAAACATTCATTTA
AATTTAAATCATTTCATTCATTTGTATAACACTTACAATATCGTCGATCTTCAAGATCGATCGAATCGTCTCCGTGGCCAGGGTGATCGACGAAA
TACTGACCAGCAGCGGCTGCACAACGTTCTCCGCGAAAATGTCTGTGATGGCGCCCTTGCGCACATTAATACCGGCGTTCTTCTCACCCTGAGCG
TGGCGGTTGCGTAGCTCCGTGACCGTGGCAATGGGATTCAAACCGGCGTTCTCAGCCAGAGTGGAGGGAATCACCTCCAAAGCATCGGCAAATGC
ACGGAAGCAATACGCATCCACACCCTCCACGGTTTGTGCCAATGCGGCTAGCTGCAGGGCCATCTCAATCTCGGGCGCACCACCGCCGACAATCT
GGGCGCGCAGCTTCACCAGGCAACGGACGACACAGAGGGCATCGTGCAGGGAGCGAGCAGCCTCCTCGAGCACCAGCTTGTTGGATCCGCGGCAG
ATGATCGAGACAGTGCGTCCCATGTTCTGAATGCCGGTGATCTTCACAAACTTGTTGGTACCACTGGCCACCTCCTCGACCAGATCGGCACTGGA
AAGGTTCTCGGCTGTGAAGTGATCCAGCGAAGCGATCGGTCGGCAGTGCAGGGTCTTGCACACGAACTCAATATCCTCGCGCTCCACATCCTTAA
CGACCATGCACTTGATCTTGTCCAGGAAATGCTGAGCCAGATCAGAGACAGCATCGCTAGATAAGTGGAGAACTATCAGCACAAAGTGGACAAAT
AACAAGTAAGCTAAACCTACCGCAAGATAGACTTCTGAACGAGAAGAACATTGCATCCTGACTTCTTGATCTGCTTGACAATGTTCAGGATGTAT
GAACGCTCCTCCTTGAGCACACGATCCATGGCAGCGTAATCCGATACAATCACATTGTGATCCATCTGTAATTTCGGCATAAATTATAAAAGACA
ATAAATTGTTAGGATCATAGCGATGTACTCACATCGGTCTTGGGGGCCGAAATGCAGAACTGGATAAGACCGATCTTGGCCTTCTCAATGCGCTT
GGGAGCGTTGGATCCGGCAGAGCGGCAGGTGAAGACCAATCCATCGACCAGCTCGGTGTCCTCAACAGTGCCACCCAGGCTGGAGATGACCTTGA
TGTTCTTGAGATCCACAGAGGTTTCCTTGCCGGGATCCGTAACCTTCAGCACGGCATCCACGGCAATGGGGGCCAGCAGGCTGCTCTGCTGCGAC
ACCACCTTGGAGTTCAACGAGGTGGAGGCGCTCTTGATCAGCGTCTCGCGGTCGTCCAGCTCGATGGGAGTGGACATCTGTTTAAGAATCTCGAC
GGCCTTGTTCGAGCAGCGCTGGAACGAGTCCGAAATGGCCGTGGGATGCAGACCCTTCTGCAGCAACTTCTCGCACGCCTCAAGCAGAGCTCCGG
CAATGACAACCACGGAGGTGGTGCCGTCACCAGCGGCCACATCCTGGGCACGCGACAGCTCCACCAGCATCTTGGCAGCCGGGTGCAGTACATTC
ATCTGCTTCAGGATGGTGGCGCCATCGTTGGTGATGGACACCTCGCCGTTGCCGGCCTGGATCATCTTGTCCATGCCGCGGGGGCCCAAACTGGT
GCGGATAGCATCGGAAACGGCTGGAAAACAGAATTATTTCAATAGGTTATAAATGTATTTTAATATTTCGTTAAAACTTAATGAGAAACTCAGAT
AAGTGGAATTCGTGTGGTTAGTTTTACACAGCAGCATGACTAATTTACATACATACATACAAAAAGACATATGGTGTTTTATGTGTTAATTCAAA
AAATCTACTGTAACTTATCTTAAGAGATAAACAATAAAATCCTTGTAGCGGATAAAAGGGTATTGGGAATAGAGTATTAAAAATCCTCAATTTTT
AGGTTGTTTCAATTCATCACATGAGTAATGCGCGCTCTTCTTCTTCTTCCGCCCAAGAAGTTTCCAGACAGCCGGCATCCAACTGCTTTTTCAAT
AGGCCATTTGGCCGGAAATTCTGATGCACCACTGCTCGGAATTCAGTCACCTCGGTTCTTAGCTCAATAAATAGCACATACGCCAACATTTTGAT
ACAAAAATGTGTTTAATTTTGTTAATTTCCTCGCTTTTTCTCACCTTTGGCCGCCTGGATGTTGGACAAACGCACATCGGTGGGCTTCGACTTGT
CCTTGAAGGCCTTGGCCGTTGGCTTGATGTTGACAGCTGCTGCCTTGGGCGCCATTGTAGGGTTAAGTTATAGTTTTTTAACAAAACACAGTTAT
TCTACAATAAATTCACAGCGATTTACACAGAACACGTTGCTGCGAAATGTTAAGGAAAGTGTGGCCGCACTCGCTGAGCTCAAATATACCGCCAA
CTTATCGGCATCGATAACATCATCCCTTGTGAATGGCAAATTGGTGTGACCGTATTTTGCGTTGTGACTCGGCTGCTTTATTTACATTGAATTTT
TGTTCGATTTTTGAATTTAAAATAAAAATAATGCCGCACGGACACTCTCACGATCACGGCGGCTGCAGCCACGAGGCCTCGGACGTGGACCACGC
CCTAGAAATGGGCATCGAGTACAGCTTGTACACCAAAATCGATCTGGACAATGTGGAGTGCCTGAACGAGGAGACGGATGGCCAGGGAAAAAGTG
TCTTTAAGCCGTACGAGAAGCGCCAGGATCTGTCCAAGTACGTGGAGAGCGATGCGGATGAAGAGCTCCTCTTCAACATTCCCTTCACCGGCAAC
ATCAAGCTCAAGGGCATCATCATAAGTGGGGCCAATGATGACTCCCATCCAAACATGGTCAAAATGTAAGGAACAAAAGTCAAGGCTGCTTTAAT
ATTACTATATTCATCATATATCTTATTTTTCAGCTTCAAGAACCGACCCAGGATGACCTTTGATGATGCCAGAGCAAAGCCCGACCAGGAGTTCC
AGCTGACCCGCGATGCCCGCGGAGAAATCGAGTACTCACCCAAAGTGGTCACCTTCTCCTCCGTGCACCATCTCTCCCTCTACTTTCCCAGCAAT
TTTGGCGAAGACATAACACGCATTTACTATATAGGTAAGCTCACAACAATCTATGTTTTATCTGTGTTCCCAACTAAAACCAAGTCACTATTCAA
AGGTCTTCGAGGAGAGTTCACAGAAGCTCATTACCATGGCGTAACCATATGCAACTACGAATCCCGTGCCAATGCAGCGGATCACAAGGAAAAGG
CTTTCGATGGAGTCGGCAGAGCCATCCAATAGGGTTATAGAGATTAAAATTTACAATTTAATTGAGTATCTCTGTAGTGTATATATTTTGTGATC
(SEQ ID NO: 616)

Exon: 3370..3180
Exon: 2680..2028
Exon: 1965..1826
Exon: 1766..1082
Exon: 1018..1001
Start ATG: 3285 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT17430
TCGCAGCAACGTGTTCTGTGTAAATCGCTGTGAATTTATTGTAGAATAACTGTGTTTTGTTAAAAAACTATAACTTAACCCTACAATGGCGCCCA
AGGCAGCAGCTGTCAACATCAAGCCAACGGCCAAGGCCTTCAAGGACAAGTCGAAGCCCACCGATGTGCGTTTGTCCAACATCCAGGCGGCCAAA

GCCGTTTCCGATGCTATCCGCACCAGTTTGGGCCCCCGCGGCATGGACAAGATGATCCAGGCCGGCAACGGCGAGGTGTCCATCACCAACGATGG
CGCCACCATCCTGAAGCAGATGAATGTACTGCACCCGGCTGCCAAGATGCTGGTGGAGCTGTCGCGTGCCCAGGATGTGGCCGCTGGTGACGGCA
CCACCTCCGTGGTTGTCATTGCCGGAGCTCTGCTTGAGGCGTGCGAGAAGTTGCTGCAGAAGGGTCTGCATCCCACGGCCATTTCGGACTCGTTC
CAGCGCTGCTCGAACAAGGCCGTCGAGATTCTTAAACAGATGTCCACTCCCATCGAGCTGGACGACCGCGAGACGCTGATCAAGAGCGCCTCCAC
CTCGTTGAACTCCAAGGTGGTGTCGCAGCAGAGCAGCCTGCTGGCCCCCATTGCCGTGGATGCCGTGCTGAAGGTTACGGATCCCGGCAAGGAAA
CCTCTGTGGATCTCAAGAACATCAAGGTCATCTCCAGCCTGGGTGGCACTGTTGAGGACACCGAGCTGGTCGATGGATTGGTCTTCACCTGCCGC
TCTGCCGGATCCAACGCTCCCAAGCGCATTGAGAAGGCCAAGATCGGTCTTATCCAGTTCTGCATTTCGGCCCCCAAGACCGATATGGATCACAA
TGTGATTGTATCGGATTACGCTGCCATGGATCGTGTGCTCAAGGAGGAGCGTTCATACATCCTGAACATTGTCAAGCAGATCAAGAAGTCAGGAT
GCAATGTTCTTCTCGTTCAGAAGTCTATCTTGCGCGATGCTGTCTCTGATCTGGCTCAGCATTTCCTGGACAAGATCAAGTGCATGGTCGTTAAG
GATGTGGAGCGCGAGGATATTGAGTTCGTGTGCAAGACCCTGCACTGCCGACCGATCGCTTCGCTGGATCACTTCACAGCCGAGAACCTTTCCAG
TGCCGATCTGGTCGAGGAGGTGGCCAGTGGTACCAACAAGTTTGTGAAGATCACCGGCATTCAGAACATGGGACGCACTGTCTCGATCATCTGCC
GCGGATCCAACAAGCTGGTGCTCGAGGAGGCTGCTCGCTCCCTGCACGATGCCCTCTGTGTCGTCCGTTGCCTGGTGAAGCTGCGCGCCCAGATT
GTCGGCGGTGGTGCGCCCGAGATTGAGATGGCCCTGCAGCTAGCCGCATTGGCACAAACCGTGGAGGGTGTGGATGCGTATTGCTTCCGTGCATT
TGCCGATGCTTTGGAGGTGATTCCCTCCACTCTGGCTGAGAACGCCGGTTTGAATCCCATTGCCACGGTCACGGAGCTACGCAACCGCCACGCTC
AGGGTGAGAAGAACGCCGGTATTAATGTGCGCAAGGGCGCCATCACAGACATTTTCGCGGAGAACGTTGTGCAGCCGCTGCTGGTCAGTATTTCG
TCGATCACCCTGGCCACGGAGACGATTCGATCGATCTTGAAGATCGACGATATTGTCAACACCTTCAGTTAA
(SEQ ID NO: 617)

Start ATG: 86 (Reverse strand: CAT)

MAPKAAAVNIKPTAKAFKDKSKPTDVRLSNIQAAKAVSDAIRTSLGPRGMDKMIQAGNGEVSITNDGATILKQMNVLHPAAKMLVELSRAQDVAA
GDGTTSVVVIAGALLEACEKLLQKGLHPTAISDSFQRCSNKAVEILKQMSTPIELDDRETLIKSASTSLNSKVVSQQSSLLAPIAVDAVLKVTDP
GKETSVDLKNIKVISSLGGTVEDTELVDGLVFTCRSAGSNAPKRIEKAKIGLIQFCISAPKTDMDHNVIVSDYAAMDRVLKEERSYILNIVKQIK
KSGCNVLLVQKSILRDAVSDLAQHFLDKIKCMVVKDVEREDIEFVCKTLHCRPIASLDHFTAENLSSADLVEEVASGTNKFVKITGIQNMGRTVS
IICRGSNKLVLEEAARSLHDALCVVRCLVKLRAQIVGGGAPEIEMALQLAALAQTVEGVDAYCFRAFADALEVIPSTLAENAGLNPIATVTELRN
RHAQGEKNAGINVRKGAITDIFAENVVQPLLVSISSITLATETIRSILKIDDIVNTFS*
(SEQ ID NO: 618)

Classification: chaperone

Celera Sequence No. : 142000013384254
AAGTTACGAAACCAAAGAAAAAAAATGAATGTTTCCTATTTCCCAACCGAAAACATATAATAATAAATATTGATTACAAAAACGAATCATCTTAA
TTTGAAAAATTCATTTGTTTATATACTTTAAATCGTCATATAGATGGCGCTACATTTGCCATTGTCACTCACAGCGCAACGCGCACACCTTATCA
GCTGAATTTGTTGCCATTCAGAATGCAGTGTTTGTGAAGGCGTAGTTCTGTTGTTTTTTATATTTTCCCTCTTTAAAAATACACAAAATGTTGAA
ACCCAAAGCTTTGACGCAGGTTCTCAGCCAGGCGAACACCGGCGGAGTGGAGAACACCCTGTAGGATAGTCCCTTACCATGCCATTCCTTCAAAT
ATCACTTATCCCTGCATCCACAGCCTGCTCAGCCAGGAGGGAGCTCTATTGGCCTACTCCGGTTATGGCGATAAGGATGCCAGGATAACGGCGGC
CATAGCCAGCAACATATGGGCGGCCTACGAGAAGCATGGACGCAACGCCTTTCGCGAAGGTCGCCTCACTTTCGTGCTCATCGATTGTGAAAACG
GTCATGTGGCCATCACACAGGTGGGTGATCCTCTTTTTTTTAGCAGGGATTCGTTCTATAAAATCTTAACTATATTCCTTTTTACAGGTTGCCAG
TGTCCTTTTGTGCCTGTACGCCAAGCAAACGGTGGGATTGGGTCTTCTGAAGCAAAAGGCCATGTCACTGGCCTCCTATTTGGAGCGACCGCTTA
AGCAGATCTCGGCCTCATAAGGATAAAACAATGATGTACCAAGTTCCGAAATGAATAAGTTAATAAGTGTATGCATCAAAAGTGAATCAAATGAA
TATGAATAGTCTGCGGAAAAGTTTAAACGATAATATATTAGTACTTGAAATTATGAATCTTTAAGGATTTTGTTAGTATTTAAGGAAAAACTTGT
CTGCTGGTTTCCAAAAGTAACCCAAAGATATTTCGTATTCTGAATTATTTGGATAGAGGGTCAGGTTTATTATTCTGCAAGATTTGTTCAAGAAA
ACACACAATCATTAGGGAATATTGTATAAGAAAATTTTGGACTTAATTACTAAGTGTGGACTTATTCGATGGCGTAGAGCTTCAGGGTGCGGTCC
ATGCTGGTGGATGCCAGATACTGGGCGTGCTTGCCGAATCTCACGCCCGTTGCCAGGGCCGTGTGGTCGTTGAATACCTTCAGTTCCTGCCACTG
CTTGCACAGGTAAACCCTGTAAATAAAACGAAGCAACCGTCAGAATTTGTATTTGTACCGTGGCAACCAAATAAACAAGTTAACTAAGGGAATCT
TCTTTGGCGAATTTAACTTAACAATGCGAAAGTTTAAAAGAAAAGTTTACCGCGAATATGAAAGTAAGTATTATATTCTAATATGCGAAGACTTA
AAAATGCATGCTGCTCTTCAAGATTTCGTGCGACCCAAGACCCATGTGGAACCGGAGCCTCCAAAGCCCATAAACTTATCGATTGAGGACTTCAA
TGCGGTGCGAAATAATTAATTTTTATATTTCCAAAGTTAAGTTTTATTAATATTCCTCAGCGCGGAGAGATCGCCAATCCCCGTGCTCCTTGTGT
GGTCACCACCATCGATCCCGATTATATTAAGGACGCCAGTGCGCAACGTTTGGCCAGAAAATTTCGCATGAAAACGTAAGGAATCAAATGAATTA
TGTGCTGGTGCAATTTCACAGCTTTTTCAGGGACATCCTACTCTTGAGGGAGATTACCCGCAATCGCTTTATGTACTATGCTACGCAAGAACTTT
TTTTGGACCGAAAACGCGAGAAGGAATACCAAGACAATGTATACGAAAAGGCCGAGGAGTTTCACAAGTTTGCAGAGGAGTCGCTCAAGAAAATG
GAAGCGGAGGAGTTTAAGAAAATGTTAGAGGCCCAAGAAAAGCTGAAGACACTGAAGGAAAGCAAACTGAGCGAAGAGCTGAACGAGGTGAAGCT
GGAGCATCAGCGAGTGCTGATGGAAGTGCAGGAGGTCTACGGTCGCTTTCAGTATTTACTCAAACTGATCAGCTACTTTGATGACACAGTTGAGG
AGGAGCAAACCGAGGGAGACGATGCCAGCAATAGGCTTAGCATGCCGCAGGAAATCGTAGCCATGGAGATCACCGAACGACATCCAGCGGGTCTC
GAGCAAGTGCGTCAAGTCCAAGACTACATGGAGAAGATAGTGCGTCCGTATTTGGCAAAGCGGAATCATCTCAATGCAGAGATTTGGATACGTGG
CTATGAGAGAAATCGCTTAAAGGTGTCCAACTACAACAGGCGCTTTTCTCAGTTGGCAATCTTGAACCACATCGTAGCCATCCTCCATGACAAGG
CCCAGAAGACGTACGAGCGTCAGGTGAAAGCCAATGTGTTCCTCAAGGATCCCGAGTTCCTGCAGCGACGGGTGGCAGGTCTTCAGGAGCGTGCC
AAGGGTCTATTAAATGACTTCGAGCAGAGATACTGCAAGGAGTGAGTTGGGATGCGTACATATTTGAATCAACTATTTTATATTCTTAATTTCCA
GCAAGCTGAATATCAAGCTAAATGCTATTGTACCAATTATTCTCAAGCAAATCCAAAACAAAGTTAAGCCGGAGCAAAAGCGAGAGGTTACGCAG
CCGCCATCCAAGCCAGCAGCCCAGAAGTCGTCCAAGCAATGGCGAACACTGGAAGACATGCAGCCTCCACCACCGCCACCCAAGTCTACATACGC
GGACGAACAGGACACGACTCTTGCCAAGGTGGAGAAAATCCAGGGCTACGTTTTGGAGCTCTTGGCTAAACTGGACCACATCGAACCGAGCAAGC
TGCGAAGTGTCGAGCAGCAGGTTCGACGTCGCATGGCAGCGGAGAAGGAAATGTCTCGCCGTGCGTTAGTCAAGCAGAACCGGCTACACAACTGG
ATGGCGCATTTCAAGAAGCATCATGATCAGCAGGTTGAGCAACGATGGAAAAATAAAGTCTAAGCTAGACAACAACACCATACTTAAAACATTAA
ATGAATACAATTTAAAACTTATTTTAACCTCATTCTGAATGATTTCAATAAGAAAAGTACAATTCACTTACCTGACATCGCTGCCGGCGATAGCC
AGATAGGTTCCGCTTTGGTCGAAGCACAGATCCTTGACCTCGTAGCCGTCATCAAGCTGGATTGTCTTAAAGTTCTTCAGCTTTCGCAGATCCCA
CAGCTTAACGCAGGCATCATCTGCAGCGGTGGCCAGGTAGTAACCGTTCTCCGAGAAGGAGATGGCCGAAATGGGACCGGTATGACCAGGGAAGT
TGGCCACATTGCTCTGCTCCTTCAAATCCCAGATCTTAACCTGCGAGTCCACGGTGCCCGTACCGAAGATCAGACCATCAGGATGGAATTGCGCT
GTCGTCAGCCCGACTTCGGCGGTATCGATTACCTTGGTGAGCAGGCGTCCTGTGCGGATATCGGAGAATGCCCAGTGTTTGTCGGATGATGTGGA
CAGCAAGTAGTCGCCAGTGGGGTGCAGCGAAAGGCCAGTAACAGGTCCTTCGTGGCAGCGCAGGAGAAGCTGCGTCTGCGAAGTGGGCACGTGCC
AGATGCGTATGTTCATGTCGGGCGAGCCGGTTATGACTGTATCCTCGTTAGGATGATATATGACTTTGGTGATCTTCTTGGTGTGTCCCTTCAGG

ATGGCCACCATCTGCTCTGTGTCCTTGTTGAACACGGTGGCGTTTTTATCGTTGCCTCCGGTCAGAATCTTACTGTGATCAGCACTGTTGATGTC
CAAGGCCAGAATGCCGGGAACGGAGGCCGAGTGTAGGCCGGGATGGGATGCCACAGTAAGGAAGTTCTTAACCTGATCCGTTGTAACCAGATCCT
CGGGCACAGTGCGTCCGCGCTTCTTACGCTCCTGCGTCAGCACCGTGGCCTTGTCCTGCAGTTTCTGTATGACCTCGGCGCTCATGCCCGCCTGC
TCCATGGGATGGGCAGCAGCTCCGCCAGCCTCAGAGGCCAGGGCCGGTTGTGGTATTGCCGTGGGTGCGTTGGCAATGCCCGCCTGCGGTTTCAA
CGTGGCCAGAGCTTCGCGAGCGGCGGCCACCTCCTTATTGAGGCGGGCAATCACACGACAGGCGGCATCGTGCTGATACAGCGCATGGGACAACT
CCTGGCGCGTCGTTTGCAGCTGCTGGCGTTGTGTGAACGAGTGAATCATGAGGGCGTCCCACTCGTCCTGCATCGTTTTCAAAGTGGCCGGAATG
CTGGTGGCACTTGGCGGTTTCGGTTTCACCACAGCCGGCGTCTTGATCTCGATCAGCTCCTCCGGCTTCAGCTCCTTGCCGCTAATGGGATCGCA
GCCATTCTCTAACAGATACTTCTCAATCACCCGCTTTTCGAAAACGGCTCCCGAGTGCGGGGAAACCACGGGCGTCTCGGGGACTTCGTTTGTCA
CTTGGAATGGAAAGTGCGATTCATAATGGCCCAATTCAAATCAAAATCTAAATTATTCACTTACGTGCGCAAACCAAAGCCATTGCTGTTTGTGA
TTATGTCGCTTTTCGCGTAGTCTTGTTGGTAAATTAAATGTTTTACACGTTTTTCCCGAGCCAAGCGCAAAATTGTCGGCAAAGCCGCTTCTTCT
TATTATGCCAGTTACTCGGCGACGCGGGAGTTTCGAGCACAGGGCTGCCAGATCAAATGGATTTTGGCTAGAAATTTGCACAGAAAAAACTAGCT
AGAATTTAAACAATTTATTTTATTGATAACACAACACATTCAATAAGTATTTAATCCATAACAATAGTTTTTATAGATAAATGACATTTACTGAT
AGAGAAGTGAGTAACATATCTTAAATCAATCAGCTATCTCACCGTTTTGCCAATCACAGTTCCGCACGCACAATCCATAATTGCTGGCAACCCTA
GCACGTTGTTTCTGTTATTCAATTCACGATCTAGTTTTATAACATAGTTTACTGCCATTAAGGTATATTTTTAAAATGCTGAAGCATTTTGCACG
ATGGCGTCTGGGCAGCCAGTTGCTAAAGGGATGTGCCGCACCAGTGAGGCAAGCCTCCAAAACCTCCAGCGCAGAGAACCTGATAGCCGGCACAG
AGGAACCCCAAAAAAAGTTCGTCAATCCGTTTTCCCAGCCCGCTCCTGCGTTAAGTAATGATACGATATCAGAGAACAAGGAGGAACGGGATAAG
CGACTCAAGGTGCTGCAGCTGGAGGCGGACATTGCCCACCAGGAGGGTCGGCGGGTGCCGTCACTGGAATTCTTTAAGGATCATCATTGGGAGCA
CGTGCTGACGCTACCCACAAAATCAGCTAGGATCAAGTACTTTGGCTATCTCTGGCAAATCGAGATGAAGAAGGAGGCGGATCAACGCAAGAAGG
CAGAGCGAGCGAAGGAAGCCGAGCGGCGGGTTGCGGAGATGCGAAAGGAGCGCGAGGAGAATACGCACATTATCTATGGCCTGGGACACACATCG
TTGTTTCTGCGTATCTATGATACCACTATTAATCACTGGCAGAACAACCGACTCACACGGGCCATGCAGTTTGCCCCCAAAATGGTTTTGGATTG
CTCCTACGATGAGCACATGAACAATCGGGAGGCTACCTATGCAGCAAAGCAATTGATGATGTGCTTTGCGGAGAACCGGATGAATGATGAGCCC
(SEQ ID NO: 619)

Exon: 4699..4530
Exon: 4465..3112
Exon: 1251..1001
Start ATG: 4548 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT17476
CCCTGTGCTCGAAACTCCCGCGTCGCCGAGTAACTGGCATAATAAGAAGAAGCGGCTTTGCCGACAATTTTGCGCTTGGCTCGGGAAAAACGTGT
AAAACATTTAATTTACCAACAAGACTACGCGAAAAGCGACATAATCACAAACAGCAATGGCTTTGGTTTGCGCACTGACAAACGAAGTCCCCGAG
ACGCCCGTGGTTTCCCCGCACTCGGGAGCCGTTTTCGAAAAGCGGGTGATTGAGAAGTATCTGTTAGAGAATGGCTGCGATCCCATTAGCGGCAA
GGAGCTGAAGCCGGAGGAGCTGATCGAGATCAAGACGCCGGCTGTGGTGAAACCGAAACCGCCAAGTGCCACCAGCATTCCGGCCACTTTGAAAA
CGATGCAGGACGAGTGGGACGCCCTCATGATTCACTCGTTCACACAACGCCAGCAGCTGCAAACGACGCGCCAGGAGTTGTCCCATGCGCTGTAT
CAGCACGATGCCGCCTGTCGTGTGATTGCCCGCCTCAATAAGGAGGTGGCCGCCGCTCGCGAAGCTCTGGCCACGTTGAAACCGCAGGCGGGCAT
TGCCAACGCACCCACGGCAATACCACAACCGGCCCTGGCCTCTGAGGCTGGCGGAGCTGCTGCCCATCCCATGGAGCAGGCGGGCATGAGCGCCG
AGGTCATACAGAAACTGCAGGACAAGGCCACGGTGCTGACGCAGGAGCGTAAGAAGCGCGGACGCACTGTGCCCGAGGATCTGGTTACAACGGAT
CAGGTTAAGAACTTCCTTACTGTGGCATCCCATCCCGGCCTACACTCGGCCTCCGTTCCCGGCATTCTGGCCTTGGACATCAACAGTGCTGATCA
CAGTAAGATTCTGACCGGAGGCAACGATAAAAACGCCACCGTGTTCAACAAGGACACAGAGCAGATGGTGGCCATCCTGAAGGGACACACCAAGA
AGATCACCAAAGTCATATATCATCCTAACGAGGATACAGTCATAACCGGCTCGCCCGACATGAACATACGCATCTGGCACGTGCCCACTTCGCAG
ACGCAGCTTCTCCTGCGCTGCCACGAAGGACCTGTTACTGGCCTTTCGCTGCACCCCACTGGCGACTACTTGCTGTCCACATCATCCGACAAACA
CTGGGCATTCTCCGATATCCGCACAGGACGCCTGCTCACCAAGGTAATCGATACCGCCGAAGTCGGGCTGACGACAGCGCAATTCCATCCTGATG
GTCTGATCTTCGGTACGGGCACCGTGGACTCGCAGGTTAAGATCTGGGATTTGAAGGAGCAGAGCAATGTGGCCAACTTCCCTGGTCATACCGGT
CCCATTTCGGCCATCTCCTTCTCGGAGAACGGTTACTACCTGGCCACCGCTGCAGATGATGCCTGCGTTAAGCTGTGGGATCTGCGAAAGCTGAA
GAACTTTAAGACAATCCAGCTTGATGACGGCTACGAGGTCAAGGATCTGTGCTTCGACCAAAGCGGAACCTATCTGGCTATCGCCGGCAGCGATG
TCAGGGTTTACCTGTGCAAGCAGTGGCAGGAACTGAAGGTATTCAACGACCACACGGCCCTGGCAACGGGCGTGAGATTCGGCAAGCACGCCCAG
TATCTGGCATCCACCAGCATGGACCGCACCCTGAAGCTCTACGCCATCGAATAAGTCCACACTTAGTAATTAAGTCCAAAATTTTCTTATACAAT
ATTCCCTAATGATTGTGTGTTTTCTTGAACAAATCTTGCAGAATAATAAACCTGACCCTCTATCC
(SEQ ID NO: 620)

Start ATG: 152 (Reverse strand: CAT)

MALVCALTNEVPETPVVSPHSGAVFEKRVIEKYLLENGCDPISGKELKPEELIEIKTPAVVKPKPPSATSIPATLKTMQDEWDALMIHSFTQRQQ
LQTTRQELSHALYQHDAACRVIARLNKEVAAAREALATLKPQAGIANAPTAIPQPALASEAGGAAAHPMEQAGMSAEVIQKLQDKATVLTQERKK
RGRTVPEDLVTTDQVKNFLTVASHPGLHSASVPGILALDINSADHSKILTGGNDKNATVFNKDTEQMVAILKGHTKKITKVIYHPNEDTVITGSP
DMNIRIWHVPTSQTQLLLRCHEGPVTGLSLHPTGDYLLSTSSDKHWAFSDIRTGRLLTKVIDTAEVGLTTAQFHPDGLIFGTGTVDSQVKIWDLK
EQSNVANFPGHTGPISAISFSENGYYLATAADDACVKLWDLRKLKNFKTIQLDDGYEVKDLCFDQSGTYLAIAGSDVRVYLCKQWQELKVFNDHT
ALATGVRFGKHAQYLASTSMDRTLKLYAIE*
(SEQ ID NO: 621)

Name: GTP-binding-protein
Classification: signal_transduction
Gene Symbol: Gbp
FlyBase ID: FBgn0013969

Celera Sequence No. : 142000013384665
CAACCATCAGCAGTGTCATCCGCATCCGCGCCAGCTATCACAGCACCAGCCCAAGCCATCCGATCAGCTCATCCGCCGGCTGCACGTTCCTAGGC
ACTACTGGTAGTACTTTGGGCCGCCCGCGCAGTGCGGCCGCCCGATCGTTTGCGTCTGCATGGAGTCAATGAGACGTAACGAGGCGAACACTAGC
CACCACCCGAATAAGGTAAGCTAATTGTGGCACCTTAATCGGAAAACTATCCACGCATCATTTCTGAAGCATTTTAATCATATTCAGTATTGATT
TCTTATCAATAAATTGATTTAAATTGTAAATTTTTATGCTACAAAGCTAAACTTTTCAAATACCTAAGTGTATACATATCTTGTAAATGTCTGTA

TGTATTTAAGCAAAGACGTCAGGCGAAGTAAACGTTTTTTTTTCTTTGAATACCATATAATTTTTTATTGCGAGTAATAACTTACTAGTGGGAAG
TACTTATAGCTTATAGCTTTGGATCTTTAATACTTGGTAACACTATTTACCTTCCTCCACTGTATTTAGTGGGTGATAAGAGCGTAATTATTTTA
TTGTCATCATTTTGGCCCACTCGAGTGGCGTTTTTTTCGTGCCAGTTTCTCAAGTAGCCACTACACTTTTGCAGTGTGCGATAAGCGAAAGGGGC
GATAATGAACTGACCGGCGAACTACATGCTTTACTCCTCCTTAGTTTGTTGGTTTATTGGGTCAGTCCAGGAAACTGATTTATTAGTTCAAAGGG
TGGAAAATGAAAAACAACAACAACGAAGATCAACGTGCACTTAAAGTTGTCAGTTGCCACTCGCGTTTTCCAACACTGAAAGCGTTTTGTTTTGT
TTGCCTTCGTCTCTCCGCCGCTTCTCTTCCGCTCACATAATCTCTTTCTCGCTCTCCCTCTCTTCACCCGTTTTCGGTGGTTGCTCTCCGGCTCT
TTCCTCTTCTTCTTCACTTTTTTTTTGGTTTTCCGTTCAGTCTCATCCGCCAAACGAAAAAGGACGCCGCGGAGAAGGCTCGCGCAAAATAATCG
AGAGTAATACGACGTTGCTTATTTATTTATTGTTTTTGTTTTTTGTTTTTCTTGTAAATTGAAGCGTTAAAAATACGCGCACGCACAAAACTATC
AACTAATTATGGTTATGGAATGGAAAAGAAGTTGGCAAAGGTAAAGAGCGAAAGCGGCGAAAGAAATAACAATTTTTGTTTGAGTTTTTTTTTTT
GAGTTTTCTTCACGTCATGCCCTACTCCTCACACTTACGCACTCACACCCATGCATATGTATGTAAGCTACAACTTATTTTGTTGGATTTCTTTC
TTTTTTTTTGTGCAATCGCAGGTGGCCCTGAATAGCAGCAACGTAGCAACGGAAAGCAATATTAAGAATAATAAATTGTTAGCTAATTTAAGTGC
GGCAGGAGCAGCTACAGCTACAACGGCAACAACAGGAACAGCAACAACAACGACGGCGACAACAGCGAATCAAGCGCTGAATTTCAATAACAAAA
CGAAAGCAACAGCAAACGCGACTGCAGCATCGGCGAATAATCGGCACAATAACAACAACAATTCCAGTGCGATCAAGAAGCACACAAATACGAGT
AAGTAACTGCAAATCTCTCGCTGCCTCTCGCTTTTTTTTTATCAACAGTGGCGTAGACAGCATTGTTTTAAGGGGTTACAAATTAAATTACAGAA
AAAAGTGCTATTTCACACACACAGAAGTGTATAGAAATCGATAGCGTCCTTTCGATTAATGTGAATTCCCCCCTCCCCCATTTTTATTATTAATT
CATTAAAAGAATTGAAAATAAGTAATTAATATAATAAAAATTAAATGAATTAATCATAAATTTTACAAATTTGGAGGGACCGTTTAAAAAAATAT
TTAAACTAAATACAATTCAGCAACTCCCCATTTAGTACGCCACTGACCTCTAAGCTTTAATGCGACAACTCCAATCTAATCCATCTCTCCTTTTT
CGCAGAACAACTAGCTGGCAAGAGCCCCGCGTGCAACTCCTCCTCCTCGTCGCTCTCCTCGTCGAGCAGCTCCAACTCGAGCGAGTCGAAGGACA
CGAACTTTGAGTACGAGGACGAGTGGAATATTGGCGGCATACCAGAGCTGCTGGACGACTTGGACGCGGATATTGAGAAGTCCGCGCATTCTTCG
GGTGGTGGCAACCAGGCTACCGCGCTAAATGCCAAGCAGGCAAACAGCTCCTCCACATCCTCCTCATCATCCTCCAAGGGCGGCGCTTCATCCTC
GTCATCCTCAGCAGCAGCGACGGGATCATCATCGTCGCATAAATCGCACAAAACCACATTGCACAGCAATTTGTCGGCCACATCGCCAACCACAA
TTAAGTTCACACGCCAACCGGTGGCCATTGGCGGAGCTAACTCCTCCTCATCTTCATCAGCAGCTGCAGCGCCCAGTGGTGGCAGCGCGAACGTG
GTGGCCAAGGGATCATCTTCTTCCTCGTCCTCCACATCTTCCTCATCTTCGGGGAAGCATCATCACCATCACCACCATCACTCAAACTCAAGCAG
CAGTGGAAGCAGTTCCAAGGGCTACAAGTCCGCTTTGGTGGCTCAACTGAACAGTCCGAGTCCACTGAACAGTAACTCCAAGTCCCTGAGTGGAT
CGGGGAGTGGAAGCGGGAACACAAACGGAGCAGCGGGAGCTGGAGCCGGCAGCACATTGTCATCCTCGACATTTGCCGGTTTCTCCAAAGGCGGC
AGCTTAGTGTCTTCGTCGGCAGGAGCAGCAGCGGCTTTAGCGGCTGGCAGTGGACAACAGGGCTCCAAATTCTCCGCTGGCGGCATGTCCTCGCA
AACGGGCAGCGGCAGCGGCGGCAACAACACTAGCAATAGCAACAACAGCAGCAGCGGAAGCGGAGGCAGCGGCTCAGGTAGCAGCACAGGGAACA
CCGCCAGCGGTAGCGGGAACAACAACAGCACAAGTGCCGGTGGGCCGCCGAGTTCGCAAGGCGGCAACAACGGAAACGGTAGCGGTAGCAGCTCC
AGCTCCTCCAGTGGTAAATCGAGCGCAAAGATGTCCATAGACCACCAAGCGACGCTCGACAAAGGACTCAAAATGAAGATCAAGCGCACCAAGCC
GGGCACCAAAAGCTCGGAGGCCAAACACGAGATTGTGAAGGCCACCGATCAGCAACAGAACGGAGCCCTGGGCGCCGGATCCAATAACTCGGCCA
ACGAGGATGGGAGTTCCGGTTCCAGTTCCACCAACGCGTCTTCCCTGGGGAGCACCAATTCATCGAGCAGCGCAAGCAGCGGCAGCTCCTCCAGC
AGCGGCAGTTCTTCGAGCAGCAGCAAGAAGCACCTAAACAATGCCAGTAGCGGTAGTGGCTCCTCCTCTTCCGGAGGAGGGAGCCAAAACAATGC
CAGTGGCCATGCCAGCGGAGGGGGATCCTCCGGTAGCAGTCAGTCTACGCCGCAGGGCACTAAGCGCGGTAGTTCGGGTCATCGGCGTGAGAAGA
CCAAGGACAAGAACGCACATTCCAATCGCATGTCCGTGGACAAGTCAGCAGCTGCTGCCTCGGCGGCCGGCGAGAAGGATACACCTGAGAAGTGT
TCCGGTACGGGAGCTGGTGGATCTCCCTGCTCCTGCAACGGAGATGTGGGAGCTCCTTGCTCACATCATGCCTGCATTCGCCGTGCCGCACACAT
GTCCAACTCCGCAGGCAATGCGAATTCGAGTGCCGGCACTGGGCAATCCGGTGGTTCATCCTCCATGTCAGCAGTGCCACCGGGTGTGTTCACAC
CTTCAGCGGGCTCTCCTTCCACCGGTTCACCATCGACCGTGGTGCCTGCCGCTGCCTCACTTCTGGCAGCGACCGGAGCAGCCTCCTCCTCCGCC
TCTCAAATGGCCAGCAGTAGTGCCGGCGGCGTTGGCGGTTCGGGAGGAGGTGCCAATGCACCAGGACCGCCGGGTAAGGAGTCTGCCGGCAGCAT
CAAAATCTCCTCGCACATTGCCGCCCAACTGGCAGCAGCGGCCGCTTCCAATAGTTACAGCGGGAGTGGAGCCAACACGAATCAAGGCCAGAACA
GCAATGCTGGCGGCAACGGCGGTTCGGAGAGCAAAGCAGCAGCGGCTGCTCAGGCCAAGTTAATGGCACCCGGCATGATCTCAGCCACCATGCAC
CATACGATCTCGGTGCCGGCGGGCACAGGAACAGGCGACGACGATACCAAATCTCCGCCTGCCAAAAGGGTCAAGCATGAGGCTGGCGCTAGTGG
AGCAGGAGGCGGCAAGGAGATGGTGGACATCTGCATTGGCACCTCGGTGGGCACCATCACCGAACCGGACTGCCTGGGTCCCTGCGAACCTGGCA
CTTCCGTAACCCTCGAAGGGATTGTGTGGCACGAGACCGAAGGCGGCGTTCTCGTGGTCAATGTCACGTGGCGGGGCAAGACCTACGTGGGCACT
CTGCTAGACTGCACCCGACACGATTGGGCTCCTCCAAGGTGAGTTGGTGTGGCTTGGGAATTGAGTTGAGGCTTATGTTGACTTGCTTTTCAAAC
TGTTTCCAAAATTATTGTAGAGACTAGATAAATGAATAAAGATGCCTTTCAATATTATGTTGCAAGTTGATTTATTTTTATTATAAATTATCTTT
TCTATCTACCCATTGTTTTGGGGATCAGTTTGAAATATAGTCTATGGTTTATATACGAGAAACATAATTATCAAAACTCAGTGGCGTTTAAGTAA
ATTTGTCAGCACCTTATCTACTTGCCTAATATTTGCATCAAGCTGTTAAGTTATTTGTAAATTTAATCTAAATCTGATGCAACAGCAATCATTTG
CCGTTCGTTTACTGATGCGATTATTTATTAAGTGCTTAATGTGCCACTCAAGATTTCCACGAATGTACATATGTAGTTTGTTTTGATTGAAGATA
TGTGATATCTGTAGGGGGATTGCAAACATCACTAGTTTTAGATTTTACCGATTACTCATTCATTTTCGTTGCTTTCAGATTCTGTGATTCACCAA
CTGAAGAATTAGATTCTCGAACTCCAAAGGGACGCGGAAAGCGCGGACGCAGTGCAGGTCTCACTCCTGACCTGAGCAACTTCACCGAGACCAGA
AGTTCGGTAAGTAAAGCATACAGAATTCAGTTTTAGGCTTTTGAAAGCAGAAATAAATACGATGGTTAATAATATATATCTCTCATCAAATCGTT
ACAGATTTACTTCTCACACGCCCAGGTGCACTCCAAGCTGCGTAATGGTGCCACAAAGGGACGCGGTGCGACACGCAGTGCATCCGGTAATGCGG
CAGCGAACAGCAACAGCAGTTCATCGGGCAACGGAGGCGGGGCCACGCCCAGCACATCGCCGACGGCATTTTTGCCGCCACGGCCAGAGAAGCGC
AAGTCGAAGGATGAGGCGCCTTCACCGCTTAACGGCGACGCCTCGGATGGAGCGTCTGTTGGCGGTATTGGTGGAGCCGGTGGAGTGAACATGGT
GAACGCCAGTGGCATCCCCATATCGGCCAGCGGCGGTGGCCTGGCCACGCAGCCGCAGAGCCTGCTCAATCCGGTCACTGGTCTCAATGTGCAGA
TCAGCACCAAGAAATGTAAGACTGCTTCGCCCTGCGCGATCTCCCCAGTTCTGCTTGAGTGTCCCGAGCAGGACTGCAGCAAGAAGTACAAGCAC
GCAAATGGGCTGCGTTATCACCAGTCGCATGCCCATGGAGCGGGCGGTGGCGCAAGCTCCATGGATGAGGACTCCATGCAGGCGCCCGAGGATCC
GGCCACGCCGCCCTCGCCAGGAGTCGCAAGTGGAACGGGATCAGGAGCATCTGTAGCATCATCGGCAGTACCAGCGACAGCACCATCAGCGGGTC
AAGGAACTGTCGCAGTGTCCCCAAACACACCCCTCGCAAATTCAAGCAACCCCGTCACCAATGGCAATGTTGCACCATCGGCACCAGCTACTGGA
TCGGTAACTATCGCCGCTCCCAACACTACTCCCTCTGTGGTAGAGACGCAAGCGCCGCTTACTGGTCCTCCACCAGTCACGCCACCAGCTCCAAC
TCCCATCTGCGCAGTTGCAACACCCGGAGCGGAGCAATCTGTATCATCAGTATTGCCCCTGGGAAATCTTCCACTGACGGCAGGTCCAAATAGCG
CGACACAACAGCAACAGCCTCCTACACAGCAGCAACAACCACAGTTGCTCGTCCCAGGAGGCAGTGCGGCAAGCCTTCAGCAGCAGCAGCAGCAG
CAGCAACCAGTGGCCGGAGGCAGCATCACTGCTGGAATCTCCGGACAGGCTCTGTCACAGCATCAACAGCAACTAATGGGTGGATTGCCTGCCAT
GTTGTCAGACCAGCAGCAGCAGGCATTGTTGCAGCAGGGAGCACGTAAGTATTCGATTTTTCTACCTTTTGGAAAAGATGTGATTGAAATTATAT
TAATCGTACTAAATTCTTATCTATTTCTTTTTTAGTTAAAGCGGGTGTACTGCGTTTTGGCCCGCCAGATGGAAATCCCCTGCAGCAGCAGCCTG
GTCAAGCATCGGTTAATCCACAGACACAACAGTCTCCTCCAAGGCCTCCCAGTCATGTCCAGGATCAACAGACGCCATCGGCCTACGCCCAGCAG
GCAGGTTTAAAGACATCGCCTGGATTTGGCTCCGTTGGCGTGGGTGCCGCTAGCAGCAAACAAAAGAAGAACCGCAAGTCACCTGGACCCAGTGA
CTTTGAGGGCCGCGTATCGCGCGAGGATGTACAGAGTCCGGCATACAGTGATATCTCCGATGACTCCACGCCAGTTGCCGAACAGGAAATGCTGG
ACAAGTCAGTCGGCCAGGCGGTGACGGCAAAGCACATCGAATTGATGGGCAAGAAGCCGACGGAAGTGGGCGTTGGTGTTCCGCCACCACCAGCT
CCCAATATGTATGTGCCGGGAATGTATCAGTTCTATCCGGCGCAGCAGCAGTCAGCACCTCCACCACAGCAACAGCAACAACAGCCGCAATACAT
GGTGCAGACAGAGCCAGGCAAACCACCAGGATTGCCACCTGCTTTGACACAAGCTCAGCAGCAGCAACAATTGCAGCCGGGTGCTCCTCCGCCTA

CCTCACAGCCCCCGAGTCATTTGCTAGGTCCACCCGGTCAGCAGTCGGTGGCTGCCCACCTGGCAGACTACAGTGGCAAGAACAAGGATCCACCA
TTGGATCTGATGACCAAACCGCAGCCACAGCCGGGTCAGCCGCCTTCACAGCAGCAGCAGTCGGGCCAACTGTCGGGGCAGGAAAACAATGGCAA
GGATGTTGGACCGCCCACCTCTCAGCCAGGATCTCAGCCGCCGCCGGTTAACCTAAGTGCAGTGGCTGGGCCGCCGCCAGGAAGCCTGCCACCCG
GTTTGGGTGGTCTCTCGGCTTTGGGAGCAGCCGGTCTAGGTGGTCCTGGACCGGGCAAGGGCATGCCCCACTTCTATCCCTTCAAGTAAGTTGTT
GATCAATCGCTAAGGTCAGTTGCCATTGCATAACTAACCAATCGTTTACCTTTTAGTTTTATTCCGCCTGCGTATCCATACAATGTGGACCCCAA
CTTTGGGTCAGTTTCTATTGTTGCTTCAGAGGAGGCCGCCAAGCTGAGTGGGCATCCGGGTCTGCCACCCAGCTCACAAGCGCAGCAGTTATCCG
GCATAAGTATCAAGGAGGAGCGTCTGAAGGAAAGCCCCAGTCCGCACGACCAGCCGAAGCACATGCCATCTCAGCAACAGGTAAGTCCTTACCAA
CGTTATAATATTTTGGCAAAACTAATGCAATATGATTTCATATCCTCCGCAGATGATAGCCAGCAAGCTAATCAAGCAGGAGCCGATGACCAAGC
AGGAGATCAAGCAGGAGCCCAACTCAAATCCGGGCCAGCAGCATCCGCCTCCGCAACAGCAGCCAGCGCCTCAGCCGCAGCAACAACAGCCGCCA
CCCCCGCAGCCACAACAGCCGCATGCCCTGCATCCCAAGGATTTACAGGCACTGGGCGCCTATCCCGCCATCTACCAGCGCCATTCCATAAACCT
GGCCGTGCAGCAGGCTCGCGAGGAGGAGCTGAGACGGTAAGTGAAGTATAAGCATCATAAACGCGTCTTTGAGGAATACAAATCATAATAAATTT
AAAATTGTTTCTAACTTTTGGAAGTTGTAACTAACTTGTGCATCTTTTCACATCAGGTATTACATGTTCACTGGACGACAGAATTCGGCAGCCGC
AGCAGCAGCCGCAGCAGCTCAAAACGCTGCCAGTGGTGGTCTTCCACCGCATCCCGGCATGATGCACAAGGATGAGCCTGGCATGGGATCGGCGG
CGCAACAACAGCAGCAGCAACAACAGCAGCAGATGCAAATTGCACAGCAGCAGCAGCAGGCCATTCAGCAGCATCATCAGCACCTGCAGCAGCAG
CACCAGGCCCAGCAACAGCAGCAGCAGCAACAACACCAGCAGCAGCAGCAACAACAGCAGCAGCAGCAACAACAACAGCAGCAGCAACAACA
GCAAAAGTTAAAGCAATCGCAGGCGGCTAGTGCGGGGGCAAATAATAAGGCCACCAACCTGACGAAGGATTCTCCCAAACAAAAGGGCGGCGATG
ACGATCAACCGCTGAAGGTGAAGCAGGAGGGCCAAAAGCCGACCATGGAGACGCAGGGTCCGCCACCACCACCCACGTCGCAGTACTTCCTTCAC
CCCTCATACATTTCCCCGACGCCCTTTGGGTTTGATCCCAATCATCCGATGTATCGCAACGTGTTGATGTCAGCCGCCGGACCGTATAATACGGC
ACCGTACCACCTGCCCATCCCTCGCCCGTACCATGCCCCAGAAGATCTCTCGCGTAACACCGGCACCAAGGCGTTGGATGCACTCCATCACGCGG
CCAGTCAGTACTACACCACCCACAAGATCCATGAGCTCAGCGAACGGGCCCTCAAGTCGCCCACCAGCGGCAGCGGCCCCGTCAAGGTGAGCGTC
AGCAGTCCCAGCATCGGGCCGCCTCAACCAGGCGGACCCACGAGCAGCGGCCCCGGATCCGGACCAGTTTCCGGTGTCCTCGGCCCCGGCAGCGG
TTCCAACCAGCAGCCCGGCTCGGCACCTGGGTCTGCGGGCGGTGTGCCGCTGAACCTACAGCCACCACCCGGAGGAATGGGCCCGTCACCCGGCA
GCAAGCCGGATCTGTCCGGCCCGAAAGGACATGGCGGAGTGACGCCCGGCTCGTCATTGGACGGCCACAAGCAGTCGATGCCCGGAGGTCCGCCA
CCGAACGGGCCATCGGGCAATGGAGCCGTTGGCGGTGTGGGAGGCGCTGCCGGCAATGGCGCAGCGGGAGGCGGCGGTGCAGGTGCCGCCGACTC
ACGCAGCCCACCACCGCAGCGCCATGTGCACACCCACCACCACACGCACGTCGGCCTCGGCTATCCCATGTACCCGGCGCCGTATGGAGGTGAGT
CCCCAACTGTGCTATTCAGTTCGGAAAGTTGAATGCTAATCATTTAAATGTTTACTCCCATAGCGGCTGTTTTGGCTAGCCAGCAGGCGGCTGCT
GTAGCTGTGATAAACCCGTTTCCGCCGGGTCCGTCGAAATGAGATCCACTGAACGGTAACAACGAGAAGAAGGCGTATAACGTAAAGAACAACTA
GTGTGGAGCGGAAAGTCATGGTGCCCGCCCCATAGTGCATTTGCTATTTTCTGAGATCCCCAGACAGACAGATAGAATGGGAGAAGGATAAGGCT
TTGTTCCCCGTTGGATTCCAACTTCTTCCCGTCGAAACCTGTCACAGTCTTGGCTGCCTCAACGAGTCCTTTCGATGCTGATGCATCGGCGGTCG
AGGAACCGAGAGGAACACAGAATCGACTATTTATATGCATAAGTATTTTTTGATGTTTCGTTCGATGTGGTTAACTATAACTAGCCTAAGGTATC
ACTACTATTACCACATACAACCTATACATATATAAATATATATAGCATAACTACATATAGCGACTTTTTCCTAAGTGTATTTGCATCTGCATATA
GATATCTATATTTATATTTATATCATACGAGAGAGGCGTAATCCGAACATGAACAAACACAACCAACAAACAGATTACATGAAACATGCAAAAAA
TGAAAGGGAAAAAAACGAATCAAACTCGATACTGTAGTGTGTTGATTTCTTTGTAAAAAAAAATAAAAACTAAACGTACGAGAAATGAAATTAAG
AAAAGATCGAAATGTATGAATATTGTTTAACTAAATGATTAAATTATGCAAGTAGAACGTACAAGATTAGCATTTAGCGTGTGTATTAATTATCC
TTATCTGTGTTGCGGATGGAGCTGCGCGGGATTTGCATCTAAAAGACAAATTGGGCGCGCCGCCCATTCAATTCTTATAAATATAAATATATATT
ATGTGTATCTAAATCTATATCTGTGTGTGTACTACTCGTATCCGTAGTTTCTACTTTATAAGTTCTCCGTGAATGACTACGATGAATTTTTCGGC
CAGCAGCCGCACATTAATTTTAATTGTTTCTAAGCATCAATTTGTACTTTAAATATTTATACGCATATGCTGCATATATGATATGATAACGA
(SEQ ID NO: 622)

Exon: 1001..1180
Exon: 1352..1613
Exon: 2001..4503
Exon: 5019..5136
Exon: 5230..5290
Exon: 5357..6409
Exon: 6496..7495
Exon: 7562..7775
Exon: 7843..8111
Exon: 8227..9494
Exon: 9564..9637
Start ATG: 1160

Transcript No. : CT17646
CAAACGAAAAAGGACGCCGCGGAGAAGGCTCGCGCAAAATAATCGAGAGTAATACGACGTTGCTTATTTATTTATTGTTTTTGTTTTTTGTTTTT
CTTGTAAATTGAAGCGTTAAAAATACGCGCACGCACAAAACTATCAACTAATTATGGTTATGGAATGGAAAAGAAGTTGGCAAAGGTGGCCCTGA
ATAGCAGCAACGTAGCAACGGAAAGCAATATTAAGAATAATAAATTGTTAGCTAATTTAAGTGCGGCAGGAGCAGCTACAGCTACAACGGCAACA
ACAGGAACAGCAACAACAACGACGGCGACAACAGCGAATCAAGCGCTGAATTTCAATAACAAAACGAAAGCAACAGCAAACGCGACTGCAGCATC
GGCGAATAATCGGCACAATAACAACAACAATTCCAGTGCGATCAAGAAGCACACAAATACGAAACAACTAGCTGGCAAGAGCCCCGCGTGCAACT
CCTCCTCCTCGTCGCTCTCCTCGTCGAGCAGCTCCAACTCGAGCGAGTCGAAGGACACGAACTTTGAGTACGAGGACGAGTGGAATATTGGCGGC
ATACCAGAGCTGCTGGACGACTTGGACGCGGATATTGAGAAGTCCGCGCATTCTTCGGGTGGTGGCAACCAGGCTACCGCGCTAAATGCCAAGCA
GGCAAACAGCTCCTCCACATCCTCCTCATCATCCTCCAAGGGCGGCGCTTCATCCTCGTCATCCTCAGCAGCAGCGACGGGATCATCATCGTCGC
ATAAATCGCACAAAACCACATTGCACAGCAATTTGTCGGCCACATCGCCAACCACAATTAAGTTCACACGCCAACCGGTGGCCATTGGCGGAGCT
AACTCCTCCTCATCTTCATCAGCAGCTGCAGCGCCCAGTGGTGGCAGCGCGAACGTGGTGGCCAAGGGATCATCTTCTTCCTCGTCCTCCACATC
TTCCTCATCTTCGGGGAAGCATCATCACCATCACCACCATCACTCAAACTCAAGCAGCAGTGGAAGCAGTTCCAAGGGCTACAAGTCCGCTTTGG
TGGCTCAACTGAACAGTCCGAGTCCACTGAACAGTAACTCCAAGTCCCTGAGTGGATCGGGGAGTGGAAGCGGGAACACAAACGGAGCAGCGGGA
GCTGGAGCCGGCAGCACATTGTCATCCTCGACATTTGCCGGTTTCTCCAAAGGCGGCAGCTTAGTGTCTTCGTCGGCAGGAGCAGCAGCGGCTTT
AGCGGCTGGCAGTGGACAACAGGGCTCCAAATTCTCCGCTGGCGGCATGTCCTCGCAAACGGGCAGCGGCAGCGGCGGCAACAACACTAGCAATA
GCAACAACAGCAGCAGCGGAAGCGGAGGCAGCGGCTCAGGTAGCAGCACAGGGAACACCGCCAGCGGTAGCGGGAACAACAACAGCACAAGTGCC
GGTGGGCCGCCGAGTTCGCAAGGCGGCAACAACGGAAACGGTAGCGGTAGCAGCTCCAGCTCCTCCAGTGGTAAATCGAGCGCAAAGATGTCCAT
AGACCACCAAGCGACGCTCGACAAAGGACTCAAAATGAAGATCAAGCGCACCAAGCCGGGCACCAAAAGCTCGGAGGCCAAACACGAGATTGTGA
AGGCCACCGATCAGCAACAGAACGGAGCCCTGGGCGCCGGATCCAATAACTCGGCCAACGAGGATGGGAGTTCCGGTTCCAGTTCCACCAACGCG

TCTTCCCTGGGGAGCACCAATTCATCGAGCAGCGCAAGCAGCGGCAGCTCCTCCAGCAGCGGCAGTTCTTCGAGCAGCAGCAAGAAGCACCTAAA
CAATGCCAGTAGCGGTAGTGGCTCCTCCTCTTCCGGAGGAGGGAGCCAAAACAATGCCAGTGGCCATGCCAGCGGAGGGGGATCCTCCGGTAGCA
GTCAGTCTACGCCGCAGGGCACTAAGCGCGGTAGTTCGGGTCATCGGCGTGAGAAGACCAAGGACAAGAACGCACATTCCAATCGCATGTCCGTG
GACAAGTCAGCAGCTGCTGCCTCGGCGGCCGGCGAGAAGGATACACCTGAGAAGTGTTCCGGTACGGGAGCTGGTGGATCTCCCTGCTCCTGCAA
CGGAGATGTGGGAGCTCCTTGCTCACATCATGCCTGCATTCGCCGTGCCGCACACATGTCCAACTCCGCAGGCAATGCGAATTCGAGTGCCGGCA
CTGGGCAATCCGGTGGTTCATCCTCCATGTCAGCAGTGCCACCGGGTGTGTTCACACCTTCAGCGGGCTCTCCTTCCACCGGTTCACCATCGACC
GTGGTGCCTGCCGCTGCCTCACTTCTGGCAGCGACCGGAGCAGCCTCCTCCTCCGCCTCTCAAATGGCCAGCAGTAGTGCCGGCGGCGTTGGCGG
TTCGGGAGGAGGTGCCAATGCACCAGGACCGCCGGGTAAGGAGTCTGCCGGCAGCATCAAAATCTCCTCGCACATTGCCGCCCAACTTGCCAGCAG
CGGCCGCTTCCAATAGTTACAGCGGGAGTGGAGCCAACACGAATCAAGGCCAGAACAGCAATGCTGGCGGCAACGGCGGTTCGGAGAGCAAAGCA
GCAGCGGCTGCTCAGGCCAAGTTAATGGCACCCGGCATGATCTCAGCCACCATGCACCATACGATCTCGGTGCCGGCGGGCACAGGAACAGGCGA
CGACGATACCAAATCTCCGCCTGCCAAAAGGGTCAAGCATGAGGCTGGCGCTAGTGGAGCAGGAGGCGGCAAGGAGATGGTGGACATCTGCATTG
GCACCTCGGTGGGCACCATCACCGAACCGGACTGCCTGGGTCCCTGCGAACCTGGCACTTCCGTAACCCTCGAAGGGATTGTGTGGCACGAGACC
GAAGGCGGCGTTCTCGTGGTCAATGTCACGTGGCGGGGCAAGACCTACGTGGGCACTCTGCTAGACTGCACCCGACACGATTGGGCTCCTCCAAG
ATTCTGTGATTCACCAACTGAAGAATTAGATTCTCGAACTCCAAAGGGACGCGGAAAGCGCGGACGCAGTGCAGGTCTCACTCCTGACCTGAGCA
ACTTCACCGAGACCAGAAGTTCGATTTACTTCTCACACGCCCAGGTGCACTCCAAGCTGCGTAATGGTGCCACAAAGGGACGCGGCGGGGCCACG
CCCAGCACATCGCCGACGGCATTTTTGCCGCCACGGCCAGAGAAGCGCAAGTCGAAGGATGAGGCGCCTTCACCGCTTAACGGCGACGCCTCGGA
TGGAGCGTCTGTTGGCGGTATTGGTGGAGCCGGTGGAGTGAACATGGTGAACGCCAGTGGCATCCCCATATCGGCCAGCGGCGGTGGCCTGGCCA
CGCAGCCGCAGAGCCTGCTCAATCCGGTCACTGGTCTCAATGTGCAGATCAGCACCAAGAAATGTAAGACTGCTTCGCCCTGCGCGATCTCCCCA
GTTCTGCTTGAGTGTCCCGAGCAGGACTGCAGCAAGAAGTACAAGCACGCAAATGGGCTGCGTTATCACCAGTCGCATGCCCATGGAGCGGGCGG
TGGCGCAAGCTCCATGGATGAGGACTCCATGCAGGCGCCCGAGGATCCGGCCACGCCGCCCTCGCCAGGAGTCGCAAGTGGAACGGGATCAGGAG
CATCTGTAGCATCATCGGCAGTACCAGCGACAGCACCATCAGCGGGTCAAGGAACTGTCGCAGTGTCCCCAAACACACCCCTCGCAAATTCAAGC
AACCCCGTCACCAATGGCAATGTTGCACCATCGGCACCAGCTACTGGATCGGTAACTATCGCCGCTCCCAACACTACTCCCTCTGTGGTAGAGAC
GCAAGCGCCGCTTACTGGTCCTCCACCAGTCACGCCACCAGCTCCAACTCCCATCTGCGCAGTTGCAACACCCGGAGCGGAGCAATCTGTATCAT
CAGTATTGCCCCTGGGAAATCTTCCACTGACGGCAGGTCCAAATAGCGCGACACAACAGCAACAGCCTCCTACACAGCAGCAACAACCACAGTTG
CTCGTCCCAGGAGGCAGTGCGGCAAGCCTTCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACCAGTGGCCGGAGGCAGCATCACTGCTGGAATCTCCGGACA
GGCTCTGTCACAGCATCAACAGCAACTAATGGGTGGATTGCCTGCCATGTTGTCAGACCAGCAGCAGCAGGCATTGTTGCAGCAGGGAGCACTTA
AAGCGGGTGTACTGCGTTTTGGCCCGCCAGATGGAAATCCCCTGCAGCAGCAGCCTGGTCAAGCATCGGTTAATCCACAGACACAACAGTCTCCT
CCAAGGCCTCCCAGTCATGTCCAGGATCAACAGACGCCATCGGCCTACGCCCAGCAGGCAGGTTTAAAGACATCGCCTGGATTTGGCTCCGTTGG
CGTGGGTGCCGCTAGCAGCAAACAAAAGAAGAACCGCAAGTCACCTGGACCCAGTGACTTTGAGGGCCGCGTATCGCGCGAGGATGTACAGAGTC
CGGCATACAGTGATATCTCCGATGACTCCACGCCAGTTGCCGAACAGGAAATGCTGGACAAGTCAGTCGGCCAGGCGGTGACGGCAAAGCACATC
GAATTGATGGGCAAGAAGCCGACGGAAGTGGGCGTTGGTGTTCCGCCACCACCAGCTCCCAATATGTATGTGCCGGGAATGTATCAGTTCTATCC
GGCGCAGCAGCAGTCAGCACCTCCACCACAGCAACAGCAACAACAGCCGCAATACATGGTGCAGACAGAGCCAGGCAAACCACCAGGATTGCCAC
CTGCTTTGACACAAGCTCAGCAGCAGCAACAATTGCAGCCGGGTGCTCCTCCGCCTACCTCACAGCCCCCGAGTCATTTGCTAGGTCCACCCGGT
CAGCAGTCGGTGGCTGCCCACCTGGCAGACTACAGTGGCAAGAACAAGGATCCACCATTGGATCTGATGACCAAACCGCAGCCACAGCCGGGTCA
GCCGCCTTCACAGCAGCAGCAGTCGGGCCAACTGTCGGGGCAGGAAAACAATGGCAAGGATGTTGGACCGCCCACCTCTCAGCCAGGATCTCAGC
CGCCGCCGGTTAACCTAAGTGCAGTGGCTGGGCCGCCGCCAGGAAGCCTGCCACCCGGTTTGGGTGGTCTCTCGGCTTTGGGAGCAGCCGGTCTA
GGTGGTCCTGGACCGGGCAAGGGCATGCCCCACTTCTATCCCTTCAATTTTATTCCGCCTGCGTATCCATACAATGTGGACCCCAACTTTGGGTC
AGTTTCTATTGTTGCTTCAGAGGAGGCCGCCAAGCTGAGTGGGCATCCGGGTCTGCCACCCAGCTCACAAGCGCAGCAGTTATCCGGCATAAGTA
TCAAGGAGGAGCGTCTGAAGGAAAGCCCCAGTCCGCACGACCAGCCGAAGCACATGCCATCTCAGCAACAGATGATAGCCAGCAAGCTAATCAAG
CAGGAGCCGATGACCAAGCAGGAGATCAAGCAGGAGCCCAACTCAAATCCGGGCCAGCAGCATCCGCCTCCGCAACAGCAGCCAGCGCCTCAGCC
GCAGCAACAACAGCCGCCACCCCCGCAGCCACAACAGCCGCATGCCCTGCATCCCAAGGATTTACAGGCACTGGGCGCCTATCCCGCCATCTACC
AGCGCCATTCCATAAACCTGGCCGTGCAGCAGGCTCGCGAGGAGGAGCTGAGACGGTATTACATGTTCACTGGACGACAGAATTCGGCAGCCGCA
GCAGCAGCCGCAGCAGCTCAAAACGCTGCCAGTGGTGGTCTTCCACCGCATCCCGGCATGATGCACAAGGATGAGCCTGGCATGGGATCGGCGGC
GCAACAACAGCAGCAGCAACAACAGCAGCAGATGCAAATTGCACAGCAGCAGCAGGCCATTCAGCAGCATCATCAGCACCTGCAGCAGCAGC
ACCAGGCCCAGCAACAGCAGCAGCAGCAACAACACCAGCAGCAGCAGCAACAACAGCAGCAGCAGCAACAACAACAGCAGCAGCAGCAACAACAG
CAAAAGTTAAAGCAATCGCAGGCGGCTAGTGCGGGGGCAAATAATAAGGCCACCAACCTGACGAAGGATTCTCCCAAACAAAAGGGCGGCGATGA
CGATCAACCGCTGAAGGTGAAGCAGGAGGGCCAAAAGCCGACCATGGAGACGCAGGGTCCGCCACCACCACCCACGTCGCAGTACTTCCTTCACC
CCTCATACATTTCCCCGACGCCCTTTGGGTTTGATCCCAATCATCCGATGTATCGCAACGTGTTGATGTCAGCCGCCGGACCGTATAATACGGCA
CCGTACCACCTGCCCATCCCTCGCCCGTACCATGCCCCAGAAGATCTCTCGCGTAACACCGGCACCAAGGCGTTGGATGCACTCCATCACGCGGC
CAGTCAGTACTACACCACCCACAAGATCCATGAGCTCAGCGAACGGGCCCTCAAGTCGCCCACCAGCGGCAGCGGCCCCGTCAAGGTGAGCGTCA
GCAGTCCCAGCATCGGGCCGCCTCAACCAGGCGGACCCACGAGCAGCGGCCCCGGATCCGGACCAGTTTCCGGTGTCCTCGGCCCCGGCAGCGGT
TCCAACCAGCAGCCCGGCTCGGCACCTGGGTCTGCGGGCGGTGTGCCGCTGAACCTACAGCCACCACCCGGAGGAATGGGCCCGTCACCCGGCAG
CAAGCCGGATCTGTCCGGCCCGAAAGGACATGGCGGAGTGACGCCCGGCTCGTCATTGGACGGCCACAAGCAGTCGATGCCCGGAGGTCCGCCAC
CGAACGGGCCATCGGGCAATGGAGCCGTTGGCGGTGTGGGAGGCGCTGCCGGCAATGGCGCAGCGGGAGGCGGCGGTGCAGGTGCCGCCGACTCA
CGCAGCCCACCACCGCAGCGCCATGTGCACACCCACCACCACACGCACGTCGGCCTCGGCTATCCCATGTACCCGGCGCCGTATGGAGCGGCTGT
TTTGGCTAGCCAGCAGGCGGCTGCTGTAGCTGTGATAAACCCGTTTCCGCCGGGTCCGTCGAAATGA
(SEQ ID NO: 623)

Start ATG: 160

MEKKLAKVALNSSNVATESNIKNNKLLANLSAAGAATATTATTGTATTTTATTANQALNFNNKTKATANATAASANNRHNNNNNSSAIKKHTNTK
QLAGKSPACNSSSSSLSSSSSSNSSESKDTNFEYEDEWNIGGIPELLDDLDADIEKSAHSSGGGNQATALNAKQANSSSTSSSSSSKGGASSSSS
SAAATGSSSSHKSHKTTLHSNLSATSPTTIKFTRQPVAIGGANSSSSSSAAAAPSGGSANVVAKGSSSSSSSTSSSSSGKHHHHHHHHSNSSSSG
SSSKGYKSALVAQLNSPSPLNSNSKSLSGSGSGSGNTNGAAGAGAGSTLSSSTFAGFSKGGSLVSSSAGAAAALAAGSGQQGSKFSAGGMSSQTG
SGSGGNNTSNSNNSSSGSGGSGSGSSTGNTASGSGNNNSTSAGGPPSSQGGNNGNGSGSSSSSSSGKSSAKMSIDHQATLDKGLKMKIKRTKPGT
KSSEAKHEIVKATDQQQNGALGAGSNNSANEDGSSGSSSTNASSLGSTNSSSSASSGSSSSSGSSSSSSSKKHLNNASSGSGSSSSGGGSQNNASG
HASGGGSSGSSQSTPQGTKRGSSGHRREKTKDKNAHSNRMSVDKSAAAASAAGEKDTPEKCSGTGAGGSPCSCNGDVGAPCSHHACIRRAAHMSN
SAGNANSSAGTGQSGGSSSMSAVPPGVFTPSAGSPSTGSPSTVVPAAASLLAATGAASSSASQMASSSAGGVGGSGGGANAPGPPGKESAGSIKI
SSHIAAQLAAAAASNSYSGSGANTNQGQNSNAGGNGGSESKAAAAAQAKLMAPGMISATMHHTISVPAGTGTGDDDTKSPPAKRVKHEAGASGAG
GGKEMVDICIGTSVGTITEPDCLGPCEPGTSVTLEGIVWHETEGGVLVVNVTWRGKTYVGTLLDCTRHDWAPPRFCDSPTEELDSRTPKGRGKRG
RSAGLTPDLSNFTETRSSIYFSHAQVHSKLRNGATKGRGGATPSTSPTAFLPPRPEKRKSKDEAPSPLNGDASDGASVGGIGGAGGVNMVNASGI

PISASGGGLATQPQSLLNPVTGLNVQISTKKCKTASPCAISPVLLECPEQDCSKKYKHANGLRYHQSHAHGAGGGASSMDEDSMQAPEDPATPPS
PGVASGTGSGASVASSAVPATAPSAGQGTVAVSPNTPLANSSNPVTNGNVAPSAPATGSVTIAAPNTTPSVVETQAPLTGPPPVTPPAPTPICAV
ATPGAEQSVSSVLPLGNLPLTAGPNSATQQQQPPTQQQQPQLLVPGGSAASLQQQQQQQQPVAGGSITAGISGQALSQHQQQLMGGLPAMLSDQQ
QQALLQQGALKAGVLRFGPPDGNPLQQQPGQASVNPQTQQSPPRPPSHVQDQQTPSAYAQQAGLKTSPGFGSVGVGAASSKQKKNRKSPGPSDFE
GRVSREDVQSPAYSDISDDSTPVAEQEMLDKSVGQAVTAKHIELMGKKPTEVGVGVPPPPAPNMYVPGMYQFYPAQQQSAPPPQQQQQQPQYMVQ
TEPGKPPGLPPALTQAQQQQQLQPGAPPPTSQPPSHLLGPPGQQSVAAHLADYSGKNKDPPLDLMTKPQPQPGQPPSQQQQSGQLSGQENNGKDV
GPPTSQPGSQPPPVNLSAVAGPPPGSLPPGLGGLSALGAAGLGGPGPGKGMPHFYPFNFIPPAYPYNVDPNFGSVSIVASEEAAKLSGHPGLPPS
SQAQQLSGISIKEERLKESPSPHDQPKHMPSQQQMIASKLIKQEPMTKQEIKQEPNSNPGQQHPPPQQQPAPQPQQQQPPPPQPQQPHALHPKDL
QALGAYPAIYQRHSINLAVQQAREEELRRYYMFTGRQNSAAAAAAAAAQNAASGGLPPHPGMMHKDEPGMGSAAQQQQQQQQQQQMQIAQQQQQAI
QQHHQHLQQQHQAQQQQQQQQQHQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQKLKQSQAASAGANNKATNLTKDSPKQKGGDDDQPLKVKQEGQKPTMETQGPP
PPPTSQYFLHPSYISPTPFGFDPNHPMYRNVLMSAAGPYNTAPYHLPIPRPYHAPEDLSRNTGTKALDALHHAASQYYTTHKIHELSERALKSPT
SGSGPVKVSVSSPSIGPPQPGGPTSSGPGSGPVSGVLGPGSGSNQQPGSAPGSAGGVPLNLQPPPGGMGPSPGSKPDLSGPKGHGGVTPGSSLDG
HKQSMPGGPPPNGPSGNGAVGGVGGAAGNGAAGGGGAGAADSRSPPPQRHVHTHHHTHVGLGYPMYPAPYGAAVLASQQAAAVAVINPFPPGPSK
*
(SEQ ID NO: 624)

Celera Sequence No. : 142000013383837
CGCGCATCCAGCGGGCCACCACACTCACCTCGTCCATGTCCCTGCCGGCGGAGTGCCTGGTTCTCTCCGTATCCATGCCCTCGCTCAACTCGGAG
CCCAAGCGTCCCAAGAGCGCGGGACCCAAGAAGAAGCCCGGCCAGGCCGTCCACTCGAAGCCATTCCGCCTATATTGAGCCTGTCGAGGAAGGAG
CTGCTCCACAAGTCGCACGTGACGTCACCCAATCGAAGCACTCAGAGATTTGTGCACAAGTTGATATCGAGGCACGCACTTCTAAAACATGCATA
TGCAGAATACATTTTATCAAACCGTTGATTGTTTAGAACCGAAATGGAAACGAAACTTGGCATTTACAACATAACAATAAACGACTAAATGAGAG
GCAAAGTTAAGCACAAAATACAGCTGTGGTTTGTTTGTTTGTTTCTTTATATAATTACAGTATATATTTTCGTAAGTATTAAATCTGTTTCACGG
CTACTACATCGCTGGAGCCAAACGGCCTTCGTTTACATTTCATTTACATAAGACTTGCGTTTGATTTTCTATATATAATTAGTACAAAAATTGTC
CTGGGATTTCGTTACGTCTCATTGCGTCTTTATCATCGTGCTCATTGTGTGTTTGGAAAACTGTGTGCTTTTCTTGGTTTCTTTAGGTTTTGTAT
TCGTTTTTGATTCTTGTTCCTTTCGATTATTCGAGTCGCGTCACATTTAAATGCATTTAGTTGCCTTTTTCCATTTACATCATCCTTTTGCTCTA
CTTAAGCCATAAAAGTTGTTTATACAATTCGTTTTTAAAGTTAGGGTAATAAATAGGTCATTATAAAATAATAAACAACAGTTGTTACATTTTCA
AAAGACATCGTCAAATGAGCTTCAAGTGATTATGATTATGATTCGAGGGTCGAGTTAGAATTAAAAAAATGCGCATGCTTGAATATCATAAAAAG
TGGCTTCTCTAAGAGCTCGTCGTCAAGTGAATTGGCCTGGTTTCAGATTTGGTTAGCTGCGGATTGGCTGCCTTAGCTCATGGCTATATATAACT
ATAATACATTTAATGGGAAACTAGGAAATGCATAGATGCTCGTGATATGCGAAACCAATGTTTGCTGCGGTTGTTATAATTTTCTCTTTCTGCCA
GATACTATTCGTACAATACATTCGATTCAATTGACTAGATTTCTACATATGTAGTGCATTAGATTTATGATTTATCTGTGGTACCGATTTTGTTA
ACAATGTTTTTTTTAGTTGTTGCGGGAGGGAATCGTGGTTTGCCAAATGTGTGACAGCAACGATCCGCAGAAAAAAACAGCCAAACAAAGAGAAA
TTTCATACGAATTTTGATGGCAGTACATTTCGATTCACAGAATTTCGTACAATATTTATCGTTTGTTTAGAGTTTCTTTCCGGGTTCGGTGCCTT
TTACGAGAGTACGGAGAATTTTATAAATAAATACATGTAATTGATTTGTCGATGAGGGCGCTGCGTGAGTGTCAATTTGTTGTGGCCATTGTGCC
GGTGTACGTGTCGCTTCCGAGGAATCTCTATACTTCGCCAAAGCCAATAACATTCTACCTTATTTACATTATTAAACACTTTCGCTGGCGTCGCT
TTAGCGGCTCTGGTCTGAGCACCGCGCGCACCGCTTCCTCGAACACCTGAATTTGCAATCGGAGTGGGAAGGGAAATTTAATGATGAATAAGGGG
TAGGTGGAGGGTGTGCCGGGCACCGATGACTTACCGGCTTGAGACCGCGCTGCGTCAAGGCGGAGCACTCCATGTATTTCACAGCGCGTATCTTG
TTTGCCAGCTTCTGGCCCTGCTCGCGCTTCAGCGGCGTCAGTCCCTGCTCTGCCAGGCCGCTGAGTGTCTCTCGATCTTCGCGCAAATCGATTTT
GGTGCCTGGAATACGCCCAAAGATATATGTATGATTCTCGTTTTCTGATTGCAGTTTTCATGTCGCTTGGCAACTTACCAACTAGAATGATGGGC
GCATCGGGACAGTGGTGCTTTATCTCCGGATACCATTTCGAGGTGACGTTCTCAAAGGACGAGGGACTCGCCACGCTGTAGCATATCAGGAAAAC
GTCTGTCTGCGGGTAGGATAGCGGTCTCAGGCGGTCGTAGTCCTCCTGACCCGCCGTATCCCACAGTCCCAGCGAGACCTGTATTGTGTCCACTT
GCATGGGCGCCGAGTAGTTGTCGAAGCTGTGAAAGATATCATAGTAAAAGTTAGATATCGATCTGCGGTTTGCGGCTATCGAGGCACAAACTTAC
ACTGTGGGCACATATTCGCCGGGAAAGCAGTCTGTCGTGTAGGAGATTAGCATGCAGGTCTTTCCGACGGTGCCGTCACCAACGACTACACACTT
TATGGGCCTTCCGGTTGACATCGTGAGTGTGCTGAGTGTGCCTGTGCCGATAGCTGTGTACTGTCTGTGTGCTGTGGGCAAAATAAGATGGAAGA
TGAATGTCTTCGCCAGCTTAATTCAATTAATTAAGTTCTATTCGAGGCAATAAACCCGCCAGTGCCAACTGACCGCAAATTATTTCACAGTCGTA
CTTCCTTAATAAAAATTCTTTAAAATAGAAACAAATGCTGTAGAAATACATATATGACACAATAAATTATCCTATTCGTTTTATTAGGTTTTTAT
AAATAAATTAACTACCACATCGTTTTTGGCGCGCAACTACATATATATAAGATAAACAATTGCTTAAATGGAATTTGGCAACTTTTAAAATTTGA
ATATCTAGACAAATTGAATCAGGATACTTGCTTCCTGAGTCGCAAACTATTTATATTGTATTAATGGAAGTTATACTTATTGGAGTATGCTACAT
CGTAAAGTGGGAATGTCCAAGCTGTGGAAGTACTACTGTACAGAGTATAATGGCGAAGGTCTACGGTATATCTCTGGGATGATCAAAGGCAGGGC
TCTCGAAAGGTGTGTCCCGGCCGCAAAAAGAAAGCAACCGCAGCGGCGGAGGCCCATAAAGCCTAATAAAACGAACGAGGGTCTCATTTCGGTTG
CGGTGGCACTTTGTTTTCGCAAATAAAATTTTCAAAAATAGATCATGATGGGCGACACAGACGGGGAAAAACAAAAAGCATAAATGGGAGCAGCG
GACCAAATGGCGACCGCCCCTCCAGTGGCGCCCCTTCGGCGGTGGGCGGGGTCGCCCGAGTGTTGTGGTGACGCGGAAGCCACCGGCAGACGCAC
CGCATCGAGAAAAAGAAACACAAAATGGGAAAATGAACCGCCCGAAAATAGACACAATTAAGTTCTCATAACCGATTCAATTAAAGTTCAACACA
CAGAGGCGGCACATATTGCGCCACATGCAACGGGGCTGGGCGTGGCCGCGGGGGCGGGTGCGGTAGCAATGAAAATCTTTTGTTGTGGCACAACA
CCGAATGGGAATACAATATTATTTTACCGTTTTCACCACCACCTATCCTTTTCCTTTGTCTGTCGGCAGGCGGCGACTGTTTTGTACTTGGCTTA
TATCACTGTGCGTTTTCCGGCTACCGATATGCGTTCGAGGCGATGGTCCATGCGGCGCATTTAAATAATTGATTCGCACTATTTCGCAGCGGCTT
TTACTTATAAATATCTGTTTGAGGGACAAAACGCAGCGTCCCCGAATAATTTTCGTGTTTTTCCTTTTTGTTTCCACTCCACACAAACACACACC
CACCTTTTTGACAGCGCAGCGACGCTCTCTCTCTCGCCGTTGACAGTGGTGCCAACTTAGGGCCGAGAAAATAGCTGACGGTAAATGTAAAAAAAT
CACTTAAATGTATGGTACCAATAACTAAACTTAATAAGCATATCATCCAGTATAAAGTCGTTTTTCTTTTTCCAAAACTAAAATAAACTTTTTTT
TACAATTGGCACTTAAAAATCAGCTAGACTTGGCGTGAAAAAAGAGAGCGGGTAGTCCAGCTCCGCTCTCTCGAAACTGACAAGCAGTGCTGCAA
AAGGTGCAGGGCTCAGGCGGATTTGGCATTATACAATACTAATAGGCATGGTTGTGGGAGAGGGGTTGCAACCAATTTTCACATTGTAAACAAAA
TTATTTATTTAATTCTATTTCGAGCAGAATATTGTAATAATTACCTGTTAATTAAAAAATTATCATTTTAAAATTATCTTATGTAAGTTCAATAC
CCTTTAATTGCTATCGACTACGCCCATGCTGCCTATGTCCACTGTTGTTGTTTCGAGCGTCGTAATGAGCAGATTTGTTTATAAACTTTTACAGA
GTGCAAACCAAACTAGTTCGGGCTGCAGACGCATTTCTTTGGCTACTGTAAGAAATGCGGAAAGCGAATCTCAAGAGGGTGCCCCTGCCCGCACA
GTTCTGGTGGAGAAGGACTCGCACATAACACTTATTGGCCTAAATCGCGAGCA
(SEQ ID NO: 625)

Exon: 3423..3231
Exon: 2446..2281
Exon: 2211..1979

Exon: 1905..1745
Exon: 1661..1001
Start ATG: 2396 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT17672

CGGTGTTGTGCCACAACAAAAGATTTTCATTGCTACCGCACCCGCCCCCGCGGCCACGCCCAGCCCCGTTGCATGTGGCGCAATATGTGCCGCCT
CTGTGTGTTGAACTTTAATTGAATCGGTTATGAGAACTTAATTGTGTCTATTTTCGGGCGGTTCATTTTCCCATTTTGTGTTTCTTTTTCTCGAT
GCGCACACAGACAGTACACAGCTATCGGCACAGGCACACTCAGCACACTCACGATGTCAACCGGAAGGCCCATAAAGTGTGTAGTCGTTGGTGAC
GGCACCGTCGGAAAGACCTGCATGCTAATCTCCTACACGACAGACTGCTTTCCCGGCGAATATGTGCCCACAGTCTTCGACAACTACTCGGCGCC
CATGCAAGTGGACACAATACAGGTCTCGCTGGGACTGTGGGATACGGCGGGTCAGGAGGACTACGACCGCCTGAGACCGCTATCCTACCCGCAGA
CAGACGTTTTCCTGATATGCTACAGCGTGGCGAGTCCCTCGTCCTTTGAGAACGTCACCTCGAAATGGTATCCGGAGATAAAGCACCACTGTCCC
GATGCGCCCATCATTCTAGTTGGCACCAAAATCGATTTGCGCGAAGATCGAGAGACACTCAGCGGCCTGGCAGAGCAGGGACTGACGCCGCTGAA
GCGCGAGCAGGGCCAGAAGCTGGCAAACAAGATACGCGCTGTGAAATACATGGAGTGCTCCGCCTTGACGCAGCGCGGTCTCAAGCCGGTGTTCG
AGGAAGCGGTGCGCGCGGTGCTCAGACCAGAGCCGCTAAAGCGACGCCAGCGAAAGTGTTTAATAATGTAAATAAGGTAGAATGTTATTGGCTTT
GGCGAAGTATAGAGATTCCTCGGAAGCGACACGTACACCGGCACAATGGCCACAACAAATTGACACTCACGCAGCGCCCTCATCGACAAATCAAT
TACATGTATTTATTTATAAAATTCTCCGTACTCTCGTAAAAGGCACCGAACCCGGAAAGAAACTCTAAACAAACGATAAATATTGTACGAAATTC
TGTGAATCGAAATGTACTGCCATCAAAATTCGTATGAAATTTCTCTTTGTTTGGCTGTTTTTTTCTGCGGATCGTTGCTGTCACACATTTGGCAA
ACCACGATTCCCTCCCGCAACAACTAAAAAAAACATTGTTAACAAAATCGGTACCACAGATAAATCATAAATCTAATGCACTACATATGTAGAAA
TCTAGTCAATTGAATCGAATGTATTGTACGAATAGTATCTGGCAGAAAGAGAAAATTATAACAACCGCAGCAAACATTGGTTTCGCATATCACGA
GCATCTATGCATTTCCTAGTTTCCCATTAAATGTATTATAGTTATATATAGCCATGAGCTAAGGCAGCCAATCCGCAGCTAACC
(SEQ ID NO: 626)

Start ATG: 244 (Reverse strand: CAT)

MSTGRPIKCVVVGDGTVGKTCMLISYTTDCFPGEYVPTVFDNYSAPMQVDTIQVSLGLWDTAGQEDYDRLRPLSYPQTDVFLICYSVASPSSFEN
VTSKWYPEIKHHCPDAPIILVGTKIDLREDRETLSGLAEQGLTPLKREQGQKLANKIRAVKYMECSALTQRGLKPVFEEAVRAVLRPEPLKRRQR
KCLIM*
(SEQ ID NO: 627)

Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384557

ACTGCGTGAGTTCTTTCTGTTGTTTTTTGTTTGTTTGCTGCTGCCAAGAGGAAACCTTACGATTAGTTTGTGATTTAATTGGAATTTTGTTGGTA
AATGTTGGATCTCTCATCTAGATTGCATGTACAATATAATCGTTTGATTTGTTTTGGGCGCGTTCTCATATCAAGAGCTATTTGTATTTGTATAT
GTATAACTACTATCTAAATAGCGTTAGTAATTTACGTATATTATTTACACTTGCATTGTTTTTCTATTTTTTTGTCGGTCTATGTCTTGATCCAC
TTATGTCTTGCGTTGTAAATATTTGCACGGATATTAAAAACAGAAATATTTCTATTATTGAACACAGTATTGCATTTCTCCGTCACCTCGCTCCT
TCTCCTTCTCCTTCTCCTTGTACATGTCTGCCTGTCCTCTGGTTTGGTTCATCACTTTTTTTTTTTGCTAAGATCAATTGAATGTCTTTTGTTTTT
AACTCTGTTTCTGTCGCGGCATATGGTGCAACTGCTGCCGGGGCAGCTCACAAAATTTGCATAAATAAATTCTAACAACACGCTTAGGCTATGTG
GTTAAGTAAAAAAAATACATTAATAATTTGAATACAGCTGTTGTTGCCACCGGGCTTAGCGCACGCGGTACCCGGTATAAATAATAAATTAAACA
TTTATAACTATTGCAACGCTACTCGACCTATCAACTATATCAAATTGTATATAACCGTATATAAATATGTCCTTTTGCTAAAAATTATTATTATT
TGTTTGTTTCTTTCTTTCCTTCTTTCTTGCATTCTCGTTTCGTTACTAGTCTAATGCATTAAAGTAATAATAACTGCGGATTATCAACTTGCTAG
CTTGACTTTTGTGTGTGGTTAGTAGAAGAAAGTCGAGGCAAATATTCTATATACTCGTACCTATTCGCTAGTTACATATTATCATAATTATTATC
ATTATCGTTATCATTATTTCTTTATGTAGGTAAGCATAGTGTTACGGTTATTATGTACAACTGTCTGGGTGCTGGCTCTGCTTGCGCTTTGACTT
TGGCTCCTTCGGATGCTGATCGATCGACGGACGACGCGGATTGCCCAACGTGACTAAGGCGCTGGCCACAGCCAGACCAGCGGACTGGCCAGAAG
GCGCTTGCGAAAGGCCACCTGCGAGTAGAGTGATTCATAAGTAAGACACATACATTCTATAAGATGATTACTTCATCCTTACCCGTGGGCAGCCG
GACTAGAAGCGAGAGCACAGCGGCTCGGTTGCCACTGCAAGGCTCCAAAGCGATGGGACTAGGGCATTCCTGTGTACAAATAAGATACAAAATAT
TTCATAGTTTAATCTCAAACTTGTAATGTCCAAATTAGGCCTAGCTTTATATAATCTGTTCTGTATGGATTCCGTCCGCTAAAAAGTCGGCTCAT
AATTTTAAGCACTGAACGATTGATTCGCCTACCTTTTTGCGTTTTTTGGACAGGTGGCCAATGCCCTCCAGCGTCAGACTCAGATCAATACTTTC
GCGGTTCTCGATATCGACCAGCACCTGTGCAAAAATGTTTGCAGATTAGAGTCAACGCAATCAAGTTTCCTTTTTTAGATCTCACCTGGGAAAAC
GGTCGACTCGCCATCTGTTCCATTTCGACGAACAATCGCTGACGCCGCCGGAACATGTCGTACTTCTGCTTAATCTTCCACAGGACGGCGGCCAT
AAGCAGCAGCAGTAGGAAGCAGGAGGAGAATGTGATGAAGAATTGCTGCAGGTTGAGCTTGGGATACTGTGAGAAGGCAATTTGTATCCAGATTG
GGGGCTGGAAGTCGTGCACGAACACGTAGAACGTGGTCAGGGAGCTGTTGTCATCGGGCGAGTGCCCGAATTGGTAGTCCGTCTTGGGGAACCGA
TGACGGAACGTTGAGCAGTTAACGCCCACCAAGATCAGCATGTCCGGCGAGCCAGCCCTCTTGACCGAAATGTCCATTTTGGCCGGCACGCTGCA
CGTAATGGTGAAATCCGCATCGATCTCCGGCTTTCCCGGTGAGTTCCTGAAGTTAATTTGTGTAAAGTGGCGATCCTCCTTCTTTGAAAGATTAA
ACGTGAACTGGTAGTCGATGGTCAGCTCGTAGTAGCAGGAGCCCTTTAGCGGATCACCGTGGTAATGGTTCTGGGAGTCGCACTTCTCGCAGTGA
TCACCGACTATACCCTTGGTGGTGCAGAAACACTTCCCAGTGTCCGGATGACAGTAAACGCCTTGGCCGTTGCAATCGCATCGCTGGCATTTTCC
CCCGTTTATGGGATTACCCCAGTATCCAGTGCGACACTTCTCGCAGTGCGCTCCTGTCGTCAGATTATTGCATGGCTGTTCACAATGCTGTTGGT
CATTACAATACGAATGCCCGTTGCAATTGCACCGGGGGCAGGACGTAAAGAACCAGTGCTTTAGGGCGCACTCCGTGTCATCGTAGGGTGCCAGT
GCTCCGCCAACCACGCACCTGCCCAGACCGGTGTTAGAGCCATTGTCACACCAACCGCAAGCCGGATCGTCCAGGCACATCTGGCAGCTGTTGTA
GTAGCCACATTGAGCACTTGACAGTGCCGTAGTGCTGCCCACGGCCAGTGCCGTTGATTGGATGGGAGCCGACCGGCACTTGGCTGTGAAGGTGG
TCCACTCTCGGCACTGACCGTAAGGAAAGCTGGCCGTGTAGGCATTGCGGTCCACGCAGCGCTGTTCGTTTTGGCACCAGATGCACTCGTCCTCG
GTGCAATTCTGGCAGTTGGTCAATGAAGCGCAGGACGGCGAGCAGGCCACCTCATCCTGCGTCCGGTTGAGCGCCAAACCACCGTAGGAAGTGTA
GCTTTTGCAGCGGTTGTGCTCCGAGTCCCAGCGACACGCCAGGTTGGCAGAGCAGGCGCGACAATTGTGCAGCTGATCGCACACAGATGACACCA
GGTACTCCTCGGAGATGGGGCACGAATCCAGATGCTTGGCATTTAGCGGCGGACTAGCCGTGGACACTGCCATTTGTGTGGACGACTCGAAGAAG
ACCGAAGCCATTGAGGTGGTTTCACGACACCGCTCCTTGCTGCACACTCCGTTTCCGCAGTATGTGCAACCAAAGGCGGTGGACACGCACGATTG
ACAGCTGGCCAGTTCCTGGCAACGGTGCACATCGTGGAGTAACTCTGAAGTGAGGGTAAGACGGCTCTTCGACGGGCAAGCCACATAGTCGTATT
GCTCGCGTCCGTAGATCGCCGATCTTTGAACCTGGGTAATGGCGATGCAACGCATCTTTTGCACGTCCCAAATACACTTCACTCCAGGTCGCGCT
GCCGTGCACTTCTCCTGTTTGGTGTAGTAGCTGCAGTAGCCCGGCTGGTAGCGCAGCATATCGTTTAGCAGCTGGCCATTGAAGCCGCCATAAAT
GTACAGCGACTCCTCGAACACAACCGAACTGTGACCGAAGCGGGCCAGATCCGCCTGCAGGTGGCCCGGCATCGGATGGTAGTGCCACGAGTCGC
AGTACACGTCGTACACGAGCAGGTCCTGGCTATAGCATTTCGCGCCGTAGCTCTGCGATGTGTCGTTGTGCGTATTGCCACCGAAGACCATCATT

AGTCCCTGGTTCACAAAGTTTGCCGTGTGAAGTAGACGCGCACTTGGCGCCGCAGACAGCAGACTCCAAACTCGCGTTGCCGGTTCATAGGCATA
CAACCTAGAGCTCAGCACCTGACTGGACTCACTCTCGGAGACTATTCCACCGTAGACGTACACCTTCTCCGTAAGAAAGTCGTACGCGGCACTGT
GTCCGTATCCGCCTTTCACCACATAGCCGGTGGTGGGGACGATGCGCCACTCTCGTGATGCAAAGTTGAACTCCTGCACTGTGTTGAGGTAGCCG
TAGTTTGGAGAGTGACCGAAGATAACAACCATGTACTGGTAGTTGTTTTTGTCCCCGTAACCGGGAACCAAGGTAGCTGTGTGACCCACCACATG
CAGGGGTCCGCACATAGCGGTGGTTCCTCCAGTGGCGTTGCACGAGGGATCCGCTCTTACCGAGATGTTCGCCCACGTTCGCGCCGAGACGTCGA
AGGCCCACAGTTCGTTGGAGATGCCGTGGCCCTTGACCACTCCACCGTACATGAAGATCTTGTCGCCGTACATCACTGTCGAGGCACCGTATCGC
TTGTCAGGAACCTCGCTACCATCCTCCGGGTGCACAGTCTCCCATACGTTGCCATTGAAGTCATAGGTGCTCATTAGTTTGCCTCGTCCGTACGA
TTCGCCGCCCACAATGTGCAACGTGTCTCGCCAGATGGTGGCGCCATGGGAGGCGCTTCCGGCTGGCGCCGGCGAGTGCTTCGGGTGGACCGTGG
ACCAGGCGCCGTGGGCGCTGATCTGACTGCAATCGTCGCCGGCGAAGCCCTCGTAACAGGAGCAGCTGTAAGAAAGTACGAGACTTAATGAGAAA
TTGCAAATTCGAAACGAGCCATTTGCGCCCTTTTTGCACATAGATTAGTTTCTGCTTGCATTTCCTCGCTTTTCTAGTTTAGTTTCTGGTTTACA
CTTAGTTAAGCTACTCAGGCACGTAATTGCATTCTAAATTTAGACAAGTGACAAACAACTAGTTATCTACAGATAACCGGTAAAGAGTTTGTTAT
ATAACACAAACAATAACAAATGTCTTAAAGGGCTTTTTGAATACTATAATAAAACTCAATACGATGCAAGCAAAATAATTAAGGGCTTCATATAT
AGAGCCAACTTACCGTTCCTGGTCAAGACGACAATGGCCCTGGTTCTTGGACTCGAAGCAGTTGTTGGGACAGGCGGCTATGTTGCAGGCTTCAC
CCCTGTACATGGGATCACAGATGCAGTCGCCATCGCGACACTTGCCATGGCCGGAACACTCCACCTCTGAAATGGTATAAGTAGTAACTATTTAG
AATCTTCTCTGTTTAAGGTAAGCTAAATGACAATCGTACCATCGCTATCCGAGGGACAACTGTTCATCTTGTAGGTGAGGTTGAAACCGGACATG
TTGTAGGCATCGTCACTGAAGAAGTGCACCAGCGCCGTGCCGGATGTCGCTATCACCTGTGGCACTCGACGAATGGAGAAGTTGCCGCGATACAT
GAGGCCACTGAACGATAATACGGAAAGGAAGGAAAGCCAATGGTTAGTCATGAAATAAACATGTTGTCCAAGCAAACTAAGCTCACCTGAACACC
GCCAGCAGGGGCGAGTCCACGCTGTCGCCATCGTATATGTACAGATGATCCCAGCCGCACTCCGTGGCGAACTCTCGCAGGTGGATCCGTATGTT
GGCGGTTCGCGACGGATTGGTATTGTGTCGGCGGTTCCAGTGCGGATGTCTGGCGTCGATTAGCCAGCTGCACTTGACACTCACCGAATAGTTGC
CCCATCCGTCGTGTATTGTGCCCATGGGGTGGTACATGCTGCAGATTGGAAAGATGGCAAGAGAGAGTGGATATGGCATCCATTAGCTTCGAGGT
GGCTAAATAAATCAATTCCTCTATCGATTTAGCGATATGGAGTGCACACGCAAATGGCAATAGCCCGATGCTGTGAGGAGATAATTGAATTTGCC
GGTCAGCCGGCCAGCGCAATTGCAATCTACAATTGATATGGGTACAGTGTATGTGAGATGGTATAGGTTGCTATAGGCTGCATCGTCCGTATTGC
ATAGACTATCTGTGTCCGAACTGAAGCCGTTCAACTGTTGACCGGCCAAGTCCGTTGTGCATTCTCCACTCTTTGGGCATTTGTTTCCCGTGGCT
TTTGTTCTTTGAATGCGGATTACGAGTGAAAATATGTCTGGAAGACAGTCTTCAACGAAATGTGACAAGTTAAGAGCTTGAAACTCGAGTAGGGT
ATCCGCCAGTCGCATGCCAGTGCCTTCCTTTGTCTGTCTTATTATTTTCTTAGTGTTTTGTTTGCACATCCGCTTATAAATAACTGCTTTCCCCT
GATTTAGTCGCACTGATTTCAATTTACAGCTGTGCGAGCACAAAACGCAGTGCTCAACATACTCATATGTACATATGTGATAATTAAATGCTACC
CTGTAGTTGCAGCAGCCGTCTTAATAGTTGATCTTTCGTTTCTTAAATTAAAAGGTCAAACGAACATTTGCTCGTTCTCTAACAACAAAAAGTTT
ATCGGAAAATAAAAATATTCATTAATTAAATCATGAAGCAGATTTTAACTATTATACGTTAATGGCATAGTAGTGAGTAAACACTCTTTATAAGC
CCTTTGAACCGTGTGCAGATAAAGAATGGCTTTTCACCAAGCAAAACTCCATATCTTACTAAGCTGGCAAAGATAAAACGCGACATAATGATTCT
ATATCATTATAAATGGATGGTACAGCTCGTAAAATTTACATATATTAATTATAATTTGCAATATGTATGCACAGCTTCAAGTACATTGTTTGCCA
TTTAAAGAAACTTTGCACACTCTTCTCGGTTATTTGTTTGTTCTAGTTTTAACAATTAACTCACATAGTCAGTGTACTCGGAGAAAGTGGAATCA
GCAGCCTTCCGCATTCTAAATGCGACTCACGTTACACCAAGCAAGTGCCGATAAGTACTGCGTATAGTACACTAACAATTGCGGCCACAACAATA
GTGCCGATGGGCATTTTTGATTATTAGAAAACACTTTCCGTGTGCCTACACTAATAATTGCTTATTTATCACAATGACTTATCTAGAGGGTACAA
TTTGGTTTGCTTGTTTAATCGTTTTATTTTTGTCATCGCTGGCCATCATATTTTTATTATTTTCGCTTGTCAAAAATATGAAATAGACCAGATCA
TTAAACGAGATTTTTTTTAAGTTTATGGTATCTAGCTTTGTGGCATCATAAAGTCAGAAAGTCATAAAATATTATTTATGTGGATTGCAAGGCCA
TATCTTTCAGTAGTTCTAAAACCTCTTTGATATTGATTATATCTATGCTAAATTCATATAGATTCTTAGATTCTCCCCAAGAAACCTCATATTTT
TACGCCCGTAGCTGTAGGAGACTGCGTCGTGTGGGCGTTGTGTCTCGGTCAGTTCTAAACTTTGAGTAAACACTCCGTCCAGCCGGGATGCAGTC
GTGCCTGGGGGGGCATATCAAACGATAGCCACGAAAAATCAATGTCGGCCAAAGATATATTTACACACTCATTGGCAGCCAGCCGGTGAGTCACT
CTGTGCACTCGAGCACAGCTTAGCTTACGCACAGCTTTGGAGATGGTAGATGGAACCACATATATGTATAGCAATAGCTGGGGCATCGGCACCGT
GAGCTGGAGTAGGTGAATAGGCGCCCTCGTCATGTGGCCATTCGGCTGGAATGCATTTGGAGTGAGGGAAACCAGTTCGATTGCGCCCAGTTTTT
GCATAGAAAGCCGGCAAAGCAGTTGCCTTTCGAAGGCAACTTGAGCTGGTGAATCGTTGGCAGCGGTTAGATCCGAACTAGCAGCGAAAAGACTG
AAAACTCACAGGCGATAAGCGGACACACACCGCTGATAAGGCCATGCCCTTATCACTGCTCAATTTGAGCGGACAAGTGTGTGGCCCCGGAATTT
ATGGCCCGCTAAATGCTGCGATCCAACGATCTCAAACGCAGGCCGGGATCAGGGGTCTGTGTGGAGCCTGAAACTGGTTTCTGGATGGTTGGGGC
AGGTGAGGCGACGACCTCAATGCTCGAGTGCGCAAATTGCAGGTCCCATCATCAGCAGCACGGCAGGCAGGTGAATGGGTTTAATTATTGTCAAG
ATAGAACGCTCGCTTATCGGGCTTCGCGAGCAAATAGCCGCTGTTAAGAAACATAAACAAACTATTTCATGAGCTTTATGACGCCAGCCGTAAGC
GTGAGCAACCAAACTGGCCCAACGACTTCTCACATACATATCTATTAAATATAATGTATAGCATTCGTGCAACACTTTAAATACATCAGCCTATG
CCGGGCAAAAAGCTGTTATCTAATGTTTGGCAAAATAAACATTATTTTACTGGGATAATATTTTGGGATTGATGTGAAAGAGTTCTTTTAGGTGT
ATATACACCTCATTATTTATTAGTATGTCATTTGACATTTCTTGAATTAGATATTTTTATAGCACTGTTCCTACTTGGTTCGTCTTAAAGAAGCT
TTACAGTAGATAAGCAAAGCGTTTTGTATCTGACTCAGGTAATATGACGAATATAACGTTTTCCAGAAATATATGTACATATATTTTCCCTGCTC
AATCAGCACATTAGATGGCAAAGAAGCTAATGTGGCCAAAAAGCAGTGGCCTCTGCCCCAAACAAGTTCAAAGTCAAAGCGAAATAATTGAATAA
TCCGCATTGGAAGCGTCAGGAGGCGTAGAAAGCGGCCAGCAGGTGAAAGAATGTCTAGAGGGAAATGGGAGAAAGAGAACGGGAATTGGGAGAAA
GTGGATGGTGGAGCGGTGAAGAGACGAGATAAACACGGCCAAGAACCCGTCCGACCAGATGAAACTGAACCGTTGGCTGACACAAATAGGCCGGA
CCGAAAAGGCAGAGGAGATCAGACCGAAAAGAATGGAAAATTGATAGGATATTGATGGCTTAACCACCACATCTTACTGGACTGGAGCTGATCTT
TGGGGTAGCTGATCTATGGTCAATTATGTGACCTAATATGGAGATCTTACTCTATCTATGTGGCATGCTGTGCATAACCAGCCACTTACCGCACT
TTTCCGCCACAGAACTGGCACTCCGGTCCCTGCCAGCCGTCGGCGCAGAGGCACTGGCCGTCCTCCTGGCACTGGCCGTCGTTCTGGCAGCGGCC
GCCGTGGGCGGTGCAGTTGAAGGCGGCCGCCCGATGGAGTCCGCTGAAGCAGCCGTGGAAGAGGAGCAGCGTGAGGAGGAGCAGGCATTTTCGCC
TGTACTTGGCGTTGAATGTGGGTGAGGTGCTGCTCCGGTTCGGTTGCTTCTGCGGTGGCTCCGCCGCCAGGCACATGATTTGCGTAGTTGATTCC
AATTCACCGCCCGCCCGCAGCTTCACATCGTCGTCGTCCTGCAGCGAGTCCTTCGATTTTCGCGACTATTGCACAATTTTCCTTTGGGCCTTTCT
CTCTGGCCGTTTTTCTTTTCTTTTCTATTTGCAATTCGGGGCAACCCAAGGCCCCGCACTTGAACGCACACACACACACACGCACA
CACTGGCACACTCACTCACACTCGCGAACGCGGCTGCACAACAAACAATATTGGCAAAAAGAAACAACAACCTGCATCCAGCGACTGGCAAAGTT
ATTGACAATTTATTTGTGAAACGAAACGAGAAATCTGCTGGGGGTCCAGTGCTGCACAGCGTTGCACTGCTTCGGCGTTGCAAGCACTGCTTAAC
AGGGTTGTCAAGTCACTGTCGGTATCGATAAGATATCTAGCAGGGATTACTTTAAAATTATTAAACAAGCTTAGTGTGGTACATTTACTTATCAC
ATACATAAAGGAGTGCCAAATTTATATGAATAATAATATTAAAAATAATATAAGAGAATATTTTTAAAAAGCTTAATTTTAAAGCGTTAACAGTG
CAAGTAATTTAACTGTGGCACACTTTTGTTGCTATAGTTTTTCGAAACGTTTTCAAAGTGGTAAAATTGGCAAAATTGTAATACCAATTTCATTA
CTTTAGAATATTCATAATGCGACATCGACATTTTTTATATATTTTCAGATATTTTTGTTATTTAAAAACAGCTCGTACAATCGATATCTTATCGC
TGCAAACATTTCAGCCCTCGCAGTCGTTACAACCGTAACAGCACAGTTACAGTTGCAGCTTTCTGTTAGTAGGACTGCTGTTTATTTGTTTATTC
AAAAATTAGAAATAAATGTTGAAACCAAAGTAATATTTATAAAAAAAGCACTTAAAATAGAGCAAGAATTGTAGTCTTAGAAAGAATACATAGAA
CTTAGCTTATGAACAAAGAATTAAACACAAATAAATAGAAATACAGTAACCAGAAAATCAATACCCGTTAACAACAACCGGAGCGCGTAAATTCC
GTCAGTTTGACAGTTGCGTTGATAAGAACGATGCGGACGGACTTTTGAGTGCGCAGGCGCGCTCCGAGCGCACCCGTCCCCCCTTTCGTCATCGT
GGCTGTTTGCCTGCCAACTACTTTCCGGAATCCGATTTCTCAGACAGTCCACGTTCGGGCGTCGTTGCAAGCAGTGTGTGCTAACGGTACTCCAA
CCGCGCTGCATGTGCGTTCCCCGTTTGCATCTGTGTGCGTGTGTGAGCGGAGAAG

(SEQ ID NO: 628)

Exon: 9315..8735
Exon: 5453..5217
Exon: 5137..4980
Exon: 4911..4764
Exon: 4396..3957
Exon: 3878..1606
Exon: 1544..1458
Exon: 1304..1223
Exon: 1158..1001
Start ATG: 9006 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT17798

TCAATAACTTTGCCAGTCGCTGGATGCAGGTTGTTGTTTCTTTTTGCCAATATTGTTTGTTGTGCAGCCGCGTTCGCGAGTGTGAGTGAGTGTGC
CAGTGTGTGCGTGTGTGTGTGTGTGTGCGTTCAAGTGCGGGGCCTTGGGTTGCCCCGAATTGCAAAGATTGCAAATAGAAAAGAAAAGAAAACGGC
CAGAGAGAAAGGCCCAAAGGAAAATTGTGCAATAGTCGCGAAAATCGAAGGACTCGCTGCAGGACGACGACGATGTGAAGCTGCGGGCGGGCGGT
GAATTGGAATCAACTACGCAAATCATGTGCCTGGCGGCGGAGCCACCGCAGAAGCAACCGAACCGGAGCAGCACCTCACCCACATTCAACGCCAA
GTACAGGCGAAAATGCCTGCTCCTCCTCACGCTGCTCCTCTTCCACGGCTGCTTCAGCGGACTCCATCGGGCGGCCGCCTTCAACTGCACCGCCC
ACGGCGGCCGCTGCCAGAACGACGGCCAGTGCCAGGAGGACGGCCAGTGCCTCTGCGCCGACGGCTGGCAGGGACCGGAGTGCCAGTTCTGTGGC
GGAAAAGTGCGCATGTACCACCCCATGGGCACAATACACGACGGATGGGGCAACTATTCGGTGAGTGTCAAGTGCAGCTGGCTAATCGACGCCAG
ACATCCGCACTGGAACCGCCGACACAATACCAATCCGTCGCGAACCGCCAACATACGGATCCACCTGCGAGAGTTCGCCACGGAGTGCGGCTGGG
ATCATCTGTACATATACGATGGCGACAGCGTGGACTCGCCCCTGCTGGCGGTGTTCAGTGGCCTCATGTATCGCGGCAACTTCTCCATTCGTCGA
GTGCCACAGGTGATAGCGACATCCGGCACGGCGCTGGTGCACTTCTTCAGTGACGATGCCTACAACATGTCCGGTTTCAACCTCACCTACAAGAT
GAACAGTTGTCCCTCGGATAGCGATGAGGTGGAGTGTTCCGGCCATGGCAAGTGTCGCGATGGCGACTGCATCTGTGATCCCATGTACAGGGGTG
AAGCCTGCAACATAGCCGCCTGTCCCAACAACTGCTTCGAGTCCAAGAACCAGGGCCATTGTCGTCTTGACCAGGAACGTCAGATCAGCGCCCAC
GGCGCCTGGTCCACGGTCCACCCGAAGCACTCGCCGGCGCCAGCCGGAAGCGCCTCCCATGGCGCCACCATCTGGCGAGACACGTTGCACATTGT
GGGCGGCGAATCGTACGGACGAGGCAAACTAATGAGCACCTATGACTTCAATGGCAACGTATGGGAGACTGTGCACCCGGAGGATGGTAGCGAGG
TTCCTGACAAGCGATACGGTGCCTCGACAGTGATGTACGGCGACAAGATCTTCATGTACGGTGGAGTGGTCAAGGGCCACGGCATCTCCAACGAA
CTGTGGGCCTTCGACGTCTCGGCGCGAACGTGGGCGAACATCTCGGTAAGAGCGGATCCCTCGTGCAACGCCACTGGAGGAACCACCGCTATGTG
CGGACCCCTGCATGTGGTGGGTCACACAGCTACCTTGGTTCCCGTGCAGGAGTTCAACTTTGCATCACGAGAGTGGCGCATCGTCCCCACCACCG
GCTATGTGGTGAAAGGCGGATACGGACACAGTGCCGCGTACGACTTTCTTACGGAGAAGGTGTACGTCTACGGTGGAATAGTCTCCGAGAGTGAG
TCCAGTCAGGTGCTGAGCTCTAGGTTGTATGCCTATGAACCGGCAACGCGAGTTTGGAGTCTGCTGTCTGCGGCGCCAAGTGCGCGTCTACTTCA
CACGGCAAACTTTGTGAACCAGGGACTAATGATGGTCTTCGGTGGCAATACGCACAACGACACATCGCAGAGCTACGGCGCGAAATGCTATAGCC
AGGACCTGCTCGTGTACGACGTGTACTGCGACTCGTGGCACTACCATCCGATGCCGGGCCACCTGCAGGCGGATCTGGCCCGCTTCGGTCACAGT
TCGGTTGTGTTCGAGGAGTCGCTGTACATTTATGGCGGCTTCAATGGCCAGCTGCTAAACGATATGCTGCGCTACCAGCCGGGCTACTGCAGCTA
CTACACCAAACAGGAGAAGTGCACGGCAGCGCGACCTGGAGTGAAGTGTATTTGGGACGTGCAAAAGATGCGTTGCATCGCCATTACCCAGGTTC
AAAGATCGGCGATCTACGGACGCGAGCAATACGACTATGTGGCTTGCCCGTCGAAGAGCCGTCTTACCCTCACTTCAGAGTTACTCCACGATGTG
CACCGTTGCCAGGAACTGGCCAGCTGTCAATCGTGCGTGTCCACCGCCTTTGGTTGCACATACTGCGGAAACGGAGTGTGCAGCAAGGAGCGGTG
TCGTGAAACCACCTCAATGGCTTCGGTCTTCTTCGAGTCGTCCACACAAATGGCAGTGTCCACGGCTAGTCCGCCGCTAAATGCCAAGCATCTGG
ATTCGTGCCCCATCTCCGAGGAGTACCTGGTGTCATCTGTGTGCGATCAGCTGCACAATTGTCGCGCCTGCTCTGCCAACCTGGCGTGTCGCTGG
GACTCGGAGCACAACCGCTGCAAAAGCTACACTTCCTACGGTGGTTTGGCGCTCAACCGGACGCAGGATGAGGTGGCCTGCTCGCCGTCCTGCGC
TTCATTGACCAACTGCCAGAATTGCACCGAGGACGAGTGCATCTGGTGCCAAAACGAACAGCGCTGCGTGGACCGCAATGCCTACACGGCCAGCT
TTCCTTACGGTCAGTGCCGAGAGTGGACCACCTTCACAGCCAAGTGCCGGTCGGCTCCCATCCAATCAACGGCACTGGCCGTGGGCAGCACTACG
GCACTGTCAAGTGCTCAATGTGGCTACTACAACAGCTGCCAGATGTGCCTGGACGATCCGGCTTGCGGTTGGTGTGACAATGGCTCTAACACCGG
TCTGGGCAGGTGCGTGGTTGGCGGAGCACTGGCACCCTACGATGACACGGAGTGCGCCCTAAAGCACTGGTTCTTTACGTCCTGCCCCCGGTGCA
ATTGCAACGGGCATTCGTATTGTAATGACCAACAGCATTGTGAACAGCCATGCAATAATCTGACGACAGGAGCGCACTGCGAGAAGTGTCGCACT
GGATACTGGGGTAATCCCATAAACGGGGGAAAATGCCAGCGATGCGATTGCAACGGCCAAGGCGTTTACTGTCATCCGGACACTGGGAAGTGTTT
CTGCACCACCAAGGGTATAGTCGGTGATCACTGCGAGAAGTGCGACTCCCAGAACCATTACCACGGTGATCCGCTAAAGGGCTCCTGCTACTACG
AGCTGACCATCGACTACCAGTTCACGTTTAATCTTTCAAAGAAGGAGGATCGCCACTTTACACAAATTAACTTCAGGAACTCACCGGGAAAGCCG
GAGATCGATGCGGATTTCACCATTACGTGCAGCGTGCCGGCCAAAATGGACATTTCGGTCAAGAGGGCTGGCTCGCCGGACATGCTGATCTTGGT
GGGCGTTAACTGCTCAACGTTCCGTCATCGGTTCCCCAAGACGGACTACCAATTCGGGCACTCGCCCGATGACAACAGCTCCCTGACCACGTTCT
ACGTGTTCGTGCACGACTTCCAGCCCCCAATCTGGATACAAATTGCCTTCTCACAGTATCCCAAGCTCAACCTGCAGCAATTCTTCATCACATTC
TCCTCCTGCTTCCTACTGCTGCTGCTTATGGCCGCCGTCCTGTGGAAGATTAAGCAGAAGTACGACATGTTCCGGCGGCGTCAGCGATTGTTCGT
CGAAATGGAACAGATGGCGAGTCGACCGTTTTCCCAGGTGCTGGTCGATATCGAGAACCGCGAAAGTATTGATCTGAGTCTGACGCTGGAGGGCA
TTGGCCACCTGTCCAAAAAACGCAAAAAGGAATGCCCTAGTCCCATCGCTTTGGAGCCTTGCAGTGGCAACCGAGCCGCTGTGCTCTCGCTTCTA
GTCCGGCTGCCCACGGGTGGCCTTTCGCAAGCGCCTTCTGGCCAGTCCGCTGGTCTGGCTGTGGCCAGCGCCTTAGTCACGTTGGGCAATCCGCG
TCGTCCGTCGATCGATCAGCATCCGAAGGAGCCAAAGTCAAAGCGCAAGCAGAGCCAGCACCCAGACAGTTGTACATAA

(SEQ ID NO: 629)

Start ATG: 310 (Reverse strand: CAT)

MCLAAEPPQKQPNRSSTSPTFNAKYRRKCLLLLTLLLFHGCFSGLHRAAAFNCTAHGGRCQNDGQCQEDGQCLCADGWQGPECQFCGGKVRMYHP
MGTIHDGWGNYSVSVKCSWLIDARHPHWNRRHNTNPSRTANIRIHLREFATECGWDHLYIYDGDSVDSPLLAVFSGLMYRGNFSIRRVPQVIATS
GTALVHFFSDDAYNMSGFNLTYKMNSCPSDSDEVECSGHGKCRDGDCICDPMYRGEACNIAACPNNCFESKNQGHCRLDQERQISAHGAWSTVHP
KHSPAPAGSASHGATIWRDTLHIVGGESYGRGKLMSTYDFNGNVWETVHPEDGSEVPDKRYGASTVMYGDKIFMYGGVVKGHGISNELWAFDVSA
RTWANISVRADPSCNATGGTTAMCGPLHVVGHTATLVPVQEFNFASREWRIVPTTGYVVKGGYGHSAAYDFLTEKVYVYGGIVSESESSQVLSSR
LYAYEPATRVWSLLSAAPSARLLHTANFVNQGLMMVFGGNTHNDTSQSYGAKCYSQDLLVYDVYCDSWHYHPMPGHLQADLARFGHSSVVFEESL
YIYGGFNGQLLNDMLRYQPGYCSYYTKQEKCTAARPGVKCIWDVQKMRCIAITQVQRSAIYGREQYDYVACPSKSRLTLTSELLHDVHRCQELAS
CQSCVSTAFGCTYCGNGVCSKERCRETTSMASVFFESSTQMAVSTASPPLNAKHLDSCPISEEYLVSSVCDQLHNCRACSANLACRWDSEHNRCK
SYTSYGGLALNRTQDEVACSPSCASLTNCQNCTEDECIWCQNEQRCVDRNAYTASFPYGQCREWTTFTAKCRSAPIQSTALAVGSTTALSSAQCG

YYNSCQMCLDDPACGWCDNGSNTGLGRCVVGGALAPYDDTECALKHWFFTSCPRCNCNGHSYCNDQQHCEQPCNNLTTGAHCEKCRTGYWGNPIN
GGKCQRCDCNGQGVYCHPDTGKCFCTTKGIVGDHCEKCDSQNHYHGDPLKGSCYYELTIDYQFTFNLSKKEDRHFTQINFRNSPGKPEIDADFTI
TCSVPAKMDISVKRAGSPDMLILVGVNCSTFRHRFPKTDYQFGHSPDDNSSLTTFYVFVHDFQPPIWIQIAFSQYPKLNLQQFFITFSSCFLLLL
LMAAVLWKIKQKYDMFRRRQRLFVEMEQMASRPFSQVLVDIENRESIDLSLTLEGIGHLSKKRKKECPSPIALEPCSGNRAAVLSLLVRLPTGGL
SQAPSGQSAGLAVASALVTLGNPRRPSIDQHPKEPKSKRKQSQHPDSCT*
(SEQ ID NO: 630)

Name: LanBl-like
Classification: cell_adhesion

Celera Sequence No. : 142000013384557
CTCGCTCTCCTTTTGTGTGGCTAATTTTTTCCTTTTAGTCCTTTTTTCGGTTGCCTTCGTGCAGAAATTCCCTGCTTTATGTAATTTAGAACACA
ATGTTTGCGTTGCACTGTTGGCCGACTGCAGCTGAAAACCGCACAAAAAAAGCGACGCACACACACACCTTCGAGCATCCGGACTTCCAATTTGC
ACTGCTTTTCTAACAGTCTATCGCGCACGCACTGCCACAATTTCACCCGCTTATCGCGCCGCAATATGGGACGTTCGCTTTTCAATCGATTTTGG
TAACCGGCAGGTGCGCTTTATGCGAGAATTACGAATTTTCTCCAGCGGCAACTAGAATCGTTCACACAGACACCGTAGAAGTGACGCCATCTTTG
AAGCGATTAGTGTTGCAAAGCGCGTCTGCAAAAGTGCTGGCTACCAACTACGGTTGATAGGGATGAGGGCTATGGCTTGTTGACCGAAAATGATA
AATGTTAACTATGCCAATATATTTTAGATTTTACTAATACGTTACAAAAATAAGAAAAGACTATGATAAAATTGTGTTTTAGCTTGGCTCATAAG
TATTGATCCTTTATAAGCTATGGTCTTGCAGTGGCTAACATTTCTCAAATTAGGGCAACCATCTGATAAGATTTCTAATTCGAATTCTAATAAAT
GAATTTAAACTGCTTTTTCTTAAAGTTAAAAAAAAATTAGTTTTAAATCAAACGGCATGCATACATTAACCATCAAACAATGTAATTATATATAT
AATATTACCAATTGGGCTACTAAATATTGCTGATATGTAAGCTATGGTCATGAGGTAAAGGCATATTATTTATATAATTTTCATAGTATCTTTGT
TGTAGGGGAAAAATAACAAGTAATTTAAAATTGTTCAATTGACTTAAAACAAAATATAACAGATATTATTTTTAAATCCAACGACATACCATATA
AAGTTGGTATTTCTTTCTAATCTGCTTGGTATTCTCATCGACCCCAATCGGTCACACTGGTCGTGAATCAGAAACGCACTAATTAGTCAAAAAAA
CGGTACAAAAGATCGCTTAATTGCTGAAATTTCACCTGTCGCAGTTAAGTTTACCCACCAGCAGTTCAAAACCAGCCAGAGGCTAGCTAAAAACC
CCAAAGATCGACCCCAAAACATCGCCGCAAAGTGGACAACTCCCAGTTTTCAGAGCACCTGCCCCTCAAAAAGGAGCATCGCGACAAAAAGGCGA
GACTTCGCAGCAGAATGTCCTCGCTCTCTGCGTCCGCGGAGAATGTGTCCAGTTTGGGACTGGGATCGGGCGGAGGAGGAACTACTTCCCACGAC
GGCAACTCCCAGCAGGGTTCCGGATCCGACGGAGGATCCAGTATGTGCCTGGAACTGGCCCTCGAGGGTGAACGCCTCTGCAAGGCGGGTGACTG
CCGGGCGGGCGTGGCCTTCTTCCAGGCGGCCATTCAGGCCGGAACCGAGGATCTTCGCACTCTGTCCGCCATCTACTCCCAGCTGGGCAACGCCT
ACTTCTACCTAGGCGACTACAACAAGGCGATGCAGTACCACAAACACGATCTTACGCTGGCCAAGAGCATGAACGACCGACTGGGCGAGGCCAAG
TCCTCTGGCAATCTGGGCAACACCCTCAAGGTAATGGGTCGCTTCGACGAGGCGGCCATCTGTTGCGAGAGGCACCTAACGCTGGCCAGGCAGCT
GGGAGATCGTCTGTCCGAGGGACGCGCTCTTTACAACCTAGGAAATGTCTACCACGCCAAGGGCAAGCACTTGGGTCAGAGAAACCCTGGAAAGT
TCGGCGACGATGTCAAGGAGGCGCTCACCCGTGCCGTGGAGTTTTACCAGGAGAATCTGAAGCTCATGCGGGATCTGGGTGATCGTGGTGCTCAA
GGTCGAGCTTGTGGTAATCTGGGAAATACCTACTACCTACTAGGCGATTTCCAAGCGGCCATTGAGCATCATCAGGAGCGACTGCGCATTGCCAG
AGAGTTTGGTGATCGCGCGGCTGAGCGAAGGGCCAACAGTAATCTTGGCAACTCGCACATATTCCTGGGACAATTCGAGGACGCCGCCGAACACT
ACAAACGCACCTTGGCTTTGGCCGTTGAGTTGGGTGAACGCGAAGTGGAGGCCCAGAGTTGCTACAGCTTGGGCAACACCTACACGTTGCTGCAC
GAGTTCAACACTGCCATCGAGTATCACAATCGACACTTGGCCATTGCCCAGGAGTTGGGCGATCGAATTGGTGAGGCCAGGGCCTGCTGGTCACT
GGGCAATGCCCACTCTGCCATCGGTGGTCATGAGCGGGCCCTAAAGTATGCGGAACAGCATCTTCAACTGGCCAAGGAGCTGCACGACCCGGTGG
GTGAAAGCACAGCCAGGGTGAACATCTCCGATCTACGAAAGCTACTCGGAATGCCCGACTCCGAGCCTTCACCCACCGAGGAGGAGGCTCGATCC
ACCGCCTCCGATCACTCGGCCAGCGGAAATCAGTCGGATGGATCGGAGAACTCGCAAGGAAGAATGGTAAGAGAAACGAGCTGCAACAACATAAA
GCAATATGAATGATTCCTGAGATATTTTTAAACAATACTGGCAGTCCGTTTGTTCTATTTTTCGAAGTGGACACCTGCTGCTTGCAGTGTTTGCC
CCTTTATGTTAGCGTAAATATTTATACTTTGTACCAAAACACATCGTTAAACTTTCGATTCGAGCACATGCTGAGAAATTGAAACCCCTGAAAGA
TACATAGCTAAATTTATTACTTTAATTGCTTCCCGTCAGGTGCGCGTTCGTCGCCAGAGCATGGAGCAGTTGGACCTGATCAAGATCACTCCCGA
TGGAAAGCGCATGCAGGAGGAAAAGCTACGAGCACAGGCGACCAGGAAAGCCAAAGACGACGACTTTTTCGAGATGCTTTCGCGGTCGCAGTCGA
AGCGCATGGATGACCAGCGCTGTTCGATCAAGGTGAATCCCGCCGGAGCTCCGGCGGTGGCCACTGGCGCCACGCGTAAGCCGCTTGTGCAGCAG
AACTCGTTGTTCGTGGATCCCACCAACCTGCCTGGCCTCAAGTCACCGTCGTCGGCGAATCCATCAGCCATTGGACATGGGCCGCTCGCCAGGAG
CGCCACCACTACGCAGCAGCCCGATGATGACTTCCTAGACATGCTTATGCGCTGCCAAGGCTCGCGTCTGGAGGAGCAGCGGTCCGAGTTACCGC
GCCCCAATGTCACCATGGACGCAGAGGCGGAGGCACCACCGCGATCCGTCCCAGAGGCTGCTGTTCCAGGGGCACCACGCGGACAGACCGGACGT
GGAGCTACCGTCCCCGATGAGGACTTCTTCTCACTGATCATGAAGGTCCAGAGCGGTCGCATGGAGGATCAGCGCGCCTCGATTCCGTTCCGAAA
TGCCAACAATAACAACAATAGCCGCAGCAACAACAACGGTTCAGCCGGCGGAGCTGGAAAGTAGAGAGTTGTAGTCCAAAAAGCTGAAGTCCAAC
CAAACAATCCTATAAATCCATCCCTGGCCGCAGCTCCTGACTCATTTCGTTGTAAGCCCATCTTGCGGCCATTTATTCAGTCGTTTATTTTCGGA
AATTGGCTGCTAAACATTTTGTTCTTTTACAAGATTTATATATACACACGTACACGAAAAGCATTAATTTATGAATAGCAACTAACCACGTAACC
AAATATTAGGGGTGTATAGGGCCTCGTCTACACGAGCAGAGGGAGGAACCTCCAACGGATGCACACACACTCATCCACTCATGACTCATTACATACT
CCACCATGAGCTGGCCATGATATTGAACGATATGCACTCGAGTCTTACGATATTAACGTTTTAATTGCATGTGCAAGTAGTTTAAGCCGGATAAT
ACTAATGTACTAATCCAATTTGCTCAATAGACGGAACCAAGTCTTCTCTACGATCAACGATCTTACATTCTCGTAGCCACATTCAGCTAAATATT
AAGTTTTAAGTCCATCGAACCCACTCTACATGTAAGCAATGCATTTTCCAAATCAAAATCTAACTACAGATATATCCAATTGTAACTATGAGTAT
TGCATTTTTCTATCAATCTATCGATCGATCTAAACTCTGAACATATTTTAAGCCACTTACAATTTTTGTTAGTATATTAACAAGACACAAAGAAT
AGCAGCTCGGAATTCCATTTGAGGACCGGCGCTTGTGCAAGCACTTAGCATACGATATACACAACCAATCATACTTACACATATACAAGAAACAT
ATGAACAATATATATATAGTTATACCAATGTCTAACGATTTGCCTCTTCGGGTATTGTTCTACACAATATATACAATACAAGTTATATATACACA
AAACAAAAACACAAAACTGAGTTCGAGTTGTACGAAATGAAGCCAAAATTTATTAATGTTATACTTTTTTGTAGCACGAGATCTACGGGATCTGC
GAATGAAAGATACCATACA
(SEQ ID NO: 631)

Exon: 1001..2536
Exon: 2795..3484
Start ATG: 1250

Transcript No. : CT17944
GTCACACTGGTCGTGAATCAGAAACGCACTAATTAGTCAAAAAAACGGTACAAAAGATCGCTTAATTGCTGAAATTTCACCTGTCGCAGTTAAGT
TTACCCACCAGCAGTTCAAAACCAGCCAGAGGCTAGCTAAAAACCCCAAAGATCGACCCCAAAACATCGCCGCAAAGTGGACAACTCCCAGTTTT
CAGAGCACCTGCCCCTCAAAAAGGAGCATCGCGACAAAAAGGCGAGACTTCGCAGCAGAATGTCCTCGCTCTCTGCGTCCGCGGAGAATGTGTCC
AGTTTGGGACTGGGATCGGGCGGAGGAGGAACTACTTCCCACGACGGCAACTCCCAGCAGGGTTCCGGATCCGACGGAGGATCCAGTATGTGCCT

GGAACTGGCCCTCGAGGGTGAACGCCTCTGCAAGGCGGGTGACTGCCGGGCGGGCGTGGCCTTCTTCCAGGCGGCCATTCAGGCCGGAACCGAGG
ATCTTCGCACTCTGTCCGCCATCTACTCCCAGCTGGGCAACGCCTACTTCTACCTAGGCGACTACAACAAGGCGATGCAGTACCACAAACACGAT
CTTACGCTGGCCAAGAGCATGAACGACCGACTGGGCGAGGCCAAGTCCTCTGGCAATCTGGGCAACACCCTCAAGGTAATGGGTCGCTTCGACGA
GGCGGCCATCTGTTGCGAGAGGCACCTAACGCTGGCCAGGCAGCTGGGAGATCGTCTGTCCGAGGGACGCGCTCTTTACAACCTAGGAAATGTCT
ACCACGCCAAGGGCAAGCACTTGGGTCAGAGAAACCCTGGAAAGTTCGGCGACGATGTCAAGGAGGCGCTCACCCGTGCCGTGGAGTTTTACCAG
GAGAATCTGAAGCTCATGCGGGATCTGGGTGATCGTGGTGCTCAAGGTCGAGCTTGTGGTAATCTGGGAAATACCTACTACCTACTAGGCGATTT
CCAAGCGGCCATTGAGCATCATCAGGAGCGACTGCGCATTGCCAGAGAGTTTGGTGATCGCGCGGCTGAGCGAAGGGCCAACAGTAATCTTGGCA
ACTCGCACATATTCCTGGGACAATTCGAGGACGCCGCCGAACACTACAAACGCACCTTGGCTTTGGCCGTTGAGTTGGGTGAACGCGAAGTGGAG
GCCCAGAGTTGCTACAGCTTGGGCAACACCTACACGTTGCTGCACGAGTTCAACACTGCCATCGAGTATCACAATCGACACTTGGCCATTGCCCA
GGAGTTGGGCGATCGAATTGGTGAGGCCAGGGCCTGCTGGTCACTGGGCAATGCCCACTCTGCCATCGGTGGTCATGAGCGGGCCCTAAAGTATG
CGGAACAGCATCTTCAACTGGCCAAGGAGCTGCACGACCCGGTGGGTGAAAGCACAGCCAGGGTGAACATCTCCGATCTACGAAAGCTACTCGGA
ATGCCCGACTCCGAGCCTTCACCCACCGAGGAGGAGGCTCGATCCACCGCCTCCGATCACTCGGCCAGCGGAAATCAGTCGGATGGATCGGAGAA
CTCGCAAGGAAGAATGGTGCGCGTTCGTCGCCAGAGCATGGAGCAGTTGGACCTGATCAAGATCACTCCCGATGGAAAGCGCATGCAGGAGGAAA
AGCTACGAGCACAGGCGACCAGGAAAGCCAAAGACGACGACTTTTTCGAGATGCTTTCGCGGTCGCAGTCGAAGCGCATGGATGACCAGCGCTGT
TCGATCAAGGTGAATCCCGCCGGAGCTCCGGCGGTGGCCACTGGCGCCACGCGTAAGCCGCTTGTGCAGCAGAACTCGTTGTTCGTGGATCCCAC
CAACCTGCCTGGCCTCAAGTCACCGTCGTCGGCGAATCCATCAGCCATTGGACATGGGCCGCTCGCCAGGAGCGCCACCACTACGCAGCAGCCCG
ATGATGACTTCCTAGACATGCTTATGCGCTGCCAAGGCTCGCGTCTGGAGGAGCAGCGGTCCGAGTTACCGCGCCCCAATGTCACCATGGACGCA
GAGGCGGAGGCACCACCGCGATCCGTCCCAGAGGCTGCTGTTCCAGGGGCACCACGCGGACAGACCGGACGTGGAGCTACCGTCCCCGATGAGGA
CTTCTTCTCACTGATCATGAAGGTCCAGAGCGGTCGCATGGAGGATCAGCGCGCCTCGATTCCGTTCCGAAATGCCAACAATAACAACAATAGCC
GCAGCAACAACAACGGTTCAGCCGGCGGAGCTGGAAAGTAG
(SEQ ID NO: 632)

Start ATG: 250

MSSLSASAENVSSLGLGSGGGGTTSHDGNSQQGSGSDGGSSMCLELALEGERLCKAGDCRAGVAFFQAAIQAGTEDLRTLSAIYSQLGNAYFYLG
DYNKAMQYHKHDLTLAKSMNDRLGEAKSSGNLGNTLKVMGRFDEAAICCERHLTLARQLGDRLSEGRALYNLGNVYHAKGKHLGQRNPGKFGDDV
KEALTRAVEFYQENLKLMRDLGDRGAQGRACGNLGNTYYLLGDFQAAIEHHQERLRIAREFGDRAAERRANSNLGNSHIFLGQFEDAAEHYKRTL
ALAVELGEREVEAQSCYSLGNTYTLLHEFNTAIEYHNRHLAIAQELGDRIGEARACWSLGNAHSAIGGHERALKYAEQHLQLAKELHDPVGESTA
RVNISDLRKLLGMPDSEPSPTEEEARSTASDHSASGNQSDGSENSQGRMVRVRRQSMEQLDLIKITPDGKRMQEEKLRAQATRKAKDDDFFEMLS
RSQSKRMDDQRCSIKVNPAGAPAVATGATRKPLVQQNSLFVDPTNLPGLKSPSSANPSAIGHGPLARSATTTQQPDDDFLDMLMRCQGSRLEEQR
SELPRPNVTMDAEAEAPPRSVPEAAVPGAPRGQTGRGATVPDEDFFSLIMKVQSGRMEDQRASIPFRNANNNNNSRSNNNGSAGGAGK*
(SEQ ID NO: 633)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384669
TTCAATGCCCTTTTTCTTTGGCTACCGATCGAAATACCCACTTTATGGTCTACCTCCCGCCTTCCTCGCCCGCACACATGTCATGCATATATATT
TTCCTGCTCGATCGGCACACGCATAGCGACAGAAAACAGGCGAGATGTATAATTTTATATAATAGGGCAAAGTTATTTTTAAAGGCACTCGACAA
TATTATTATGCTAATAAAAGAAATGAACTGCTTGCTACGCGGCGGCGGCGAAAAGACAAAACCGTTTTTCACACCAAATAACGGTCCATTCGAGT
ATGATTGTAAGTAAAAGTACCGTAACAGGGACTTACCGCGTTTTCGGCGCTTATCCTTGCGCTTACGCGGCTGCACATCGCCCGACATTTTGCTC
GCTAAAGGCACTAAAACCTATGCCAATATAATGGAGAGTGTTTGTTTTTCCTTTTCGAGCGGACCGGGCAAAACGGGCGATCTGGATCGACGAAC
AGCACGTTACTAAATGCAAATACCGCTCGCACCGTGGGAAAATTATTTATAAAGAGACAGTGGCGTTGCCAGATCCGGCGGGAATGATGAAAGCT
AGAGATGACAGCTGGGCAGTAAAGGCACCGCTATTTCAATTTTATTATTCTGGATGGAAAACTCATGACAGCTCTCAAAAACTATATTTACGCAT
AAATATTTATACATTTATTTAATTCTAATAATTATGTTTTATTTTAAATCGTGTTGTGTCGATAGATTGAATTTAATTTTAACAGTTCAGCAACG
CAAACGTTTAGAAAACCCAAATGTAATTTTTTCTGTTACTCGTGGATTTTTCATATTTTATGTCTATGCGCTATCCATACAACAGAACAAATTGA
TTTATTTGATTTAAAATGTAAAGTGCTCAAAGTATTAAATACAAGTAAATAATTTAAATTAAAAAAATTAGCTTTTTTTTTAAATATCGCATGTCA
TTAAAATTCATGCGCACTGCAGTCTCCAGTATCGTCACGCGCCCATCTCGAAGGGAACCAACCCCGACCAAGAAAAAAAAAAACAAGAAAATAAT
ACACAATTGGCGACGGCGGTGCAGAGGTTCTCCGTGTGATCCGATCGAACGGGACTAGGACCGACACGGACCAGGTCTAAATCCGCGAGGTCAGC
GGTATTATGGCCGGCGACATGTCCATCGGCTGTGCGGCCCTGAAGCGATCCAGCAAGCTGAGGTCCTGCACCAGCGCCGCCGACACGGACTCGAT
GCGGGTGCCCAGCGACCACAGGGACAACGGGAGCCTGATCAAGCCGCCTCCGGTGCCGCCGCAGAATATGCGCGGCGGTCTGCGGGTCTATAAGA
TTGTCATCCTGGGCGACGGTGGCGTTGGCAAGTCAGGTGAGCTATTCTAGCCATGGATTAGACGAAAGAAATGCCGAGTTATCACTGCGCACTT
TGATTGGGGCTGCGAAAAATCAATAAATTATCTCAATTTCTTTTACGCTTTGTTTTGACCCCCGTACCACCGACACCCACGAAACTCCACCAACC
ACCACTCCCAACGCCCTCTGAAAACGACGACGAAACCCGAACAGCTGTCACCCTTCAGTTCGTGAGCCACAGTTTCCTGGACTACCACGACCCCA
CAATTGGTGAGTAAGGCGCAGGGTGCGCAAGGCGTCTAAGGCACAAGCCCCCACAACCCCACTAAATGTATACCGGTTTTTTTTTTCTTTTTTGC
TGCTGCAGAGGACTCCTACCAGCAACAGGCGGTCATCGACAATGAGGCCGCCCTGCTCGACATCCTTGACACCGCCGGCCAGGTGGAGTTCACGG
CCATGCGGGACCAATACATGCGTTGCGGCGAAGGTTTCATCATATGCTACTCGGTCACCGACCGCCACAGCTTCCAGGAGGCCTCCGAGTACAGG
AAACTAATAACCCGTGTCCGCCTGTCCGAGGACATTCCGCTGGTTCTGATTGCCAACAAGGTGGACCTGGAGTCGCAGCGACGCGTGACCACCGA
GGAGGGCCGGAATCTCGCCAACCAGTTCGGCTGCCCGTTTTTTGAGACATCGGCTGCACTGCGTCATTACATCGACGAGGCATTCTACACGTTGG
TCCGCGAGATTCGACGCAAGGAAATGCACAAGGCCCTGGGCACGGACTCCAATTCGGAAAAGATTCACACGGGGCGACGAAGTCGCTGGTGGCGC
ATCCGATCCATTTTCGCATTGGTTTTCCGGCGCAGACGAAACCTTAACTAGACCAGGAGGCGGATTCCTTGAAATGAGTGCAATATTAACCACAA
AAACCAAGTAACTTTTGTTTGCTATATTTTGTATATAGCACATACCCATCAGATACAACATACAAAAGAGAAATTAACCGATCGAGGAGCAGATA
ACTAATTGTTATGGCCACAGTGGTTTATTTATTATTTGTTATGGAAACTATTTAAAGTACTTGTTGTTGGCCGGAAAGGATAGCGAGGCAGTAGA
TCAGCGATAGAGTATATCAATACGTTTAAGCACCGATCCAAAAGATACATATTAACAATGCACGTACATATGTTTATGTAGTAAATATTACTAAT
GTTGATTCCTAGACGAGAGCGATTAAGCAAGTGTGGCAATTGGCTAAAGCTCAAAAGCATTTAAATTCAGCAAGATCGAGGGGTCGAGTCTTCCC
CCACTAACAATCTGAACAACTCTGAATCCTAGCCAGGAGATTAACCCAAAAGCCAATTGCCAGGTGCGAAGGGCAGAGAATTGGAGGATTTTTAA
ACTTATGTATGTACGTATTTACCCAGAATACACGCACATGACATACGTTACACGAGCCACACATTTAACTAATCGAATAAATGTTGAATTTAATG
TATACTAATATTATAAATCGATCGATCGACCTAAGAAGTATGTAAAACGCGGGAACATTGCAAATTATGAAATATGAATGAGAATGTGCGTTCAT
TTCAGATCCAAGCCCAAATTGATAATTTAAGTCCACGACAGCCGATGCATTTGTTGTTTAAGTTTGAGAAAAGTCTATTGTTTATATTGTTAAGG
ACACACGTGTTACGCCTAAGTTTATTTATTATTAGTTTAACGAAATCTGTTGATTACTTTTACCACAAGAAACCACACATCACGTTCTCTAAGCA
ATCACCATGAGTTCCTCTCATCAATGTTAACTGCATCACCGGAAACAAAATACTAACACGGCTTTAATTACTCTGTTTGTTACATGATCCCAAAA

AACAGTTGAATGGACTACCCATAATTACTAATAATTAATTGTTATTGCGAATCCTGCAACCGTTCGAACCAAACAGATCGACTGACGAAAAAAAG
AAAAACAACAGCTCCAACACGAAAACGAATCAAATGCGGGTAGAAATATAATAGAATTGCTTTCGCCGCGAAAGTTAAGCGATTAAAAAGTACGT
TTTAAGAGAAAAGGCTTGGGAACTAGATGTTCAAAGCAATGTGTCGTGTCCATGTTGTTTCGAAAACGACATACCTGTTCGGGAATAATATTGTG
AAACCTAATACCTAATCGATGAAAAACCAAAACATTTTGATTCATAATGTTATGTACATTTTAAATGTAAAAAAAAAAATTAAATACAAAAGCAC
AAAATAAACAAAAACAATACCCTCAATAAAGATTTTTTTAACCCCGTTAAAGATAAGTGTTTTGACTTTAAAGGGCGGGTATTCCCCGGATTTAA
ATCCATTATCTTAGCCTAATAAAATTCGATGCCCGGCCAAATAAGAAAACAGTTAGTTAAACCAAGAGTAGATCAAATGTACTGTTTATTCATAA
GTATAATATAGTTTGGTTGTATCTGATGCATCTTCGAGTTTTTCAACTTCTGTGTGAGAATTACACGATTGACGGTACAAAATACAAAAAAAGAG
ACATACACATATGTACTGTATAGTATAATTATATGTATAATCGTATTTTATAAAATCATAAAATACTCTTCATATAGTTGTTTGGTTGTTTTGTA
GTATCTTTTTTTTTTTTATGTTTTCCACTCGTTTTAATGCAAAGTACAAATATTAAAAACTCGCTTAATGCGCTCGAAATAGTTTTTCACTTCATC
AAAAATTTTCCCTCTTAGCATCTCCCACGCGAAAACTGAATGCATCTCATTTGTGGCTTACGTTTAGTTAAATAAACATTTATCGTTTTTGTTTT
GTTTTGTTTTGTGTTTAGTTCGGCTCTTGTAATGTAGTTTCGCTTCCAACTCCTATTGGCGGCCTGGTCTCTCTGTATTTGATAGATTTAATGGG
AACATAACTCTCATCTTGACGCCTACGACCTCCTTGGACCCCGGGATCCAACATCCGATTCCGTTTCCGATTCTGTTCCTAATTCCACTGATTCA
CCTGACTCACTCACCCTCGCATACGACACAATCTCGTCCAGCCACAGCCGACTCTACACTTGACAACACAGTTAACGAAATAATAACATACATCT
AGGAGGAGGGGGTGGACAGAAACGGACACAACTTGAATATGTTTACATATATCGATATATATTTTTTGCTTGCAGTGGCTGACTGATT
(SEQ ID NO: 634)

Exon: 1001..1366
Exon: 1565..1621
Exon: 1719..3553
Start ATG: 1147

Transcript No. : CT17993
AAGGGAACCAACCCCGACCAAGAAAAAAAAAAAACAAGAAAATAATACACAATTGGCGACGGCGGTGCAGAGGTTCTCCGTGTGATCCGATCGAAC
GGGACTAGGACCGACACGGACCAGGTCTAAATCCGCGAGGTCAGCGGTATTATGGCCGGCGACATGTCCATCGGCTGTGCGGCCCTGAAGCGATC
CAGCAAGCTGAGGTCCTGCACCAGCGCCGCCGACACGGACTCGATGCGGGTGCCCAGCGACCACAGGGACAACGGGAGCCTGATCAAGCCGCCTC
CGGTGCCGCCGCAGAATATGCGCGGCGGTCTGCGGGTCTATAAGATTGTCATCCTGGGCGACGGTGGCGTTGGCAAGTCAGCTGTCACCCTTCAG
TTCGTGAGCCACAGTTTCCTGGACTACCACGACCCCACAATTGAGGACTCCTACCAGCAACAGGCGGTCATCGACAATGAGGCCGCCCTGCTCGA
CATCCTTGACACCGCCGGCCAGGTGGAGTTCACGGCCATGCGGGACCAATACATGCGTTGCGGCGAAGGTTTCATCATATGCTACTCGGTCACCG
ACCGCCACAGCTTCCAGGAGGCCTCCGAGTACAGGAAACTAATAACCCGTGTCCGCCTGTCCGAGGACATTCCGCTGGTTCTGATTGCCAACAAG
GTGGACCTGGAGTCGCAGCGACGCGTGACCACCGAGGAGGGCCGGAATCTCGCCAACCAGTTCGGCTGCCCGTTTTTTGAGACATCGGCTGCACT
GCGTCATTACATCGACGAGGCATTCTACACGTTGGTCCGCGAGATTCGACGCAAGGAAATGCACAAGGCCCTGGGCACGGACTCCAATTCGGAAA
AGATTCACACGGGGCGACGAAGTCGCTGGTGGCGCATCCGATCCATTTTCGCATTGGTTTTCCGGCGCAGACGAAACCTTAACTAGACCAGGAGG
CGGATTCCTTGAAATGAGTGCAATATTAACCACAAAAACCAAGTAACTTTTGTTTGCTATATTTTGTATATAGCACATACCCATCAGATACAACA
TACAAAAGAGAAATTAACCGATCGAGGAGCAGATAACTAATTGTTATGGCCACAGTGGTTTATTTATTATTTGTTATGGAAACTATTTAAAGTAC
TTGTTGTTGGCCGGAAAGGATAGCGAGGCAGTAGATCAGCGATAGAGTATATCAATACGTTTAAGCACCGATCCAAAAGATACATATTAACAATG
CACGTACATATGTTTATGTAGTAAATATTACTAATGTTGATTCCTAGACGAGAGCGATTAAGCAAGTGTGGCAATTGGCTAAAGCTCAAAAGCAT
TTAAATTCAGCAAGATCGAGGGGTCGAGTCTTCCCCCACTAACAATCTGAACAACTCTGAATCCTAGCCAGGAGATTAACCCAAAAGCCAATTGC
CAGGTGCGAAGGGCAGAGAATTGGAGGATTTTTAAACTTATGTATGTACGTATTTACCCAGAATACACGCACATGACATACGTTACACGAGCCAC
ACATTTAACTAATCGAATAAATGTTGAATTTAATGTATACTAATATTATAAATCGATCGATCGACCTAAGAAGTATGTAAAACGCGGGAACATTG
CAAATTATGAAATATGAATGAGAATGTGCGTTCATTTCAGATCCAAGCCCAAATTGATAATTTAAGTCCACGACAGCCGATGCATTTGTTGTTTA
AGTTTGAGAAAAGTCTATTGTTTATATTGTTAAGGACACACGTGTTACGCCTAAGTTTATTTATTATTAGTTTAACGAAATCTGTTGATTACTTT
TACCACAAGAAACCACACATCACGTTCTCTAAGCAATCACCATGAGTTCCTCTCATCAATGTTAACTGCATCACCGGAAACAAAATACTAACACG
GCTTTAATTACTCTGTTTGTTACATGATCCCAAAAAACAGTTGAATGGACTACCCATAATTACTAATAATTAATTGTTATTGCGAATCCTGCAAC
CGTTCGAACCAAACAGATCGACTGACGAAAAAAAGAAAAACAACAGCTCCAACACGAAAACGAATCAAATGCGGGTAGAAATATAATAGAATTGC
TTTCGCCGCGAAAGTTAAGCGATTAAAAAGTACGTTTTAAGAGAAAAGGCTTGGGAACTAGATGTTCAAAGCAATGTGTCGTGTCCATGTTGTTT
CGAAAACGACATACCTGTTCGGGAATAATATTGTGAAACCTAATACCTAATCGATGAAAAACCAAAACATTTT
(SEQ ID NO: 635)

Start ATG: 147

MAGDMSIGCAALKRSSKLRSCTSAADTDSMRVPSDHRDNGSLIKPPPVPPQNMRGGLRVYKIVILGDGGVGKSAVTLQFVSHSFLDYHDPTIEDS
YQQQAVIDNEAALLDILDTAGQVEFTAMRDQYMRCGEGFIICYSVTDRHSFQEASEYRKLITRVRLSEDIPLVLIANKVDLESQRRVTTEEGRNL
ANQFGCPFFETSAALRHYIDEAFYTLVREIRRKEMHKALGTDSNSEKIHTGRRSRWWRIRSIFALVFRRRRNLN*
(SEQ ID NO: 636)

Classification: enzyme
Gene Symbol: Ric
FlyBase ID: FBgn0017549

Celera Sequence No. : 142000013383733
GTAATCCCGTTTCAGAGATCTATCGCATTGTGTCGCAGAAACAGATCAGAGATCCGCCGGAAGGCGACGTCATCCGCCCGTCGAACGTGGAGCCC
ATCGACGTAAAGCCGACTGTCACCGCCGATGTGCGCAAACAGTGCTGTCAGTGACCGCCCCAAGCAATTTTCGCTATTCCCCGCAACCGCCAGAA
CAGCAACATAAACAGAAGCAACAGCAATTACAACTACGACTACAAGAGGAGCAGCAGCGGCCAGAACTGCAACACCAAGATCAGGAGCAGCGTAC
ACCCGATGGACCGCACAAGATGTCTATGCGTTTGTCAGCCACAGTTTGTCATGTGCGCATAAATTGATAATTCAAATCTGAGCCGCCACTCTCCA
CCACCAACACCACCACCATCATCAGAAGCAGCAGCAGCAGCAAAAGAATCGAAAGCAACAACATCCGGCTGTAGTTAACTGCGGTTTAAACTGAA
GTTTTATATATATACAGATCCATGAGTATCGCATAAATCGACCGCCGCGGAAAGAAAGCAAGCAAAACTAAACACTCCAAATTCAGTTTAAGCTG
TAGAACTATAATTTATATAAATATACATATATGCTAATATTAAAATATTAATATTATTAATTTTTCGCAACATAAATATATAGTTGTAATTTCGC
GAGCAGAACAACAACAAACAACCGGAAATTCTTCGACTTAAACGCAAATTCATTACCACAGCACTGCAGCTCGGATTTTCTTCTTCGGTTTCTCG
CAACATTTTAAACGATTGGCCACTTGGTAAAACTAGCTGATAAAGAGAAATCAAACAAAAACAGTTGTAAAACTTTAAATGCATAAATGAAACGA
AATAACATCATTTGTGTTTGCTATGTTAAGTGTGATTAAATAAATATAATTTAAATAAAACAGAAGTGCTTTCAATTGGGCGGAAAATCGAAATT

TAAAATGGGATTAGAGTGACCAAAGGCAGACGTCGGAGTGGGTGTTTGGTATTTTCCGCGCGAGCAGCCACACTGATCCATACACGTGCGGGAGA
AAAGTGAACAAAAACATTGAAACATGGGCGGTAAGAAGAAAGTGCATCCGAAGACGCGCACGGCGGCCTTCAAGGCCAGCGAGCCGAGCGAGATC
GTGGAGGCGCCGCACTCCTTCGTCATCCATCGCGGCCTCGCCTGTCCGTACATCACGGACCTCACCCTGGACTTCCGCCGCATTATGGAGCCCTT
TACGGCCAGCAATCTGCGCGAGAAGCGGATGAACCGCATCAAGGACTTTGTCAGCCTGAGCAGCTTCTTCCACGTCTCGCACATGGGCATCTTCA
ACAAGGCCTCCACGCAGCTGTCCTTCAAAGTGGTCCGCTTGCCGCGCGGTCCTTCCCTGACTTTCAAGGTTTGTTTGTTTCATCGCTTAGTTTAT
ACTGGATATTTTACCGCGAAGTTATTCTCTGTCAGGTTCACCAGTTCACCCTGGCCAGAGATGTGATCTCGCTAAGCAAAAAGCAGATGATTGAC
AACGATCACTTCAAGCACGCTCCGCTCGTCATCATGAACAACTTCAGTGGCGATGGCAAGCACCTTAAGCTGATGGCCACCACGTTCCAAAACAT
GTTCCCCTCAATTAACTTGGCCACGGTTAATATCGGCACCATTCGTCGCTGCGTCCTGTTCTCCTACAATCCGGACACGAAGCTGGTCGAGATGC
GGCACTACTCCGTGCAGGTGGTGCCGGTTGGCTTAAAGCGGGCGGTCCAGAAAATCGTCAAAGGAACGGTACCCAATCTGGGCAAGTGCAACGAA
GTCGTGGACTTTGTGACCAAGTAGGAAATGACCGTTTGTTCTCATTCCATCAAATAATCATAATATTGATTTTCAGGGACGGCTATGCCTCCGAA
TCAGAGGCCGAAGATGATGAGCAATCACATGTGGTGCTGGCACAGACTCTTAAAAGCAAGGGCAACTTGGAGGACAAAAAGAGCTCCATAAAGCT
ACACGAGATCGGACCTCGACTAACCATGCAGCTCATCAAAATAGAAGAGGGCCTTCTGACGGGCGAAGTACTGTATCACGACCATGTGGTCAAGA
CAGAGGACGAAAAGGAAACCCTGCGCAAGCTGGTCGAAAAGAAGCGAAAGCAGAAGGAGCAGCGCAAGAAGGAGCAGGCAGAGAACCGTGCCCGC
AACTTGAAGCTTAAGAAGGATGAAAAATGGGCTGCCAAGAGGGCGGCAGAGGGACGGACTGACAGCGATCCCGAGGATGATGCAGAGTACTACAA
GGAGGAAGTCGGCGAGGAACCAGACGAAGGTGAGTTGTGCTACATGCTGCGTAGAATATAAACTAATGTTTCCTTTGCAGAACTGTTCAAAATGG
AAGCGAAGTCCTCCCGAAAGCGGCCTAGTTTGGGCGGCGGAATGAAATACAAGAACAAGCGCGCTAAACTGGATACCAAGGACAAGAATGACAAA
TCTGAGCGCACGGACAAGTACGATCGTAAGGACAAGTTCGATCGCAAGGACAAGAAGGACAAATTCGACCCCAAGAACAGGAGAGCCAAGTTCGA
TCCCAAAAACAAGCGCGCCAAGTTTGACCACAGAAAGAGTAGAAAATCAAAGTAGTACATTTAACATAAGCTATTTTATAAAGACCATTGGTTAA
CACGACATCGCAATGTTATCAATGGGAACTAACTAAACATACGTTGCACCACCTCCTTGTAATGGGCCTTGCTATCCTTCCAGCTAACAGCGATG
TTGTCGCGCAGCTTGCTGAACTCTCGCTTCTCCTCGTAGTTGGGCATTCGCTCGATGGTGGCTTGCGCCTTGGCGAACTCCTTCAGGTGATAGTA
GGCGAGTGCACGCCGGTAGATGCTCTTCTCGCTGGGACTCTCCTCCGTCTCCACAAACTGCGTGTGGTAGATTACATGCTCATAGCGTTTCTCCT
GCAGCAAACAGGCGGCCAGGTTGGTCTGTATCTGAATAAAGAGCTCCTCCACCGCCTGGCCGTTGATGCCATTGGTCTTTTTGGTCAGTTTATCG
AAGGGTTTGTAGGTGATCAGCAACTTTGCGGCACGCACAAAGTAATCAAAGGCGAATTTCGGGAACGTCTTAAAGGTGGCCACGCCGCTTTCCTT
GAGACGTAGTGCCACCTCATAGATCTCTGCAGCGCTTAGCTTCTCCACCTGAGTGTTCTTCACAATTTTCTCCAGCTTCAGTTCAAATTCTATTC
GTTCGCCGGTTTTGGTCGTGATGCTACAGGCTGCCGTTTCACCCGGCACAAATTGCTGCAGCAGCAGCTCCAAGTAGCAGTCCACTGCGGTCAGG
CTGGTGCCCATTTCCAGGCTGTGCTTTTGAGGATACGTAGCGGACTCATCGCTGACCAAATATTTGCTAGGTCGTCCTCCCAAGTTGGTGGCTTT
CTTGTTGACACTGAATTCCACCGTACTGATTATCGTGGGCTTGTCCATTTCGGTGAATTGGAGGCCAATTACCTTCTTGGCCAGACCACGGTTCT
TGTCCTCCCACTCTGTGCCCACGTACCAGTCCATTTTGGAATATTTGCAAATTGGGAGCTTCGAAATTTAGCAGTAAGCAAAGTTTGCGATTTGG
CGATGTGACCAGAAAACCGTCAAAAATGTACCTATCGCGAATTTCACAAAAAAT
(SEQ ID NO: 637)

Exon: 1001..1398
Exon: 1461..1825
Exon: 1882..2309
Exon: 2361..2664
Start ATG: 1069

Transcript No. : CT18136
ATTTTCCGCGCGAGCAGCCACACTGATCCATACACGTGCGGGAGAAAAGTGAACAAAAACATTGAAACATGGGCGGTAAGAAGAAAGTGCATCCG
AAGACGCGCACGGCGGCCTTCAAGGCCAGCGAGCCGAGCGAGATCGTGGAGGCGCCGCACTCCTTCGTCATCCATCGCGGCCTCGCCTGTCCGTA
CATCACGGACCTCACCCTGGACTTCCGCCGCATTATGGAGCCCTTTACGGCCAGCAATCTGCGCGAGAAGCGGATGAACCGCATCAAGGACTTTG
TCAGCCTGAGCAGCTTCTTCCACGTCTCGCACATGGGCATCTTCAACAAGGCCTCCACGCAGCTGTCCTTCAAAGTGGTCCGCTTGCCGCGCGGT
CCTTCCCTGACTTTCAAGGTTCACCAGTTCACCCTGGCCAGAGATGTGATCTCGCTAAGCAAAAAGCAGATGATTGACAACGATCACTTCAAGCA
CGCTCCGCTCGTCATCATGAACAACTTCAGTGGCGATGGCAAGCACCTTAAGCTGATGGCCACCACGTTCCAAAACATGTTCCCCTCAATTAACT
TGGCCACGGTTAATATCGGCACCATTCGTCGCTGCGTCCTGTTCTCCTACAATCCGGACACGAAGCTGGTCGAGATGCGGCACTACTCCGTGCAG
GTGGTGCCGGTTGGCTTAAAGCGGGCGGTCCAGAAAATCGTCAAAGGAACGGTACCCAATCTGGGCAAGTGCAACGAAGTCGTGGACTTTGTGAC
CAAGGACGGCTATGCCTCCGAATCAGAGGCCGAAGATGATGAGCAATCACATGTGGTGCTGGCACAGACTCTTAAAAGCAAGGGCAACTTGGAGG
ACAAAAAGAGCTCCATAAAGCTACACGAGATCGGACCTCGACTAACCATGCAGCTCATCAAAATAGAAGAGGGCCTTCTGACGGGCGAAGTACTG
TATCACGACCATGTGGTCAAGACAGAGGACGAAAAGGAAACCCTGCGCAAGCTGGTCGAAAAGAAGCGAAAGCAGAAGGAGCAGCGCAAGAAGGA
GCAGGCAGAGAACCGTGCCCGCAACTTGAAGCTTAAGAAGGATGAAAAATGGGCTGCCAAGAGGGCGGCAGAGGGACGGACTGACAGCGATCCCG
AGGATGATGCAGAGTACTACAAGGAGGAAGTCGGCGAGGAACCAGACGAAGAACTGTTCAAAATGGAAGCGAAGTCCTCCCGAAAGCGGCCTAGT
TTGGGCGGCGGAATGAAATACAAGAACAAGCGCGCTAAACTGGATACCAAGGACAAGAATGACAAATCTGAGCGCACGGACAAGTACGATCGTAA
GGACAAGTTCGATCGCAAGGACAAGAAGGACAAATTCGACCCCAAGAACAGGAGAGCCAAGTTCGATCCCAAAAACAAGCGCGCCAAGTTTGACC
ACAGAAAGAGTAGAAAATCAAAGTAGTACATTTAACATAAGCTATTTTATAAAGACCATTGGTTAACACG
(SEQ ID NO: 638)

Start ATG: 69

MGGKKKVHPKTRTAAFKASEPSEIVEAPHSFVIHRGLACPYITDLTLDFRRIMEPFTASNLREKRMNRIKDFVSLSSFFHVSHMGIFNKASTQLS
FKVVRLPRGPSLTFKVHQFTLARDVISLSKKQMIDNDHFKHAPLVIMNNFSGDGKHLKLMATTFQNMFPSINLATVNIGTIRRCVLFSYNPDTKL
VEMRHYSVQVVPVGLKRAVQKIVKGTVPNLGKCNEVVDFVTKDGYASESEAEDDEQSHVVLAQTLKSKGNLEDKKSSIKLHEIGPRLTMQLIKIE
EGLLTGEVLYHDHVVKTEDEKETLRKLVEKKRKQKEQRKKEQAENRARNLKLKKDEKWAAKRAAEGRTDSDPEDDAEYYKEEVGEEPDEELFKME
AKSSRKRPSLGGGMKYKNKRAKLDTKDKNDKSERTDKYDRKDKFDRKDKKDKFDPKNRRAKFDPKNKRAKFDHRKSRKSK*
(SEQ ID NO: 639)

Classification: hypothetical
Gene Symbol: ppan
FlyBase ID: FBgn0010770

Celera Sequence No. : 142000013385214

TGAATGGCAAATTGGTGTGACCGTATTTTGCGTTGTGACTCGGCTGCTTTATTTACATTGAATTTTTGTTCGATTTTTGAATTTAAAATAAAAAT
AATGCCGCACGGACACTCTCACGATCACGGCGGCTGCAGCCACGAGGCCTCGGACGTGGACCACGCCCTAGAAATGGGCATCGAGTACAGCTTGT
ACACCAAAATCGATCTGGACAATGTGGAGTGCCTGAACGAGGAGACGGATGGCCAGGGAAAAAGTGTCTTTAAGCCGTACGAGAAGCGCCAGGAT
CTGTCCAAGTACGTGGAGAGCGATGCGGATGAAGAGCTCCTCTTCAACATTCCCTTCACCGGCAACATCAAGCTCAAGGGCATCATCATAAGTGG
GGCCAATGATGACTCCCATCCAAACATGGTCAAAATGTAAGGAACAAAAGTCAAGGCTGCTTTAATATTACTATATTCATCATATATCTTATTTT
TCAGCTTCAAGAACCGACCCAGGATGACCTTTGATGATGCCAGAGCAAAGCCCGACCAGGAGTTCCAGCTGACCCGCGATGCCCGCGGAGAAATC
GAGTACTCACCCAAAGTGGTCACCTTCTCCTCCGTGCACCATCTCTCCCTCTACTTTCCCAGCAATTTTGGCGAAGACATAACACGCATTTACTA
TATAGGTAAGCTCACAACAATCTATGTTTTATCTGTGTTCCCAACTAAAACCAAGTCACTATTCAAAGGTCTTCGAGGAGAGTTCACAGAAGCTC
ATTACCATGGCGTAACCATATGCAACTACGAATCCCGTGCCAATGCAGCGGATCACAAGGAAAAGGCTTTCGATGGAGTCGGCAGAGCCATCCAA
TAGGGTTATAGAGATTAAAATTTACAATTTAATTGAGTATCTCTGTAGTGTATATATTTTGTGATCATTTAAGGCAAGAAATGTTTTTGTATTCG
CTTAACTTATTGAGCATTTGTATTGCACAGATATTGTGGGCTAAATCATACTAAGTATATTGTGTGGGTGGAATCACATCGGGTCCTATTTTCAT
GCCCATATTGGGCACTTTATCCGAATGGATTTCAGCCGTGACCTCGGTGAACAGCTTGTCCCACTGCCAGAGATCGTCCTTCTCGTTGAGGCTCT
CCTGTGGAACCAGGCAATCGGTGAGGATTGAGAGATCAAAGCCATCCACAGCTGAAAAGGCGTACTGGGAAAGCAAATCGGAATTGGCCTCCTTC
AAAACAGCAGATCGTGAGGTGCCAATACTACAAATTACAACTTATTATCGTAGTGAAGAGAAATATAGCAGCTTCTGCTTACGTTGGCGGTTCTA
CAATCTCATTGAGCATGATTTCGTCCTTGACATCATCCATGTCTGGGATGACGGGAATGTCATCCGTTGGTATGGAATTTGTAGCCGACTTTGTT
TGTTTAAAGCGCTCACTAAAATGAATTTTATCATTATAACAGTCGGTGGAAAGTGAAGTTATTGTGATAAACTTGTACTCACTCATCAAAGGAGT
TTTTCTTGGACCTAAAAAGATATAGAGCAATCAGTAATGTGCCTAATTCGAGCCTAATCATACCCACTTTAATCCTTTGAGTCCAGAATCCGCCC
AGCCACCTGAAATGCGACGAATGGGTGGTCGATGTGACTCGAATTCATTGTTGTATGTGGACGAGGTGGCCGTGTCCGAGGTGGTCGGTGGGGTG
CCCGCCTGGACATTCAGCGTAATGTCGATGGAAATGTCCTTGGAGCCCCCAGCCGCCTGGACATCCTCCTCCTTCAGAACATCGCGACTCTTGGA
GCGCCGACCCTTCCTGGCCGTCGTCTAGGGTGGCAAATAAATCGAAACTTCAATTTGCATCCATTTAAACAGGGTTACTTACCTTTCTTATGGTC
ATCTTGAGTTCTTCGGCCCAGTCCATCATCTTTTGTTTACGTTTATCCTCAGCGTTTCCAAGGCAACAAGTGGTCATGGTTACTCCGTGGGAATG
TTCAAGTTTACTAATGGAGTTTGCCATTCGCAACGCGATGCGATAGTTTTCAAATCAGTTACCTATCGCCGATGACAGTTGGCGGAGCTTCAAGT
GGCCAAAATAAACAAATATTTATTTTCTAATAACGCAAAATGCTGACGGACACGGAAGATGACTTCTTTTTCGAAGAGGATAAGATGTAAGTGGC
CATTGAAAGCAATAAATTGCTGCAACACCTACGCCCAGCTCTATTTACGCACAACAATCTGTTGCGATGTGCCGAAAAGTGTCTGTTAAAAATCA
ATAATTGCCACCAAACTGAAACATATTGTTGGAATCAGGCCAGAACCGCTGCTCATCCAGTTGGATGGGGATGGTGCTCAGGCTGTCCGGCAGCC
CAAGGAACGCACGGAGCAGCGAGAGCATGCCTCCGGTTCCGTCGCTCCCAACGAGGCCACCGTTATGCTCTGCTCCCCGGCGGGATTCTCCTGCG
ATTCCGCATCCGGGGACAGGTTCGGCATCGAGTCCGCCAGTAGGCAGAAGTATGAGTTAGACCGTCTGTAAGTCAACTCCGTTGACCCGGAATCG
TTCCCATACTATTTCCTGTGGCAGCTCTGTTTTCTAAGTTCTGGTTTTTATAGTCTTTATCCTGTAGTTTCTACCAAATTAGCTTACTCTTGGTT
TTTTATTGATTTTATTCTTTTAAATTCATAAATTGGTGTATTTATATTAATAGTAGCATATACACTTCTTTATTTAACTATTAAAAATTTAATTT
TGATTCAGTTGCTGTTTTTTTTTTTAATTATTTACTTTTTAAAGAGCGAACACAGTACTATATCCATTTTTTGTATAGTAAGAACTACAGAACTAG
AACTAACAAGATTGTTGTTTATTTAGTTTATTAATTCCACCGAAAAAGGACAAATGTGAATTTCCTTTGTAGAGCCTTAGATGCTTATACTTAGG
CTAGCTAGTATACAAACTATATTGAATTCGAGGTGTC
(SEQ ID NO: 640)

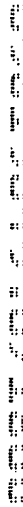
Exon: 1982..1888
Exon: 1829..1588
Exon: 1531..1508
Exon: 1440..1318
Exon: 1262..1001
Start ATG: 1977 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT18140
TAACCATGACCACTTGTTGCCTTGGAAACGCTGAGGATAAACGTAAACAAAAGATGATGGACTGGGCCGAAGAACTCAAGATGACCATAAGAAAG
ACGACGGCCAGGAAGGGTCGGCGCTCCAAGAGTCGCGATGTTCTGAAGGAGGAGGATGTCCAGGCGGCTGGGGGCTCCAAGGACATTTCCATCGA
CATTACGCTGAATGTCCAGGCGGGCACCCCACCGACCACCTCGGACACGGCCACCTCGTCCACATACAACAATGAATTCGAGTCACATCGACCAC
CCATTCGTCGCATTTCAGGTGGCTGGGCGGATTCTGGACTCAAAGGATTAAAGTCCAAGAAAAACTCCTTTGATGATGAGCGCTTTAAACAAACA
AAGTCGGCTACAAATTCCATACCAACGGATGACATTCCCGTCATCCCAGACATGGATGATGTCAAGGACGAAATCATGCTCAATGAGATTGTAGA
ACCGCCAACTATTGGCACCTCACGATCTGCTGTTTTGAAGGAGGCCAATTCCGATTTGCTTTCCCAGTACGCCTTTTCAGCTGTGGATGGCTTTG
ATCTCTCAATCCTCACCGATTGCCTGGTTCCACAGGAGAGCCTCAACGAGAAGGACGATCTCTGGCAGTGGGACAAGCTGTTCACCGAGGTCACG
GCTGAAATCCATTCGGATAAAGTGCCCAATATGGGCATGAAAATAGGACCCGATGTGATTCCACCCACACAATATACTTAG
(SEQ ID NO: 641)

Start ATG: 6 (Reverse strand: CAT)

MTTCCLGNAEDKRKQKMMDWAEELKMTIRKTTARKGRRSKSRDVLKEEDVQAAGGSKDISIDITLNVQAGTPPTTSDTATSSTYNNEFESHRPPI
RRISGGWADSGLKGLKSKKNSFDDERFKQTKSATNSIPTDDIPVIPDMDDVKDEIMLNEIVEPPTIGTSRSAVLKEANSDLLSQYAFSAVDGFDL
SILTDCLVPQESLNEKDDLWQWDKLFTEVTAEIHSDKVPNMGMKIGPDVIPPTQYT*
(SEQ ID NO: 642)

Celera Sequence No. : 142000013384550
ATGCGTCTGGCACGCGGCTCCTCCTCCGCCAATCCATTTGCCTCCATAATGCGCTGTCTCTGCGAATGAATGTGCTGCCACAGAGAGACTGCGTC
CTGGTGCTCGCTACTGCCCGGTATGTAGAAGGCCTTGGCATTGCCAATAAGCAGCTCCAGGTCGGCCATCAGATCATCCAAATCGTCGTAGGAAT
CGGTTTTCAGCTTCTGCTGAACCTTGAGCAGATCAATGGGATTGACCACCACGTCATAGTACGAGGGCTCTTGCCGGCGCTTCGGCACGCGGATG
AAGGTGTCGCACAGCATTGAACCGTCCTCCTTCTTTATGTTCCTTATGGAATCGTACAATTGCTGGCACAGTTCTGTGGGATCGAGACGGCGCTT
TTTTCGCGCCGATTGTGTCGTCGTCTGCTGCACCGGTGACTGCTCCGGCGTCGAGTCGTCCAGCTGCAGCGGATCCTCGTCCTGCCGGCTGGATA
TGCTGCTCGCCCGGCGCTTGCGGCTCAGCATCGTGTTATCCCTGTTCTTATTACAGTTAAAATCTAAATATCCGATAATAAGACGCCACACAAAA
TGCCACAAATTCTGGGAATGAGCGAAAAAGTAGTGGTGGGCGAAAGGTTCGATAGTGCGCGGTCGATATATAGTTCGATAGCCGGCCACTTGCGT
GGTGAGTTATCGTAATCGAAGCGCGCGGTGGTGAATATTATTTTAAATGGTATGTTCCCACCAAAAATCATATTTCTTAACCAAATAAACAAGCT
GAACATCATTTTACTTAAGTTCTTTATTATAGCATCCCTAAAGCATCATTTAAAGTTTTAATTAAGTCATTGAATCACAGCAATATCGTAGGTAG



TTTTCCTTAAATTAGCTCCTTCTCGAAAAAAGGCATTCAAGCCAATAGAAACAACGAAGTTAGGCTGAAAAAAAAGTTAAACAGAACAATATTTA
ATTTAAAAGTCAGCAAAACGCAAGCGCGCAATTAAAAAGCCATGATATTTCGATTAATTTAGTAAAATGCTTTGTTTATTATTATTTTTTATCAC
ATAAGTTTTAGACGCTTGTTAGTGTGTGATTGTGTGAATATTGGGTTACAGATTTGAGTATGCCGTAAAATGAAATGAACACGCCTCATCGTTTC
GCTGCTTAAGGAACATTGTTAAAATCTTATAAAAATAACTGAAATATACGTGGATAAATAGCGAAAAACATGTATGAAATGGAATTCACTCTGAA
CGACAAGAAACGAAATTCTAAACTACGCCTACTGCAAATTGACTGCGGCTTATGTTGCACAATTACATCTTCTATTTACATGCTAGTTATTGGCG
AGATTTCTGCGAATATCATGGTACACGAGTGCCATTGTTCTGTGTTTACTGGCACCACAGTGATATGCTGGTGCACTGTGAGGACTCTGTCTGTA
TAAAGTACAACAATTAAGCACAACAGTTAACATTGCAAAATTTAAATATTAGTATCAGTTCTGCACAACTATACGTGATCATATAACATATGTAA
AGGTATATTATATAGTTTCAGCTGCCCATCTCCCATGTTTTTCTCGTGTCTTAACAGTTCATTTCGTTTGCCTTGCGACTAGCGGTGGTATTGCG
ACTGCTCTTACGACTAAGGTTACGATACTTGGTATAGAAACTTGTTAGGCTCTTTAGCGGCGACTCGACAAGGCGCCTCACCTCCTGTCGGTTTA
TACAAAACGCATTGTCGTGTCGCTTGCGCCAATATCAGTTGATGAAGCTAATGTAGTTAGTAAAGAGCACATAGTTCTCCACTAACCGGGCTCTT
AGCTCCCGGCGCACCGTAGCCGTGAATTTGTTTGCCAAGCACAGGGCAGTTGTGGTTCCAAAAACCAAATTGTAAAGCAATACAATCTGGAAGTT
TCCCAACCACTCGATGGCTCCAAAATCACCCAGCAGGTCAAAGTTTGTGATGCCTGTAAGAATCAATAATAGTCGCTTTTAAACACTGTATTATT
CATTAGTAATTTGCCACAGCCTACCTATGATCCTGCTGAGAAGCGGCAATGCCGACGACAAAACCAGCATGAAGCCACAGTTCAGCATTAGCTGT
GGCAGCGAAGTCTGGCGCCGCTTGGGACAAACCTTGCGCATGAACGGCATGCTGTAGAAGCCCACCACCGAGGTGGCGCCGAGATAGAAGATGAG
ACACACCTCCAGGCCGGCACCAAAGGGACCCAACTTCGAGAGCGAAGAGATGCCCAATGCGAATTGCTAAATAAGGGAAACAAACTCAATAAGCA
TTCGTCTTACGATCCCTGCAGTTAGACCTACCCTTGTGCTTAGTGGCAGCGCCTTAATGCCAATAAGGAGCTCTAGTGTATTCTGCACAACCAGC
AGAATGGTGACAGCTGTGCAGAAGAGCAGCAGCAGCATGGCCAGCGGATAGACGAATGTGCGTTGGAAGGTGCTCGATGTGCGCAGCTTGTCTAG
TTCCTTGCGCTCGGAGTCCAGTTCTCTTAGTCTATCGTTGAGCTCGTCCACGTCACTGGCCATCGCCTTGCGCTGGTATAGATGAGCCTGGGAGT
GTTGCAGCAGTGGCTGGGGATAGAAGGTGCGCCCACGTCCCAGACCAATCCGATTGCCAAGGCGACCTCCGTTGGCGGCATCCGCAATGCTCACG
TTGTGCAGCTCAATGTGCGCTAGCTTCCGCTTCACGCTCGCCTCCTCCATGTAGAAGGCGCTAAACTCCTCGTTGACGTCGCGCAGTAGCATAGG
TCGCACCAGCACCTGGTTAACAACGCCAAAGAGGCGCACAAAGCCATACGGGGTGCAAACTGTAAGAAAACAAAACGGTTGTCCTGGTTACCAAA
CTTGTACATGCCTTAATATTAGTATGTAAGATCTAGAACTTATTTCTCGTTGTGTACGAAACGTAAACAAAGGTCTCTTTGACATCCCACTCAAC
TTAAAAGACATTCTGTTCTGAGCAGTCGAACCAGTCGGTATCTTAACTAAATTTCTATTCCTTACATCTTTAAAATGGCAAACGAAGAGGTTAAA
GACAATGCCCAACTTAAGGCAACTATGTTAAACTGCAATTTGAACCCCAGTGTCGCGGATGATTTTGCTGAGTTCGAGGCAACCCTTGCGAAGAT
CGATTGTATACTGCAGAACAAGGCACCCTGTGACGATGAAGATTCAAAGGCAGGTGGCGATGCCAAGGAGAAGATCAACTTTGACAACTTGGATG
TGGATAAGGTGCGGCTTAAAGTGAAAGAAAATCGAACAGTCATCAACAGAAAGTCTCTAGAAGAAGACAATGAGAAGCAAGTCAAGGATATGAAC
CAGAAGAGTTTCATGGAGCAGGTGGAGAAGGATGCCAATGATCGTGCAGAGGCACGTGCCAAAGCCGAATACGAAGCAGAACTACAGAGAAGGTA
AACTTAATGGTCTCCCTAAAATTATAATATATTGTATATAAGGATAATTTTTTAGTCAGGGAAACGAAGCATTTCGCAGCCAGAAGTACGAGAAG
GCAATCCTACATTATGACAAGGCTATCATCAAAGTTAAGGACAGCGCTATTACATATTGCAATCGCGCCTTGTGCTACATCAAGTGAGTTACAAT
CTTCAAGCCTTATGAGCTATCCTAACAAGCCTTCTTCATCATTTTATTTCCATCTACCAGGCTACAGAACTATAAGCGCGCCCTCAAGGACTGCC
AGTACGTGTTGGAGAAGCTGCAGGAGAGTAATCTCCGCGCCTGGCTCTACCAGGCCCACGCCTACAAGGGTTTGAAACAAGACGACAAGTTCGAG
GAAAGCGTGGTCAAGGCACGTGAACACAATCCCAAGCAACTGGCGTACATTGACAAGTACATTAAGCAACTGGAAGCCGATCTTAAAGCACTAGA
AATATAACTTATTTAATTTTGCATTATATACTCACTCAGCATAAGCATGACACCCAAAAACGAGACACACGAATAAAGAAACGGCAGGTGAACAC
TGCCCAAATCTGTGAAGCATGAAAAGCGGAAATTAGAAATGCATTGTGCATCAGAATCCAATCCCAATTTGGGGATGGGCTTGTCAGGGGCGCGG
AAAGACAATTGACATTGGAATTGATCTCTTCCGCACCCGTGCATCATTACATTATATACTCACTTAGAAACCAGAAGAATTGAAGCTTTTCAATG
CCAAAGACTGCACTTAGGACGGCAGTTAGTACGAGGACAATAATGGCCATCAGCATAAATACTGTAAAGGTTTCGTAGACTCGCGGCAGGATGCC
CTTCTTGTTGCCGACGAATCCCGTGGATTCCGAGAACAAATAGACAAATGGCAGGAAGATGAACAGTGACAGATTGGAGAACAGAAATACATGGT
TCCACAAGCCTGAAATTGGCATATTAAACGGGTTAGTCAGTGTTCCTCGGTGGATAATGTAGTACTTACCCTGTATGAGTGAACTGTTTAGCCAT
TTCACATAGTAACTGTTGGGATAGAGGAGTAGCACCTCATTGCTGGCAATGGAAACGGGCAGCAGCATGGCAGCCCCTTCGGCAACGGCCAGTGT
GAATGTGCACAGCCAAAAGCTATGGGGTTGGTTGGGTGGAAAAGGCAAAAGCAAAGAAAACCATTCATTATTGCGAGTGCAAGTCAAGTGACGCG
GCAATTAGCGACACAGGTTGTTGACCACTGGATGCCTCACCTTATGCGATAGACCAGCACCTCGTCCTCGTCATTCGAATAGAGATCGTCACGGT
CGCGCCGCCTAAAACGTGAGACGACCACATAGGAGCTGGAGTACAGCAAGATTATCAGTAGCAAGAATATCTGAAAAGAACAATGCAACATGGCA
AGTTAGTAAGCTTTATGGTTTTATCAGCTAAGTAATATTTTACTATAATATAATCAAATTTATTTTCCCTTAGAAACTGCAACATTTCGATCGCC
CTCCTCAGGTTGGTTAATTACGTAAAACCCAAAGTAAATTTAGACTCGATTGTCTTTTTTGTTTTATTTTATTGAGGTTTTCATAGCACATTTCC
CCACATATTCTTGTGTTTAAACAAATGTCAAAAAGTAAACACATCACCCACGCATCTCCTTTGTTTTGTTTTTATAAATATTTGTCATTACCGCC
AACTGTGTGCACATTAGCCAAAAACATTTTCGATTCGTTAAGTTAGGGAAATCTGTATTAATCTAGCTCGGTGAATATATTACTTATTGATACTG
ATATGTGTACATGATTCAATTTAGTGTCAAAGTCTGGCATTTTAAGCGTTTCAGGGTCTAATCGTCAAAAACATTGCCAGAGTGATTTGAACTTT
TGTTTGCGGACATTTCAATTTTTCAATTTCCGGTATGTATGCTTAAAATAATATTATGTATGTATATAGAACAGGTACTCAGGTTTCTTTTGCCT
ACAACCCTATATCACCATAAACCACTTGGCAATCGATGAAATATTATGACCGTCAATTAGACCAATAAAGTTAATTTCGTCTGCGTTCAAAGGTC
ACAAAAGAAAGCTTATCTGTGGCCAACGACAAAACATGAAACATTTGATAAGAACTAAACCGATAGCGGTCATTTAAATCCCATTGAATGTCAGC
AACATTTGATTATCCGTACTCTTGACTATTAAATCCGAGTAGGTTGGCAATTTGAATCTTCATCAGCGATTTCCAAACATTGGACCCATCATTTG
CAGGGTAAATATATTTTTGGGACCGCGAAATATAGATGCCAATCACATGGCACACGTCATATTTTCGCTTTTTTTGTGTATGCGAAAAGCGAAAA
CAAAACAAAACGTAAATGGATACGAAAATACAATAGTCTAGGCGCACAAATAAATCATTAAGTGAAGATACTTTTCATGTTATAGCTAGCAAAAA
AAAACTTGGGGAAAAAATGCAGAGAGAGCAAAAAACATTAGTTTATACTCACGTCCCTGCTGTGTTTTGCTATTCTTTGTTTGCTATTCGAGATA
TTTTCAGTGGTATCTGTGAGATACTCTATTGCGTTATACAACGCGAGTTTTAATTAACTTATAACTTTATTCTTCTGCCTGCATTTGACCAGATC
AATTAAATGAAATTTTCTTTAATTGCTCGCAGCGTTTCGCATTTCGGGATTCCAACCTTTCATCTTGCCATTCGAAATGACCTTCTTTTCAGTCA
ACATTTAAACAGTTTTCTCTACACAGTAGACAAAAAATATGATCAAATATTAAAAATTAAATATAGAGACGTAAATCGCCTGCTATCAACAGCAG
AGTGCGTCGCTTTATTTATAGAACCCAAGTGTAGATCATGGAAAAATGTAGATACACTGAATGGCAAAACTATAAGGTTGCAGTATAATTAAACA
TCCAAAAGTACACATTTTGCGCATCTAGATAACGAGGCATTCGAATACTAATGTGATATGCACAGAGCATTTTTATAGAATCTAGGCCAGCTATG
CAGCTATGAAACGCAGTGTATTTTCTAGACTATGACGTGTTAAACTTGAAACACATAGGCGACGAATACCAACTGATATGAGAATCTTATAATAT
GTACGCCAGGCATTCCTGAATGGAAACAATTGAGCCAGCGATCTTCAAGCTTAGTTTAGTGCTTGTCAGTCGAGAAAACGTGCAACTGCAATGCG
CAGCCCCAAGTGGCATTTGTCACGCTCCAAGCGATTTGGATTTGGCCAAACTAAACGATCTGTGCCTCGGAATTAGCCGCACTTGCATCGTAGGC
GAACGACGAGTCAATGACTTGACATGAACTCGAGGGGGAACACAACACGCCCATTGAAATGTGGACGACGATTTGGCTAAAAATAGCAGCTACGC
CCAAAATGCAGCCAGAAGCCAGCGAAAACGACGACACTGTGGCCAGGCCAAAAGGAGAAGGGAAGAGGATCGCCGGTCGGACGGGTTTTGGCTTG
ATTTGTAGACAACTTTGCCGGTGAATGGGCTGCGAAATATTTATACTTTTCTATACCCAATAGTTGTGCCGAACAGGGGTATATATTGTATCCAT
ATGTGCTGCAAGGTGGGTTGGTCTACGCCTATTGATACCTCTTCATTTTATCATTTCAGATAATTTTTTAGAATGTAGCGTCTCTTCAGATTCTC
AAAGTGGAGAAGAGCTGTATGAGTCGTCCCAATTGTTTTAATGACTCCAAATAAAAATGTGTTTTCTAATGAGGGGAACTGCATTTGCAAGACTT
TTGGTCATGGTTTAAGTTACCCAATTCAGTTTCTTCATCAGACTTTTCCCTAATCACTACTTGGGAAATGACTAAGAACATAAGTGTGGTGTTAC
ACAATAAGTTTGTATGTATTTTCTCAGAATTTCCTGCTACTACACTTGGCATTAGTGGTTTTAATTCGGGTTTGGCTTTAGGTTCCTGAATTATT
TATGAGAGCTTTGCGTTGTTTGCATTTCATTATTGCATGGAGTCCCACACATCACGTATTCGGTATGTTGACCCACATTCTGACGAATTATTCAA
TTTTCGGCCATCCAATGCAATCAGAACCGCTGACTGAAACCAGTTTCCATTTCCTGTTCCTGTTCCAGTTCCACAGAATCATCCTCAATGAAAGA

AATGTGTATTTATAGACGTACAAATCATAATCGGTGGCATAAAAAGCAACCTGCAAGTGTATTGTATCTACGCCAGTCTATGCCAACCCTTTCAA
ATGTGTCCATTTAACGCCTCGTCTGCCATTGTTTAAACAGATCCAACAGCTGATCACGACAGCAGACACTTTCAGTGACCCAGACGGTACCAAAT
CGTGACCACTAGCCGTGCACTTGAAATCTGGCCTGCAAGTGTTTTGGCCATTTAACCGAATTTTCACAAAAGGAAATTAATGCCTTGCGCAATAT
AATAAACATGTGTTTTTATTCGATTCAGTCTGTTGTTTACATAAATCACTGGTTTCGTTTATTACACGCCCAACATTTCTATAAATAGTAGCTCG
AGTGAAACACTTTCACTTGTTGCTTTTGCTTATGTTGCCTTTCTTTGTTTTTGCCTGAATTGTTTAAAATTTGATTTCAATTGAAAGTTCTACGA
TATTGGTACCAATTAAGTGAAGTTTGTTGATTATCTTATCAATACCTTGGACTTCTAGTTACCTTCCATTTTTCAAATAGCAAAACCTAAGCATT
CTGATAGGGCTTATGAACTCACAAGAACCAATTAACTTAAGGGCAACATTACTGGGAACTATTAATGAAACTATTTAAGCCTGCCTTCCATTTGG
ATATTGGAATTTAAATATTCAACAAGAATGGAGAGTAATATTTTAATGAAATTTAAAACATATATTTTAAGAACCTATTGTTCTTAATTAATCTA
ATTGTAAACAAGAACATGTAAAAAAACATTTGTTTATAAAGTTCTAATAATAAAATAGAAACGAATAAAGCTTGGTAATGGTAGCAAGTATCTCG
CCGTCGAATCATCGATTGTGTCTAAACTCTTTGATTAACAACAGGTGTCCGTCCGTGTGGGCCACTTTTGGTGTGTCTGCGTGATAATTTTCGCA
GCTCAAATAGAAAGTGCAAGAAGAGAGTGGCTATCGCCGCCACTTCCTTCCCCGATTTTATATACAAAGCCCAAACGCAGGCGCCGAATGTGCTG
ACCACTGTAGTCCGAAACCGATAACAGAACCATAAACAAATACATTTCTGTAGACGACCAGCAACTGATTTCTCTGTTTATCAAAAGACCAGGCG
AAGTGTGTGTAATTTCCAGAAGTCGCACGCATTTTACACCCAGCCACATGTACAGTTAGAACAACAACAATAGGGACAGCTGCGCCCTGAGTTCT
TGTTGTTGTTTTATGCGTAGTGGGGTGGGAAATTGGGTGGAAAGGGGATGAATTCAATCCAGAAAAACACTTACAATGTGCTCGCGTACTGTATT
GTGGAACAATTGCAGCTTTAGATCCGTAACCTCCTCCTCCTCTTCGTCCATGCCCACGAAATATTTGGACAATTTATCGCTGGTAGCCAGTT
TTCACAATTTTTCCTAGATCACGCCTCACTTAAAAATGTTACATACACATTTGACAGTCGCCAGAGTCTGTCAAATTCCTATGGGCAACAGTCCT
TCTTAGTAATGCGCTCCAGGTTACAAATTTTCTGAATTAAAGTCGCTGTGGCGCTGCACTGTCTGATTTCGCACGGTAATTGTGATTAATTTAGT
TAACTTTTTGATGCCGCATTGCCTTTCGACCCGTTTTGCGCTGGTCACTAATTTTCTACTAGCATTCGAGCCGATTTACGACCGAAACGTTAAAA
GATTTCTATAAACTGGCGTCAGATTGACCGCATCTGCTAGAGGTGGACAATTGACGATAGGTCGATAGCTTTCGATGTATGTGCTTACGTTTAGA
AAGGAAAATATTGAATCTCTAAAAAAAAAAAAAATTGAATTGGAAAGAAAATACTGAATTTAAAATTTTTATTGACCTCTATTATTAGAGAAAAAA
ATATTATACCAATGCAATATCTTCAAGTTAAGAAAACTGTAACCCTAAAAACTATCAATTGGTTCAGACATTCTGGCAACCTTACATCTGTCAGC
TGTTACCATACAAAAATGTCCAATTTGCGGCGCCAGGTAAATTAACTTAAAATCATAAATAATCGGTTAATATTGTTTGTATTCCAGGTTCTCAG
TGCTTTCAAGAAGCTCCACCGTACACGACAATACGTTTTTCAGGGGGATGCCAATGCTTTGGCGGCGGGACGACTAAAAATCAACGAATCTTTCC
TGCAGAATCGTAATGAAAGCAGCGAGGATGAAATTCAAAAGGTTTAACCACTTTTTGTAAATTCTAACTAAGTACATATATGGCAATTTGGCAAA
TTACAGATGATCAAGCTGGCGCAGGACGTGGATTTGGAGCTGCGAACGAATGTCATCCAAGCCCAGAAAAAAGAGGATGGTGTTTATGGTCAGTG
GGGCATGGCGATTACATAAAAGAGCGCTCAAAATTAAAATTTGGCTATATTTACAGAACTAAGGATCACGCCAGAGACAACGCGACTCGACAATG
TGGTCTTTAATCCTGACGCAATTATCGAAAAACCGCGCAGGCAACGCGGCGACAAAAACACTGAAGGTTGCTGCGGTGGCGCTGCGATGGCGGCG
CTGGAAGCCGAAGTCCAGGCCCGCAACAAATAAAAATATATTCAATATTTAGCTGTAGTCAAGATGGTTTTGTTCTGATTAATTACGTCGTTTAT
CTTTAATTTCTATTATGTTTCTTCTTCGATTTGTGACTACTCTTTGACTTGGACTTCTTTTGCTTGGATTTTGTACTCTTTTTGCG
(SEQ ID NO: 643)

Exon: 9346..8910
Exon: 4820..4696
Exon: 4579..4440
Exon: 4379..4149
Exon: 3999..3931
Exon: 2814..2312
Exon: 2251..2020
Exon: 1953..1001
Start ATG: 8984 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT18210
CAGATGCGGTCAATCTGACGCCAGTTTATAGAAATCTTTTAACGTTTCGGTCGTAAATCGGCTCGAATGCTAGTAGAAAATTAGTGACCAGCGCA
AAACGGGTCGAAAGGCAATGCGGCATCAAAAAGTTAACTAAATTAATCACAATTACCGTGCGAAATCAGACAGTGCAGCGCCACAGCGACTTTAA
TTCAGAAAATTTGTAACCTGGAGCGCATTACTAAGAAGGACTGTTGCCCATAGGAATTTGACAGACTCTGGCGACTGTCAAATGTGTATGTAACA
TTTTTAAGTGAGGCGTGATCTAGGAAAAATTGTGAAAACTGGCTACCAGCGATAAATTGTCCAAATATTTCGTGGGCATGGACGAAGAGGAGGAG
GAGGAGGTTACGGATCTAAAGCTGCAATTGTTCCACAATACAGTACGCGAGCACATTATATTCTTGCTACTGATAATCTTGCTGTACTCCAGCTC
CTATGTGGTCGTCTCACGTTTTAGGCGGCGCGACCGTGACGATCTCTATTCGAATGACGAGGACGAGGTGCTGGTCTATCGCATAAGCTTTTGGC
TGTGCACATTCACACTGGCCGTTGCCGAAGGGGCTGCCATGCTGCTGCCCGTTTCCATTGCCAGCAATGAGGTGCTACTCCTCTATCCCAACAGT
TACTATGTGAAATGGCTAAACAGTTCACTCATACAGGGCTTGTGGAACCATGTATTTCTGTTCTCCAATCTGTCACTGTTCATCTTCCTGCCATT
TGTCTATTTGTTCTCGGAATCCACGGGATTCGTCGGCAACAAGAAGGGCATCCTGCCGCGAGTCTACGAAACCTTTACAGTATTTATGCTGATGG
CCATTATTGTCCTCGTACTAACTGCCGTCCTAAGTGCAGTCTTTGGCATTGAAAAGCTTCAATTCTTCTGGTTTCTAAATTTGGGCAGTGTTCAC
CTGCCGTTTCTTTATTCGTGTGTCTCGTTTTTGGGTGTCATGCTTATGCTGATTTGCACCCCGTATGGCTTTGTGCGCCTCTTTGGCGTTGTTAA
CCAGGTGCTGGTGCGACCTATGCTACTGCGCGACGTCAACGAGGAGTTTAGCGCCTTCTACATGGAGGAGGCGAGCGTGAAGCGGAAGCTAGCGC
ACATTGAGCTGCACAACGTGAGCATTGCGGATGCCGCCAACGGAGGTCGCCTTGGCAATCGGATTGGTCTGGGACGTGGGCGCACCTTCTATCCC
CAGCCACTGCTGCAACACTCCCAGGCTCATCTATACCAGCGCAAGGCGATGGCCAGTGACGTGGACGAGCTCAACGATAGACTAAGAGAACTGGA
CTCCGAGCGCAAGGAACTAGACAAGCTGCGCACATCGAGCACCTTCCAACGCACATTCGTCTATCCGCTGGCCATGCTGCTGCTGCTCTTCTGCA
CAGCTGTCACCATTCTGCTGGTTGTGCAGAATACACTAGAGCTCCTTATTGGCATTAAGGCGCTGCCACTAAGCACAAGGCAATTCGCATTGGGC
ATCTCTTCGCTCTCGAAGTTGGGTCCCTTTGGTGCCGGCCTGGAGGTGTGTCTCATCTTCTATCTCGGCGCCACCTCGGTGGTGGGCTTCTACAG
CATGCCGTTCATGCGCAAGGTTTGTCCCAAGCGGCGCCAGACTTCGCTGCCACAGCTAATGCTGAACTGTGGCTTCATGCTGGTTTTGTCGTCGG
CATTGCCGCTTCTCAGCAGGATCATAGGCATCACAAACTTTGACCTGCTGGGTGATTTTGGAGCCATCGAGTGGTTGGGAAACTTCCAGATTGTA
TTGCTTTACAATTTGGTTTTTGGAACCACAACTGCCCTGTGCTTGGCAAACAAATTCACGGCTACGGTGCGCCGGGAGCTAAGAGCCCGGTTAGT
GGAGAACTATGTGCTCTTTACTAACTACATTAGCTTCATCAACTGATATTGGCGCAAGCGACACGACAATGCGTTTTGTATAAACCGACAGGAGG
TGAGGCGCCTTGTCGAGTCGCCGCTAAAGAGCCTAACAAGTTTCTATACCAAGTATCGTAACCTTAGTCGTAAGAGCAGTCGCAATACCACCGCT
AGTCGCAAGGCAAACGAAATGAACTGTTAAGACACGAGAAAAACATGGGAGATGGGCAGCTGAAACTATATAATATACCTTTACATATGTTATAT
GATCACGTATAGTTGTGCAGAACTGATACTAATATTTAAATTTTGCAATGTTAACTGTTGTGCTTAATTGTTGTACTTTATACAGACAGAGTCCT
CACAGTGCACCAGCATATCACTGTGGTGCCAGTAAACACAGAACAATGGCACTCGTGTACCATGATATTCGCAGAAATCTCGCCAATAACTAGCA
TGTAAATAGAAGATGTAATTGTGCAACATAAGCCGCAGTCAATTTGCAGTAGGCGTAGTTTAGAATTTCGTTTCTTGTCGTTCAGAGTGAATTCC
ATTTCATACATGTTTTTCGCTATTTATCCACGTATATTTCAGTTATTTTTATAAGATTTTAACAATGTTCCTTAAGCAGCGAAACGATGAGGCGT
GTTCATTTCATTTTACGGCATACTCAAATCTGTAACCCAATATTCACACAATCACACACTAACAAGCGTCTAAAACTTATGTGATAAAAAATAAT
AATAAACAAAGCATTTTACTAAATTAATCG

(SEQ ID NO: 644)

Start ATG: 363 (Reverse strand: CAT)

MDEEEEEEVTDLKLQLFHNTVREHIIFLLLIILLYSSSYVVVSRFRRRDRDDLYSNDEDEVLVYRISFWLCTFTLAVAEGAAMLLPVSIASNEVL
LLYPNSYYVKWLNSSLIQGLWNHVFLFSNLSLFIFLPFVYLFSESTGFVGNKKGILPRVYETFTVFMLMAIIVLVLTAVLSAVFGIEKLQFFWFL
NLGSVHLPFLYSCVSFLGVMLMLICTPYGFVRLFGVVNQVLVRPMLLRDVNEEFSAFYMEEASVKRKLAHIELHNVSIADAANGGRLGNRIGLGR
GRTFYPQPLLQHSQAHLYQRKAMASDVDELNDRLRELDSERKELDKLRTSSTFQRTFVYPLAMLLLLFCTAVTILLVVQNTLELLIGIKALPLST
RQFALGISSLSKLGPFGAGLEVCLIFYLGATSVVGFYSMPFMRKVCPKRRQTSLPQLMLNCGFMLVLSSALPLLSRIIGITNFDLLGDFGAIEWL
GNFQIVLLYNLVFGTTTALCLANKFTATVRRELRARLVENYVLFTNYISFIN*
(SEQ ID NO: 645)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: BcDNA:GH12663
FlyBase ID: FBgn0027539

Celera Sequence No. : 142000013384830
CTCCTCCTCCTTACCGTGGTCGCGCATCGAGTTGCGCCCCATAACCACCATTTTGCACATAGTCTCTTCCTGCAGCTGCCGCAGTGTGTTGCCCT
TGGGCCCCAGGATCTTGCCAACGAAATTGAACTTGGGGTACTCCTTGATGGGGAACAAGACTTTCTGGGCCACGCGGATGGGCTTTTCGCTGTAC
ACGTTGGCATATATCTCGGGCTTTGGTATGCGTCCGCTGACCAAGATCTTCTCCACCTCTGCGGGGCCATGAAAAATTGCAATTAGATCCACTAT
AGCTTACATGTCGCAGCGCCTAACTCACCGTCGTCAAGTAAGCGCTTGGTGATGATGTGCTTCTTCTCGAGCGTCTTCTTTTCCAGCAGGCACTC
CTGCAGATACGCGTTGGTCTTCTCATTCAGCTGGGGCGTGTCCCGCAGGGCGGCGTGGCTGGTGGTGTGTCCGCCGCCATCCGCCTCAGGGGTCT
CTGGAGCACCGGTAGCCGCTGGCTCCTCGTCGCGTCGCTTCCGCTTGTAGTCGGCGGCGTCCTCGTTGTAGTCTCTGTCGTAGTCGCGCGGCATT
GCGTTTTGTAGGATTTCTGGCCTGGAGGATTCGTGAATTTTAAAACTCCTACTCTTGAATACAAAATTCTACTATTGCAGAATTAGTTGGCTGAA
AAAATATGTATGTGGTAGGACATCGATAGGTAAATCGGCATCACCGATTCGATAGCGTATTATCGGTTACTGCCGATAACAACCCGCCATCATGT
GCATTAGTAGTTTATGACTTATCAATTTTATTAAAAACTTTCCCATAACAAAGAGAGCATTTAAATTATATTTGTAATTTAAAAATCACTAAGTG
CATATTATAAATTATTGCCATGCACCTGACGACGCATCTATGTTAATATATAGCGTTAGATAGTGTCTGCAAGCCGATAACAACTATGCGCCCTT
AACAGCACCGTCGATTGGCAGCGAACAGCACGCTGCAGAAGCACGAGAGACAGCCCGAGAGACCGGAGTTGCCGGACCGAGCCGCTGACATAGTA
AATGTCCGAATAAAATACACACTTGGAAAAAGAGAGAAAAATTAGGGCCATTGGGAAGGCTGAAGTGTGCTAAGTTAGCAATCATACCGAATCGA
CAGCAAAAGCGATCGCCCGCAATCTGCGCACGGAAAATCCGAGACTCGGCGACTTAGCAGGACGATAGAGCGACAGCGATCCCGAAGGCAGGACG
ACAAATGGCGGAGAACGGACTGCGCGTGCCAGGGTCATCCGCGGTGGCCTCTGCGGTGGCTTCCACTGCGACGGGAGTCGGCGGTGGATCAGCAG
CGGGAACTGCGGGGGCCGGGACAGGAGTGGTGCCCACCGGCGTCAGCGGCGGGACGAGCAACGGGGAGCATGAGAACGAACACAACGCCAACGCA
GACGGCGAGAAGGCCCAGCCGGCGCCGGCGGTCCAGAAGTACATGCAGGAGCTCATGACGGAGCGATCGCGCATGGAAAACCACTTCCCCCTGGC
GGTGAAGCTAATTGACGAAGGTAAATTGATTTGTCAGGGGCACTTCATGGTAATTACTTTGATTTCCCTCTGTTTTTGCAGCTCTGGAGCGTGTG
CAGCTAAACGGACGCATTCCCACGAGAGACCAGTACGCCGATGTCTACCAGCAGCGCACCATCAAGCTGTCCCAAAAAGTGCACGTGCCCATCAA
GGACAAGAAGTTCAACTATGTGGGCAAGCTACTGGGGCCCAAGGGCAACTCACTGCGTCGCCTGCAGGAGGAGACGCAGTGCAAGATCGTCATAC
TTGGTCGCTTCTCAATGAAGGATCGCGCACGTGAGGAGGAGCTGCGCAACTCCGCGGACGCGAAGTACGCCCACCTGAATCTTCCTCTGCACGTC
GAGGTGTCCACCATTGCTCCGCCCGCCGAGGCGTACGCTCGGGTGGCGTATGCCCTGGCCGAGATTCGGCGGTACCTCACGCCGGACAAGCACGA
TGACATCCGCCAAGAGCAGTACCGCGAACTCATGGAGGATCCGGAGGCGGCCAAGAAGCTGACGCTTCGCCAGCTGCAACAGCAGTCGAATGCGG
CAGCTAGTGGTGCAGGAGGAGGAGGCGGTGGTGGAGGCGGAAACGGAAATGGCGGCGCAGCTGGATCCGGCAGCAATAATGGCAATGGGAACCAG
CGCTCCGGCGGCAACTACAGGTGGGTTGCAGTTCAATGTCCTCTACGAGCCTCGAGTCTAGCTAAACTCCCATGTTTCTTACAGACAAAAGTTTC
AGCAACAATCACACTATCGCCACAACGAGGAGACTGTCTATTTTCGCTCACACAACAATGCGTACCACCAGCCAAAACCCTATGTGCCAGGTAAG
TCTGGGCTCTCCTGGTCCATAGACCATAGATTCTATGTTCGCTTTTGCAGCCGCCCAACGGGGCAATGCCATGCACACCACCTTGCCACCGCAAG
CAATTGTGCGAGCCTCACCGCCCGGAATGGTCGTCAGTGCGGCCAGCTTCAATGGCCGAAATGCCGGACTGGGTAATGCCGGCGGTGGCGGAATC
ATGGCCAATAGCATCGTGGCCACCACTGGCGGTGGCATCGGTGGCGCTGTGCCGCCTAACATGCGTTACCGTCCCGCTGCCCCCTACCAGTTTGT
CAAGAAATAATACAGATGGGAGGATGCACCGCCCGCTGCCGTTCGCTGTTTGTTCAACTATTCCTCACCATCATTGATGCCTCATCCGGAAGTAT
TCACGCCCATCTGTCATACCCATCCAAACACCCACAACCACACACAGCTCCAAAGGTAGATGTAGTAACTATGAGAACATTGGAAACTTGTCATG
CATTGATTTCATCAAGATTTCGGCAGGGTGGAAACCAAAACGAAACGAATGAGTAAATCTATGTTTAAGAAAACTAGCCTAAGTAGACAAATGCT
CCGAGGAACAGACGAACACCTCAGCCACCCAACCAAAACCAAAACTAACCGACCAGACAAACACCCACCACCCCACACGCACGCAACCTCTTCTC
GAGGATTGGGTTCGAAGGATCACGAGGGTCTGCGATCTAAGACTTTGGAATCCGTGTGTTGGGCCCTGCGAGCATTTGGAAGAGAAGAATTGAAG
AAGAAGAACGAGGAGGAGGTGGAGAACGCCTCGATGTTGGATCGGGCCGAATCGAATGGACGCATTCAAGGTTGGTCCCAGTCGAGCCAAATGTC
CTTGTTTTGTTTTGTCGCATATTATTAACATTTTAATTTTACCACTGACGCGTGCGAAGATTTCATCACTTTGTAATTTATATAAATGAATATAT
ATATCTCCTTATGCTTACTATCATACGTATCCTTCTCGCAGTCGCTTTAACTCTATTGCTTTTCCAACTCTGCGTTTAAGTTTATCCCATTTTTT
GTTGTAATGCGTTTTGTATTATGTTTACGTTTAGAAGAGGAGGCTTCTTATTTTTATTTGTTACGTCGCCAGGACAGAAAAAGCAACTGCAAACG
ATCATGAATAATATATATAACAAGTATATACAAGCGGTATGATTTATAACACATAGTGCATATGCAACACCACACGATCATACGCGCGTACGCAT
ATTCAAAACATCAGCATATTCACCTAAAGCCGTAAAGTTTAAACCAAATGAACATTAGAA
(SEQ ID NO: 646)

Exon: 1001..1540
Exon: 1602..2205
Exon: 2270..2370
Exon: 2426..2670
Start ATG: 1240

Transcript No. : CT18271
CAGCCCGAGAGACCGGAGTTGCCGGACCGAGCCGCTGACATAGTAAATGTCCGAATAAAATACACACTTGGAAAAAGAGAGAAAAATTAGGGCCA
TTGGGAAGGCTGAAGTGTGCTAAGTTAGCAATCATACCGAATCGACAGCAAAAGCGATCGCCCGCAATCTGCGCACGGAAAATCCGAGACTCGGC
GACTTAGCAGGACGATAGAGCGACAGCGATCCCGAAGGCAGGACGACAAATGGCGGAGAACGGACTGCGCGTGCCAGGGTCATCCGCGGTGGCCT
CTGCGGTGGCTTCCACTGCGACGGGAGTCGGCGGTGGATCAGCAGCGGGAACTGCGGGGGCCGGGACAGGAGTGGTGCCCACCGGCGTCAGCGGC
GGGACGAGCAACGGGGAGCATGAGAACGAACACAACGCCAACGCAGACGGCGAGAAGGCCCAGCCGGCGCCGGCGGTCCAGAAGTACATGCAGGA

GCTCATGACGGAGCGATCGCGCATGGAAAACCACTTCCCCCTGGCGGTGAAGCTAATTGACGAAGCTCTGGAGCGTGTGCAGCTAAACGGACGCA
TTCCCACGAGAGACCAGTACGCCGATGTCTACCAGCAGCGCACCATCAAGCTGTCCCAAAAAGTGCACGTGCCCATCAAGGACAAGAAGTTCAAC
TATGTGGGCAAGCTACTGGGGCCCAAGGGCAACTCACTGCGTCGCCTGCAGGAGGAGACGCAGTGCAAGATCGTCATACTTGGTCGCTTCTCAAT
GAAGGATCGCGCACGTGAGGAGGAGCTGCGCAACTCCGCGGACGCGAAGTACGCCCACCTGAATCTTCCTCTGCACGTCGAGGTGTCCACCATTG
CTCCGCCCGCCGAGGCGTACGCTCGGGTGGCGTATGCCCTGGCCGAGATTCGGCGGTACCTCACGCCGGACAAGCACGATGACATCCGCCAAGAG
CAGTACCGCGAACTCATGGAGGATCCGGAGGCGGCCAAGAAGCTGACGCTTCGCCAGCTGCAACAGCAGTCGAATGCGGCAGCTAGTGGTGCAGG
AGGAGGAGGCGGTGGTGGAGGCGGAAACGGAAATGGCGGCGCAGCTGGATCCGGCAGCAATAATGGCAATGGGAACCAGCGCTCCGGCGGCAACT
ACAGACAAAAGTTTCAGCAACAATCACACTATCGCCACAACGAGGAGACTGTCTATTTTCGCTCACACAACAATGCGTACCACCAGCCAAAACCC
TATGTGCCAGCCGCCCAACGGGGCAATGCCATGCACACCACCTTGCCACCGCAAGCAATTGTGCGAGCCTCACCGCCCGGAATGGTCGTCAGTGC
GGCCAGCTTCAATGGCCGAAATGCCGGACTGGGTAATGCCGGCGGTGGCGGAATCATGGCCAATAGCATCGTGGCCACCACTGGCGGTGGCATCG
GTGGCGCTGTGCCGCCTAACATGCGTTACCGTCCCGCTGCCCCCTACCAGTTTGTCAAGAAATAA
(SEQ ID NO: 647)

Start ATG: 240

MAENGLRVPGSSAVASAVASTATGVGGGSAAGTAGAGTGVVPTGVSGGTSNGEHENEHNANADGEKAQPAPAVQKYMQELMTERSRMENHFPLAV
KLIDEALERVQLNGRIPTRDQYADVYQQRTIKLSQKVHVPIKDKKFNYVGKLLGPKGNSLRRLQEETQCKIVILGRFSMKDRAREEELRNSADAK
YAHLNLPLHVEVSTIAPPAEAYARVAYALAEIRRYLTPDKHDDIRQEQYRELMEDPEAAKKLTLRQLQQQSNAAASGAGGGGGGGGNGNGGAAG
SGSNNGNGNQRSGGNYRQKFQQQSHYRHNEETVYFRSHNNAYHQPKPYVPAAQRGNAMHTTLPPQAIVRASPPGMVVSAASFNGRNAGLGNAGGG
GIMANSIVATTGGGIGGAVPPNMRYRPAAPYQFVKK*
(SEQ ID NO: 648)

Name: KH domain RNA-binding protein
Classification: RNA_binding
Gene Symbol: qrk58E-2
FlyBase ID: FBgn0022985

Celera Sequence No. : 142000013384530
TAATTAGATACAAAAGGATAGGACGTTAAGGATTTCATCATATAATCGCCAAATTTCCTAATTCATTTCCTAGGCCTGGCCAAACCCAATACCCT
GATAGCCAGCGTCCATCCGGCAGATAAGCTCTCCCTGCAGTCCTTTCAATCCCTGGGAGTGGAAACAGTGATCAAGAATGCACCCGTTGTGCAGC
AATCGGATGTGGTCTTCGTGTCCGTGAAACCCCAAGTGGTTCCCTCGGTTTTGTCGGAGATTCAGCCATTGAGCTCGGGCAAACTATTCCTTTCC
GTGGCCATGGGCATCACTTTGTCCACCATCGAGTCCAGTTTATCTCCACAAGCTCGCGTCATCCGTGTGATGCCCAATCTGCCGGCTGTCGTGTG
TTCCGGTTGTTCGGTTTTCGTTCGCGGATCCAAGGCCACAGATGCAGATGCGGATATTACCCAGAAGCTGCTGCAGTCCGTGGGCACTTGTGAGC
CGGTGGATGAGTCCCAGTTGGATGTGGTTACTGCTCTGAGCGGAAGTGGACCGGCCTATGTATTCGTGATGATTGAGGCCTTGGCGGATGGAGCC
GTTCACATGGGCATGCCCAGGGATCTGGCCTATCGTTTGGCATCGCAAACAGTCCTGGGCGCAGGTCACATGGTGCGGGACAGTGGTATGCATCC
CGGACAACTCAAGGATGGGGTCACAAGTCCGGCGGGATCGACAGCAGCGGCACTCAGACAACTCGAGCTGTCAGGTAAGTTGGGATGATGACGCC
GATGACGCACTCGCTTATCGCCGCCACTTCAACCTTTGATGTCGATTGCAGGTTTTCGGGCTGCGGTGTCTGGAGCGGTGGAACAGGCGACTCTG
CGATGCCGGCAAATCTCGGGAAAGACGAAGTAGGCACATAGGATTATCATATACATATACGTACATTGGGGTGGGTCAATTTTGTTATTAAAGTT
ATAGTAGTTAAAGGAAGTCGTTAAATTTTGTTGCTTCTTGAAGAAACATGTTTTTAATTTGGAAATGTATGTTGGTGCTATAGTGCTTTCAAAGA
GCAATGATGAGATGTTTCATTTTAATCGACCCACCCTTGTGCTTAATCTGGGTTAGTAGCTTTGCATAACTATAAAAACTGTGAAGGCCGATTTC
GTGATACTAAAATATAAGCAACACTGCTATATTCTTTACTCTCAGCTTTGTTTATAGTCTAGCTAAAAATAACTAATTCAAAGTCGAGCCTAGAA
CTTCTTCTTCTTTTTGGCCCGGGACAGCTCATTGAGCTCGCCCTGTTGCACGGATGCCTCCTGGTAAATGCGCTTAACCTTCTCGTGGCGCTCCT
TGTCACTGTGGATATGAAATACAATAGATTAGAAAGGAACGGTTAAATTGTAAATGGAACACAAACCTTTGCAGGGTCTGTTTGAGCCTAAGCAT
CTGAACGAAGGACGTATCTCTGCGTATTTCTCGAATGGCACCCTTCTTCTCGCGCTTGATCTTGTGCAGCAGTTTGGCCCGCTCTTCCTTGGCCT
TGGACATCTTGGGACGACGTTTGTCATCGTAAACCGCCTCGAATCGAGGTTCCAGCAGCCTAAGAGCCTTGGGTTTCTTTTCCGCCGGAGCCAAG
GGTTTCATTTTCTGCGCAGCTAGCTTCTCCGCCAGTTCGGTGGCATCCTTGTGGTGCTGATGCACATGCTCGGGGTAAGACTCCAGTGGAAGGCG
GGAGAGTAGTGCCAAAAAGGGTTGGGCCAGGTAGCAGGCACCCACATGCTCTTCCACCAGTTGGAGAGCTTCCTTGATTAGCAGGAGGGAAGTGT
CCAGTGCTCGAACCTTGAAATCTGGAGTGATCGTCTGGGTGACCAAGTCAGTAGGCTGCAGCTGTTGGGGCTCCAACTTCGTGGATTCCGTGTTA
GCTGGAAGTGCTAGGAGCTTGCTCAATGGACCATCACGCTCAAAAGGCGGCGTGATCTCCAACTGTTCCACATCCCTCTTCGGTATGGACATGTG
TACAATGCCCTGCAGGAAGTTGAATACGGCTGGAACCAGTCTCTTGGATTGGGACACAAACTCCAAGACTACGGTGACCAGGAACAAACCCATAG
ATATTTCCTGACGCGTTCGCACTCGTGATCTGGACAGGACGTGTTGTATGAATATAAAGCAAGGAGTGACCACCGGATGGCGGAAATCGGAAGTC
GAGTACAAGTTGGCCACTAGTTTGAAGTACACCAAAGTGTCAAGTGAAGGATACATTTTGTGATTTTTCCTGAACTCTTCGTACTTCTCCTTGAT
CACCTCCAGTAATGTATTGGACATGCGCTCGGGATTCAGTTGCGTTAATTCATATAAGTAAGGCATGAGCTTTGAGAGCAACTGGAAATGTTCTC
GTATGTCCTGCTCGCTGGCATCTTCAAACAAATCCTTCAGATATTGCAGCAAAAATGAGTACAACTTAACCACGTTCTCGCGGTTAACACCTTCC
AGTTTGGGATGATTACATTTTATAATCCTTTCGATAATGATCGCCTTCTGGGCCGTAGCATGCTTGGAGAGCAGCTCCGTAAAGTCCTCGTAGGT
CTTGGGCATCTTGATGGTAAACGGAATACTGGTGTCCAAGGAGGCGGGAATTGTATCCGCAGACTTTTTCGCTTTCTTTTTGCTAGCCTTCGGAG
CTTCTTCTGGCTCTGACTCACTTTCAGATTCCTTGAGATCGCTCAGATTGTCGACCTCTGAATCACTCTCCTCATCCGAGTCCTCCTCTTCCTCT
TCTTCCCCCTCCTTGTCATCGTCATCCTCATTTTCGTCTCCCTTCAACACGGCTTCCTTCTTTCCATTGAGATGTGTGCCCAGATTGCCGTCCAA
ATCGTAAGCGAGCGTATCATCTCCCTCGTCATCTTCGCCGGCCAAGAAATAGCCATCATCCAGGTCATCTGCGGATCGGTGCTTGGGTTTGGCAA
CGGAGGCCTCCTCATCCTCCTCGCCATCTGCTCGCATGCGACGAAGCCGTTCGTTCTCGAGCTTCTCCAATCGAGCGGCCTCCTGTTTGGCCAGC
TCGTCGGGATTGATTAGTTTATCCGCGACACTGCCACGCGGCTCGAAGATCATCTCCTTGAGCAGTTTATCGTAGGCATCTGGCGGTGGCTTGGC
ATCCTGCTCATCCTTCGTGACCTTGGCGACCAGCGGCAGCAGAAGCTTATAGTTGGCATCCAGTTTCTCTGTGAGATCATACACTTCGTCCTTCT
CCTTGGCGATTTCGTTCTTTCTTCGTTTTTGTTCAACGATCATCTCATCGATGGCCGCCTGTCTATCCTGGGCAGAGTCTCCCTCTCCGCCAAAA
TGAGCAGCAGCAGTAAAATCGGCTGAAAGAATATGAGAGTTAGTTGTGCGCTTCAAAGTACAATCATTTGGGTATACCATCTAATGCCTCGTCGT
CTAGCTCCTCGTCGTCGGAGCGCTCGTCCCTGTACTGCTCGATCTCCTCCAGAGTTTGTCCCCTGTGCGTCAGTAGTTCGTCGTCGTTGAGGTTG
AACTTCTCCGCTTTCTGGTTGGAGCGCACCTGGGACATCTTTTCGGCCAGGTAGCGGGCATTCATCACGGACTCGGTTAGCTGATCGCCACTCAA
GTGTTTTCCAATTCGGTTATCCTTGAAGCGATTGGTCTTGTGCTTCACGGCAAACTGTTGACCCAATGTCTGCGCTCGTTTCTGCAGAGCCTTGG
CCCGCGACACGCCCGGCATTCCCCTGTCATGCTTGCAGATCCTCCCCAGAATCTTGAACTTCTCCTTGTTCACGTGCACATCGAAGGGATTGCCC
CGCTTGCTGGACTGTGCCGTCGAGTTGTCGAAGGGATTGGCCGACCTGGTTGTCTTTTTGGCGTAAACCGCATCTGCGCTGGCCTTCTTTCCTTT
GGCCACCATTGTTTTATATCGCGTTCTACGGATAAATTAAACCGAGTTCATTTAGCAAAACAAAACACCTCACACGTGCAACCCAATAACGGACT

AGCGCGTCTACGAAATGCCGAAATCAGTGTTGGCTAATCCTGCGAATAGTCACGTACAATGGTAATGGGATCAGTTTCAATTTCAACTGTAACTA
CAAATTAATCATAATTTACTGTATAACAATGTATTTTTTCCTTGTTAATGTAATTGTAAATCTACAAGGGCATTTAAATATTACACAATTAAAAT
CTTTGTTTTGGTATCTACTTCGAAAAACTATTGTATATTACGAAACACCGGTACATACGCTGTATGATCTGAGTCATTTAACACAACAATTTTAA
GGGTAGACCAAGAAAACGATGCTTCAATTTGAAAATTTTGTAATCGAAGCAATCAAGTTGTACATTTTTGAATGGGTGACTGAATTAGTAGTTAT
ATTGTTATCACATTCTATTTATAATAGCTAAAATGTTAAATCGATAAATATTAGTTTTCGGGGAATTCCTTGGAACCTTATCCGCTGAAATGTAA
CAGTTACCGCTGCTCATCACTAATAGCATGACTTTTCCAGCACTGAACCACGTCGCCATTTTCGTTTCGTTCCTTGCCACAAAAATTTTCACACG
CAACGCCGGATACTGAAAAATTGGTTTTTAAAGCGTGTTAGGAGCTTTTATAACTTTGCGTGGCTACAGTCAGTCAGTTCTTGGTGTGAAGGTGC
TGGAAAAAGCATGAGCGCCACGCCGCCGGACCTACTTTCGTTGGCGGCGTCCCGAGAAGTCTCGGCCGCCGTCGCAGTCGCCGCCTCTGCCAACG
GAGGCAGCGGCAGAAGCGCTGATAAGGAGCGTTCACGTTCCAGAGATCGTGGGCGGGACAAGGATAAGGATCGGGACAAGGACAGGAAGAAGAGG
TGCGTGCGTTGCAGGGAGAATGATTTTGTACCCTTGCCCTTTTAGCTTCCCCTTTTTACTTCCTTTTCCGGTGTACACATTTTTCAACAATGTGC
TTTTATAAAAGCAGAACTTTTATTAACGCCATAGCATA
(SEQ ID NO: 649)

Exon: 3978..3403
Exon: 3347..2806
Exon: 2691..1397
Exon: 1335..1001
Start ATG: 3904 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT18277
GGTTGCACGTGTGAGGTGTTTTGTTTTGCTAAATGAACTCGGTTTAATTTATCCGTAGAACGCGATATAAAACAATGGTGGCCAAAGGAAAGAAG
GCCAGCGCAGATGCGGTTTACGCCAAAAAGACAACCAGGTCGGCCAATCCCTTCGACAACTCGACGGCACAGTCCAGCAAGCGGGGCAATCCCTT
CGATGTGCACGTGAACAAGGAGAAGTTCAAGATTCTGGGGAGGATCTGCAAGCATGACAGGGGAATGCCGGGCGTGTCGCGGGCCAAGGCTCTGC
AGAAACGAGCGCAGACATTGGGTCAACAGTTTGCCGTGAAGCACAAGACCAATCGCTTCAAGGATAACCGAATTGGAAAACACTTGAGTGGCGAT
CAGCTAACCGAGTCCGTGATGAATGCCCGCTACCTGGCCGAAAAGATGTCCCAGGTGCGCTCCAACCAGAAAGCGGAGAAGTTCAACCTCAACGA
CGACGAACTACTGACGCACAGGGGACAAACTCTGGAGGAGATCGAGCAGTACAGGGACGAGCGCTCCGACGACGAGGAGCTAGACGACGAGGCAT
TAGATGCCGATTTTACTGCTGCTGCTCATTTTGGCGGAGAGGGAGACTCTGCCCAGGATAGACAGGCGGCCATCGATGAGATGATCGTTGAACAA
AAACGAAGAAAGAACGAAATCGCCAAGGAGAAGGACGAAGTGTATGATCTCACAGAGAAACTGGATGCCAACTATAAGCTTCTGCTGCCGCTGGT
CGCCAAGGTCACGAAGGATGAGCAGGATGCCAAGCCACCGCCAGATGCCTACGATAAACTGCTCAAGGAGATGATCTTCGAGCCGCGTGGCAGTG
TCGCGGATAAACTAATCAATCCCGACGAGCTGGCCAAACAGGAGGCCGCTCGATTGGAGAAGCTCGAGAACGAACGGCTTCGTCGCATGCGAGCA
GATGGCGAGGAGGATGAGGAGGCCTCCGTTGCCAAACCCAAGCACCGATCCGCAGATGACCTGGATGATGGCTATTTCTTGGCCGGCGAAGATGA
CGAGGGAGATGATACGCTCGCTTACGATTTGGACGGCAATCTGGGCACACATCTCAATGGAAAGAAGGAAGCCGAATCTGAAAGTGAGTCAGAGC
CAGAAGAAGCTCCGAAGGCTAGCAAAAAGAAAGCGAAAAAGTCTGCGGATACAATTCCCGCCTCCTTGGACACCAGTATTCCGTTTACCATCAAG
ATGCCCAAGACCTACGAGGACTTTACGGAGCTGCTCTCCAAGCATGCTACGGCCCAGAAGGCGATCATTATCGAAAGGATTATAAAATGTAATCA
TCCCAAACTGGAAGGTGTTAACCGCGAGAACGTGGTTAAGTTGTACTCATTTTTGCTGCAATATCTGAAGGATTTGTTTGAAGATGCCAGCGAGC
AGGACATACGAGAACATTTCCAGTTGCTCTCAAAGCTCATGCCTTACTTATATGAATTAACGCAACTGAATCCCGAGCGCATGTCCAATACATTA
CTGGAGGTGATCAAGGAGAAGTACGAAGAGTTCAGGAAAAATCACAAAATGTATCCTTCACTTGACACTTTGGTGTACTTCAAACTAGTGGCCAA
CTTGTACTCGACTTCCGATTTCCGCCATCCGGTGGTCACTCCTTGCTTTATATTCATACAACACGTCCTGTCCAGATCACGAGTGCGAACGCGTC
AGGAAATATCTATGGGTTTGTTCCTGGTCACCGTAGTCTTGGAGTTTGTGTCCCAATCCAAGAGACTGGTTCCAGCCGTATTCAACTTCCTGCAG
GGCATTGTACACATGTCCATACCGAAGAGGGATGTGGAACAGTTGGAGATCACGCCGCCTTTTGAGCGTGATGGTCCATTGAGCAAGCTCCTAGC
ACTTCCAGCTAACACGGAATCCACGAAGTTGGAGCCCCAACAGCTGCAGCCTACTGACTTGGTCACCCAGACGATCACTCCAGATTTCAAGGTTC
GAGCACTGGACACTTCCCTCCTGCTAATCAAGGAAGCTCTCCAACTGGTGGAAGAGCATGTGGGTGCCTGCTACCTGGCCCAACCCTTTTTGGCA
CTACTCTCCCGCCTTCCACTGGAGTCTTACCCCGAGCATGTGCATCAGCACCACAAGGATGCCACCGAACTGGCGGAGAAGCTAGCTGCGCAGAA
AATGAAACCCTTGGCTCCGGCGGAAAAGAAACCCAAGGCTCTTAGGCTGCTGGAACCTCGATTCGAGGCGGTTTACGATGACAAACGTCGTCCCA
AGATGTCCAAGGCCAAGGAAGAGCGGGCCAAACTGCTGCACAAGATCAAGCGCGAGAAGAAGGGTGCCATTCGAGAAATACGCAGAGATACGTCC
TTCGTTCAGATGCTTAGGCTCAAACAGACCCTGCAAAGTGACAAGGAGCGCCACGAGAAGGTTAAGCGCATTTACCAGGAGGCATCCGTGCAACA
GGGCGAGCTCAATGAGCTGTCCCGGGCCAAAAAGAAGAAGAAGTTCTAGGCTCGACTTTGAATTAGTTATTTTTAGCTAGACTATAAACAAAGCT
GAGAGTAAAGAATATAGCAGTGTTGCTTATATTTTAGTATCACGAAATCGGCCTTCACAGTTTTTATAGTTATGCAAAGCTACTAACCCAGATTA
AGCACAAGGGTGGGTCGATTAAAATGAAACATCTCATCATTGCTCTTTGAAAGCACTATAGCACCAACATACATTTCCAAATTAAAAA
(SEQ ID NO: 650)

Start ATG: 75 (Reverse strand: CAT)

MVAKGKKASADAVYAKKTTRSANPFDNSTAQSSKRGNPFDVHVNKEKFKILGRICKHDRGMPGVSRAKALQKRAQTLGQQFAVKHKTNRFKDNRI
GKHLSGDQLTESVMNARYLAEKMSQVRSNQKAEKFNLNDDELLTHRGQTLEEIEQYRDERSDDEELDDEALDADFTAAAHFGGEGDSAQDRQAAI
DEMIVEQKRRKNEIAKEKDEVYDLTEKLDANYKLLLPLVAKVTKDEQDAKPPPDAYDKLLKEMIFEPRGSVADKLINPDELAKQEAARLEKLENE
RLRRMRADGEEDEEASVAKPKHRSADDLDDGYFLAGEDDEGDDTLAYDLDGNLGTHLNGKKEAESESESEPEEAPKASKKKAKKSADTIPASLDT
SIPFTIKMPKTYEDFTELLSKHATAQKAIIIERIIKCNHPKLEGVNRENVVKLYSFLLQYLKDLFEDASEQDIREHFQLLSKLMPYLYELTQLNP
ERMSNTLLEVIKEKYEEFRKNHKMYPSLDTLVYFKLVANLYSTSDFRHPVVTPCFIFIQHVLSRSRVRTRQEISMGLFLVTVVLEFVSQSKRLVP
AVFNFLQGIVHMSIPKRDVEQLEITPPFERDGPLSKLLALPANTESTKLEPQQLQPTDLVTQTITPDFKVRALDTSLLLIKEALQLVEEHVGACY
LAQPFLALLSRLPLESYPEHVHQHHKDATELAEKLAAQKMKPLAPAEKKPKALRLLEPRFEAVYDDKRRPKMSKAKEERAKLLHKIKREKKGAIR
EIRRDTSFVQMLRLKQTLQSDKERHEKVKRIYQEASVQQGELNELSRAKKKKKF*
(SEQ ID NO: 651)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384574
GTTAACAATGCGGCTATTGGCATTGTCACGAGTTTCTTCCTCAAGTACATGAACTCCATTCTAAAGACCTTCGCGAGCGCTCTGGAGTTGCTCTT
CACGGCAGTCCTATGCTACTTCCTCTTCTCCATACCCATTTACATGAACACCGCGCTGGCCATCGCGGTTGTATCCTACGCCATCTATCTCTACA
CCCAAAGCCCGGTGGTTAATTTGGGCAAGGTGCGTCCGCTGTCCAATTTAAGTGATGCCACGACCAAATCAACGGATAAACGAAAGCTGATCGAC

GAGGAAGCGGCAGAATCGGACCTCGATATGGTGTAATGCTGTAGCTTGTCCTAGACGTAATCTTAGACTGTAAATAGTTGTGGAAAAGTGCCTGC
AAATGTTTTAAACGCCAGACGAATGTATTTGACCCCAGGCTTTGTGCAATGCAATAGCAACAGGCTTGTAAATACCAAAACTTTTGCTCCTCTAG
TTTAAGATTCTTATTTTAATCAGAACATAAATGCAATCAAACGAATATTGTGCATGCTTCTTCAAGAAGCTTTTTATTTTATGGTTCATATACTA
TCACATATGTACATGGTATATTTGGATGCCTGCTTGTCTTAGCCTAAAATGGTGTGTCCACATCATGTCCATCTTCCTGTTTGGGCGGTATGCGA
CTACGAAGCGCTATCTGCACCGCCTGGTTTTCGATGCTGCGGAGATAGTAGTCACACTCCTTCAGATGCTTCTCCATGTCCTGGACTCGGTGTGT
GGCGTTGTACTTGCAGGTCTGCAGCGGCGGTCCACAGTAGTTCTTCTCGCACTTAATTAAGTGCTTGGGCATCCGGAAGAGCAAGATGCGGTGCG
ATTTGTCGTAAGGGCAAATTCCGTACTCGAAATCGGACATTTTGAAAAAGTCAAGAGCCGTTTGTCAAAACAACAAATTCATAAAGCTTAAGGTA
CCGCTATGTTTTAAAGTTTTAGTTATCGGTTGTGTTATCGGAAGTAAGGAATTTTCGATTTATTTATTTTTCAAACCAGCTGTCAAGATATTGAC
CTTATACGGAATACCCCCGATGAATATAGGGTCACACTGAGCAGACGCGCGTAAACCACCCCGTCCCTCCCTTTTACTTTTCATTCAGCTTGAAA
ATTTCATAGAGTTCGGTCAATTGTCAAATCTGCTCAAAACCACTTAATTACCAGGTAAACGATGGCACGTACCAAGCAAACAGCCCGTAAATCGA
CCGGAGGCAAGGCGCCCCGCAAGCAGCTGGCCACCAAGGCGGCCCGTAAATCGGCGCCATCCACCGGCGGAGTGAAGAAGCCACATCGCTACCGT
CCTGGAACGGTGGCCCTGCGTGAGATTCGTCGCTACCAGAAGTCCACGGAGCTGCTCATCCGCAAGCTGCCGTTCCAGCGTCTGGTGCGCGAGAT
AGCCCAGGACTTCAAGACCGATCTGCGCTTCCAGTCGGCGGCCATTGGAGCCCTACAGGTATGGTGTACAGCACTCCCTGCACCGTGACTATTTC
ATACGGTCATGTAATAATGCGTCTCTCCCCCATTTCAAATGCGCAATTTGCAGGAGGCCAGCGAGGCGTACCTGGTCGGTCTGTTCGAGGACACC
AATCTGTGCGCCATTCACGCCAAGCGCGTCACCATTATGCCCAAGGACATCCAGCTGGCCAGACGCATCCGTGGCGAGCGGGCCTAAATGCCCAT
GACCGCCATCTTGGATTGGAAAAGCAGTGGCGGCAAAACTACCAACCCACAGCTGTCGCTTGGAGGGGGGAACTCGGAGCTAGAGGTGGAGGTGG
AGAAGCGGAAAACCAAACCCCCGGCCGCAGCTGCCGCCGCTTAGTACTTAGGTCTATCTATACTTACCGATAAGTAATCAATACACAATGTTCTA
ATAAAATCGAATTCATTTTTGTTTGTAAATGTTTAACCACAAAGGAAAGCGTTCATTCATATATTTTGTTCAGACTGTACATTATTAGTTGTGTC
TCTTAAATTGTAATTGTTGTCTTGCTGTCTCGGCAACAATTGAACATTAATTTGAATGGTTTCGTACAAAAATACATATATTCTATTGTATCATT
TTGTAAAATGAGGTAGACCATGTAGTAAATGCATTCATTTTTCGTTATTCTAGTACATATGTATATCTAGCATGTACTGGAATGAAAAGTATCTT
TAAACTATGTAGATTTCTGTGTGGTGGTGAGCTGCTCCCCTGGAGCCAAGCAGTTGAAGGTCCGGACAAAAACAGGCAGCCTTGTCAGGGAATTT
ATGGGTGAACCGCCCTCGACGAAATCGCTGCCGAAATACAGGGTTTGGCCGAAGGAACTCTGGCCAAATCTGAAGAAGAACAATTCCCTCAGAGA
CATGGTGGTGAAGTTGGGCTGCCTCTGGCTGAACTTGGAACCTTCTGCGAAGTAGGCTTCGTGGACCAAATGGAGCACGACGAGGTACTGGTCGC
GTTGGCTAAGCAAATTATCTTGGGTCCATGCGCTTACACACTCATCGCCGGCGGTAGTAATTTGGTTATCGTCGAACAATTGGAGCATATTGACC
TTATGATGTTTGCAATTAAAAAGATCGAAACTTTTTAACATCTCAAGGCCAAAGCGAATGCCCAAGGGTGTCACTTTGAAGATATCGTGGCTGTC
GGGATCAAATGAAGCATCTGCCAGAAAGTCGTATGCCACATAAATCGTATTTCCATTTTCCTCATACGCAGTTTCGAAGAAGAAATTCGAAATGG
GATATGAATGGAGCATGTATCGCCGGTCTTTGAAGTTCGGTTGGTCCAGTAAGCTTAGTTCGGCACGCGTTCGGTGCTCCAGAACCTTTAGGTGA
GCAGTCGCAAGTTCCTCGTCGTCCGCAAATTCAAGCTCCTTGTAGTATCGGGTTACGAAACGTCGATGGCCCGCCTTTCCCGGCAGATTGCCGAT
GCT
(SEQ ID NO: 652)

Exon: 1001..1483
Exon: 1574..1948
Start ATG: 1202

Transcript No. : CT18281
ATTTTCGATTTATTTATTTTTCAAACCAGCTGTCAAGATATTGACCTTATACGGAATACCCCCGATGAATATAGGGTCACACTGAGCAGACGCGC
GTAAACCACCCCGTCCCTCCCTTTTACTTTTCATTCAGCTTGAAAATTTCATAGAGTTCGGTCAATTGTCAAATCTGCTCAAAACCACTTAATTA
CCAGGTAAACGATGGCACGTACCAAGCAAACAGCCCGTAAATCGACCGGAGGCAAGGCGCCCCGCAAGCAGCTGGCCACCAAGGCGGCCCGTAAA
TCGGCGCCATCCACCGGCGGAGTGAAGAAGCCACATCGCTACCGTCCTGGAACGGTGGCCCTGCGTGAGATTCGTCGCTACCAGAAGTCCACGGA
GCTGCTCATCCGCAAGCTGCCGTTCCAGCGTCTGGTGCGCGAGATAGCCCAGGACTTCAAGACCGATCTGCGCTTCCAGTCGGCGGCCATTGGAG
CCCTACAGGAGGCCAGCGAGGCGTACCTGGTCGGTCTGTTCGAGGACACCAATCTGTGCGCCATTCACGCCAAGCGCGTCACCATTATGCCCAAG
GACATCCAGCTGGCCAGACGCATCCGTGGCGAGCGGGCCTAAATGCCCATGACCGCCATCTTGGATTGGAAAAGCAGTGGCGGCAAAACTACCAA
CCCACAGCTGTCGCTTGGAGGGGGGAACTCGGAGCTAGAGGTGGAGGTGGAGAAGCGGAAAACCAAACCCCCGGCCGCAGCTGCCGCCGCTTAGT
ACTTAGGTCTATCTATACTTACCGATAAGTAATCAATACACAATGTTCTAATAAAATCGAATTCATTTTTGTTTGTAAATGTTTAACCACAAAGG
AAA
(SEQ ID NO: 653)

Start ATG: 202

MARTKQTARKSTGGKAPRKQLATKAARKSAPSTGGVKKPHRYRPGTVALREIRRYQKSTELLIRKLPFQRLVREIAQDFKTDLRFQSAAIGALQE
ASEAYLVGLFEDTNLCAIHAKRVTIMPKDIQLARRIRGERA*
(SEQ ID NO: 654)

Name: Histone H3.3A
Classification: DNA_binding
Gene Symbol: His3.3A
FlyBase ID: FBgn0014857

Celera Sequence No. : 142000013385213
ACAATGAGCAGCGGGACCACGATGATGGCGAAGATGACATAGGTGATAATGAGCAGCGGGCGTATCCAGATGCGCCACTCCTCGAAGAAGCGTCT
TACGTCCAAGCTGCACATCTTTGCCTCTGGTGCACTCCTTGGGAATGCTCCTTGAAATGTGCTGTTCACCGGAGTACCTAATATCCGGGTTGATA
TCGTTGATTCGTTGACGTCGACGCCGCCGCCCCGATTCTGTTTTCACTTGGGTTTCCGCTTTCTTCCGCTCCGATCCGCTCTTCTCCGCCAGAAA
TTCTCTCACAGCAGATTACAGGACACGGCGGTGGCACCCACGCTGGAGGCGCATTTTCAGAGATCTCCTGCTGGCAGAGCAAGTTCTTCGATCTA
TTGGTTTCAGTCCTATTGGCAGTAATATCGCGGCTTTCGTGCCCTTCTTTTGTGAGGAATCCAGTTCGTGGGTCGGGTGCCTACGTCTAATTGGT
GTGACCAGCCAATGCGAAATCCGAAATGACTAAAATACAGACTTCCTCCCGGTTTTATATTATTTAAAATTTTTACTATTTGTTTTATTTTAAAG
TTTAAAAGCTATCAGTAAAAAAATTAACTTAATTAAAAAACAAATGTCGAAGATTATTTAGATTTTGTTTGTCGCAGACGAAAAATATGAAAATT
TTCCGATGATTTAAAAAAGGGAAATTTCGAGGGCTGCAGAGTAAAAAAATAAAACATATTTTGAAAATTAAAGAAATATGTCAAATATATAAAGT
AGCTAACTCCAAACCGACTACTAATTGTTTCGTAGTTCAGAAATTTTTTTAATACTGAATTAATTGTAAAATATCTAATTTTAGTTAGTTCAATA
AAACAATTCACGAAAGTTAGATGCATTTTATTTATTTATAAGATTAAAATATCAATTATGTACAACTAAGTTAAGTATTTAATTAGTTCTCTTGA

AATGGATATAAGGGGATTTACAAGTGAGCTTGATAAGCGTGATATTTTTTCGTTATGGATTTATTAAACAAATATTCTTAGATTATCTGTTTGAT
TTGAATATATGATGTCAAAATGTTCCCTTAACATTTATACGTCGATAACTTAAGATGTTCCGTGTACGTCCCAAGGCTGTCTTTTGGTTAAAAGT
ACTGCGGAATCGCTATTACTATTTGCCTCGCCCCTGGTAGTCATTTTCATATACACAAGATCGGATTACGTTAAAAGTAATTAAAAAGTATTTGC
ATTATAAGAAACAGTAGTCGCCAGTGCAGACTAATTGTTGTGATGATGAAGAAAGAGGATGGCGTCGATGTGACTACCGGTGAGCATGAATCGCT
TGTTGAAGTCGTATATTTGGTCTCTCAGCGCCTTCTTGAAGCTGAGCGTCACCACGCCGGGCACACTATGGTACAGGCTGGCCAAATCGCGGAGC
GTTCCATAAATGTGTCCCATCTTGAGCCACCACTCGATGGGCGACTCATCCAGCTGAACGACCACCTCGTTGCGATATCGCTTAAGATCGGACTC
CACGCTGCTGTCCGCATCTCGCTTCGGAGGATTTGGTATCTCGTTACTGTCAAACAGCAGTTTCAGACCTACGGGCATTTTCGTTTAGTCCATGG
TTTATGATAATCGATTTAGTTCGATGCACTTACCCAACTTCTTTGGTGCACTGCCGTCCACTACTCTTGGTTCTGACTTAATGGCCACCACGCTG
GAGGTAGCTGCCACTTCGTTGGATTCCCCTTCGCCCACTCCACCAAAGTTAATGTTATACTTATGGGTCAGCATACGAACGGTTCGCTCTAGGTT
GTCAATGGTGGTCAGGCGGTGGAAGCGTGGGTCCAACAATGCAGCAGCGGTCAGATTGTCATTGGATATAACGTGCGCCTGGAGGACACTGGAAA
TGGTCCGCTTCAAATTCATCATTAGGGGATCGTCCTGCTCGGCGATGCCCAACTTCTTGATAAGAATCTTTGAAGTGATTGGCGAAAGCATGCTA
CACAAGGGAATGTCTTCGCCACGCAGCGTGTCCAAAGCAATCTAAAAGATTTCACACAATAAGAAAACTGCTTAAACGTCTCATTTAGCTTGATG
GCTTACCACCAGAGCACTCAGGGCCTCCGTCACCGTCTTGGCTGATATAACCAGGTGATCCATGTCCTCGGACCAAGATATGGACTCGGCAAAGA
ACTTCAATGTTTCGTACAGTGTCCAGGGGAAGTGCTCGTTGTACGTGGGCATGGGCACCTCGGACACCTTGGAGGCAATCTCCGTTGAATGACGC
TGCATTAGGTCCTTCACCTGCTCCAATAAAGTGGCCACCTCTTCGATCTCAAACACACGACGCAAACATTTGTCAATTACCGAAACGTAGCACAG
CGAAATGGGTATATCTGCAATAAAAGATTCATATTCATTAGGAAGTCCAATATTTGATATATATTCTATATAAGGTAAATAATTCTGACTTGCTA
ATGCACTCACTTTTCTCTCGCAGATAGGTGTGCAAAAGGTCCTCTTCCTCGTCGTAGTTTATGATGGCCAGTGTGCAATTGGCCAAATAGAAGTC
GGTCAGCAGATCGTCAAAGACGATGTAGTCGTTGTACTCCACGGTGGCATACAGCATACCGCGAACTGAGTGCGTCTCCTCGTCCAGAAAGTGAT
GGAAGATGCTAAGGAAGCGCCGCTGTTCAACATTCACCCACATCTCAAAGGCGAGAGAGAAGGGCTTCTCGGAGGTGAAATCGCGCGTGATTTCG
CCAATCTCCAGAAACTTGGAGGCGTGCATCTCATTGATCAAAGAGTCGATCTTGTGTGGCTCGGGCATGGCTGCCGAATTGCCTAGGACTTGACG
CAGGAATTCACCAAAACCGGCATCGTACAGAGAATCCACATTGCGCAAATCCTTAATCACAATGTCCGTAAGGGCTTCGGCCAGATTGGCGATGT
TCGCCACGGCGGCATAGCCGCCTTCCTCGTGCTTGATGACACGCCCGTGCATCAGGGCACTCGATGGAGTGGCCACTTTGCGTTTGCGTCCGTAC
TTTGGTTCCATAACTAGGCGCTCCTCCTCCTCTACCAGATTTTCGGCCTCGTCGTAGGTGAAGGGCACCATGGTCTCGTACAGCATGGTTTGCGA
GGAGGCGTCCTCCTCCGCCTGCATGGCCGCAGTTGCCACGGCTGCTTCGTCCAGTTCATCATCGGAAGCGTTATCGTGGTTCCGGTTATTAATGA
ACTCCAGTTTGACCCGCCGCGAGGAAACATTCCGCTTGGACAGCGGTGGATGGGATACATTACGCGGCGTCTTGCGCGGCGGCACATGGATGTCG
TGCTCCTGGCACAGCTCCTTGAACAGATCCTTGTGTCGGTGCTGGAGATGCGCACGCAAATTGGTGGTGTTGCCATGGTTGGTCAGCACCTTGTG
ACACTTAATGCAGACCACATTCTGTTTGGTAATCACCTCATTATTGTCGTTCGAGGGGAATCCAAAGTAGCGCCAGTATACGCTTTTCATCTTGG
GCGAGTACAGTTTGGAAAAATTTAGCTGCGACACATCCTCGTACTTGAGTTCGCCAATGGCCACGGGCGACGCTGGTACCCCTTCGCTCATCTTG
TCTTCTGTGGGGGATTGGGATCTTCTTGTTTGTTTTGAATTAGATTCGACAACGATTGCTGTGCCCAATGCGTGTATTAGCGCGCAATTTCTCGA
TTATAGATAGACGGTTCAATAGTCAATAGTTTTTTATCTGTATCAGAAGTACAGTTCAGAGTTGCCACGCGACACGCCGTCAATCGATAAGGCAA
TAAAACGTTGCTAAATGCTTCAAATGCACTCTCATTTATTTGAGATTATTTTTACAGACTGCTCAAATATGAGAGTCACCGCTTTTTAATTTCAA
TACGTCTGACTGTCGTAAAAAATGCGATTTGTTGAGTATTCTCGCTAACACTGATTGCATCACCAATCGATAGCTGGGGAAATTTCTCGCTCGGC
CGGGGGAATTTCTCTAGGGAAATTTTCGCTTGGCCTACGACGTGAAGTTGGTTGCGATTTCCTTTTTAATTCGTTGTTGGGAAGAAAAGGTGTGT
AAATTTCGTGAGCGTCACGAAATTCAATGAAAATAAAAGATAAACGAAATGCAAATCGAGCCATCGAGTGTGCCAAGTGTGGAGGACACAAGTGG
GCATCATTGACACCCGTAGGCATGAAGAAGTGCTCGGAATTACGGCTTAAACAAATCGAAATTCGCCAGCCACGTGGGCCTGCAGCTTGGTTATC
CCATATATACGAGTTTACAAAGAGACATTGATGTTATTATTGTGTTTTTGCCCTCGTTGCAGCCAATCTAAACCGCCAAGATGGGTAAGGGTAAC
AATATGATTCCGAATCAGCACTACCACAAGTGGTGGCAGCGGCATGTGAAGACCTGGTTCAACCAGCCGGCCCGCAAGGTCCGCAGGCATGCGAA
CCGCGTCAAGAAGGCTAAGGCCGTCTTCCCCCGCCCAGCCAGCGGTGCCCTGCGCCCTGTGGTTCGCTGCCCCACCATCCGCTACCACACCAAGC
TGCGTGCCGGCCGTGGTTTCACCCTGGAGGAGCTGAAGGTAAGTGAAGCCGAAAACATTATCGGAATCCATTGGCCACTAACAAAATCTCTGTTT
ACAGGGTGCCGGCATTGGCGCCAACTTCGCCAAGACCATCGGCATTGCCGTCGACAGGAGGCGCAAGAACAAATCCCTGGAGTCCCGCCAGCGTA
ACATCCAGCGCCTCAAGGAGTACCGCAGCAAGTTGATCCTGTTCCCCATCAACGAGAAGAAGATCCGCGCCGGCGAGTCCTCTCTGGAGGAGTGC
AAGCTGGCTACCCAGCTTAAGGGACCCGTCCTGCCCATCAAAAATGAGCAGCCCGCCGTGGTCGAGTTCCGTGAGGTGACCAAGGATGAGAAGAA
GTTCAAGGCCTTCGCCACGCTGCGCAAG
(SEQ ID NO: 655)

Exon: 3968..2481
Exon: 2389..2097
Exon: 2036..1649
Exon: 1588..1001
Start ATG: 3606 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT18313
CTATCGATTGGTGATGCAATCAGTGTTAGCGAGAATACTCAACAAATCGCATTTTTTACGACAGTCAGACGTATTGAAATTAAAAAGCGGTGACT
CTCATATTTGAGCAGTCTGTAAAAATAATCTCAAATAAATGAGAGTGCATTTGAAGCATTTAGCAACGTTTTATTGCCTTATCGATTGACGGCGT
GTCGCGTGGCAACTCTGAACTGTACTTCTGATACAGATAAAAAACTATTGACTATTGAACCGTCTATCTATAATCGAGAAATTGCGCGCTAATAC
ACGCATTGGGCACAGCAATCGTTGTCGAATCTAATTCAAAACAAACAAGAAGATCCCAATCCCCCACAGAAGACAAGATGAGCGAAGGGGTACCA
GCGTCGCCCGTGGCCATTGGCGAACTCAAGTACGAGGATGTGTCGCAGCTAAATTTTTCCAAACTGTACTCGCCCAAGATGAAAAGCGTATACTG
GCGCTACTTTGGATTCCCCTCGAACGACAATAATGAGGTGATTACCAAACAGAATGTGGTCTGCATTAAGTGTCACAAGGTGCTGACCAACCATG
GCAACACCACCAATTTGCGTGCGCATCTCCAGCACCGACACAAGGATCTGTTCAAGGAGCTGTGCCAGGAGCACGACATCCATGTGCCGCCGCGC
AAGACGCCGCGTAATGTATCCCATCCACCGCTGTCCAAGCGGAATGTTTCCTCGCGGCGGGTCAAACTGGAGTTCATTAATAACCGGAACCACGA
TAACGCTTCCGATGATGAACTGGACGAAGCAGCCGTGGCAACTGCGGCCATGCAGGCGGAGGAGGACGCCTCCTCGCAAACCATGCTGTACGAGA
CCATGGTGCCCTTCACCTACGACGAGGCCGAAAATCTGGTAGAGGAGGAGGAGCGCCTAGTTATGGAACCAAAGTACGGACGCAAACGCAAAGTG
GCCACTCCATCGAGTGCCCTGATGCACGGGCGTGTCATCAAGCACGAGGAAGGCGGCTATGCCGCCGTGGCGAACATCGCCAATCTGGCCGAAGC
CCTTACGGACATTGTGATTAAGGATTTGCGCAATGTGGATTCTCTGTACGATGCCGGTTTTGGTGAATTCCTGCGTCAAGTCCTAGGCAATTCGG
CAGCCATGCCCGAGCCACACAAGATCGACTCTTTGATCAATGAGATGCACGCCTCCAAGTTTCTGGAGATTGGCGAAATCACGCGCGATTTCACC
TCCGAGAAGCCCTTCTCTCTCGCCTTTGAGATGTGGGTGAATGTTGAACAGCGGCGCTTCCTTAGCATCTTCCATCACTTTCTGGACGAGGAGAC
GCACTCAGTTCGCGGTATGCTGTATGCCACCGTGGAGTACAACGACTACATCGTCTTTGACGATCTGCTGACCGACTTCTATTTGGCCAATTGCA
CACTGGCCATCATAAACTACGACGAGGAAGAGGACCTTTTGCACACCTATCTGCGAGAGAAAAATATACCCATTTCGCTGTGCTACGTTTCGGTA
ATTGACAAATGTTTGCGTCGTGTGTTTGAGATCGAAGAGGTGGCCACTTTATTGGAGCAGGTGAAGGACCTAATGCAGCGTCATTCAACGGAGAT
TGCCTCCAAGGTGTCCGAGGTGCCCATGCCCACGTACAACGAGCACTTCCCCTGGACACTGTACGAAACATTGAAGTTCTTTGCCGAGTCCATAT
CTTGGTCCGAGGACATGGATCACCTGGTTATATCAGCCAAGACGGTGACGGAGGCCCTGAGTGCTCTGGTGATTGCTTTGGACACGCTGCGTGGC

GAAGACATTCCCTTGTGTAGCATGCTTTCGCCAATCACTTCAAAGATTCTTATCAAGAAGTTGGGCATCGCCGAGCAGGACGATCCCCTAATGAT
GAATTTGAAGCGGACCATTTCCAGTGTCCTCCAGGCGCACGTTATATCCAATGACAATCTGACCGCTGCTGCATTGTTGGACCCACGCTTCCACC
GCCTGACCACCATTGACAACCTAGAGCGAACCGTTCGTATGCTGACCCATAAGTATAACATTAACTTTGGTGGAGTGGGCGAAGGGGAATCCAAC
GAAGTGGCAGCTACCTCCAGCGTGGTGGCCATTAAGTCAGAACCAAGAGTAGTGGACGGCAGTGCACCAAAGAAGTTGGGTCTGAAACTGCTGTT
TGACAGTAACGAGATACCAAATCCTCCGAAGCGAGATGCGGACAGCAGCGTGGAGTCCGATCTTAAGCGATATCGCAACGAGGTGGTCGTTCAGC
TGGATGAGTCGCCCATCGAGTGGTGGCTCAAGATGGGACACATTTATGGAACGCTCCGCGATTTGGCCAGCCTGTACCATAGTGTGCCCGGCGTG
GTGACGCTCAGCTTCAAGAAGGCGCTGAGAGACCAAATATACGACTTCAACAAGCGATTCATGCTCACCGGTAGTCACATCGACGCCATCCTCTT
TCTTCATCATCACAACAATTAGTCTGCACTGGCGACTACTGTTTCTTATAATGCAAATACTTTTTAATTACTTTTAACGTAATCCGATCTTGTGT
ATATGAAAATGACTACCAGGGGCGAGGCAAATAGTAATAGCGATTCCGCAGTACTTTTAACCAAAAGACAGCCTTGGGACGTACACGGAACATCT
TAAGTTATCGACGTATAAATGTTAAGGGAACATTTTGACATCATATATTCAAATCAAACAGATAATCTAAGAATATTTGTTTAATAAATCCATAA
CG
(SEQ ID NO: 656)

Start ATG: 363 (Reverse strand: CAT)

MSEGVPASPVAIGELKYEDVSQLNFSKLYSPKMKSVYWRYFGFPSNDNNEVITKQNVVCIKCHKVLTNHGNTTNLRAHLQHRHKDLFKELCQEHD
IHVPPRKTPRNVSHPPLSKRNVSSRRVKLEFINNRNHDNASDDELDEAAVATAAMQAEEDASSQTMLYETMVPFTYDEAENLVEEEERLVMEPKY
GRKRKVATPSSALMHGRVIKHEEGGYAAVANIANLAEALTDIVIKDLRNVDSLYDAGFGEFLRQVLGNSAAMPEPHKIDSLINEMHASKFLEIGE
ITRDFTSEKPFSLAFEMWVNVEQRRFLSIFHHFLDEETHSVRGMLYATVEYNDYIVFDDLLTDFYLANCTLAIINYDEEEDLLHTYLREKNIPIS
LCYVSVIDKCLRRVFEIEEVATLLEQVKDLMQRHSTEIASKVSEVPMPTYNEHFPWTLYETLKFFAESISWSEDMDHLVISAKTVTEALSALVIA
LDTLRGEDIPLCSMLSPITSKILIKKLGIAEQDDPLMMNLKRTISSVLQAHVISNDNLTAAALLDPRFHRLTTIDNLERTVRMLTHKYNINFGGV
GEGESNEVAATSSVVAIKSEPRVVDGSAPKKLGLKLLFDSNEIPNPPKRDADSSVESDLKRYRNEVVVQLDESPIEWWLKMGHIYGTLRDLASLY
HSVPGVVTLSFKKALRDQIYDFNKRFMLTGSHIDAILFLHHHNN*
(SEQ ID NO: 657)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: Dref
FlyBase ID: FBgn0015664

Celera Sequence No. : 142000013384668
GCGGGAGATGATGCCGGTATCGAAAAGTTTAATCGCCGATTGGTCCGGGTAACGAAGGAGCACGCCAAAGAGGCCAAGGAACTGCTCACACTAAT
GGGTGTGCCCTATGTTGATGCACCGTGCGAAGCGGAGGCCCAGTGTGCCGCTCTGGTGAAAGCTGGAAAGGTTTATGCCACCGCCACGGAGGATA
TGGATGCCCTCACATTCGGATCTACAAAACTGTTGAGATACCTTACCTACAGCGAGGCACGAAAGATGCCCGTCAAGGAGTTCAGCTACGACAAG
CTGTTGGAAGGTCTGGCCATTAACAATCGAGAGTTCATTGATCTATGTATTCTGCTGGGTTGCGATTACTGTGAGAGCATCAAGGGTATTGGACC
CAAGCGAGCGATCGAACTGATCAACACCTATCGGGATATAGAGACTATTCTGGATAACCTGGACTCTAGCAAATACACCGTGCCCGAGAACTGGA
ACTACAAGGTGGCGCGGGAACTCTTCATCGAACCGGAGGTAGCTGATGCCGACTCCATAGATCTCAAATGGGTCGAGCCGGATGAGGAGGGCCTT
GTCAAGTTTCTCTGCGGCGACCGGCAGTTCAACGAAGAGCGCGTTCGCAACGGTGCCAAAAAGCTGATGAAATCCAAGCAGGCCCAGACTCAGGT
GAGACTCGATAGCTTCTTTAAGACACTGCCCAGCACTCCGAATGCCACAAACGCTGCAAAACGGAAGGCCGAGGAAGCAAAGAAGAGCGCCAATA
ACAAAAAGGCCAAGACCAGCGGCGGTGGACGAGGCCGGCGACCCAAGTAGTTCATTCGTGTGTTATCTGGAAAAACGTACAATTCTTTAATCTTA
ACTTAACCGTAAAGCCTATGCATACAATATAAACTACATCTTTGAGCTTAATGCTAGTTGGTCTGCTTGTGGGTGCGGGTGAGGTTGGGATGTTG
GATTATGGATATTGGATTTTGAATTAGAGTTTGGACTGTGGGGGCTGCGACTACAGCAAATACTGCTTGGCCAGGGCACGCAGAAATCTCGATTT
CCGCACCATGGCAGATTCTCGTTTGATCTCCTCATTGTTGTTTGCATTCAGCTCCAGAGTGCCCATCATAGAAATCTGTTTTTTAAAAATGTTAT
AAAGATAAATGATTACCCGCAAATGAGCACAGAGTAATAGATTCCTACCGCTTCAAGTTTCCGACTGTGTTCGCCTCGCTTAGCGTGCAGATTGA
CGATGAACTCCAGCAGAGTTGTATCCCAGATGCAGCTGTAATATGCATCCATGGCATCGGTGAAATTCGACGATTTCTCGCTGAGATTCTTGAAC
ACAATGCCGTAGTCGATCTCATCAAGGAACTGACACAGAACGGTGGCCTGCATGTGACAGCCCAGATTGGCGGCACATCGAATCATCTTGCGGAT
CACGTAGTCGTCGGCCACATTTCTCTGCAGCGGCATGGTGCAGTAGTCGGTGCCAGTAACCAGCGCATTTACATAGCAACGCATTGCGGACTCAT
TATTGCCGATGGCTAGATCTAGATCGCCTTTCATCTTCAGCCATGAAATGGTTTGCGGATAGTAGGACAAAGCCTCGGAAAGAAGCCATTGCAGG
GTCTCGCAAACGCTCCTCAAACTGTAGCTGACAGGGCTGAAATGAGGATTAAAAGTTATTATTTAAAAAAAAACTATATTACTGTCTGTCTACTC
ACTTGTTAATGCTGGTAGGCCACAGCTGCATGTACTCGCAGCTTAAATCATGATTGGGGTCATCCTTAAGTATGTTGTGGACTTTGCCTATCATG
GAGATGGCGAGTCCGAAAACGCTTTGGTGGCGGATTCGCTGTAGGAAGGCCTGCAGGGAACTGATACCGCCAACTCCTGAGGAGCCACGCTTCGG
AACGTTAAGGAACATGCTTAGCATCAGTTCCCAGGCATCGCGACATACCTTCTTGGGGCCCTTCATCTTCTCCATCTCGATGAAGGTGGCGGCGA
AGGCCAGGGGTAGTTCCAGGGGACCCGCCCGTTTATCCAGGTAAAGGAGAGGTGGAAATTCTGTGAGGTTAAGTAGCATGATAGCGCAACTCTCT
AGGATATCCGGACGTGGGACGATTGAATCTCCTGCCTGCAGGGCTCCCAAACATTGCTTGCATCTTCCTCCCAAGGATTGCAGATCGAGTGGCTT
CTGGTGCCACTCCTCCAGGCACTGTGTTATCTGAATGTGCAGGATTTCCCAGGTGATCAGCTTACACATCAGCTGCACATTGGCCGCCATCTCCT
GGCGCTGATTTTCCGACTTCAGTACACTCAGCATTGAAACGGCATCGATGTAGTTGCCCCTTGTGGCCAATTCTCGCGCCTTGCCGAGCAGAACA
TAGCTGAAGTCTTGCAAAAAGCTAACCGGCATGGCCATAATAAGAGTTTTCAGGGGCTGTGGTACGTCCCAACTGGGATTAATGGCCCACAGAGG
TTTTCCAGGAGCAGTTGCGCATAATTTCACTAGCAATATCCTCACTGTGTTGGCATTGGTGCAGCTTATCAGTTGTCGCTCCAGAGCGCCCACGT
CAACCCTGCTCACTAGAAGGGGTAAGTTAAAATATAATAAATGAATTTTGTTACAGGAATGGAGATGCATCTCTTACTCTTGGAGTGACACATCC
AGTCGGAAAGCGAGGCCAACGAGTTGGTGGGCACCGGCGGCGTCGCCTGCAGCATCTGTTCGTCAATATCCTGGAGTTCATCTGACGAGAACAGT
CCAAATCCTCGCACCGTTTGTAGCAACTGTCGTGACTGCCCACCCTGATGAAGCAAACAGTCGATGAGGAAGTGCTTGAGTGCCGCCTGTTCTTT
GAAAGTACAGTGGGGAAGCATTTCCTGCAAAGCCTCCACCAGCGGTGGCAGGCAGTCCAGTTCCCGGTACTTCTCAAAGTACTCAACGCTGCCAA
AGATGCTGCCCCACTCAAAGATGTTTCGCACCACATTCAATGCAGCCACCTGCAATTGCAGCTGAACTGTCTCCTTGAGTATGCCCGTGGAGATG
GAACCCTCAATGTCCAGTTCCACTTGCCGCCGGCTTATAAAGGGGATTTCTCGCCTTCTGTTGTCCATTCGCAGAATTGATACAATGTCTGTGTA
GTTGTTAAGTAGCGATTGCTGGAACTTCTCCAGCAGTGACTGCTCCTCGGCGCTAATTCCACAGGCCTGCAGTAGACCTTCCAGTTCTGACGGTC
GTATGTGGCAGTAATATAGAGTTGTCTGTGGCGGGATTGCCTGCAGATTAGTATTACACGCGGCGGCCGCTTCCCGGGCCAAAACATACTGTTTG
GTGTACAGGTAATATTGGGCGAGCTCGTAGTGCAGTTGGGCTCTCAATTCCTGGGGTGTTATTAGGTGCATAACATCGTAGTTTTGGCCATTGCC
GATATCATCACATCGCAGCGGAACAAAGCTGTCGTAGTGAAATATGTAGAAAGGTTTTGTCGAGGCGCAGAGTTGTTGCAAATACTCGATGGATG
GTTGAGTCGGTGTGTCCAGAAACTGCTGGAGCTGGTCCACAGTTTGGTACCTATAATTAAGCCTTATTTGAGCATTAGAGTATGGATAACTTAAC
CACATCTTACATTGTGTTTTGAGGACGTGGCGCTTTTAACGCCTGCTCCTTTATCAGTTGCATTCGCAGCAGCATGCGGTGGTATATGGTCAAGG
CGAATCTTGCTGCTCTTTCGTTTCCAGCAGCGGCTGAAAGGATTCACAGAGGATATAGAGAAGTATATGTGGAGGCTAGGAATTAACATACAAAT

TCTCGCGTCAAAATCATTGGGCAGGGGAATACTTAAGGAGCAGCCGTAGCTTATGGTGCACAGATCGCGCAGCAAGGCCAGCTGCATAATCACAG
GCAGGTTCTTCTCCAATGCATCCAGATCCCACTTCAGCCAAGTGGCTACCTTCAGCTCGAGGATTTTCAGTGCCAACTGCTTGCGGTTCAATTGC
AGGCCCTTCTCCGCGGGCCTTTGTGGGCTATGGGGCATGCCCACTCCGCCGGAGGCAGTGGGCGTTGTCGGCGCAGGGGCACCACCAACCACGCC
GGGAATGGGTCCCGAATTCGATGGCGTCTGGTTTAGATTCTGCAAATCACTGCCAGGCGTCCCCACTGACTCCTGCGCCGTGTTCGGCGTCATGC
TGATGAACTGCACGATCAGCTCCATGGCGCTGGGCTCTATAAATGGTGGGCATGGATTGTAATCTCAATTTGTCGGCCGGATTCCACAAGTGAGT
CGAACATACCGGGATGCGGGCGCTGCAGATGCTGCGTAATCTTGTGCGGATCGAGCAGGAACTCGAACCACAGTACCGTTTCGGCAGCCAGTGGA
ACTGGCTTGGGCTTAAGAGGATCGTCCATGCTAATCCCTGCCAAAATTCACCAATCAAAACAAAAATTAAAGAATGGCGAAGGGAGACCAGCTGG
CTGTGGCTATACAATCGATGTATCTATCGATGGGCGATAGATTCTGTCCGCTTTTGATTTCGATAAATTTGCCAAATAATTTGATTTGTGTTATC
GATACATCCCTGCCAACTCGTTTTATGGACAATTGAAAGTTGGTTTTTGAAGATGCTGTTAAATTGAAATATTTAAATCTTTTTTTAAATAGACC
AGTAGCAGAATGTACTGTTATCTTCTTGAGATTCTTGTTGGCAATTAAAGTTCTCCTTATTCGTTTGGGACACAAAGAAGTATTTCCGCTTTTCT
AAAAAACAATTTTCCTCTTTTTGTTTAGGCATAATTTTACTGTTAATAATAATTATTTAGTTATCCATTTATATATGGGCAATTAACAGCCTTTA
CCTAAAATTTTACAATAATAAATACCCCTTAACCCAAATGAAGATTTCGAAATCCAGCTGTAATAATAAAATATAATACCGAATTTAATGTAGGT
CTAAAGTTTATGAAATAGTTTTTACTTCTTTCATTTTAGTTTATATGTTTGTTTTTATTTTATCCATACTTCATTAGTACCATAAAATGTTTAAC
TCCATCTCCTTTGCACATTGATCGGAAAAACACAAACAAAAACGACCAAAAGGGGAGTACCTAATCATTTCAATATGCCTAAGACTATTTTATTG
TTGTTCATTAAAAATGTAAAATAGCCTCAAAAACTTTTTGGTTAATTTATGCAAATATTCTGTTTGTTGTATATCGAGTCAGGTGCTCTAGAGTT
GGGTTATCTCTCTCTTTCAGTTTGATTTCGATGCAGACACTGAAAGAAATCTATTACAAAATTGTATAGTTTATAGTTGATGTTTTGCGGAATGT
TCATGGGTATTTTTTTCCACTGTAAGTTCCTCTAAGTTTATTGTACACCCTTTTTTTAGATGGTGATCTTTATGAGCATTTCTCGACTCCATAAT
CTGAATCTTAAATAAAATATTTAACGTTCAATCAGGTGATTTTATGCAAATTACAC
(SEQ ID NO: 658)

Exon: 4471..4285
Exon: 4216..3797
Exon: 3738..3621
Exon: 3565..2643
Exon: 2577..1713
Exon: 1651..1189
Exon: 1120..1001
Start ATG: 4399 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT18357
CCACAGCCAGCTGGTCTCCCTTCGCCATTCTTTAATTTTTGTTTTGATTGGTGAATTTTGGCAGGGATTAGCATGGACGATCCTCTTAAGCCCAA
GCCAGTTCCACTGGCTGCCGAAACGGTACTGTGGTTCGAGTTCCTGCTCGATCCGCACAAGATTACGCAGCATCTGCAGCGCCCGCATCCCGAGC
CCAGCGCCATGGAGCTGATCGTGCAGTTCATCAGCATGACGCCGAACACGGCGCAGGAGTCAGTGGGGACGCCTGGCAGTGATTTGCAGAATCTA
AACCAGACGCCATCGAATTCGGGACCCATTCCCGGCGTGGTTGGTGGTGCCCCTGCGCCGACAACGCCCACTGCCTCCGGCGGAGTGGGCATGCC
CCATAGCCCACAAAGGCCCGCGGAGAAGGGCCTGCAATTGAACCGCAAGCAGTTGGCACTGAAAATCCTCGAGCTGAAGGTAGCCACTTGGCTGA
AGTGGGATCTGGATGCATTGGAGAAGAACCTGCCTGTGATTATGCAGCTGGCCTTGCTGCGCGATCTGTGCACCATAAGCTACGGCTGCTCCTTA
AGTATTCCCCTGCCCAATGATTTTGACGCGAGAATTTCCGCTGCTGGAAACGAAAGAGCAGCAAGATTCGCCTTGACCATATACCACCGCATGCT
GCTGCGAATGCAACTGATAAAGGAGCAGGCGTTAAAAGCGCCACGTCCTCAAAACACAATGTACCAAACTGTGGACCAGCTCCAGCAGTTTCTGG
ACACACCGACTCAACCATCCATCGAGTATTTGCAACAACTCTGCGCCTCGACAAAACCTTTCTACATATTTCACTACGACAGCTTTGTTCCGCTG
CGATGTGATGATATCGGCAATGGCCAAAACTACGATGTTATGCACCTAATAACACCCCAGGAATTGAGAGCCCAACTGCACTACGAGCTCGCCCA
ATATTACCTGTACACCAAACAGTATGTTTTGGCCCGGGAAGCGGCCGCCGCGTGTAATACTAATCTGCAGGCAATCCCGCCACAGACAACTCTAT
ATTACTGCCACATACGACCGTCAGAACTGGAAGGTCTACTGCAGGCCTGTGGAATTAGCGCCGAGGAGCAGTCACTGCTGGAGAAGTTCCAGCAA
TCGCTACTTAACAACTACACAGACATTGTATCAATTCTGCGAATGGACAACAGAAGGCGAGAAATCCCCTTTATAAGCCGGCGGCAAGTGGAACT
GGACATTGAGGGTTCCATCTCCACGGGCATACTCAAGGAGACAGTTCAGCTGCAATTGCAGGTGGCTGCATTGAATGTGGTGCGAAACATCTTTG
AGTGGGGCAGCATCTTTGGCAGCGTTGAGTACTTTGAGAAGTACCGGGAACTGGACTGCCTGCCACCGCTGGTGGAGGCTTTGCAGGAAATGCTT
CCCCACTGTACTTTCAAAGAACAGGCGGCACTCAAGCACTTCCTCATCGACTGTTTGCTTCATCAGGGTGGGCAGTCACGACAGTTGCTACAAAC
GGTGCGAGGATTTGGACTGTTCTCGTCAGATGAACTCCAGGATATTGACGAACAGATGCTGCAGGCGACGCCGCCGGTGCCCACCAACTCGTTGG
CCTCGCTTTCCGACTGGATGTGTCACTCCAAGATGAGCAGGGTTGACGTGGGCGCTCTGGAGCGACAACTGATAAGCTGCACCAATGCCAACACA
GTGAGGATATTGCTAGTGAAATTATGCGCAACTGCTCCTGGAAAACCTCTGTGGGCCATTAATCCCAGTTGGGACGTACCACAGCCCCTGAAAAC
TCTTATTATGGCCATGCCGGTTAGCTTTTTGCAAGACTTCAGCTATGTTCTGCTCGGCAAGGCGCGAGAATTGGCCACAAGGGGCAACTACATCG
ATGCCGTTTCAATGCTGAGTGTACTGAAGTCGGAAAATCAGCGCCAGGAGATGGCGGCCAATGTGCAGCTGATGTGTAAGCTGATCACCTGGGAA
ATCCTGCACATTCAGATAACACAGTGCCTGGAGGAGTGGCACCAGAAGCCACTCGATCTGCAATCCTTGGGAGGAAGATGCAAGCAATGTTTGGG
AGCCCTGCAGGCAGGAGATTCAATCGTCCCACGTCCGGATATCCTAGAGAGTTGCGCTATCATGCTACTTAACCTCACAGAATTTCCACCTCTCC
TTTACCTGGATAAACGGGCGGGTCCCCTGGAACTACCCCTGGCCTTCGCCGCCACCTTCATCGAGATGGAGAAGATGAAGGGCCCCAAGAAGGTA
TGTCGCGATGCCTGGGAACTGATGCTAAGCATGTTCCTTAACGTTCCGAAGCGTGGCTCCTCAGGAGTTGGCGGTATCAGTTCCCTGCAGGCCTT
CCTACAGCGAATCCGCCACCAAAGCGTTTTCGGACTCGCCATCTCCATGATAGGCAAAGTCCACAACATACTTAAGGATGACCCCAATCATGATT
TAAGCTGCGAGTACATGCAGCTGTGGCCTACCAGCATTAACAACCCTGTCAGCTACAGTTTGAGGAGCGTTTGCGAGACCCTGCAATGGCTTCTT
TCCGAGGCTTTGTCCTACTATCCGCAAACCATTTCATGGCTGAAGATGAAAGGCGATCTAGATCTAGCCATCGGCAATAATGAGTCCGCAATGCG
TTGCTATGTAAATGCGCTGGTTACTGGCACCGACTACTGCACCATGCCGCTGCAGAGAAATGTGGCCGACGACTACGTGATCCGCAAGATGATTC
GATGTGCCGCCAATCTGGGCTGTCACATGCAGGCCACCGTTCTGTGTCAGTTCCTTGATGAGATCGACTACGGCATTGTGTTCAAGAATCTCAGC
GAGAAATCGTCGAATTTCACCGATGCCATGGATGCATATTACAGCTGCATCTGGGATACAACTCTGCTGGAGTTCATCGTCAATCTGCACGCTAA
GCGAGGCGAACACAGTCGGAAACTTGAAGCGATTTCTATGATGGGCACTCTGGAGCTGAATGCAAACAACAATGAGGAGATCAAACGAGAATCTG
CCATGGTGCGGAAATCGAGATTTCTGCGTGCCCTGGCCAAGCAGTATTTGCTGTAG
(SEQ ID NO: 659)

Start ATG: 73 (Reverse strand: CAT)

MDDPLKPKPVPLAAETVLWFEFLLDPHKITQHLQRPHPEPSAMELIVQFISMTPNTAQESVGTPGSDLQNLNQTPSNSGPIPGVVGGAPAPTTPT
ASGGVGMPHSPQRPAEKGLQLNRKQLALKILELKVATWLKWDLDALEKNLPVIMQLALLRDLCTISYGCSLSIPLPNDFDARISAAGNERAARFA
LTIYHRMLLRMQLIKEQALKAPRPQNTMYQTVDQLQQFLDTPTQPSIEYLQQLCASTKPFYIFHYDSFVPLRCDDIGNGQNYDVMHLITPQELRA
QLHYELAQYYLYTKQYVLAREAAAACNTNLQAIPPQTTLYYCHIRPSELEGLLQACGISAEEQSLLEKFQQSLLNNYTDIVSILRMDNRRREIPF

ISRRQVELDIEGSISTGILKETVQLQLQVAALNVVRNIFEWGSIFGSVEYFEKYRELDCLPPLVEALQEMLPHCTFKEQAALKHFLIDCLLHQGG
QSRQLLQTVRGFGLFSSDELQDIDEQMLQATPPVPTNSLASLSDWMCHSKMSRVDVGALERQLISCTNANTVRILLVKLCATAPGKPLWAINPSW
DVPQPLKTLIMAMPVSFLQDFSYVLLGKARELATRGNYIDAVSMLSVLKSENQRQEMAANVQLMCKLITWEILHIQITQCLEEWHQKPLDLQSLG
GRCKQCLGALQAGDSIVPRPDILESCAIMLLNLTEFPPLLYLDKRAGPLELPLAFAATFIEMEKMKGPKKVCRDAWELMLSMFLNVPKRGSSGVG
GISSLQAFLQRIRHQSVFGLAISMIGKVHNILKDDPNHDLSCEYMQLWPTSINNPVSYSLRSVCETLQWLLSEALSYYPQTISWLKMKGDLDLAI
GNNESAMRCYVNALVTGTDYCTMPLQRNVADDYVIRKMIRCAANLGCHMQATVLCQFLDEIDYGIVFKNLSEKSSNFTDAMDAYYSCIWDTTLLE
FIVNLHAKRGEHSRKLEAISMMGTLELNANNNEEIKRESAMVRKSRFLRALAKQYLL*
(SEQ ID NO: 660)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: EG:EG0003.5
FlyBase ID: FBgn0025830

Celera Sequence No. : 142000013384556
CACTTATTGTGAATTTTGTTTAAATGCCTTGGCCTCTTCGCACTTTGCTTTCCTGCCTTTTGTTGTTCTGCTCTATCTTCTTGCTTTTTCACTTT
TCGTGCTCCTCACACGCGTGACTCTGCGGTCGCATTAGGTGGAGCTGCATTTCCCTCGCGGAAACTGCGTCGGTTGTCCTGTGGCGGCCTGCAGA
GGCAGTGCGTCAAAGCGGAGGCTGACCACTCGAATGTCGGGCGACTCGGATTGCAAACTTTTCCATTAAACTCGCGCAGCACTCATCCGCCCTTC
GCGTTGCGATGCGATTTCCGTCGACAGCGGAGCGTCCGTGCGTTCGCAGCAAAGTTTTTTTTTCGATTAATGTGACCAGTCGGCGGGGTCTGCGA
TTAGTACTGCCAAGAGTATGGCGCTCTTCGGTTCGGGGGAAAATGCTGAGGACGTGTAAAAACTATCCTACACCGTTCACACTAGCAATGCGATA
TTGTTGTACTGTTGGATTTTCAATGTTTGACATAAGCTTATAGCTAATTGTATATCTTATCACTAAAGTTGGTAAACTGTCGAATTCGAACTATT
AACATTCGTATTTGCCAAAATCAGCTTAGTATAAACACATTGAATAATTTTAATCAATAATTAATTAATGATAATAATAATAATAATAAATTAAT
AATAATAATAATAAAATAATAATATTAACAATGATAATAATTAATTATTACATAATATATAATGTTGTATTTCACATAGCTTAATGAATAAATTA
GAATGGGTACAAACATTTACGGCTTGAAACGCTTTAAATTTACTCAAAGTTCGAAAGTGAACTAAACTTTAGGCTAACAGGTTCGCTTCCCCACT
GCTTGTCCGTTCGAAAAGGTTCGAGTGCGCACTGTCCGCCAGTGGAGTACCGCACCCTGCATTCGCCTCGCACATCTGTCATTTTTTAGTGCCAT
TCAAGTTTCGCTGGCGCTTTCGCGTCGCTTGGTCACTAGTGTCGTTTTCGTAAGTTGTTGGGGTGGGTTAAAATCCGCGCGCAGAGCTATAATTT
TATTCCTGGAAAATCGTCGTTGTCGCTGACCGCGTCGCATTGCAAAGTTACCGTACGCCACCGAAAGTATTAGCCCTTTGTAGCCGGACAACTGT
CAAACGGATTTGACTGACACAAGAGCAGTGATATTAGCAGCGCAACGGAAAGCAATTATACGACATAAAAATGTTCTCACGACCCAGGTAAGCTT
TTCTTTTTCGTTTGGTTTTTTATGCAAGGACTCGCCTCGAAGGATTTGTGTGCGCGTGGGTGTGTGTGTGCCTCGGGCGCAAATTATGTAAGATT
TCACGATGCGGGAGGAGCAACTGCCCCAGCTGGTAGCCCAGTGACCTAGTCACTCGGATCAGACGAGCGGCCGCCAAGGCGTCCGTGTATATATA
CAATATATTCACATAGTATATCATCCCATTTCCCCTTCTCTTTTCCTCCTCCTTTTGCTGCGCAGCTTTCGTTTTCACTGGGAAGCGCTATGTGC
GAGCGAGAGGGATTCCGATTGGGAATCGCACATGGCCTGGCATTGACCCTTCGGCTTCCCTCCCTTTCTCGCACTTGCTGGTCCCGTTCGGTGAA
CAGCTGTTTTCAGAATTTTCACTTTTCCCTTGCAATTGCATAAGCGTTTTCGAACATGCATGTCTTCGTTTTTTGGCTGCCAAACAAGAAACAGC
TGAAAAAATCAATGGGCTGCAGAGAGAGAAACGGGGTGCTACGTATCATAAGTATATGTGCTTTAATTTTGCTTTTCTTCGGTGGAGGAATATCG
CCGCACATAATTCGTATGAATTTTCTATGATTCACAGTTGGATAGGAAGTACAAATACGAATGTATTCCATTGTTTAGTAGTATTCTAAGAAAAA
AAAAGGAATGGAAAGTTTATCATCATACTTTTACAATCGAAAACATTTTGTTTCCTGTGTAGCGAAAACACAACACCTTCAATACCATGGACATG
GACATATATTCGAAAGATGGTCTGGCGGAATTCTAAATTTAGTGCATATACCGAAAAAATGTGTGCTTTGTTTCGCCGCTGTCAGCGTTTTTCGT
TGCCAAGTTCATCAAGAATGTTTTCAGCTGGTCTGCTATCTTGCCTCTCGTTCCCACGCAAACCGTTAGCCAGAAATTTGGCTAACAAAAAATGG
AAAGACGTAAAGAGTTTAATGAACTTGCCCAGCTTTTTCCTTCAGACTCCAGTTCTTAGGGCTTTTAAGACCCTAAAAATAATTATTGGTAGCAC
TCGGAGTATGGGGGTATCATTTACGACACGCACTTATTCCGTGTATTTGGCTCAGATATGCGAAATTGTTTAGCACTCGACGTGGTGGGGGCTCA
TGTGAGTGCCATTCAAATAAATGGAAAAAATTGACGAGTGATAGCGTTACCTAAACGATAATTATCAACCCAAAGTGCTCGCCTTTTGTCGGTGC
AAGGGATCTCGGGGTTTCCAGCCCGGCGCACGTCACTAACCGGTTTCAACTTGACCAAAATCCAGCAACGACACCGATACCGACCCTCTGCCAAT
CCCAATTCCACTCCCCGCGAGCATGATTCCATCAATGAACCGCAAACACAAATTAGTCACACGCCTCTGTCCCGCGATATTTGCCTCTCTCGTAA
TTAGCACCATCTATTCGAACTGCCAGCTAGCAAAAACCAAACAGCAGGGGTCAAAATTATAGGGTATCTTATAATATATGATCTTCGCTTGGCAC
TTCGATTACAGTAAGAGTGTTGCATAATCAGAACCTGTTTTTAATTAACTGATCTAGTCCGTTGGGGTCCATAATATTGTATATTTTTGTAAGCC
CTTCACTACGAGTTGTTAGTTTTGCAATCTTATCTGGGGGTATTTACGCTTCAAGAACAGAAAAACATTTTCAAGTTCAATGATCCAATTGGTTT
TGTAATTCATTAAATTGATACGATCACAAGTAAGTGCACAGAAAATTACCTACTTTAGTTGTCCCTAGAGAATAAATAATAATGCACTTCAATCC
AAGCTGTAGAACTGAACTTGTAGTTTTTAAATATTTTTTATTCTAAAGAATTTAGATAAGTTATTTATAAGAATTTATTACAAGTTATTAAGATT
CTGAGGATTAGATGCTAGATTTATGACCGCGGCTGTGCATAGATTTTTATCGTGATGTTGCCAGGCCATCCATCCCCCTTATCGCTGGCGCTTTG
GATTCCGGGGGACAGCTGTAAACAATGCGGCTTAGTTTCCTTCTTTTCTGCTTTTCATTTTATATTTTGGCGTGCCCAGCGCGGTGATAAACAAA
AAGCAGCTGATGTCGACCTTGGGCATGGCGTTTTTATTCCATAAATATATGCATATGTGTGTGTTTGTGGGTGGACAGAGGGGGCCCCCCCATTG
CCAGTGGCAATGTCAAGAATGACAGTGGGCCCACCTCAAAGTCAAGGGTTCCCAGGGGGTTCTCCAATTGCCGCGCTGATAAAGTGATTCACGTA
ATGCACTTTTGCAATTTGCAGCTTATGTGGAACTGTGGGCAAATTGTGTCGATGCGGCACTTCAGCAACAGGAAAGACTGCTGTGGCAGCAGCAA
CAGTTCCCACCGCTCGACACTATCATGAGGTGGTGGGCGATATCATCTGCCCGTCTCAGGTGCGCGGCATAGATCACATCCGTGATCCGCGACTC
AACAAGGTAAGGAGCACTAAATTAATTGTGTGACACTTTTGTTTTGTATAAACAAATGCTTTTGTTTCTAGGGCCTTGCCTTTACACTGGAGGAG
CGCCAGACTCTGGGCATCCATGGGCTGCAGCCAGCGCGCTTCAAGACGCAAGAGGAGCAGCTGCAGCTATGCAAGATCGCCGTAAACCGCTACAC
GGAGCCGCTGAACAAGTATCTCTATCTGAGCGATCTGTACGATCGCAATGAGCGTCTGTTCTTCCGCTTCCTATCGGAGAACATCGAGGATCTGA
TGCCCATTGTGTACACGCCGACGGTGGGCTTGGCCTGCCAGCGCTTTGGCCTGATCTACCGACGTCCTCATGGTCTGTTCATCACCTACAACGAT
CGAGGACACATCTTTGATGTGATGAAGAACTGGCCGGAGCCGAATGTGCGTGCCATCTGTGTGACGGATGGTGAGCGCATCCTGGGACTGGGAGA
TTTGGGCGCCTGCGGCATGGGCATTCCCGTGGGCAAGCTGGCCTTGTACACGGCTCTGGCCGGAATCAAGCCCCATCAGTGCCTGCCCATTGTGG
TGGATGTGGGCACCAACAACATCGATCTGCTGGAGGATCCCCTGTACGTGGGTCTGCGTCAGAAGCGAGTGGTTGGTCGGGAGTACGACGAGTTC
ATTGACGAGTTTATGGAGGCCGTGGTGCAGCGCTATGGCCAGAACACTCTGATCCAGTTTGAGGACTTTGGCAACCACAATGCATTTAGGTTCCT
GGACAAATACCGCAACACCTATTGCACTTTCAACGACGACATCCAGGGAACCGCCTCCGTGGCCGTTGCTGGGCTCTATGCCTCCAAGCGTATTA
CGGGTAAGTCCTTCAAGGACTACACCTTCCTGTTTGCAGGAGCCGGTGAGGCCGCCATCGGCATCGCCGATCTCACGGTCAAGGCCATGGTGCAG
GATGGTGTGCCCATCGAGGAGGCCTACAACAGAATTTACATGGTCGATATCGATGGTCTGCTGACCAAGAGCCGCAAGGTGGGCAACTTGGATGG
CCACAAAATCCACTACGCCAAGGACATCAATCCGATGTCAGATCTCGCCGAGATTGTCTCCACCATCAAACCCAGTGTATGTTATAACAATTGTT
ATTTCTGATGGAACTTTTGGTAATCCTAAACTAATCAACAGGTGCTTATTGGTGCCTCGGCTGCTGCCGGCATTTTCACACCGGAAATCCTGCGC
ACCATGGCGGATAACAATGAGAGGCCCGTGGTGTTCGCCTTGTCCAATCCCACCAGCAAGGCAGAATGCACTGCCGAAGATGCTTACAAGCACAC
GGATGTAAGTTATTTTCATTGGATATTGTAATGACCAACTAATGAGATGATTGAAATGCACAGGCTCGCGTGATCTTCTCGTCGGGCTCTCCCTT
CCCACCGGTCCAGATCGGTGACAAGACCTTCTACCCGGGCCAGGGCAACAATGCCTACATCTTCCCAGGCGTTGGCTTGGGCGTGATCTGCACGG
GTACTCACCACATACCCGACGAAATGTTCCTCATCGCCGCCCAGGAGTTGGCCAACTTCGTGGAGCCCAGCGATATTGAGCGCGGATCGCTGTAT

CCTCCGCTGTCGAGCATCCGCAACGTGTCCATGAACATTGCCGTTGGCGTGACCAAATGTGCCTACGATAGAGGTAAGATACCAATAGCATACCA
ATCTTGGTGGAACAGAAAATATAACTAATTTGGATTATTTTTGTAGGCTTGGCATCTACCTACCCTGAGCCACAGGACAAGCGCAAGTGGCTGGA
GAATCAGCTGTACAACTTCAACTACGAGAGCTCGATGCCCGCTTCCTGGGTTTGGCCGCGGATGCCCTACATTAAGACTCGTGATTTAGTCCCCA
CAAAGCTCTATGGAAAACAAAGTGAAAATTAATTTCTTTCTTTATTTTATTCTAGGCGAAGAAAGCCCGCTCATTGCCGCCATCAAATAAAATAG
CATTAATGCGTTCAACTGGTTGATGGCACCGTTCTGTTTTGCATCTAACACACTCTACTACTTCCAAGCGTACACCATCAGCACCAAGCAACAAA
ACAACCAACCGACTACTAACTACCCTAGACTAGATAAATTTCCAGTGCTCACTCTTTTTAAATGTTTGTTAATCGATCCGTTGGCATCGACAGTC
AAACTCAGTCGCAACTAAAAAATGATTAAAATGTTTTTGATATTAAATAATTAGAACACCTAACAAGCTGCGAGGTCAAGGGATCGGTTCTTAAA
TGTATTTTCAAATTGTTTAATAGTATTATGTATGTATGCCATGTTTTTATATATGTAAAAATTATCATGTTATTAATTTTGTGATACCGAAACGT
ACGATACTAAATGACGACATTGACATGACGACTGTGACGGTGACTACGCCTTCGAAAAAGCAATTACGCAGTATTCTATTCTATCCTATCACTAT
CCTATCTGTATTTAATCTATGCTATGTTTATGGTTTGCTGTAACTTAAACACCCGATTGGCTTCGCAATTCCATTCCTCGCCGCTTGCCATAGCT
ATCCCGCATTATAAGTGTACCCCAGCTTCCGATATGATCTGCTGTGTCTACTACTACTACTAACTCTGACGGCGGCATCAAGCGAGCTCTGAAGC
TATACTTATTTATCAAATTCACGCTTAATCACAATCCACCCGAAATTCGACAATTGATTGATTTATCTATTGCTATATGCTCCTTTCGTTCACAC
ACAGAGAGCGAGGAAGTAATGTAAATTATCGATTACCCCCCTACAAACCGACCGCCTAGAACAATTGGCTAGACAGCAGAGCTAACTGGTGAGAA
CAACCCAAACAAGCAAACAACCAAACAACTAAACAGCCAACCATCCAACCGATTCCACATGTAAAACAACTTAACTCGCTGCCGTTAACCACCAC
CAACTATCTAAGTTAGAACATTATGCTTTCTATCGATTAGTTCACTTATATCTGTAGATATATTCGAGCGACGATTATGTTTGTTGTTTAGCCAT
ATCTGATATTTATTAACGCAATTAAGCAGCTTTGTTATAATTTATTGTTAAAAGGTCGAGCCTAATGTATCAGTAACTAGAAAACCTAACCCCTT
ATGATCGATCGGACCGATTCAGCCATTGTACCACTGACTAGATGATGATGATGTGCGATAAACAATAAAACGAAAACACAAGTTAAACACTCTCG
ATCCTTTATGCCAATTGCTTGCTGGAGATCTCTTGAGAT
(SEQ ID NO: 661)

Exon: 1001..1227
Exon: 3537..3711
Exon: 3777..4826
Exon: 4887..5039
Exon: 5099..5393
Exon: 5462..5590
Exon: 5661..5974
Start ATG: 1211

Transcript No. : CT18483
TAAGTTGTTGGGGTGGGTTAAAATCCGCGCGCAGAGCTATAATTTTATTCCTGGAAAATCGTCGTTGTCGCTGACCGCGTCGCATTGCAAAGTTA
CCGTACGCCACCGAAAGTATTAGCCCTTTGTAGCCGGACAACTGTCAAACGGATTTGACTGACACAAGAGCAGTGATATTAGCAGCGCAACGGAA
AGCAATTATACGACATAAAAATGTTCTCACGACCCAGCTTATGTGGAACTGTGGGCAAATTGTGTCGATGCGGCACTTCAGCAACAGGAAAGACT
GCTGTGGCAGCAGCAACAGTTCCCACCGCTCGACACTATCATGAGGTGGTGGGCGATATCATCTGCCCGTCTCAGGTGCGCGGCATAGATCACAT
CCGTGATCCGCGACTCAACAAGGGCCTTGCCTTTACACTGGAGGAGCGCCAGACTCTGGGCATCCATGGGCTGCAGCCAGCGCGCTTCAAGACGC
AAGAGGAGCAGCTGCAGCTATGCAAGATCGCCGTAAACCGCTACACGGAGCCGCTGAACAAGTATCTCTATCTGAGCGATCTGTACGATCGCAAT
GAGCGTCTGTTCTTCCGCTTCCTATCGGAGAACATCGAGGATCTGATGCCCATTGTGTACACGCCGACGGTGGGCTTGGCCTGCCAGCGCTTTGG
CCTGATCTACCGACGTCCTCATGGTCTGTTCATCACCTACAACGATCGAGGACACATCTTTGATGTGATGAAGAACTGGCCGGAGCCGAATGTGC
GTGCCATCTGTGTGACGGATGGTGAGCGCATCCTGGGACTGGGAGATTTGGGCGCCTGCGGCATGGGCATTCCCGTGGGCAAGCTGGCCTTGTAC
ACGGCTCTGGCCGGAATCAAGCCCCATCAGTGCCTGCCCATTGTGGTGGATGTGGGCACCAACAACATCGATCTGCTGGAGGATCCCCTGTACGT
GGGTCTGCGTCAGAAGCGAGTGGTTGGTCGGGAGTACGACGAGTTCATTGACGAGTTTATGGAGGCCGTGGTGCAGCGCTATGGCCAGAACACTC
TGATCCAGTTTGAGGACTTTGGCAACCACAATGCATTTAGGTTCCTGGACAAATACCGCAACACCTATTGCACTTTCAACGACGACATCCAGGGA
ACCGCCTCCGTGGCCGTTGCTGGGCTCTATGCCTCCAAGCGTATTACGGGTAAGTCCTTCAAGGACTACACCTTCCTGTTTGCAGGAGCCGGTGA
GGCCGCCATCGGCATCGCCGATCTCACGGTCAAGGCCATGGTGCAGGATGGTGTGCCCATCGAGGAGGCCTACAACAGAATTTACATGGTCGATA
TCGATGGTCTGCTGACCAAGAGCCGCAAGGTGGGCAACTTGGATGGCCACAAAATCCACTACGCCAAGGACATCAATCCGATGTCAGATCTCGCC
GAGATTGTCTCCACCATCAAACCCAGTGTGCTTATTGGTGCCTCGGCTGCTGCCGGCATTTTCACACCGGAAATCCTGCGCACCATGGCGGATAA
CAATGAGAGGCCCGTGGTGTTCGCCTTGTCCAATCCCACCAGCAAGGCAGAATGCACTGCCGAAGATGCTTACAAGCACACGGATGCTCGCGTGA
TCTTCTCGTCGGGCTCTCCCTTCCCACCGGTCCAGATCGGTGACAAGACCTTCTACCCGGGCCAGGGCAACAATGCCTACATCTTCCCAGGCGTT
GGCTTGGGCGTGATCTGCACGGGTACTCACCACATACCCGACGAAATGTTCCTCATCGCCGCCCAGGAGTTGGCCAACTTCGTGGAGCCCAGCGA
TATTGAGCGCGGATCGCTGTATCCTCCGCTGTCGAGCATCCGCAACGTGTCCATGAACATTGCCGTTGGCGTGACCAAATGTGCCTACGATAGAG
GCTTGGCATCTACCTACCCTGAGCCACAGGACAAGCGCAAGTGGCTGGAGAATCAGCTGTACAACTTCAACTACGAGAGCTCGATGCCCGCTTCC
TGGGTTTGGCCGCGGATGCCCTACATTAAGACTCGCGAAGAAAGCCCGCTCATTGCCGCCATCAAATAAAATAGCATTAATGCGTTCAACTGGTT
GATGGCACCGTTCTGTTTTGCATCTAACACACTCTACTACTTCCAAGCGTACACCATCAGCACCAAGCAACAAAACAACCAACCGACTACTAACT
ACCCTAGACTAGATAAATTTCCAGTGCTCACTCTTTTTAAATGTTTGTTAATCGATCCGTTGGCATCGACAGTCAAACTCAGTCGCAACTAAAAA
ATGATTAAAATGTTTTTGATATTAAATAATTAGAACACCTAACAAGCTGCGAGGTCAAGGGAT
(SEQ ID NO: 662)

Start ATG: 211

MFSRPSLCGTVGKLCRCGTSATGKTAVAAATVPTARHYHEVVGDIICPSQVRGIDHIRDPRLNKGLAFTLEERQTLGIHGLQPARFKTQEEQLQL
CKIAVNRYTEPLNKYLYLSDLYDRNERLFFRFLSENIEDLMPIVYTPTVGLACQRFGLIYRRPHGLFITYNDRGHIFDVMKNWPEPNVRAICVTD
GERILGLGDLGACGMGIPVGKLALYTALAGIKPHQCLPIVVDVGTNNIDLLEDPLYVGLRQKRVVGREYDEFIDEFMEAVVQRYGQNTLIQFEDF
GNHNAFRFLDKYRNTYCTFNDDIQGTASVAVAGLYASKRITGKSFKDYTFLFAGAGEAAIGIADLTVKAMVQDGVPIEEAYNRIYMVDIDGLLTK
SRKVGNLDGHKIHYAKDINPMSDLAEIVSTIKPSVLIGASAAAGIFTPEILRTMADNNERPVVFALSNPTSKAECTAEDAYKHTDARVIFSSGSP
FPPVQIGDKTFYPGQGNNAYIFPGVGLGVICTGTHHIPDEMFLIAAQELANFVEPSDIERGSLYPPLSSIRNVSMNIAVGVTKCAYDRGLASTYP
EPQDKRKWLENQLYNFNYESSMPASWVWPRMPYIKTREESPLIAAIK*
(SEQ ID NO: 663)

Name: MALATE OXIDOREDUCTASE
Classification: enzyme
Gene Symbol: Mdh

FlyBase ID: FBgn0029155

Celera Sequence No. : 142000013385213

CCGCTCGCAAACAGTTTGTCTATTTTTAAATAGAATTCAAGAAAGTATTCGGGGAGGAAACGTATGTACTTATGCATGAATCACATAATCCCGAT
TCGTAAGAGCAAAATATAAAGGATCGGGGATGTAATTGGATTTAAACACATTTAACTACGGGACAATGGAACCTTGGAATTTTGGTTTTACTTTA
GGTTTCCATGGGTTCGTTGCTGTCGATCGAGACACTATATCTGCGGGGTATATCTATTTATCGATGTACGCCGTATTATGTGAGCATGTATGTAT
ATTCGCACGTATGTATGTATATGGATGTGAGTAACGCTGCCGGCTGCTACACTGGGCGCAGGCTTTAACTTAAAAATTAAATCATCGGCGCGAGC
GATCAGTTGAAGACTAAAGACTTGATGAATCGCCGCGCCAGCCGAAAGCTCTTCATTACAGTTGTGCTCTCTGGAAAGCGATTCTCCGCTTCTCT
TTGCACCACACAACCAAAAGAATCTCGTGGGAAAATGCGAGAGCGATCCGTTTAGGGTTGTCGAGCGGCTCGAACTATAGAGCAAATATGTAGAA
ATAAATGAACATGATCGCATTCGTACACAAAATGATCTTTATCCTTATAACAATAGTTTCAATTCGATACATAAACAGAAATTACAGAAATGAAA
ACTAATCATGATGACAAATCAATAAAACAAGAATATTAACTTGTCTGCCTTGGTTTATCGTGGAAATGTTGCTGTTACTAATGAAGAAAAACTAA
TGTCGCCTCAACGGTGAAAAATTACTAACTCGATTTATGATCCACTTTTGGCATACCATACACCAAATCTCTCCTTGCATACAAGTTTAAAAAAT
ATACAAATACAATATTGTTAGAATAATTCAAACGATGTTAACAGGATTTGACAGCGGTAGGACGATTAGACCAAGTTGATCAAATGCTCGCGCAG
AATAAATACGGAGGTGGGGACAAGGACGAGAACGAGGACAACGAGAATGCCTATTTGGCGGGCGAGGCTATGGAGTTGTTTAGTGAATTGTTTAG
CTGCTCCTCCTGATCCTTGTCCAAGCCAAGGGCTGTGGTCAACAGCTTGACCACACATCGCTGCTCGTGCACCTCGCCCTTCTCGTTGGAAGTAA
TGTCCTTTTCTAGTTTTAGCTTCTCTTCGGCGGCCATCAGGATGCCCTCCTCGATGGTACTCTCGGAAATGAGACGGTAAATGGTCACCGGACGC
TGCTGTCCCATGCGATGACACCGATCCTCGGCCTGTTTATCGTTGTACGGGTTGAAGTCGATATCGTGAATGACACAGGTGTCGGCAGCCGTCAG
GTTGATGCCAACGCCACCGGCTTTGGTGGAGAGTAGGAACACAAAGATGCTATCGTCCCCATTGAAGTCGGTGATCAAATCCTGGCGGACATTTA
CGGCGGTCGCCCCGTCCAGGCGACAGAAACCAAACTTTCGTATTCGCAGATACTCCTCCACAATGTCCAGCATCATGGTGAACTGGCTGAAAAGC
AACACACGGTGTCCTTCTGCCTTCAGTTTTGGAAGCAACGTATCCAGGTAGAGGAATTTTCCAGAATCGCATATCAAATTATCGGGTATTTTCAC
GTCGTAAAACTCCTGAAAGATGCACAAATTTAGTCATTGTCATTGGACAACCTCTTTGATAGTCACTTACATGCTTGTTCATCATCTGATAGACC
TGAAAGTCTGACATAACGGCTAGCTCTTCAAAGATGTATTGCTCGTTGGTCTTTTTAAAGGAACTGGCATTAGCCAGGCGCTTAGAGAATCCACG
TAGATTGGCGTCGGTGAAGTAGTGACGCATCAGCAACGGATGGTTTGCAATGCGGCGCATCTCCATCATGATCGCTATGCCGGCCCTTTCGCTGC
TGCTGCACACCTCGCCCTTGTTATTGGAATAATAATCGACCAGCTCGTGATAGTATATTTTCTGTTGACTGCTCATGGGCACTTTTTCCTTTAAA
TAAAAAACAATTTAATTATTGTATAATATTTATTTTCGCCCGACGTACTTACCACCAGGCTTAGCTTCTTGGGCAGGTTCTTAAGGACATCTTTC
TTAAGCCGTCTGAGTACAAATGGCTTCATGATACGCTTTGCTCTCTGGATTTGTGTTTCCTGGAACTGTGAAACCTCATCCTGATCTCCATCGCT
TTTTCCCTTCTGCAAGGAACATGAAGTTTATATATTGTTTTGTGTGAAACCAATCTTTGTTTTACCTTAGCAAACAACGATTTTATGTCCTCAAT
GCTCTTGGCAAAGAATTTGGGCATCACGAAGCAGAGCAGAGAGATTAGCTCCAGCAGATTGTTCTGCAGCGGAGTTCCAGTGAGCAGGATTCGCA
TCCTAGCGTTTATGGTTATAAGGTTAGCATAGCGTTGCGTGGTCATGTTCTTCAGCATATGGGCTTCATCAAAAATGACGTAGTCCAACTTGCAA
ACCCGGAACATTTTCCTCTCCTCCGGCGTGGATCCCACAATGTGATATCTGTTCAAAATGTACAAGAAATTTAAGCTTAGATTCTTTTATGGCTT
TGTGGATATTTACGTGGTCAGAAGAACATCAAAGCCGGTAAATCCATCCTTGGCAAAGCGGCCTCGCATTCTCCTTCGCTCGTCCTGCGAGCCAT
GGTACTTCTCCACCACCAGTTCGGGACACCAGCGGCTAATCTCTGCCTCCCAATTATCCAGCGTGGACGAGGGCACCACAATTAAATGTGCAGCC
TGGCTAAGACCATTCTCCTTTAGATAGGCCAGAAATGCAATAACCTGAATTGTCTTGCCCAGACCCATTTCATCTGCCAAAATGCCATTCATTTC
TTGTTTGTGCATTACGGTGAGCCAATTAAGGCCAATTATCTGATAATCAGCCAGCTGTAGACTGCAAGAGGAACGAAAATAGAAACACAAATGGG
GACATGCATGCTGGTTAAGGCTCACCCGCTGCTAAGAAGCTTAGGTTGCTCCACAATGCCAGCACCATTGGAAATCGCCTTCTCCAGACGCGACA
CCATGTTATTGCACTTACTTAGAATAGCGGCCACCGTGTTCTGTTTGTTAATCAGCTCTTGAGCGTAATTCAAAAGATCACCCGACATCCTGATG
CTCTCCAGCTTTTGGCGCAAATCAGACCAATCACTAAATGGTCGCACATCAATGATGGCTAATGCCTTCTTCTCGGACAGCGTTTTAACTGACTG
GAGTTCAATTAGCGAAGCCTCGTTCATAAACTGGAAAACTTTTTTACGTTGCCCCGTCATCTTGGTGGACATCTCGCTATCGCTGTCATCGCTAT
CATACACCTGGTCCTTGGACTGCTTCACATCATCGTCGTCCGAATGGTCGTTATCCGAGAAGTTGCCTCCACTAATTCCGTTTGACCTGGGTTTC
AGCTTGGACTTGGCCAGTGGTCCATTGTGCCCCTTGGGCTTGCAGTTCTCCCTTAGGTATCGCACGGAAGCGGCCACATCCCAATTGGTGCGGGA
AAGAGACTCCTGGATGGCCTACGGAACATATTTGAAATTTATTTCAGTTAAAATCGAGATTTATGCAAAATATTGCATTAAAAATGAGCAATTTT
AAGCTATAAAATATTCTGATTAATTTTAAAATTCAAATAAGAACGGTGATAATGTCCGGAAATATTTTATATGAGGCACACCAAAGTAGTGGAAA
CAGTTACACGAGAGGGTTATTACTGCTCCCATCCCCGTCAGTGACGCCCCTGGCTAACGACAGCTGTTCGCAACGCCGGGCCGAACCGAATCGCC
ATGTTCCCCGAACTCAGATGCAGAGACGCGCGTTTCCCCGCGAATCGCCCCGTTTTACCTTGGTGGCATTTCGGCCGGAAACCTACCATTGTGTC
AAAGTGGGGCGAAATCTTGGCGGCTGCCATGTAGCGCTCCTCCTTTTCCTTAACGGTCAGCTCCAGTTTGGTCTTCTTGGGCGTCTGGGAGTCGT
TGCCATCGCTGTCACTATCGGCCATCACCTGGATGCGCTTCTTTCCAGGCACACGCTCTGAAATCAGGCAGTTAGCTACCGTGTCAATCGCTTGG
AATTTTAGCTCAGCAAGTACCAGTTCTCGAAGGACTAGCGACGACAGAGGAAGCATTCTTGTTGATGCGGAACTGACGCAGATCGCTGAGGCTCG
ACTTCGCGGACGATGAGGCGGAGGCCGACGCAGATGCGGCCACTGTGCTGTCCGACATCGTGGGACAAGGCGAAACGCTTCCTGGCAATCTGTCA
GTCCTTATTAACAAATTCTGTTTGCAACTCCTACAATCTTAAGTTGGTATTTGTGAATATTCGCATGCTAGTGCGGCCGTTTGATTATCCCGATA
AAACCTATTTCTATTTCTCCAACGGAATGCGGTCACACTGTGCGCCAATTTAAGTATTAGCTTAATGATTATTATTATTTTTCATTTATTTTTAT
CGAACTGTAACGCATTAGTGTAAGCTTCTATGAGATTATCTAACAATTTGCTTTTGTATATATCGTATATGATTTGATTTCGTCAACCTAACCGT
AAGTAATTAAAACCGATGCCAAAATGAAAGAAAGAAACTTAAAAAAATCCCAAACTGGCGGTAAATTAAGAAAGTTGCCAGAGTTGCCAGATGTT
ATCGGCTTACCGCAAGCAATCGGCCAACAATCGAAACATTGGGACGCGTTGCAACCCTCTCTTTTTTTCGCTTGCTCTTGTAGGTTAATTGAAAA
CACTTTTATTGCAAATAAACCGCTTGCCGAGCCAAGGGCAAACCGATAAACTGGCAAACATGGCTGGCGGCAACACCCCGCGTGTGATCCAGGTG
ACCAACATAGCGCCGCAGGCCACCAAGGACCAGATGCAGACGCTGTTCGGGAACATTGGCAAGATAGAGGAGATCCGCCTGTACCCGACAATCCG
TGATGTCTCCTGTCCGGTGCAGTCGCGCATCTGCTATGTGAAATACACGGACACGACCAGTGTGCCGGTGGCCCAGCACTTGACCAACACGGTGT
TCATCGATCGCGCCCTAATTGTCATACCCGTTCTGGCCATACCCGAGGAGTATCGGGCCCTGGAGATGCTCAAGAACGGAACCATTGTGCCGGGA
CTCCAGAAGCCGGACTCCAAGCTACCGCCCGAAGTCATTAACCGCATCGAGGGACAGCTGCCGCAGCAAGTGATCAAGACGTACGACCCCAAGTT
GGTGGAATTCAATCTGCCGGAGTACCCGGCCTTACCCTCGTTCTACGATGCGCGCAAAATCGAGGAGATTCGGCGCACCATTATCGTGTGCGATG
TTAAGA
(SEQ ID NO: 664)

Exon: 4326..4106
Exon: 4047..3887
Exon: 3533..2971
Exon: 2911..2579
Exon: 2518..2251
Exon: 2194..2048
Exon: 1988..1686
Exon: 1627..1001

Start ATG: 4238 (Reverse strand: CAT)

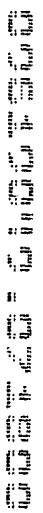
Transcript No. : CT18505
AATACCAACTTAAGATTGTAGGAGTTGCAAACAGAATTTGTTAATAAGGACTGACAGATTGCCAGGAAGCGTTTCGCCTTGTCCCACGATGTCGG
ACAGCACAGTGGCCGCATCTGCGTCGGCCTCCGCCTCATCGTCCGCGAAGTCGAGCCTCAGCGATCTGCGTCAGTTCCGCATCAACAAGAATGCT
TCCTCTGTCGTCGCTAGTCCTTCGAGAACTGAGCGTGTGCCTGGAAAGAAGCGCATCCAGGTGATGGCCGATAGTGACAGCGATGGCAACGACTC
CCAGACGCCCAAGAAGACCAAACTGGAGCTGACCGTTAAGGAAAAGGAGGAGCGCTACATGGCAGCCGCCAAGATTTCGCCCCACTTTGACACAA
TGGCCATCCAGGAGTCTCTTTCCCGCACCAATTGGGATGTGGCCGCTTCCGTGCGATACCTAAGGGAGAACTGCAAGCCCAAGGGGCACAATGGA
CCACTGGCCAAGTCCAAGCTGAAACCCAGGTCAAACGGAATTAGTGGAGGCAACTTCTCGGATAACGACCATTCGGACGACGATGATGTGAAGCA
GTCCAAGGACCAGGTGTATGATAGCGATGACAGCGATAGCGAGATGTCCACCAAGATGACGGGGCAACGTAAAAAAGTTTTCCAGTTTATGAACG
AGGCTTCGCTAATTGAACTCCAGTCAGTTAAAACGCTGTCCGAGAAGAAGGCATTAGCCATCATTGATGTGCGACCATTTAGTGATTGGTCTGAT
TTGCGCCAAAAGCTGGAGAGCATCAGGATGTCGGGTGATCTTTTGAATTACGCTCAAGAGCTGATTAACAAACAGAACACGGTGGCCGCTATTCT
AAGTAAGTGCAATAACATGGTGTCGCGTCTGGAGAAGGCGATTTCCAATGGTGCTGGCATTGTGGAGCAACCTAAGCTTCTTAGCAGCGGTCTAC
AGCTGGCTGATTATCAGATAATTGGCCTTAATTGGCTCACCGTAATGCACAAACAAGAAATGAATGGCATTTTGGCAGATGAAATGGGTCTGGGC
AAGACAATTCAGGTTATTGCATTTCTGGCCTATCTAAAGGAGAATGGTCTTAGCCAGGCTGCACATTTAATTGTGGTGCCCTCGTCCACGCTGGA
TAATTGGGAGGCAGAGATTAGCCGCTGGTGTCCCGAACTGGTGGTGGAGAAGTACCATGGCTCGCAGGACGAGCGAAGGAGAATGCGAGGCCGCT
TTGCCAAGGATGGATTTACCGGCTTTGATGTTCTTCTGACCACATATCACATTGTGGGATCCACGCCGGAGGAGAGGAAAATGTTCCGGGTTTGC
AAGTTGGACTACGTCATTTTTGATGAAGCCCATATGCTGAAGAACATGACCACGCAACGCTATGCTAACCTTATAACCATAAACGCTAGGATGCG
AATCCTGCTCACTGGAACTCCGCTGCAGAACAATCTGCTGGAGCTAATCTCTCTGCTCTGCTTCGTGATGCCCAAATTCTTTGCCAAGAGCATTG
AGGACATAAAATCGTTGTTTGCTAAGAAGGGAAAAAGCGATGGAGATCAGGATGAGGTTTCACAGTTCCAGGAAACACAAATCCAGAGAGCAAAG
CGTATCATGAAGCCATTTGTACTCAGACGGCTTAAGAAAGATGTCCTTAAGAACCTGCCCAAGAAGCTAAGCCTGGTGGAAAAAGTGCCCATGAG
CAGTCAACAGAAAATATACTATCACGAGCTGGTCGATTATTATTCCAATAACAAGGGCGAGGTGTGCAGCAGCAGCGAAAGGGCCGGCATAGCGA
TCATGATGGAGATGCGCCGCATTGCAAACCATCCGTTGCTGATGCGTCACTACTTCACCGACGCCAATCTACGTGGATTCTCTAAGCGCCTGGCT
AATGCCAGTTCCTTTAAAAAGACCAACGAGCAATACATCTTTGAAGAGCTAGCCGTTATGTCAGACTTTCAGGTCTATCAGATGATGAACAAGCA
TGAGTTTTACGACGTGAAAATACCCGATAATTTGATATGCGATTCTGGAAAATTCCTCTACCTGGATACGTTGCTTCCAAAACTGAAGGCAGAAG
GACACCGTGTGTTGCTTTTCAGCCAGTTCACCATGATGCTGGACATTGTGGAGGAGTATCTGCGAATACGAAAGTTTGGTTTCTGTCGCCTGGAC
GGGGCGACCGCCGTAAATGTCCGCCAGGATTTGATCACCGACTTCAATGGGGACGATAGCATCTTTGTGTTCCTACTCTCCACCAAAGCCGGTGG
CGTTGGCATCAACCTGACGGCTGCCGACACCTGTGTCATTCACGATATCGACTTCAACCCGTACAACGATAAACAGGCCGAGGATCGGTGTCATC
GCATGGGACAGCAGCGTCCGGTGACCATTTACCGTCTCATTTCCGAGAGTACCATCGAGGAGGGCATCCTGATGGCCGCCGAAGAGAAGCTAAAA
CTAGAAAAGGACATTACTTCCAACGAGAAGGGCGAGGTGCACGAGCAGCGATGTGTGGTCAAGCTGTTGACCACAGCCCTTGGCTTGGACAAGGA
TCAGGAGGAGCAGCTAAACAATTCACTAAACAACTCCATAGCCTCGCCCGCCAAATAG
(SEQ ID NO: 665)

Start ATG: 89 (Reverse strand: CAT)

MSDSTVAASASASASSSAKSSLSDLRQFRINKNASSVVASPSRTERVPGKKRIQVMADSDSDGNDSQTPKKTKLELTVKEKEERYMAAAKISPHF
DTMAIQESLSRTNWDVAASVRYLRENCKPKGHNGPLAKSKLKPRSNGISGGNFSDNDHSDDDDVKQSKDQVYDSDDSDSEMSTKMTGQRKKVFQF
MNEASLIELQSVKTLSEKKALAIIDVRPFSDWSDLRQKLESIRMSGDLLNYAQELINKQNTVAAILSKCNNMVSRLEKAISNGAGIVEQPKLLSS
GLQLADYQIIGLNWLTVMHKQEMNGILADEMGLGKTIQVIAFLAYLKENGLSQAAHLIVVPSSTLDNWEAEISRWCPELVVEKYHGSQDERRRMR
GRFAKDGFTGFDVLLTTYHIVGSTPEERKMFRVCKLDYVIFDEAHMLKNMTTQRYANLITINARMRILLTGTPLQNNLLELISLLCFVMPKFFAK
SIEDIKSLFAKKGKSDGDQDEVSQFQETQIQRAKRIMKPFVLRRLKKDVLKNLPKKLSLVEKVPMSSQQKIYYHELVDYYSNNKGEVCSSSERAG
IAIMMEMRRIANHPLLMRHYFTDANLRGFSKRLANASSFKKTNEQYIFEELAVMSDFQVYQMMNKHEFYDVKIPDNLICDSGKFLYLDTLLPKLK
AEGHRVLLFSQFTMMLDIVEEYLRIRKFGFCRLDGATAVNVRQDLITDFNGDDSIFVFLLSTKAGGVGINLTAADTCVIHDIDFNPYNDKQAEDR
CHRMGQQRPVTIYRLISESTIEEGILMAAEEKLKLEKDITSNEKGEVHEQRCVVKLLTTALGLDKDQEEQLNNSLNNSIASPAK*
(SEQ ID NO: 666)

Name: putative helicase
Classification: DNA_binding

Celera Sequence No. : 142000013384321
GTATTTTTAGAAAACATTGCTGTAATCCTAATTGGCTGTTAGCGAATAATTTAGAAGGCATATCATAGAAAATTTTGACACTTTTATGATTTTTC
TGCTTGTGTAAAAATGTTGTAATACCCCTGAGATCTGTATAGCATATATATTTGGGCTCTATATTTGGCTGGGGTTTCATGCTCTAGCCTCTTTT
CTTTTTGATAATAATATATGCTAAATCAATTTGAAATCAATCGATTCAAATATTTACATATATAGTCTCTAACGCTTAAATGTATTCAATATTCT
AGATGTTCTAATGTTCTAGAAACCGTTTCCAAAAGTCAAATCATTCTATTTAAGTTTGCTCCCAGAATTATATCTCAATCTTTATAGTCTAGGGA
CTACGTGCTGGAATACTGGTTTGGCACTACCTTTTAAATAATATCCGAGGCCCCTGAACCAAGAAAATGTGCCAATAAATATAAATTATGAACTT
TATGATCTGCAGAGGATGCCAAATATTTCAACATGACTTATATGTATGTACGTTCGAGAATTGGGAAAATTTATGTGTAGATACATTCTGGCCAG
ACGCTAGATACACAAAATGAAACGCACAAATGACACAGGCTAATTACAGGTAAGCAATAGAAAAGAAAAGACAAGAAAAGCAGGCGTACTTCGTG
TTTTTGAGTTTATTTTCGTAGGGGGCAAGCTCTCAGGCAAACTAGCGTGAAAATGCGTTCACACAAGCTTCGGCCCAAGTGAAATGAAAAATCAA
AGAATTTTCCACACAACTGAGCAATTAACACAACAACACGGCCGCGTGAAAAGTCACTCGAAAGTCCCACTCACATTCACATAGGTGGTGGTGGT
GGCTTATAGATATATCTCAGGGTATATCCCACTCGGATCCGATCGGCGGGGAGCCGATGGCGCCCGACGGCGACCGAAGGCTCCCGAAGGGAACC
GAATAAATCGTTGAAATAGACGAATTCAGCTGGCAGGCCAAACCAATTCAACGAAATACTCTTTATTCGAACGACAACGGGATCTCTTGTTCAGT
AGATCACCAGCCTTACTCCGACGTTTATTACGAATTTTCTCGGTGACTCGGTGACAACTACAAAACTGCGTGCGGTGCTGTATAGATTTTCGCTT
GAGAGGAACACACAAATCATAATACTAGATACGCGAACCGATCGCACATTAATTTATAGAACCAAAATCGAAAATCTGACCTAGCAAACATGTCG
TCATCGCAGGCTGTCCGCTCCTCGAAATACTCCTACCGTGCCACGTCCACCGGACCCGGTACCGCCGATGTGAACATCGAGTACATCCAGGACCT
GAGCTCGCTCTCCCGCTTGGAGGTAAGGATCCCGTCCCGCTCCGTCTCGGAATCTCGAATTCGAATTCGTAATTGGAAGCGGACCGGTATCGTTT
AAGAAATCGGCATCGTATTGGGCACCAAATCCCCAAAAAGACGTTGGAATTCCGACCAGGGAATAGGAATACGAAATGCGTGTGCGCCAAATTTT
CTTCAAAATCTACGAGAATTTCTCTCTCTTGTTTCGGTGTCTGTGTAGAGACTGAAAAAGAATCGGAATATAATCAAGAAAAAATACGAAAAACA
AACTAAGAAACCCGAAAAATTCATCTACACTCTATATCAAATGCACATATATACCGTAGATATATATTCGTGTGTTAAGTTCTCGGCGCGTTCTT
GTGTGTGGAAATATAGAAAATTCGGTGAAGCAAAATTCTAGATTTGTATATGTATCTAAACGTGTCTGTATATACATATGCATTGCTAAAAAATT
ATGTAATGGCCACCTCTGGGCAATACATATACACGAGAAAACATCGAAGAAAAATTTGTGAAGAAATCAATCAACTGTGCTGTAAAGTGCTTTTT



AATGAATGTTTTAATCAAATAATATGAAATAACGAGCCCATAAAAGATCAAACTCAATAAATGTATCCACCATTTTCTTGCAGGACAAGATCCGT
TTGCTCCAAGATGATCTTGAAGTTGAACGTGAGTTGCGCCAAAGGGTGAGTCATTCAATATGGAAATATTCATAATTTTAAATATTTTTAAGTTA
TTTTTGAACCGAGTATTTTTAAGGTATTACTATAGGTTTCTTTGGAATATTTTTGAACATTCTTAATTTATTGAGAGCATCGTTTTTAGTCAATA
AGATTATTTGCTGATGAAATCGGCGTCAGAGATATGACATATCCGAGGAAGTTAGAAAAGATCAGACCGCATTCTCCGAGACCCAATGGAAATCA
AAGCGCCAGGGAAAACCATTTTTACTTTTTTCACCTCGCAAATGTCACCCTAAAAACAGCAAAAATATGTGGAAAGCCAAAATAAAATCAAAATA
GACCAAAGTAGCAGTAGCGATAGAACCGATAGAAAAGTCAGCAAACAAATGCAAATCTAAGAATAAACTACCCTTCGTAGAGTTTCGAAAGTGTG
AAAGTAAATGATAATGATGTGCATTGAACTTCAATCGCTTTCGTTTTTGGCTTTTCCTTCCCTGCGGAGCATTGATAAATGATTTTTCCCCTGAC
TTTGCAAAGACAGCGGCCGCAAAGACAGCAAAGTCAGGAACAGCCAGAGAAAAGTGGGAAAATTCGCAGGCCGAAAGTGCACTTCATTCAGCGCA
ATCCTCTTGGGCGTTACAAATTTAGAAAATGCGAAGAGCTCTTGCCGGAATGGAATGGGCTGGCCAGGAATGTTCTGAAAATTTTGTTAAAAAAT
CAAATTTAATTACTTTGTGCCTTATGGATTAGCACGCACTCGCACACAGATACAACGCCCCCCAACACACACTCACAATATATGGAACAAAATGG
CTAAAATTAGCGCACGACATTCAATACAGAGAAGCGAATGATTAACTTGAAAACAACCAAAATATGAGCAGAGAAGAAAAGAAAATAAAGTAGCC
AAAAAGTCATCATCATCACCATCTTCATGATCAGCGGCGGCAGAGAGGAAAATTCGCTCGCTCACTACGGGAAAATCTTCGCTTTTTGTCTGTGG
GCGTGTGTCTGTGGGAAAATTAAATAATTTTCATGCACATTAAAAGTCTTCACACCGCCTGGCATTCTTTCTACATATCCACATATGCATATATA
GGCGGCAAAAACATGTATCTACAAGATACATATGGCGCAAATGGATTTACGGCCCGTACTTACGTGGCCTTTGTGGCAATCGGCAACTTTTTGTT
ATGCCAAATGAACGGACAAACACATGTTCGCCTAGGTATTATCATAAACATAAATGTACAAACATATTCAGCGAGAGATTTAAAAGAGATTTATC
AGACCAATACGTTCTTTATTTAAGCTTGGGGCATTTCAGTTAGCTGAATTTTTTATGATTGCTTCGGACAGCTCCAAATACCAGAAATCCCAATG
GCCGCACATAGCTTTCATAAAATAGCATTTAATTGCAATTCGCAAAATTGACCAAACGAGGTCGTCGACAAAGGCGAAAAGCAAATGTTTAGATT
CCGAGGGAGCCAACAAAAAATGTTTCTGTTCAAGCGAAAAATGTTCGAATGCCTTTTTGGAAATGCAATCTAGGAAAGCGGTGTGCGGCCGCCCA
CAAAAGATATATACGCATATATAGACGCATATATCGTGGATGCAATCGGACTATGGCTACACCTCTGCGTGGAAGATTTCTTGGCAAGATGCCAT
TGTTATTTTAGGTGTTGCATGTGCATAATTATTTTTGACTGATTAATGTGATTTATAATTTTTATTATGGGCTGTTTGAGTAGCCACAGAGCATG
GCTAGCGCAGGGTATTTATAGATCCTTCACATTATACCAAGTCGCTAATGAAATCTCTTCTTAATCTCTGCTTATATTCTTCAAATTTCAGATCG
AGCGCGAGAAAGCCGATCTCAGCGTTCAGGTCATTCAGATGTCCGAGCGTCTCGAGGAGGCCGAGGGTGGTGCTGAACATCAAGTGAGTACCATG
TGGTAAACCAATATTGCAATCCAGCCATAACTGATGTATCTTCCAATCCCAGTTTGAAGCCAACCGCAAGCGCGACGCTGAGCTGCTGAAGCTGC
GCAAGCTGCTTGAGGATGTTCATCTTGAGTCGGAGGAGACCACTTTGCTTTTGAAGAAAAAGCACAACGAAATTATCACGGATTTCCAGGAACAG
GTTGAAATCCTAACGAAAAACAAGGCCAGGTAGGCATTGCAACAGGCTCTGGCCATCGCCACCCGACGTCCCCATTTCCATTCCATTGACCCAGA
AACCATACCATATCCAAAACATAAACATCTCCATCCCGAGCTGTCATGCATCCGCAGAACATATTTATTTGCCCCCAATGATGATGATCAAGTGG
CGTCAGCTGGCTCTTGCGGACATTTCAATGTCTCGAGATCTCGTGCAGTAACTAACCAATACAATGCCTAACCTTGCGCTGCCCCGTTGACCCAA
AAAAAAAAAAAAAAACAGAGAAAATCGAAGCAGATCATAAACCATTCATCAAAATGCCATGACATGCGAAATGCAAAGCGAAAAAAATCAGAAAA
CATAAACCTGCATGGCTTGCAAGTTCTATTGGCACAAATCGCGGCCGAAAGGCCAAACGAATGAGAAAAAAATTCGAGAAACTTTCGGTTGCTGG
CCGCCTCTCATATTTCCAAATCGATGCGAGCGATTTCCAAAAATAAATTCCTAGGAATTTTGAAATCGCAACAATTCAAGGCTATCAAAAGATAA
CGAGTCATTTAGATTAATATGCATTCGGATAAATCAAAATCAACTCATATCCTAAGATTAAATCAAGTTCAAAGTTGAGTTTCTTTACCGTTCTT
TAAGATTTCCACCTTTAAGATAGGTGCGCCCGAGTTTGCGCACTTCCGTTCGTAGACAAGGACAGAAGGTCGGAAGATCAAGCAGCCGTCCCACT
CTATCGAAAAAGCTTTGGAAAGCTTTCGCACAGCGAAACTTTCTTCCATATGTTGTGCCCACCACCCCATACCATATTTTCTTTCTGAGCGGAAA
TTTATTTATAGAAATTTTGAAATTTTCATCCACATTCTTGAACAGAGAGGCTCTTTGTTGCTGTTGCCATTCCGCTCCCACCGCCTCCCTGCATC
ACTCCCTCTCGCTCGCACCAACGCTCCAACCCAAATATGTCTTTGATTGAATCATATAGAAAATGTGTTTATTGTTTTTGTTGCTGTCCCGCTCC
GACCCATCGCGTATTATGGAAATCCGATACGTTTTTTCGCTGGCTTTTCAGCTTGTGGGTGGGAAAGGTCGGTTGCACCGATTCTAGCCCCCTGA
CAGGTGGAAAAGCTGGCAAATGCCACGAATTGCACACGGAAAATTCGATCGACAATCAAGGCGATACATAATGGGATATTACTTTGATCGATTCA
GAGCACACTGGACTTAATATATGACCACTATGATTAGAAAAGATTACAATGCGCCTTAGGTACAAAATTCACATATCTATAAGTAACATTCTCAA
ATTTACCAAACGTATCAAATTGATTTACACTGATCGGAGTAATTCATATTACATATCCTATCTATTCGTCCCAGCTTATGCATATTTATTTTACA
ATCAATTATCATAGCTTGCTTCCAGGCAGACCCAACATGATCTTAACCCTTGGCCTGCTGAGCCTTCGACCACCGTTCGATAATCCTACGATAAA
CTTTCGAACGGTGGCCGAAAGCTCGCAGTTCCACTCAAGCTTGCTAGCGACTCACAGCCTGGCCGATCTCACAAACCATGACTAAGTATCGGGAT
TGTGATCATAGACCCCAAAAACTAAAGTGGAGAACCCTCTTCTCCCTATTTTTAACCGAATGCTTGCAGAGCCGAAAAGGACAAGGCCAAATTCC
AGACCGAAGTCTACGAGCTGCTCTCCCAGATCGAGTCCTACAACAAGGAGAAGATCGTGTCGGAGAAGCACATCTCCAAACTGGAGGTCTCGATC
TCCGAGCTCAACGTGAAGATCGAGGAGCTTAACCGCACCGTTATCGACATTAGCTCCCACCGATCCCGCCTCTCGCAGGAGAACATTGAGCTGAC
CAAGGACGTCCAAGATCTGAAGGTTCAGCTGGACACGGTCTCGTTCTCCAAGAGCCAGGTCATTTCCCAGCTGGAGGACGCCCGCCGTCGCTTGG
AGGACGAGGACCGTCGTCGCTCGCTGCTCGAATCCTCTCTGCATCAGGTTGAGATCGAATTGGACTCGGTTCGTAATCAACTCGAGGAGGAGTCC
GAGGCCCGCATCGACTTGGAACGTCAGTTGGTCAAGGCCAATGCCGATGCCACCTCCTGGCAGAACAAGTGGAACTCCGAGGTGGCTGCCCGCGC
CGAGGAGGTCGAGGAGATCCGTCGCAAGTACCAGGTCCGCATCACCGAGCTGGAGGAGCACATCGAGTCCCTCATCGTCAAGGTCAACAATCTGG
AGAAGATGAAGACGCGCCTGGCCAGCGAAGTGGAGGTGCTCATCATCGATCTGGAGAAGTCGAACAACAGCTGCCGCGAGCTGACCAAGTCGGTC
AACACCCTCGAGAAGCACAACGTTGAGCTGAAGAGCCGTCTGGACGAGACCATCATCCTGTACGAGACCAGCCAGCGCGACCTGAAGAACAAGCA
CGCCGACCTCGTCCGCACTGTCCACGAACTGGACAAGGTCAAGGACAACAACAACCAGCTGACCCGCGAGAACAAGAAACTGGGAGGTGCGTTAC
CATACTAAAAGACTTTCACAATTGTATATTGTAGTTATCATGATATAATATTTAATAATAACCTATTATTAACCAGATGATCTTCATGAGGCCAA
GGGTGCCATCAACGAACTGAACCGTCGTCTGCACGAATTGGAACTGGAGCTGCGTCGTCTGGAGAACGAGCGTGATGAGCTGACCGCTGCCTACA
AGGAAGCCGAGGCTGTAAGTAATCACAAAAAAAAAAAAAAACATACACATAACATTTTTAGTTATAATCCTAATAATTTGTGTAATATTATTTTA
TAGGGCCGCAAGGCTGAGGAGCAGCGCGGACAGCGCCTGGCCGCCGACTTCAACCAGTACCGCCACGACGCCGAGCGTCGTCTGGCCGAGAAGGA
TGAGGAGATCGAGGCCATTCGGTAAGTTACTGACCAGGGATTGGTAACTAGAGTTAACCCCCTTTTTGGAAGTAGCCCCACGCCACTGCACCACG
AGTGACAGCGAGAACAGACGAAGGTTTTCGTTTCCCCTGCCAAAGCGGAAGTCCCAAAAAAAATAAACACCCCTCAAGGCCCCAAGGGGGAAATT
ATTCGATTGATTCGCAATCGCTTTCGCAATTGCCAACACAATTGATAGTGAACTGACCCATTTAGCAATTAGCAATCAGTTTGAGTTCTTTAGTC
GCACAAAAAGCAACGGCATTAGTTTTCTATTCAGGAAGCCAGGCAAAAGATCCTGATCCCACTGAAGGTTCAAAGGCTGAGCTCAAGAAGTGGGT
TATATCCATCTGGTTTTCAAAACCATACCGATTTTTTAAAAATCCGTATCTAATTCTCTGCAGAAAATTGCGCAGTTGCTGTGATTACACAATCA
AAGTGGGTTCATAGTTGAAAATCGAAAGAACCCATTGAGAAAACTTTCGATTTGAAGAGTGGCTCTCCAGCAAGTGGTAGGTTTTTGGATCAATC
ATCAATCGAGTTGGTGGTCAGTGTTAGTCTGTGATTGAAATGATCTTATGTCTTAAGCAGAGATCAGTTCTAGCTTTCTTAAAAACAGATAAGTT
AGGTGTGCATAATGCTTGATCTTAATAGCTATTGTTGATTTTGTAAAATTTTTACACACGTTTCCGGTAATTAAATGATATTGTGAAATCGATAG
AAGTATCTATCTGAACTTGTACAAATTAAAATCGGTTGATTTGGAATGTTCAAATAACTTTACATAAATAGATACAATAACTGAATAGAAAATTG
ATTATATGCACTTTTAGACACTTTCCCTAGTTCCTTAGAGTCTTCCATGACTATTGCATAAAATGTCTTGCTATTATGACATTGTCTATGAGCAC
TTTGCCAAAATGAATCAATCATAGCCGCACACATTGACTGCCAACAAATGATGATAATAATGATGATGGTGATGATGATGTTTATTGTCGTCATTA
TGCTCATACCTAGCCCGATGCCAACAGCTGAAAGAAACGAAATGCAATCTTTTTATAGATTTCGACAAATTTGAAAATTTATTTGCAAAGCAGCA
GCAACTGCCACTGCTGCCAACCGAGGAGAACCCAAGAAACCCGAAGCTACAGAGGCGACAAGGCGACACACAGAGGCGGCGACAATTGTAGCTTT
AATTAGAGTACTCTTAAGAAAACACATTAGGCCATTAGACCATTAGACCATCGCAACCCCCCTTGAGAAATCCGCCCCCCCCTTCACAAAGATCCCC
TTCCTAAACCATGGCCCTAGCCCTAAAACAAAGACCTTCTCGCTTCCGTCCGACGACGACAACGTATGAGGATAACTATGGGTACACCATGAACT
TCTACCAGCCCATGCTGGACTATCTGGACGCCAAGGCCAAGGGTCTGGAGGTCAAGAAGCCGCACCTGCCGTGGGTCAGCGAGAGGGGACTGAAG

CAGTACCGCCCCTCGAATGCGGTGCGACAATATAACGCCGACGAGATCGTCCGATTGTCGCGCACCTGCGCCGCTCGGGCCGACGAGATATTGCT
TAACTTTCGGGCCCAGAAACGCTCGCCGTTCAGTGTACAAAAGTTGGTCGACGCATCGCGAGTGACCAAGCACCTTGAACCGGACACAGTTGTCG
AAAGATCGCGCCAGCGCCGCCGTCGCCGTCAGGAGGAGCTCGAGGATTTGATCAAACGCGACACTCTTAAGATATTGCAGCGTATCCGTAAGATT
GAATTGGATAACGAACTCGACAAGATGTCCGACGATTTCAAGCGCTCGATTCGCGGCAAATCCGCCAGTGCCATCGCCCAGGCGCTGCTCTCCGA
ATCGGAGAAGAACATCAAGACGGCCAAGAAGGAGGAGGAGGACTATATCGCCCAAACTTTAGTGCGCTCGAGTCGTGCAGTTTCGCGTGCCCGTT
CGCGTTCCTCCTCCCCCCTCGATGGCCAGTATCGCGCCCATGCGCTCCACATCGAGCTCATGGACGACCGGCTGGTGGACAAGCTGGACCATCGC
GTCTCCTCGTCCCTTCACAATGTGAAGCGCCAATTGTCGACACTGAATCAGCGCACTGTGGAGTTCTACGCGGACAGCAGGTGCGGTATTGAGGA
TAAGTGCTGGATCTGTCGCAAGGTCTTGCGCACCCATCCCAAGCTCAAGGACTATAGCTACGTGTATTGGAAGCACTAGGTCCAGGTCGATGTCC
CTAATCCCAATTCCTTGCCCAATTCCAGACCCTCTTTTCGCTCATAGCTTCATTCGATATCTTAGATTTCAAGCACAAGGTAACTTAATCTTTTT
TGACCATCCGAAATGTATCTCAAATGTATACCAAAGGATATATTTGTGTTACTGCACACATCGAAGAGGAGAGAAAACCTTTTAAAAATCAAATA
TATGATTTTTAGAGGCCTCTATTTTGCTTACTGTTCACTACACGAAACGGTTCTTTACGAATACTAAAAGACATGGAGTGGTTAAATATATTTAT
CTCGAGATATTAAAAGATCCATCTTCAGAAAGCCAAAAAAATGTGTTAATATCAAGTGGATCGAACTGCGTTTCTCTGTGTACTTTCCCATCCGG
GCAATTTGAATAAATGCGAACATTTTTGAATTGCAGCTCAATTTTTTGTCTGAGCATCCTAGCATCCACCTCCCCCGACCCGGCAATTTGGCATC
TCTATTTGTCTGTTTGTCGTTTCTCGTCTGGCACAAAATGTATTTTTGTTTCAAGAGTTTTTGCAAATCGCGTTCTTGTTTTGTTCCTCTAGCAT
TGTGTCTGTTGTGCAGTCTTCTGAAAATTATTTATACAGAATTATGCGCAGCATATTTGACCACGGCTAATTGCAGAAAATCGCCAGCAATTTGG
TCATTAATTAGAAACTTTGTGGGTGTTTCTTATGCTTCTTGTGTTGGGCATCTAAACAAGCCTTTGAGTGGGAAATATCTTTGTTTTAATTGTGT
ATATAATCAACACTCTTATCTGCCGAATATGTCAAGTTAGTATAATCCCTAAATGCCAAGTTAATCAGAATGCACATATATTCATCACTTTCCCC
TGAAATAACGACTTCTTAGCCCAGTCCTATCATATTTCGCACCCGCACCTTAGAAATTTCGAGGCTGTCAGTCCGATTTGCGCGTAGATGGTCCG
ACCAACTATTTCTTTGGGTTTGTCCTTCAAATCGAGATTTATTTTATTTTCAACTGAAAAGAAAACTGAGGCGCATGACAGCAAAAACAATCACA
AGAAGAGGTGGCGACAAAAAAAAAAAAAAACAGAACAACATTAGACACAGCAAATATTTTTGCGTAAACATTGAAACAATGGCGGTGAAAAATTAA
AATCTAAATGAGAATGCTTAAGCTTTCTACCTAAAACCAAATACCTTGGCAAAACGACAGCAATGGGCACACACACATGATTTTCAGATTAAGTA
ACCAACACAGGGGCTTTTATAAGAAAACTCAACTAAACAAGAATAATCATAGGAATTAGGAAATACTGACTGATGAGGGATTATAATATTGTTAT
ATAACCAGGGAAAAGGAAATGATTCTGCAAATTAAGCATCATTAAGATACTCCTTCCAAACTCAAAAATTGTTAGATACTGGAAATCCATTAGCT
TCCTATGTTTTCGATGGTAATATATTCTATCACCACCTTGTAAAACGACCTATCGCCACTGAAATAGAATTCAGTAGTCATGTTCACTTATCACT
AATTGCAACAGGTACACGACTTTGAATTAAATTAGAAAGTGAATCAGGTAGAGTATCAGAAGTGCAAGCATAACTCAAATTTAGTTGGCATCGCT
GCACCTTCGCCCAAGAATAGACGCATGATGCACTTACCCCAAAAACAAAAACAAAAATGCATTTTAGGGGGAGAAGGAACTAGTCGGCAAATAGC
TTGGCATGTATGTCCCAACTATTTGTGACAAGTTCGATGTCTTTATCATGCGTAAAAATACACCGAAATTCGCGAATGCAGCAGCCAGCGAAACA
ATGAAACATTTCTGACAATGCCAGTGCACCTGAGTTGAGTGGTTGAGTGCTTGGTGGTTGAGTGCCCAACTGCTGAGTGGTGCGAAAAATGTAAA
ATTGTGGGTCAGGCATTGGGGCCAAAAATAGAGCCAGCAATGCGAATCGACGGAGGGTCATTGTGTGGTAAACTGGGGCTACTTCTCGGTATCAA
TTCAATTGATAAATGGTGGAAAAATATGTCAAAGTTCTAATGAATGCATTCAATCCGTAGCAAGCAGACCTCGATCGAGATCGAGCAGCTCAATG
CCCGCGTCATCGAGGCGGAGACCCGGCTGAAGACCGAGGTGACCCGCATCAAGAAGAAGCTGCAGATCCAGATCACCGAGCTGGAGATGTCGCTG
GATGTGGCCAACAAGACCAACATCGATCTGCAGAAGGTGATCAAGAAGCAGTCGCTGCAGCTGACCGAACTGCAGGCCCACTACGAGGATGTCCA
GCGCCAGTTGCAGGCCACCTTGGACCAGTATGCCGTTGCCCAGCGCCGTCTGGCCGGTCTCAATGGCGAGCTGGAGGAGGTGCGCTCGCACCTGG
ACAGCGCCAACCGTGCCAAGCGCACCGTGGAGCTGCAGTACGAGGAGGCTGCCTCCCGCATCAACGAACTGACCACCGCCAATGTCAGCCTCGTC
TCCATCAAGTCCAAGCTGGAGCAGGAGCTCTCCGTGGTCGCCTCCGACTACGAGGAGGTGTCCAAGGAGCTGCGCATCAGCGACGAGCGCTACCA
GAAGGTCCAGGTGGAGCTCAAGCATGTCGTCGAGCAGGTGCATGAGGAGCAGGAGCGCATCGTTAAGCTGGAGACCATCAAGAAGTCCTTGGAAG
TCGAAGTCAAGGTGGGTGTTTGGGTTTTGGGACATCTATCTAACTAATATTTCATAGGGATAAAACTTACTACCTATCTGGTACTATATGACTCA
ACGAACCTTGCAATCTCTCCCGCAGAACTTGTCCATCCGCTTGGAGGAGGTCGAGCTGAACGCCGTCGCCGGCAGCAAGCGCATCATCAGCAAGC
TGGAAGCCCGCATCCGCGATCTGGAGCTGGAGCTGGAGGAGGAGAAGCGCCGCCACGCCGAGACCATCAAGATTCTGCGCAAGAAGGAGCGCACC
GTCAAGGAGGTGCTGGTGCAGTGCGAGGAGGACCAGAAGAACCTCATCCTGCTGCAGGACGCGCTGGACAAGTCCACTGCCAAGATCAACATCTA
CCGCCGCCAGCTGTCCGAGCAGGAGGGTGTCTCCCAGCAGACCACCACCCGTGTGCGCCGCTTCCAGCGCGAGCTGGAGGCTGCCGAGGATCGCG
CCGACACCGCCGAGTCCAGCCTGAACATCATCCGCGCCAAGCACCGCACATTCGTCACCACCTCGACGGTGCCCGGATCCCAGGTGTACATCCAG
GAGACCACAAGGACGATCACCGAATAGAGCCCCACGCTCCGCACCGAGATCATTTCATTATCAAACGCTAACCGAAGAACCGAACACAACCAATC
CCGAACCCATGAAGAAGACCATCTGGCGGAGGGCAGAGTTCAGAGTGCAGGACGAGAACGAGAATTGCGTGAGAAAGTTTTTATAATTTAAATTT
TTTTGTCAAACCCCCAAAACGCCGCGGCAGCGATTAGAACCCAGTGGACTTCGGCGGGGGCTCGTATAGGCTACACACTATAAATACATAACACT
ACACATCCTATCTATATAATAATAATACTATTTTGAAGTTCATGTAATTTAATTAAAATAATGAACCTGAAAAACCTAAAAACAAAATAAAAACA
AACCAACGAAAACTTGGCAGAGTTTTGCTAGCGCTAGAGATATGATATATACCATATACCATATACCACATACGATATATAATACTTGTACGTAG
AGAGATGAGAGAGATCAACCGAGTTGGCTGAACAATAACGTTTAATGGAAATGGAGCCCATTTGAACGAAAAGCACTAAAACTTAATAACTTGAA
ATGGAAATGATAATCGTCACCGAAATATCCCACTAAGCACGCCACCGCAGCATCGAGTTAACCGAGTTACAACCGCTTCTACTATTTGTTTTTAG
TTCACTTTATGTTTAGTAGGTAAATTTCTGTGTGCTCGTAACGAATTTGAATTTTACATTAAATCAGCATCAACAAAACTGAGCAATTTTCACAT
TTTTTACTTTGTATCTTGCAATAAAAACGAAATTCTATTCATAATAATAACAATAAGAAATTGTAAGTGAAATTCGGTTTTACTAATGGGGGGGT
CTTCAAGATTTCAAGAAATGGTGTAGCTGCGAACCTTAGTGGACTTCAAGTAATGAAGTTTGGCATAGCCAACTCAAAGTTTTTGAAGTTTTTTT
TTTAGCCATCTAAAGTTTCATGGCATTCAAAAATAGGCAGAAGTTGTCGGAGTAAACAAACATTCTCATTTGCAAATAAAGATTCGCTCAAGTTT
GGTTTCCCAGCCCAATAAATGAATTTCCATTGATTTATATTGCTTTAAGCTATCACTATTTATTAACACTTTTGGAGCTATACAATCCAAGCTCT
TAGATGGCCACAACACCCAGTTTGGCGTCGGTCTTCAGGTACGCATTCTCGCCGTAAGATCCGCCGTATTGGCTCTTCTTGAAGACTGAAAGGTA
GAGAAGATACAAAAGAAGGTAAGTCTGGGTGGCAAAGCGGTGCTATGAAGTCAATCCAAAATCATAGGATAAACAATATTATCCAGTTAAGAACT
CCATGTTGTAGCTTAGTTTAGGAACCCACCTGGATCGACCTCAGCCACGAAGGAGCGTGGTGGCAGAGCAGCAGCGTATAGCGGGTCCAGAGGGC
CGTAGGGCTTGGCCAAAAGTGGGCGACCCTGCTCCCATCCATAACGGTTGAGGGAATTCCAGTCAGCACCGTCCAGCTTGGCGGCGGAGGCAGCT
GCTCCGGCAGCGTTGGTCAGGGCAGAAGCCTGAGCCTCGGCGGTCTCAGCGGCCTTAACCACATCGCCGTAGCTGGCTCCGTATCCGGATCCGCC
GTAGTTGGGGCGATTGGCCACAGCCAGGGCGACGCAGCAGGCCATCAGGCAGAGAAGACGTAGGGTGGCGGACATTTTTTTTTGGTGGTGGTGCG
AGGAACGGACTGTTTCGAAAACTAATTAACCAGAGCGTGTGTCCAAATTGCTTTTATAGCAACACCATTTGAGCTGCTCCGCGATTTGTGAGCTC
ACCAGACGTGACCAAACC
(SEQ ID NO: 667)

Exon: 1001..1352
Exon: 1984..2040
Exon: 3892..3978
Exon: 4043..4209
Exon: 5865..6736
Exon: 6822..6949
Exon: 7034..7146

Exon: 11461..12076
Exon: 12186..13458
Start ATG: 1230

Transcript No. : CT18593
ACGAAATACTCTTTATTCGAACGACAACGGGATCTCTTGTTCAGTAGATCACCAGCCTTACTCCGACGTTTATTACGAATTTTCTCGGTGACTCG
GTGACAACTACAAAACTGCGTGCGGTGCTGTATAGATTTTCGCTTGAGAGGAACACACAAATCATAATACTAGATACGCGAACCGATCGCACATT
AATTTATAGAACCAAAATCGAAAATCTGACCTAGCAAACATGTCGTCATCGCAGGCTGTCCGCTCCTCGAAATACTCCTACCGTGCCACGTCCAC
CGGACCCGGTACCGCCGATGTGAACATCGAGTACATCCAGGACCTGAGCTCGCTCTCCCGCTTGGAGGACAAGATCCGTTTGCTCCAAGATGATC
TTGAAGTTGAACGTGAGTTGCGCCAAAGGATCGAGCGCGAGAAAGCCGATCTCAGCGTTCAGGTCATTCAGATGTCCGAGCGTCTCGAGGAGGCC
GAGGGTGGTGCTGAACATCAATTTGAAGCCAACCGCAAGCGCGACGCTGAGCTGCTGAAGCTGCGCAAGCTGCTTGAGGATGTTCATCTTGAGTC
GGAGGAGACCACTTTGCTTTTGAAGAAAAAGCACAACGAAATTATCACGGATTTCCAGGAACAGGTTGAAATCCTAACGAAAAACAAGGCCAGAG
CCGAAAAGGACAAGGCCAAATTCCAGACCGAAGTCTACGAGCTGCTCTCCCAGATCGAGTCCTACAACAAGGAGAAGATCGTGTCGGAGAAGCAC
ATCTCCAAACTGGAGGTCTCGATCTCCGAGCTCAACGTGAAGATCGAGGAGCTTAACCGCACCGTTATCGACATTAGCTCCCACCGATCCCGCCT
CTCGCAGGAGAACATTGAGCTGACCAAGGACGTCCAAGATCTGAAGGTTCAGCTGGACACGGTCTCGTTCTCCAAGAGCCAGGTCATTTCCCAGC
TGGAGGACGCCCGCCGTCGCTTGGAGGACGAGGACCGTCGTCGCTCGCTGCTCGAATCCTCTCTGCATCAGGTTGAGATCGAATTGGACTCGGTT
CGTAATCAACTCGAGGAGGAGTCCGAGGCCCGCATCGACTTGGAACGTCAGTTGGTCAAGGCCAATGCCGATGCCACCTCCTGGCAGAACAAGTG
GAACTCCGAGGTGGCTGCCCGCGCCGAGGAGGTCGAGGAGATCCGTCGCAAGTACCAGGTCCGCATCACCGAGCTGGAGGAGCACATCGAGTCCC
TCATCGTCAAGGTCAACAATCTGGAGAAGATGAAGACGCGCCTGGCCAGCGAAGTGGAGGTGCTCATCATCGATCTGGAGAAGTCGAACAACAGC
TGCCGCGAGCTGACCAAGTCGGTCAACACCCTCGAGAAGCACAACGTTGAGCTGAAGAGCCGTCTGGACGAGACCATCATCCTGTACGAGACCAG
CCAGCGCGACCTGAAGAACAAGCACGCCGACCTCGTCCGCACTGTCCACGAACTGGACAAGGTCAAGGACAACAACAACCAGCTGACCCGCGAGA
ACAAGAAACTGGGAGATGATCTTCATGAGGCCAAGGGTGCCATCAACGAACTGAACCGTCGTCTGCACGAATTGGAACTGGAGCTGCGTCGTCTG
GAGAACGAGCGTGATGAGCTGACCGCTGCCTACAAGGAAGCCGAGGCTGGCCGCAAGGCTGAGGAGCAGCGCGGACAGCGCCTGGCCGCCGACTT
CAACCAGTACCGCCACGACGCCGAGCGTCGTCTGGCCGAGAAGGATGAGGAGATCGAGGCCATTCGCAAGCAGACCTCGATCGAGATCGAGCAGC
TCAATGCCCGCGTCATCGAGGCGGAGACCCGGCTGAAGACCGAGGTGACCCGCATCAAGAAGAAGCTGCAGATCCAGATCACCGAGCTGGAGATG
TCGCTGGATGTGGCCAACAAGACCAACATCGATCTGCAGAAGGTGATCAAGAAGCAGTCGCTGCAGCTGACCGAACTGCAGGCCCACTACGAGGA
TGTCCAGCGCCAGTTGCAGGCCACCTTGGACCAGTATGCCGTTGCCCAGCGCCGTCTGGCCGGTCTCAATGGCGAGCTGGAGGAGGTGCGCTCGC
ACCTGGACAGCGCCAACCGTGCCAAGCGCACCGTGGAGCTGCAGTACGAGGAGGCTGCCTCCCGCATCAACGAACTGACCACCGCCAATGTCAGC
CTCGTCTCCATCAAGTCCAAGCTGGAGCAGGAGCTCTCCGTGGTCGCCTCCGACTACGAGGAGGTGTCCAAGGAGCTGCGCATCAGCGACGAGCG
CTACCAGAAGGTCCAGGTGGAGCTCAAGCATGTCGTCGAGCAGGTGCATGAGGAGCAGGAGCGCATCGTTAAGCTGGAGACCATCAAGAAGTCCT
TGGAAGTCGAAGTCAAGAACTTGTCCATCCGCTTGGAGGAGGTCGAGCTGAACGCCGTCGCCGGCAGCAAGCGCATCATCAGCAAGCTGGAAGCC
CGCATCCGCGATCTGGAGCTGGAGCTGGAGGAGGAGAAGCGCCGCCACGCCGAGACCATCAAGATTCTGCGCAAGAAGGAGCGCACCGTCAAGGA
GGTGCTGGTGCAGTGCGAGGAGGACCAGAAGAACCTCATCCTGCTGCAGGACGCGCTGGACAAGTCCACTGCCAAGATCAACATCTACCGCCGCC
AGCTGTCCGAGCAGGAGGGTGTCTCCCAGCAGACCACCACCCGTGTGCGCCGCTTCCAGCGCGAGCTGGAGGCTGCCGAGGATCGCGCCGACACC
GCCGAGTCCAGCCTGAACATCATCCGCGCCAAGCACCGCACATTCGTCACCACCTCGACGGTGCCCGGATCCCAGGTGTACATCCAGGAGACCAC
AAGGACGATCACCGAATAGAGCCCCACGCTCCGCACCGAGATCATTTCATTATCAAACGCTAACCGAAGAACCGAACACAACCAATCCCGAACCC
ATGAAGAAGACCATCTGGCGGAGGGCAGAGTTCAGAGTGCAGGACGAGAACGAGAATTGCGTGAGAAAGTTTTTATAATTTAAATTTTTTTGTCA
AACCCCCAAAACGCCGCGGCAGCGATTAGAACCCAGTGGACTTCGGCGGGGGCTCGTATAGGCTACACACTATAAATACATAACACTACACATCC
TATCTATATAATAATAATACTATTTTGAAGTTCATGTAATTTAATTAAAATAATGAACCTGAAAAACCTAAAAACAAAATAAAAACAAACCAACG
AAAACTTGGCAGAGTTTTGCTAGCGCTAGAGATATGATATATACCATATACCATATACCACATACGATATATAATACTTGTACGTAGAGAGATGA
GAGAGATCAACCGAGTTGGCTGAACAATAACGTTTAATGGAAATGGAGCCCATTTGAACGAAAAGCACTAAAACTTAATAACTTGAAATGGAAAT
GATAATCGTCACCGAAATATCCCACTAAGCACGCCACCGCAGCATCGAGTTAACCGAGTTACAACCGCTTCTACTATTTGTTTTTAGTTCACTTT
ATGTTTAGTAGGTAAATTTCTGTGTGCTCGTAACGAATTTGAATTTTACATTAAATCAGCATCAACAAAACTGAGCAATTTTCACATTTTTTACT
TTGTATCTTGCAATAAAAACGAAATTCTATTCATAATAATAACAATAAGAAATTG
(SEQ ID NO: 668)

Start ATG: 230

MSSSQAVRSSKYSYRATSTGPGTADVNIEYIQDLSSLSRLEDKIRLLQDDLEVERELRQRIEREKADLSVQVIQMSERLEEAEGGAEHQFEANRK
RDAELLKLRKLLEDVHLESEETTLLLKKKHNEIITDFQEQVEILTKNKARAEKDKAKFQTEVYELLSQIESYNKEKIVSEKHISKLEVSISELNV
KIEELNRTVIDISSHRSRLSQENIELTKDVQDLKVQLDTVSFSKSQVISQLEDARRRLEDEDRRRSLLESSLHQVEIELDSVRNQLEEESEARID
LERQLVKANADATSWQNKWNSEVAARAEEVEEIRRKYQVRITELEEHIESLIVKVNNLEKMKTRLASEVEVLIIDLEKSNNSCRELTKSVNTLEK
HNVELKSRLDETIILYETSQRDLKNKHADLVRTVHELDKVKDNNNQLTRENKKLGDDLHEAKGAINELNRRLHELELELRRLENERDELTAAYKE
AEAGRKAEEQRGQRLAADFNQYRHDAERRLAEKDEEIEAIRKQTSIEIEQLNARVIEAETRLKTEVTRIKKKLQIQITELEMSLDVANKTNIDLQ
KVIKKQSLQLTELQAHYEDVQRQLQATLDQYAVAQRRLAGLNGELEEVRSHLDSANRAKRTVELQYEEAASRINELTTANVSLVSIKSKLEQELS
VVASDYEEEVSKELRISDERYQKVQVELKHVVEQVHEEQERIVKLETIKKSLEVEVKNLSIRLEEVELNAVAGSKRIISKLEARIRDLELELEEEK
RRHAETIKILRKKERTVKEVLVQCEEDQKNLILLQDALDKSTAKINIYRRQLSEQEGVSQQTTTRVRRFQRELEAAEDRADTAESSLNIIRAKHR
TFVTTSTVPGSQVYIQETTRTITE*
(SEQ ID NO: 669)

Name: PARAMYOSIN, LONG FORM
Classification: motor_protein
Gene Symbol: Prm
FlyBase ID: FBgn0003149

Celera Sequence No. : 142000013384548
ACATAATTTCCTGCACCATCGAATTGGCTACTCTATTGTAATTGGCTGAGCTCCACAAAACTTCTTTATGCATAACATTCGAGCGTGAATTTGGT
TTAGTTATAACGTTACTCGATATATCCTATAACTATGAATAGTATTCCATGTAAAATTGCTCCTTGTTTTTGGTAATACATATATGTAAATTGTG
TATATTTCGAATTTATTTTTTTCCAAAGATTCATTTTATGAATTCTCATGCTCTTTGGTTTAATTTAAAGAATAAACTTGAACAATTTACAATAA
AAGTCAAATAAGCTTATTTTGATATTTTTATGTGGGCTTAATTTACTTTGTGCCCACTGTAGAACAGATGCAACCAGGTGAACACAGAATATCGC

TTATCGATAACTCAGCCCTGTTAATATTTGTCTGCGAAAACAGCTGTGGCTATTGTCTGTTAACTCGCTTAGTCTATTTATTTAACTAAATACCA
TGTCGAATATTTCAAGTGTGGCACCACCTCCTCCCCCACCACCCATGATAGTCACTCCTAGCACACCTGCTACCACAAAGGAACGTCCAGTTGGG
GACAATATAACCACCGATGAGTGCACTTGGGCATGTGAGTATCCTGAGGTGCAGAAAGGATGCTATTTAAGTCGCGTCTGCCAATATACACCACC
GAAACACTGTCAATACTACTCCGTAAACAGCATAGTGCAGGTGAGTTAGAAAACAATAAAGATTTCTCAGTTTGTTATTCGATAACATATGTATG
TGCACCGAAGGTGGGACCTACTTGTGGCTTAGTGGCCCTCAGCATGTTGCTTGGTGGCAGTCCCACGGCAGATGATCTCCTCAAGGATGCAATCG
ACCAGGAGTATACCCTTAATGGTGAACTATTTAGTGCTCAGTATTTGTTTGAACTGACCCGGAAGCATATGCCAGGACCTGCTGCGTGTCAGTTG
CATGTAGGTCCTTTGGACTGCAAAAAAGTCAAGGAACTTTTAAAGGCCGGAGGCTGCCTACTAGTGCCGTATCCTTTTTCAAAAATATTGCCATT
TAAACCCGGGTTGAGTTTGGTATTCCCCTGCATTTAAAGCCGTTGGCGCCTAACAGCACTTGTAAACGGTGAACAGCACACTGTTGTCTGGCAGT
GTTGTAAAACTCGCGGTAGTTCAGTGGTGCAACTTATAAACAGCGTTTTGTGTTTCGCAAAATAATATACAATTTTCAGTCAGTAAGTAAACGAG
AAGTGCAAATACTTTTATTAAATGGCCGACGAAACAGAGCAGGTATGTGTAAGAATAAAAGCGAAAAGGATATTCTCTATATTCCGTACTTGCAG
CTCAGTCAGGTGATTTTGCCGGTAAAGGAGCCTTTGGATCTCATCCGATTGAGTTTAGATGAGAAGGTGTACGTAAAGATGCGCAACGAGCGGGA
ACTGCGAGGACGTCTTCACGTGAGTTGATGCCTCTTTTTACTGTTGCCCAGCAATCTTTCAATATACACCTTTATCTAGGCCTTTGATCAGCATT
TGAACATGGTGCTCGGCGATGCGGAGGAGACGGTGACCACTGTGGAGATCGACGAGGAGACCTATGAGGAGGTGTACAAGACCGCCAAGCGCACT
ATTCCCATGCTATTCGTTAGAGGCGATGGAGTCATCCTGGTTTCGCCACCCATGCGGGTGGGCTAGCGGGTCTTGTTTAGCTTTAAATCAATTAC
CTGCATTTATACAAGCTATATCTAAATAGGTTTATAAATGTCTTTTAAAAAAAATAATGTCTTGTTTAATTTTTGCTTACTATATAAATATATAA
AAATCTTTTCTATGGGTTGTCCTTAATCAATTGTAATTTCAAAAGCTACGATGCCGATGTAAACCATGCGCCATGCGTTAAAAATGGACACCGAG
CCCATTGGGCTTTGATTGTAGGTTATCTGGTGGACACGCAGGACCGGGTGAGTGGAAAAAGCTAGGCATATTAAGACCAATATTAATGTATAAGC
CCTTCCGCAGTTTTATGTCCTGGCTCGTCATGGTAAATCTCGTAACCTAGCCGTTTGGCCACTGGACACGCTCAGCCAAAGCAACGAAAATTTAA
AAGAGTTTGCCCAACCCAAGGGCTACCCAGATGATGAGTTTCTGCTGCCACCGGGTGGAATCGGTGGATCTCTGGGCCTCAACGAGCGCTGCATT
CTTGTCAACGGGCTGCCAAAGCAGGTGATTCATGTTCGCTGGTCCTAAATATATGTGCATCGAAATATTTTCAATAAAAAAAACCTTTTTTAATT
ACGTAGTTAACTTTAATATATTTAATAGTACAGTTATAAATTACACGCCTTACAATATTTCACTTCGCAACGCAATCAACGCACCTCGAACTCCT
TTCCATCATTCAGTTCAAACGGGGAGAGAAACACGCAGAGTTTTCGTATTTAATCGGTTCGCAACTACTACGGGGACACGAATGCGATTTTAGGG
GGAATAGAATATAATATACAATAATGATATATCGAACTTTCATTTGGTTTAGAGCCAGCTGTGTATAAATTTATGTATACAAGTATAAATTTACG
CTTTTCCAACATCCGCTAATAAGACTGGGCTGCCTTGAAATTTCAAAAATCACAACAATAAGAGTAGTACACATGGTTTTGTATATATGGTAGAT
AAGATAGGTAACTATATATAGTATGTTTTGTATATAATTTCACACACAGATATTTTTCTGATTTAGGTAGTACATAGACGACGGGCTTGGGTATA
ATGTCAAATTTTTGTCAAGTAGATTTAGTATGCTGCTGTACTTTTAGGTTCATTTGATAGTTGGCCAAACGGGAGCGGCGATTTTGAGATCATGG
GGCCTAATGCTCCCGATTGCTTGGAAACTGTCGGTTAAAGAATATATATATATTTTATTATATATGCTAGTACATGCCAACAGGCAAGAGCAACG
TGTCCATAGAAATTTTTGAAACGGCAACTACAAAGTTTGGTTTTAGTTCTAGAACTTCTTGTACAGGATATTTTGATACGCGTTGTTCATCTCTG
ACGAGTTTATAATTACTTTGAGCATACCATTAAACTAGTTAGTGTCTGTTTGTCTGTATGTGTCTGGTTGCGGGTCGAAAGTATCTCTGATAAAT
TCACAAGTTGCGTGCGAAAATGAACTGAACTTAAATGAACGTTACAGGCTAACGGTTTATTAACTAAAAATTTACAAATACTAGTTATAAATAAA
TTA
(SEQ ID NO: 670)

Exon: 1001..1277
Exon: 1327..1444
Exon: 1505..1672
Exon: 2006..2233
Start ATG: 1409

Transcript No. : CT18597
AGGCTGCCTACTAGTGCCGTATCCTTTTTCAAAAATATTGCCATTTAAACCCGGGTTGAGTTTGGTATTCCCCTGCATTTAAAGCCGTTGGCGCC
TAACAGCACTTGTAAACGGTGAACAGCACACTGTTGTCTGGCAGTGTTGTAAAACTCGCGGTAGTTCAGTGGTGCAACTTATAAACAGCGTTTTG
TGTTTCGCAAAATAATATACAATTTTCAGTCAGTAAGTAAACGAGAAGTGCAAATACTTTTATTAAATGGCCGACGAAACAGAGCAGGCAGCTCA
GTCAGGTGATTTTGCCGGTAAAGGAGCCTTTGGATCTCATCCGATTGAGTTTAGATGAGAAGGTGTACGTAAAGATGCGCAACGAGCGGGAACTG
CGAGGACGTCTTCACGCCTTTGATCAGCATTTGAACATGGTGCTCGGCGATGCGGAGGAGACGGTGACCACTGTGGAGATCGACGAGGAGACCTA
TGAGGAGGTGTACAAGACCGCCAAGCGCACTATTCCCATGCTATTCGTTAGAGGCGATGGAGTCATCCTGGTTTCGCCACCCATGCGGTTTTATG
TCCTGGCTCGTCATGGTAAATCTCGTAACCTAGCCGTTTGGCCACTGGACACGCTCAGCCAAAGCAACGAAAATTTAAAAGAGTTTGCCCAACCC
AAGGGCTACCCAGATGATGAGTTTCTGCTGCCACCGGGTGGAATCGGTGGATCTCTGGGCCTCAACGAGCGCTGCATTCTTGTCAACGGGCTGCC
AAAGCAGGTGATTCATGTTCGCTGGTCCTAA
(SEQ ID NO: 671)

Start ATG: 360

MRNERELRGRLHAFDQHLNMVLGDAEETVTTVEIDEETYEEVYKTAKRTIPMLFVRGDGVILVSPPMRFYVLARHGKSRNLAVWPLDTLSQSNEN
LKEFAQPKGYPDDEFLLPPGGIGGSLGLNERCILVNGLPKQVIHVRWS*
(SEQ ID NO: 672)

Name: LSM3; U6 core snRNP protein
Classification: RNA_binding

Celera Sequence No. : 142000013384321
CTGTTTGCGGCTGGTTAACTGAGTGGGTGTATTGGCCACATCGTAGTCCAGCTCATCACCAGTTTGCTTAAGGCTGTGATACAGGAACTTGGACA
GCAAATTCTTTGTTTGCAGCGCCTCCCGGGACCGCTCCTTTAGGCAGTAGTTGTGCTGTGTATCTCCATAGGTCAGGACGTGCTCCAGAATAAAG
GATCTTAGCCACTTCCAGTCGTCATCCGCCTTTCGCAGCAGATACTTCTGGATGTCGAACTCATCCAGGAGCAACGTGTTGCCCACCTTGTGCAC
AACCATGCTGATGGCGCTCTTCGCGCTGTAAGGCAACTTGAGTAGCTGCTTGATATTCTCCGCGTCGCTGACCACATCCACCTCTCCCACGCAGT
CCGGAAACATCTGGCCCAATCGAAAACTGGCAAAGCCAGCACTTTGGTAGAGGGCCTGGTGTAATCCATGACTGCTGTGCGACGTTGTCAGCCAG
TTGAGAGGCGGAAGATTCAAGTTGGTGTTGCACTCCAGCCGCTTGAAGTGGGCTGGCACTGGAACGGGAGACAACTTAATCACCGCCTGGCTTTT
TACGACGTCCAACTCATGTGGTCCAATACTCCTGCACGGTTCAATCTATCGAAAAACATGTGTTATTTATTTAAGCTTCTTTGCGCACATTCTTA
CTTCTTCGTTTCTATCTTCCATTATTGCGCTCGCTCATTGGTAACTCCCTGAAAATCCAATCCCGTGGAATATTCAAGAAACTTTCGAGCAGATG
TGTTTTTGTTTTGCCGGCTCAGCTGATAGCTGCCGCAGTTTTCCAACACCGGACCAGACCGGCGCTGCCAACTTAGTGCCAGCACAGTTGCATGG

GATCAGGTAGACTTCAAAACCTCTACAATTTATAAGGGTTTAAACTAAGTTTCAAGACTAATTATATATGGCATACAATAAACCTCATATTTAGT
TATTCAATACTTCCAACACACTTTTGCTCTCTAGATGATCGAAATGAAACTTACAATGAAATTTCTTTCAGTGGTAGCTCAAAATTTAAGCATAA
TAATTATTTCAAAAACTATGTGAAAATATAACTGTGGGAAACCGTCCCCTCTCCTACGCCACTGGCCAATTCCAAGCTGATGACTTTCTGATGCT
CGTTATCCAGCACTGGTATATTATTTTGTTTTCCATTCAGTAACACGATTATCACAAACTGTCGCAAATTTTCCCGAATTGAATACAAATCTGAC
ACAAAAGCATGACACTGTTTGCCCTCATCGCCCTGCTCAGCCTGCTGAACACAATCCTGCCAGATTTCATAAGGAACTACGTGAGTACCATCCGC
AAGAGAAAACCCCAGTGTAGAACCTTATCCTGACCTGCAGCTCAAAGTGTCGCGGTTGTGGGGCGTAAGGAACTCCGCGGAAATTCGGCAGTTGC
AGACAGAACTGGACGATGCCCGGAAGCAAGTGGAGGTGGTCAGCAATGCGGAGCATTCCGGAGAGTACGCCAGGACCATCAAAATTATGCGCGCC
GAGCGTAAAGTATCAGAGGCGGAGGCGAAACTGAAATCTGCCCGGGGAATGGAGAACTTCATGCGGATAAGCATCGATACGGCCATGTTCTACGG
ATCTAAGGTGCTGCTCTCAGCAATAACCGTGTTTATCAGCATCCGGAATCGTGGAACGCCCGTCATGATCATCGATGAAGCGATCAGCCTGGCTC
CGTTCACAGGACTTCTTAGTTTTCCTACTGGCGTGGCCAATGCCATTTCGGTGCCCGCCTGGGCATTCTCCTGCAACCTGACATTTCGACTCATC
TACGGCTTTGTGAAAAATCGTGGGGCGTGATTCCATCCGAGCGAAATCCCTCCATTTCATTTAGCACTTAGAAGGCGCTCGAAACTATGTACTTT
GTTATGGTTTGCTAAGCTTCATCATGCATTGACTCTTGAATGTAAAGGCCCAATTTTATGTAAGCACCACATCAAATAAATGTATTTTCAGACAA
GATTCAGTTTGAATCACGCGCCTTGGTCTAAGGGTGTTTTCCATCACTGCTCGTAAACATAGTGTTGCGCTGTGCTCACTCTAGATGAGTGCGTG
TCATTTTCCCCATCCAATTTGTTTGGTGTTTTGTTAGCCGAAATGGACAAACTAAATGAAAATGCTCGACAGCGGAAGCAGATCAAGCTGGGAGA
GATCGACACGGGCCCCATTATAGTGGCCCTCCTGCTAGGCTTCATTGCAGTGGGTGAGTCCGCCACGTGGAGTTCGCCTTTTGCCCCAGGGAGTC
TCACCTGATGTCTATAATCCCGTTCACACGTTTTCTCTTTTAGCCATATTTGTGATCCTGCGAAGACGCTCTGCTGGTCGCAAGGACTTTCTGCT
TACTGGGCTCAGTGAATCCGGCAAAAGTGCCATCTTCATGCAGCTGATCCACGGCAAATTCCCGGCCACTTTTACTTCCATCAAGGAGAACGTGG
GAGATTACCGGACGGGCAGCGCGTCTGCCAGGTTAGTGGATATACCCGGACATTATAGGGTGCGCGACAAGTGCTTGGAGCTATATAAACACCGT
GCCAAGGGCATTGTCTTTGTGGTGGACTCGGTTACTGCCCACAAGGATATCCGGGATGTGGCAGAGTGAGTTTTCAATTAATGTACAACCTAGAT
GCGGTGCTAATCTTATTGGTTTTCCAGCTTTCTGTACACCATCCTATCAGACAGTGCCACACAACCCTGCTCTGTGCTAGTCCTTTGCAACAAGC
AGGATCAAACCACCGCCAAGAGTGCCCAGGTCATTAAAAGCTTATTGGAGTCGGAACTGCACACAGTGCGCGACACCAGAAGCCGCAAACTTCAA
TCCGTGGGCGACGAGGATGGCAGCAAATCCATCACATTGGGCAAGCCAGGCCGTGACTTCGAATTCTCACACATCGCACAGAATATCCAGTTTGC
GGAAGCCTCCGCCAAGGACACTGAACTTGATCCCCTCACCGATTGGCTCGCTCGGTTGCTGTGAATTGGGCACACAAGGCTCTCAGACTGATAAA
AAACTGGAGTCCTGAAGGAAAGAATGCGGAACAAAAAAACAACAGATTGATATTTATTTTAACGTTTAGCGCTCTGAATGTCGTATTTATTATGC
TAAGCCGATATACACCGCTGAGTATAAATCCGTGCATTGTTAAATATCCTCTTTTCCCATCCTTTGCCTTCCACCTATTTTCCCGTCTAATTTTA
GGTTATTGTGGAAATTTTATATACTTTTAGCATTAATTTGTCGGTAGATAAGTGATAAAGTCATTTATAAACCGATTAAAAAGAAAAAAACCCAA
ATAAGATTTACGAGTTTTTAAAAGCAGGTTGTGGGATCAGCAAAGGCTCCAAATAATAGCATGCTGGGGGGCTTAAATTTATGTCGTACATGTTT
TTCTTTATTTTTAAGAAATGCCGCCAAAACTGAGTTTAGTTCATTGACTATCGATAGCACAGATATGTTTAACTTTTTAGTTCAATTTTCAAACA
CAATTATCTGGTGGCGCCATTGTTTAGGCATGTAAAATTTTACGTAGCAGTCATGTAGAATTAGCACAACCTTATTTTTAAAATATAGCTTAGAA
TAATAAGCATTAAATAATTTAAAGCTCAGAAAAAAATACATGTTTTGAAATTCTACATAAATTGGCTATAATAAAAATTTTTTTAATGTTATAAA
AAAATGGAAAAAGTACAATTAACATTGAGAGTATAAATATTTCTTCATTTGAGTAAGGCTTCTATGAAAAAGTTCGATTTATATATATGTTTATA
TCTACAGCAACAATTCGCTTCCTTTTATTTCAACAGCTGTATCTAATTTGATTATCACATGACCGAAATTCATGAAAAAGGGGTTTTGCTCAACT
AGCAGTTGGCAAAGCCATATTTTTGACCAACTGTCCCAGAAACGAGGATTATTGTTAGATCGCTGAGCAAACGTTTGGCGCATGCGCAAGCTTTC
AAACCTTTTTCGCGATTTG
(SEQ ID NO: 673)

Exon: 1001..1315
Exon: 1371..1824
Exon: 2080..2238
Exon: 2324..2630
Exon: 2688..3009
Start ATG: 1244

Transcript No. : CT18686
TTACAATGAAATTTCTTTCAGTGGTAGCTCAAAATTTAAGCATAATAATTATTTCAAAAACTATGTGAAAATATAACTGTGGGAAACCGTCCCCT
CTCCTACGCCACTGGCCAATTCCAAGCTGATGACTTTCTGATGCTCGTTATCCAGCACTGGTATATTATTTTGTTTTCCATTCAGTAACACGATT
ATCACAAACTGTCGCAAATTTTCCCGAATTGAATACAAATCTGACACAAAAGCATGACACTGTTTGCCCTCATCGCCCTGCTCAGCCTGCTGAAC
ACAATCCTGCCAGATTTCATAAGGAACTACCTCAAAGTGTCGCGGTTGTGGGGCGTAAGGAACTCCGCGGAAATTCGGCAGTTGCAGACAGAACT
GGACGATGCCCGGAAGCAAGTGGAGGTGGTCAGCAATGCGGAGCATTCCGGAGAGTACGCCAGGACCATCAAAATTATGCGCGCCGAGCGTAAAG
TATCAGAGGCGGAGGCGAAACTGAAATCTGCCCGGGGAATGGAGAACTTCATGCGGATAAGCATCGATACGGCCATGTTCTACGGATCTAAGGTG
CTGCTCTCAGCAATAACCGTGTTTATCAGCATCCGGAATCGTGGAACGCCCGTCATGATCATCGATGAAGCGATCAGCCTGGCTCCGTTCACAGG
ACTTCTTAGTTTTCCTACTGGCGTGGCCAATGCCATTTCGGTGCCCGCCTGGGCATTCTCCTGCAACCTGACATTTCGACTCATCTACGGCTTTG
TGAAAAATCATGAGTGCGTGTCATTTTCCCCATCCAATTTGTTTGGTGTTTTGTTAGCCGAAATGGACAAACTAAATGAAAATGCTCGACAGCGG
AAGCAGATCAAGCTGGGAGAGATCGACACGGGCCCCATTATAGTGGCCCTCCTGCTAGGCTTCATTGCAGTGGCCATATTTGTGATCCTGCGAAG
ACGCTCTGCTGGTCGCAAGGACTTTCTGCTTACTGGGCTCAGTGAATCCGGCAAAAGTGCCATCTTCATGCAGCTGATCCACGGCAAATTCCCGG
CCACTTTTACTTCCATCAAGGAGAACGTGGGAGATTACCGGACGGGCAGCGCGTCTGCCAGGTTAGTGGATATACCCGGACATTATAGGGTGCGC
GACAAGTGCTTGGAGCTATATAAACACCGTGCCAAGGGCATTGTCTTTGTGGTGGACTCGGTTACTGCCCACAAGGATATCCGGGATGTGGCAGA
CTTTCTGTACACCATCCTATCAGACAGTGCCACACAACCCTGCTCTGTGCTAGTCCTTTGCAACAAGCAGGATCAAACCACCGCCAAGAGTGCCC
AGGTCATTAAAAGCTTATTGGAGTCGGAACTGCACACAGTGCGCGACACCAGAAGCCGCAAACTTCAATCCGTGGGCGACGAGGATGGCAGCAAA
TCCATCACATTGGGCAAGCCAGGCCGTGACTTCGAATTCTCACACATCGCACAGAATATCCAGTTTGCGGAAGCCTCCGCCAAGGACACTGAACT
TGATCCCCTCACCGATTGGCTCGCTCGGTTGCTGTGA
(SEQ ID NO: 674)

Start ATG: 244

MTLFALIALLSLLNTILPDFIRNYLKVSRLWGVRNSAEIRQLQTELDDARKQVEVVSNAEHSGEYARTIKIMRAERKVSEAEAKLKSARGMENFM
RISIDTAMFYGSKVLLSAITVFISIRNRGTPVMIIDEAISLAPFTGLLSFPTGVANAISVPAWAFSCNLTFRLIYGFVKNHECVSFSPSNLFGVL
LAEMDKLNENARQRKQIKLGEIDTGPIIVALLLGFIAVAIFVILRRRSAGRKDFLLTGLSESGKSAIFMQLIHGKFPATFTSIKENVGDYRTGSA
SARLVDIPGHYRVRDKCLELYKHRAKGIVFVVDSVTAHKDIRDVADFLYTILSDSATQPCSVLVLCNKQDQTTAKSAQVIKSLLESELHTVRDTR
SRKLQSVGDEDGSKSITLGKPGRDFEFSHIAQNIQFAEASAKDTELDPLTDWLARLL*
(SEQ ID NO: 675)

Classification: enzyme
Gene Symbol: BcDNA:GM04779
FlyBase ID: FBgn0028478

Celera Sequence No. : 142000013384548
CTGGGTAAGACAGTCGAGAAAAGCTACCATGGCAGCATCAAACTTGGTGTCCCAGAAAAACTTAAATCCGCCGCTGCCATAAAGCGGGAGCTCTC
GATTCTCGCCGAGCACCTCAACATACGAATGATTTCCAAAGGGTACTACACGATACCGCTCGAAGGTGAGCCCTATCTTACGAGCAAGCGCAGAG
AGCAGAAGCACCGTCTGGCCCCAAGCGGCGTTGATCTCTGACCAGTCCACGGATACAGAGGGCAATCGACCCAGCCTAAAGTTATTAATGGTACC
GAAATGCCCGGCATGCCAGATGTGAAAGGTGATGTTGAATATGTTGGTGTCGCGCAGTTTGTCCAGCTGCTGTTTCGAGTAGGCGATCTGACACT
CCAGACTTCGTTTGTCATCCTCGGTGAGCATTAGCTCACGCCTGTGCTTGGTATACTCGCGCCAGTAGCTTTCCTCCTGCTCGTGCAGCTCCTCT
CGCTCCTGTTCCTCCTCGGCAATGGCATCATTTAGCGATTGTTCCTCCTTTTTGAGCTCTTTTAGCTCCGACAGAAGCTGTTGCTCGCTGCGCTT
TAGTTCGTCGAGCTCCTTGTCCAGGGCCTCAACGTTGGGTGCTACACGCTGTTGCTCTAGTTCATCCAAATAAGCCTTGTACACATCCCACTCGT
CCTCAGCGATGCGCAGTTCCCTGTCCATGATTTCCAGCATGGAGTCGGCACACTCTTCGCACAGCGGATGGTCAATCTCAGAGTTGGAGGAGAGG
CAGTCAAACAGCTCCGCTTTCAGCTTAAAAGCAGCACTCATTTTCTTGTTGTCCCTGCCATCGGAAACCAGCATAAAACCAGTGCCATTTATAGA
GTCCGTAAGCCTGTAGGGCGGCACAAAGTGGTCGAAGCTGCTGGCGTCCTGCGGGTCCAATGTATTGCCATTGTCTCCGTAGATGGGCACTGAAA
AAGTGATTTATTAGACTAATTTCCAGAGTGTATCACCCATCATCACCTACAAGATAACTCCGCCATTGCGTGCACGCTAATCTTCTCCAGCTGCT
CGTCCAGGACGATGGGCTGCAGGCAGCGCTGACAGGCGAAGGACACCGCCTGCTTTTCCGCCTCACTCATTGTCGTTCCTGTTTGTTGTCCTTCG
ATTTTTGCATACAATTAAATCTTTCACCGAGTGTAAAAACACAAATAATCCATCAGCTGTTTGCAACTGCTACCAGAGTTGCCACCCCCTCCGAA
AAAGAGTGTGGAAAAATGGCGCAGTTAATCGGACAGTAAATCGTCAACCAACAACAACCTGAGACAGTAAAAAAGAGAGAAATAACAGAAAACCA
GTTTTAAACAATAACATTGCCTAATTGTGTCCGCCGGAGATGCTTAAGCGTGCCGCGAAGCTGCAGGCCTTGACCACAATTCCCGCTGATAAGAG
AGAACTCAAGGGGTTGGCTTTTGGTTTGTTTTGGTAAGCGACAGAACATTAGACGGAGTGCCGTCGCCAGTGCTGCCAACCTATTTTAGCTATAG
CAAATATTTCATAGTAGCAAAGAGGTAGAACCCAAATACAATTTTTATAAATAATAGTTTATAGTTAGCGAACGGACTAAAAGAGAAACCTGATA
TCGAACGACTTATTATATTTTTTGTTAACTCAATTTTAAACTTACTCCAGCGTAAACCATACTTTATAAATAGTTTACCAAAAATGATAGCACAA
GTGCCAGAAAGCTATTCACTTCATTTTTAATTTGATTAGGTAAATTGTGCGAAGGAAGTATTTAAAAAAATGTGAAATGACGTACTAAGCACCCC
ACATATAGACTAAGAATTAAAGGTTAAGGACATTGACTTTCGCAATCTTTGTATTGTAGTTAAGCCACAAGCATTGATAAGCAAAGAAATTGTAA
GAGTGAAATAAAATCATAATAAGATGAATTAATTAAAGTAGAGAAACTGATAAAGACTTGCACTTGAAGCTGACACATGTGTTTAATAACTATAT
AATTGCTAAGGGAAATTTTGTTTTTGAAAAGTTTCCGTTATCAAGCTCGAAATTTCTAGCAATGGGGCAGCACGAAATTTGCCGCTGTAAATCTA
GCTTTCAAAACCTGGCAGCACTGTCGGTGGTCACATTGTAGCCTCTTCGCATTTGACGACCCATGGAAAACTTTCAGTCTCTTGCAGGCAGCACA
GCGATACGGAAGCAACAATTGAAACGTCCAGAACTCCTCCTCCCACGAGTATTTAAATTCTGACACAAGAGTGCCTGAACCAAAATCCCACTCAC
CGAATGCTGGTGCTTTGATTTGCAACTGTTCCTAGGTTCCGGCTGAATCCCTAGATTTGCGGATCTACGCAACTCATTCACTCAAAAGCCAGCCG
AATTTATCGCGCCAGATTAAACAAACAGAAACAAAAAACAGAAGCCGAGACCAGTTCCACATCGTGCCATTTTTATCTGGGCATATAGGCAGACG
TGATTACGTGATTAGTGCGGCTGGGGCTGCCGTTTATCAATAGCGAGAGCAACAATGGTTTCCTACTTCGTACCTCGTGGCCGCTTCCTGCTGAA
GGCCGGCAATCTCAGACAGGTGGTGCAGCAGCAGCATCAGCCGGCCCAGCTACAGCTGCAGCCCATTAAAGGACCACAGCCGCAGGCTCAGAATG
CCAGTCTGCCGGTGGCCCGTCACTTGCGCCAATTCTCCTCGAATCCAGCCTCCAAGGAGGCACCATTACACCACCGGCGCCCGCAACATAAACAA
CAACCGAATCCTAGTCAGGAGTTAGCTCAGATTCGGCGCAATATACTCTCACGGTGGACGGGCTTCCTGTTGCGTTGGGCTCCCATGGGCATCTG
TGTGTTTGGCGCCATCGAGTGGCAGTTGCAGAAGAACCGCTGCGAAAAGGAAGGAAAACCTCGGACAGCGTCCGAGCTCCAGTCGCGCATTTACT
GCTCCCTGCCACTGCGCATAATCAGCCGTTGCTGGGGCTGGCTGGCCGCTTGCTACTTGCCTCCCAGTCTGCGTCCCTACGTCTACGGATGGTAT
TCCAACACGTTTGATGTTAATTTGAGCGAGGCCATGTATCCGGAGTATGAGCACTACAATAGTCTGGCTGAGTTCTTTACCAGGCCACTTAAGGA
GGGCGTTCGTGTCATCGATCAGCAGGCTCCACTGGTCTCCCCCGCCGACGGTAAGGTTCTACATTTTGGCAGCGCCTCGGACTCGCTAATAGAGC
AGGTCAAGGGTGTTAGCTACAGTATCGAGGACTTCCTTGGCCCGCTGGAGACTGTGGAGCAGGCAAATTCCGGTGCCTCCTATGCCCAGGCCCTC
AAAAAGAAGAGCGATGGTTCTACGGAGCTGTACCAGTGCGTGATATATCTGGCTCCCGGAGATTACCATCGATTCCACTCTCCTACCGCTTGGAA
GCCCACCATTCGTCGTCACTTCTCCGGCGAACTGCTGTCCGTGAGCCCCAAAGTTGCCGGCTGGCTGCCTGGTCTGTTTTGCCTCAACGAACGTG
TGCTGTACATGGGCCAGTGGAAGCACGGATTCTTCTCCTACACCGCCGTGGGTGCCACAAACGTGGGATCCGTCGAAATCTACATGGATGCCGAT
CTGAAGACGAACCGTTGGACTGGATTCAATGTCGGCAAGCATCCGCCCAGCACCTACGAGTACGATGAACTGGTCTTGAACAAAGAACTAACAGA
AGCGCCCAAGGAATTCGGCAAGGGGGATCTGGTGGGCCAGTTCAATATGGGCAGCACCATAGTCCTGCTCTTCGAGGCGCCAAAGAATTTCAAAT
TTGATATTATCGCCGGTCAGAAGATCCGCGTTGGCGAGTCCCTCGGCCACATCGTCGGCTCCAAATGAAAATGGGAGCCACAATTATGTACCGAA
TCAGTGCAAAGTCCTGTCCCCCAACTGCTCAGATCACTTGTTGTATTAGCATTAGACGCTCGTGTCCTAGGCAAATGTATTTTGTGAACATCCTG
CGAAGCTAACTCTGTGTATTGTTGCCATTTCAGTAGTTTTAAGCTATATTTTATACAATAAACGTCGAAATTATATTTGAGAACAACAACAGCAC
CATCCATCAATTAACTCATTCAGGCACGCGCTTCTGAAGTAGAACACCGATTGTTGAGGTGGGGCGTTATCAGGGAACGTTTTGATAAGAGATAC
CAGGCTGAAACGCAGTCGTTGAACCCCTCGTTGCTGAGGATTCAGAAAGACTAAGTCTGTGTCTGTAGCCAGCTTATCGGGCCAAATAACGCTCC
GGGGGTCCACACTCACCTCCTTTTGCGGAGTCCACGCTATCAGTGAACCTGAAAATGAAGCAAAACCTTTTTGGGCTAGACAAGCGCGTGCCGCT
GCCGACGACAAGATGACAAGTCGTCTATGCCTTGCGCCACCCAGTGTTTACTTTAGCGCAGAATCCGGGATCGCAATCCATTCCGTTTAATTAAT
TCAATCAAGCCCGGACGCCGGGAATCTTGTTCGTTGAACTTATCAGGCGGTGACGGGTGATTTGGTTCCTGGCCTTGACACACACACTCCACGAA
GTCCGTGAGTGTTAATTATTCGCCATGGCAACCGATTTGATTGCAAATCGAGCATCGGCTTAAGGGCAATCACTAAGGGAACTTCGAATATGGCG
CCAACAGTGCTGTAAATGTTTAAATAAAAGTATAAGTCGTGGAATTGCCACTCTTTAAAGCTATTCGTTGTGAAAAAAAAACATAAGGAACTTTT
ATTTTGGCATATCACGCCATATTCTTATCAAATAATTTTTTTTCGGTTTAATTTTAAAAATTCGCGCCAACTCGATAAATGAACGTTCAGTTAAA
TTCACCTCATTGTACAAACGAGGTGAACTGTGTTAAACAGCTGACAGCCGGCATTCATTTGTTGTTCTCTGTGATTTTACGTAATATTGGTATTT
ATTCTGAATATAATTGTTTATAAAGCACATTAAAATGATGATGCGACACTGTATGATGGCCTTGAGGGTCGCTAGATCCCAGATCCCGTTCAGCA
CTGCCAGGAATACTCAGAGCAATCTCCTCCAACGTT
(SEQ ID NO: 676)

Exon: 1001..1458
Exon: 2121..4071
Start ATG: 2525

Transcript No. : CT18825
AAGATAACTCCGCCATTGCGTGCACGCTAATCTTCTCCAGCTGCTCGTCCAGGACGATGGGCTGCAGGCAGCGCTGACAGGCGAAGGACACCGCC
TGCTTTTCCGCCTCACTCATTGTCGTTCCTGTTTGTTGTCCTTCGATTTTTGCATACAATTAAATCTTTCACCGAGTGTAAAAACACAAATAATC
CATCAGCTGTTTGCAACTGCTACCAGAGTTGCCACCCCCTCCGAAAAAGAGTGTGGAAAAATGGCGCAGTTAATCGGACAGTAAATCGTCAACCA

ACAACAACCTGAGACAGTAAAAAAGAGAGAAATAACAGAAAACCAGTTTTAAACAATAACATTGCCTAATTGTGTCCGCCGGAGATGCTTAAGCG
TGCCGCGAAGCTGCAGGCCTTGACCACAATTCCCGCTGATAAGAGAGAACTCAAGGGGTTGGCTTTTGGTTTGTTTTGTCACATTGTAGCCTCTT
CGCATTTGACGACCCATGGAAAACTTTCAGTCTCTTGCAGGCAGCACAGCGATACGGAAGCAACAATTGAAACGTCCAGAACTCCTCCTCCCACG
AGTATTTAAATTCTGACACAAGAGTGCCTGAACCAAAATCCCACTCACCGAATGCTGGTGCTTTGATTTGCAACTGTTCCTAGGTTCCGGCTGAA
TCCCTAGATTTGCGGATCTACGCAACTCATTCACTCAAAAGCCAGCCGAATTTATCGCGCCAGATTAAACAAACAGAAACAAAAAACAGAAGCCG
AGACCAGTTCCACATCGTGCCATTTTTATCTGGGCATATAGGCAGACGTGATTACGTGATTAGTGCGGCTGGGGCTGCCGTTTATCAATAGCGAG
AGCAACAATGGTTTCCTACTTCGTACCTCGTGGCCGCTTCCTGCTGAAGGCCGGCAATCTCAGACAGGTGGTGCAGCAGCAGCATCAGCCGGCCC
AGCTACAGCTGCAGCCCATTAAAGGACCACAGCCGCAGGCTCAGAATGCCAGTCTGCCGGTGGCCCGTCACTTGCGCCAATTCTCCTCGAATCCA
GCCTCCAAGGAGGCACCATTACACCACCGGCGCCCGCAACATAAACAACAACCGAATCCTAGTCAGGAGTTAGCTCAGATTCGGCGCAATATACT
CTCACGGTGGACGGGCTTCCTGTTGCGTTGGGCTCCCATGGGCATCTGTGTGTTTGGCGCCATCGAGTGGCAGTTGCAGAAGAACCGCTGCGAAA
AGGAAGGAAAACCTCGGACAGCGTCCGAGCTCCAGTCGCGCATTTACTGCTCCCTGCCACTGCGCATAATCAGCCGTTGCTGGGGCTGGCTGGCC
GCTTGCTACTTGCCTCCCAGTCTGCGTCCCTACGTCTACGGATGGTATTCCAACACGTTTGATGTTAATTTGAGCGAGGCCATGTATCCGGAGTA
TGAGCACTACAATAGTCTGGCTGAGTTCTTTACCAGGCCACTTAAGGAGGGCGTTCGTGTCATCGATCAGCAGGCTCCACTGGTCTCCCCCGCCG
ACGGTAAGGTTCTACATTTTGGCAGCGCCTCGGACTCGCTAATAGAGCAGGTCAAGGGTGTTAGCTACAGTATCGAGGACTTCCTTGGCCCGCTG
GAGACTGTGGAGCAGGCAAATTCCGGTGCCTCCTATGCCCAGGCCCTCAAAAAGAAGAGCGATGGTTCTACGGAGCTGTACCAGTGCGTGATATA
TCTGGCTCCCGGAGATTACCATCGATTCCACTCTCCTACCGCTTGGAAGCCCACCATTCGTCGTCACTTCTCCGGCGAACTGCTGTCCGTGAGCC
CCAAAGTTGCCGGCTGGCTGCCTGGTCTGTTTTGCCTCAACGAACGTGTGCTGTACATGGGCCAGTGGAAGCACGGATTCTTCTCCTACACCGCC
GTGGGTGCCACAAACGTGGGATCCGTCGAAATCTACATGGATGCCGATCTGAAGACGAACCGTTGGACTGGATTCAATGTCGGCAAGCATCCGCC
CAGCACCTACGAGTACGATGAACTGGTCTTGAACAAAGAACTAACAGAAGCGCCCAAGGAATTCGGCAAGGGGGATCTGGTGGGCCAGTTCAATA
TGGGCAGCACCATAGTCCTGCTCTTCGAGGCGCCAAAGAATTTCAAATTTGATATTATCGCCGGTCAGAAGATCCGCGTTGGCGAGTCCCTCGGC
CACATCGTCGGCTCCAAATGAAAATGGGAGCCACAATTATGTACCGAATCAGTGCAAAGTCCTGTCCCCCAACTGCTCAGATCACTTGTTGTATT
AGCATTAGACGCTCGTGTCCTAGGCAAATGTATTTTGTGAACATCCTGCGAAGCTAACTCTGTGTATTGTTGCCATTTCAGTAGTTTTAAGCTAT
ATTTTATACAATAAACGTCGAAATTATATTTGAG
(SEQ ID NO: 677)

Start ATG: 863

MVSYFVPRGRFLLKAGNLRQVVQQQHQPAQLQLQPIKGPQPQAQNASLPVARHLRQFSSNPASKEAPLHHRRPQHKQQPNPSQELAQIRRNILSR
WTGFLLRWAPMGICVFGAIEWQLQKNRCEKEGKPRTASELQSRIYCSLPLRIISRCWGWLAACYLPPSLRPYVYGWYSNTFDVNLSEAMYPEYEH
YNSLAEFFTRPLKEGVRVIDQQAPLVSPADGKVLHFGSASDSLIEQVKGVSYSIEDFLGPLETVEQANSGASYAQALKKKSDGSTELYQCVIYLA
PGDYHRFHSPTAWKPTIRRHFSGELLSVSPKVAGWLPGLFCLNERVLYMGQWKHGFFSYTAVGATNVGSVEIYMDADLKTNRWTGFNVGKHPPST
YEYDELVLNKELTEAPKEFGKGDLVGQFNMGSTIVLLFEAPKNFKFDIIAGQKIRVGESLGHIVGSK*
(SEQ ID NO: 678)

Name: PHOSPHATIDYLSERINE DECARBOXYLASE PROENZYME
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384303
AAATGGCGACCAGGGTCTGTGGGGCTCACCAGATTAATATCAGGGTGGTGACCACATTGAGGATCAGTCCCACGATGGTAATGAGATTGGGGGCC
AGCCAAAGGGGCGTCTGGGCGACCAGCCAGTTCCACCACGGCTGCAGCAGCGGATCGAGCAGGCTGACACTGAAGCAGGAGTACTTGTGTTCGCT
GAGCTTCCTCAGCTGCTGGGCACTCAGGATGTGCTTGTCCCGGTAGGCGAGCAGCGCCATTTTCCCCCACCTGGTTACGTCGTCCGATTCCTGCG
TCGTCGCGCTCTCCTCACGCTTTTCACTTTTCACTTTCCTCTGACCTAGCGCTTTTCCCTCGCGCGCATTTGTGTACGTGTACTTGACGTATGCG
CGCGTGTGCGTGTGTGTCCGTTTGTGTGTTCCGCTTTTCCTGGCTATTTTCACACGTGGAGCGCGATGCTGGCGCAACTACGAAGCGCGTCTATGA
TTTGCGTTTATCAACTGCGGCGTGGTCAGTTTTACGATCGCTTGGATGCGCACGGAGTATCTGCACTTGTATGTTTACTTAGAAAAATTAACTTA
ATTGAACGACCGTGCCGTGGAGTTTTTTTTTCTTATTGCCTATGACCAGTGTGACCGCGATTGTGACTGCAAAATAAACCATCTGCGCTTGCAAT
GAAATACCAGAAAAGAACGATGTCCATTTGCGATAACACATAGCCCAGACTCAACCCAATTTAACAGCAGTCTTGGTGTTCTCTGTTAGTTGCAT
TTTGCGCACAGCTATTTAATATCTTAGCGATATTGTTTGTGCAACTTAAAAAAAATAAATTTTCAATATTGAAGCAACTCAATTAATGACAATTT
TGTATAGACTAACAATGACACGATCATTTGCTCTGTTAATGTAACATCAACATTTGCAATTTCCTGTTAATAGCCCGTTATAAGTCTTTTACTAT
CGGTCGTCTATCGATATCGGCCTTTTAGCCGCCCATTCAAATTCAAATGTATATATCATAGTTTATTAGATAAATCAGTTTGTTGCTTAAACTAC
GTCCTCAACTTAACATACCGTATGCAATGTTTCATTTGTGTATTCGCTTGTTAGTTAATATCTAAACCTTGTCAATTGCCTGCTTTATTGTTACG
ATTAGAATTTATGTTTAAATATGCGGCTACTACTGGTTCTGGGCCGGGAAATGCTCGCCAACGCCTGCAAATATGCTCAAAAAGTACAAAACTGT
CGTGCGTCCAGCTGCTGGCCAATATAAATTGCGGCTTATGTAAACTATGGCCTATCAAAAGTTATTTTTGATGTGTTGTTTCCATGAGGCATCGT
CGTCGTGTTTCTTAGTTTGGTGGATATTAGGAAAATGTATAAATGTATTTGCTTCGATATATAATATTTATATATAGATAAAAAAATAGGCTTAA
AATGTTTCGTTTTAGCATTTTGTTGTTGTTTAAATTACTTTATATTGGCAACTCTCATTACATTTGTTAATGCATATAGTTATGTAGTTGAAAAA
CGCTCGAACGTGCAACTATTTCGCTTTGCTGATGACAAAAATGGTTACACACAGCACACTCAACCAATTATATAAATAGTAGTAGTAATAATTTA
TAGCACAATATGATATAGCAGCAGTTTGAAACTTTTTACACATGTCACAAATGTTTTCTTCCCGTTTGCAAGATTCATTTTTCGTTCATGGAGTT
TTTGTGGTCAGAAGACAGAGTGCAAATTATAATTACTGACAATTTTCAACTTTAAAGCGAAGGGACAAAATTTCACATAATCAATTTACAGTCGC
CGCAAAAGTTGCATGTGCAGCCGAGGCCTAATATCGTTCAATTTGCATTAAGAAGATACATATTTATTTATAGATGCGTGCATGTATGCATATAG
TAACCAGCGATGCAAAAATTAATTTAATTTATGTGGTAGGCATTTACGATAATATAATATAAATTTTGTTTTAATTGTCTTCAGCTTTGAGACAT
TTAGGCAAAAGTTTTCTTTTCATAGTGAATTTGTTTTGTTTTCTATAAAACGTGTTAAGCATTAGGTTGGTTGGTTGGTAATTCGTTATCATATA
ATCATAATAATATAAGTGTTCACTCGCTGCGAAACGCACTCCTTGAAAACATCAAAACATAAACTAAAGAGCACATGTAGGGCAAAATCCTCAAC
ACACGTTCAAAAGCACAGGACAGAACTTCTCTTTATCGAACTTAAATTATATATTTATATCAAAAATCCGCTTGTTTACAATAATAATAATAGTG
CCTGGTCTGGTATGTAGACATACTTGCATATGCCTATAGTTGCGGTCAAGATTGTAGCAAGTGAGTTTCGTCCTCTGTGCGGAAGGATTGCAAAG
GAAAACTCCGATCAAATGCCTTTTTCTTCGGCCGCAGCTATAAATACACAAATAAATTTACATATCTAGTTTAAAGTGTCACTCAGTTGCTATTA
AACGATTTCGTAATGTTATCGTAATGTAATTGTTTTATCAAAAAACGTCAAAACGTAAAAAATGCATTCGGCTTAAAGGCTTAAACTTGTGTTGT
TCTATACGTTGTCTACAGAATTTATGTCCACGTTTCTTGTATATAAATATTTAAAATTTGTGTTTTTTAGTTTCTTCTTGTTGTTATTCGCAATT
GCTGATAATGCTGCCTAATCGTTATGGGTGTGTGTTGTGTTTTTCGCGTTTCCCGGAGAGGATTGTGTGTGGCGTCCCTCCTTAGAAGTTATCTT
ATTATGAATGATATGGCGTCACATAAGTTGCTGGGAAGATGCCTTTCCTATTGCCGATCTCGCCGTTCCACCAGTTCTCATCGGAGCGATCTGTG
ACGGTGATGACATCGCCGCGTCTGAAGTCCAATTCCCCGGATTCCTGTGGCACAAAATCGTACAGCGCCTGCACGAGCATCTGCAATAAAAAAAA
TCGTTCGGACATAATGAATCCAATCTAATACTCTTGGCATCGCTGTTTGTTTATAGTTCAAATGGGTGGGCGGTGGCGGCGGCATCGTACGCAAA

CATGACCTCAATGTGTTATGCGAAATTTGTATTTTTAAAATGAATCTGCATGTTTGCTGAGCAAACTCATCACATCAAAATGGAATGGAATGGAC
GGCACACCCACCTCTTCAGGTATCATATCACGCAATTTGACATCCTGCGACCGGGACACGCTCGCCGTCCGATGATATTCGACCAGTTCGTTGAG
GGAGTTGAACTTGACCACCCAGAGGAAGAATTTGCTTTGGGCATCGCGCAGAACCTTGAAATGCTGAACGCCATCGGGGCATCTGAAGGGGCAAA
GAATTTCGATTATATACGGTTTTCAATCATAAATATGAAAGCTGAAGCCATTCAAGCGCAACTCACTTGACTGATAAGGAGAAATCGCCGGGACT
GGATTCGCTGATGCGTATCAAGAAGGCGCCTTCGTGCTTATTTGACAGCAGCTTCTCAGCATCGGCGCGTGTGATGCGTCCGTAATACCAGCTAC
AATAGAAATGATCATTATTTGGGTCTCGATATTGGAAATTTCAGGCTCGACTTACTCGTGATTCTTCATTTCTATGTAATTACTAGGTATGAGGC
CTTCCTTTCCATCCAGCTCCGCGCGATACCAATTTGAATCGTCTTCCATATTTAATATCTGTGTAAAAAGAAGGGATGTAAGTTAATTTAAGCAA
TACAAATCAATGGGTTTGTAAATGTAATGAACCATATTTTTGATTAAATAACTAATAAAGAAAGCTTGATTTGTGGAAAAAAGGATCTTAATGGG
CATAAAATTACCTAAATCTTCTACCCCTGCCTAATAAAACAATCATATATTCAGCTTCATGAGGCTGAGTTAAATGTTAAATATGTTCTTTGGTT
TTTCCATGAAGTTATTAAAACCGGAGCATCTGATTTTAATTCCCATTTCTCACGAAACCAAAGTACCAGCTGCACAGTGAGTAATCCGATCCCCG
AAAATTTGTTGTAAGAACCTGCCTCCGTTGTTTCCATTTTGAGGGCCACTCCCCTTTAATCCCAACCCCCCCAGACAATGGCGATCAATCGAGAC
ATTCTTCCGCTTTGTTTATTGGCGACTGGCCCGATTCCCCAGTGGATTCGATGAACAGTTTTCAATTGTTTGTTGATTGAGCGTTGTCCCAAAAA
ACTGTGTCAGTGCGCAATCAGCGAAGATAGGCTTATGGTTTGGTATGAAACGTACATATTTATCTATTATCTCCACTATTCTCATATCTTTTTTT
TCTTGCGAAACGCTAAAAATAGGCAAGCATTATGGCCGCGACATGTGATAAGAATGTTAAGTGAAACGGAGCACTCACTCGAATGGACGAATTTC
ACTTTTGTCTATCTAATGAACTTTTTCCTAGCCCATTTCGCATGCCAATGACACAACAACAGGCTGCTGCCTACGTAATCATCGACTACTTTTAT
GATATCTTACGATTGACAGCCGAAATTGAAGATTGTCTATCTGCAAAGGTCTCGCCATTTGCTTGGCCACTGGGAATTCCCAGATTCGAAGGTGC
TGAGTTGAGCTTTTATGAATGAATCTCGTCGCTTATGACGGCGCCCAGCAGCCTTCAGTTTTCGGAATCTGTTTGCTTTTCTCAAGGAAATCGGT
TGCACAAATACCCAGGAAATGTGTTTATTGTGCAAAGGTCAGGATTTCGACTTTTAGTTAAGTCTTAAGTAAAGCATATTCCTATCTTTATGGAT
TTCTGCCATTTTTCCCTTGAGCAGTTCAGTGTTTATTTGGTAGCTTTGTTGTTTTCCAATATAGCTTGTTCGTCAAGTCGGAATAATGGAATGGC
ATTCAAATGAGTCACCCACAAAAAAAACCCCTGTTGATACTGTGTAGTTGAGGGTTGGTTACTTTTCTGAAGTTGCAACTTGTAATTACCCCATG
AATGTCTCATCGTTAATTATACACGCTACTAACATACGAGGTTAATAACAAACATAATACCTTAACCCACAGATCGATTTCTTGTTAATTAAAGA
TACAAATATATATATATAAATATGAGATATATCATATTCGATTCGTATAATGATGTTTCGAGTTTTTTGGTTACATTTTCGCACGTCGGAATGTG
GAGGGGATTTGGGTGATGTGGAGCTGGAGGTGGATGGGGTGTCAATGTCGTTTCCAGCTTATGTAAAACCCAATTATTGTGCTCACTGTTGGCTG
TGGCAGTGGGATTTTGCCCGCTCAGCTGGATCTGGCCGACTAATTGGCATAGCTCCATAGTTCTAATCCACCCCGCGATCACCGACCATCCCGCC
CGCATCTGTCACCCAGACATTGTTCATCGTATATTTATTTTATTTTTAGATTGTTTCATTCATTGAAAACAGCCGCCGAGAAATTCATTTCCACG
GATTCGTCGTCTATTACAGAAAGTTTTCTCGCCGCTCAGCACTGGGAAAAACCAGAGGGTTTAGAAATAATATAAACTTAAATATGCTGAAATGC
TTCAAGAACATAAACTTTCCAAGTATTCCATGATCGCATATTTATTTTCCCAACTGCATAAGGAAGTGCACCATTTTTTTTTCAGTGCAGGCAAT
GTGCAATGTGCCTGTTGGATAATGCATAAATATTTAGCGGCGCTTTCGGAAGGCAGGCACGTAGTGGCCATGATTGTTATTATCAATTGTTTATA
CTCGTATGCTTATGTAATTACTAGAGAAAAAATTCTATTGTCGTTTCGGAAATCCGACGCTGAAAAAAGTGTCAAAGCAACACGAACGTTCACTT
TTCGCTGTTTTCGCGACAAGCGAAAGTTGAGCACAGAATCCCATTTCGTGTGTTTCACATTGTTATGATAAAACGTGGCCACTTTTGGTGCCCAC
ACAACAAGGCCGTTAGAATTGGAGGCATTTTTTTTTTTGGAAAATGGAGCTCCAAATATCCAAGAAATACGCTGACCTGTAAACCAGTTTTCTGG
AAAGAGAACGAACCCCAATGAAATGTTTGATGATTCACAGCGCTCCTCTCTCTATCGCCTTCTATGCCTGCTGTATGTTTGCTGGATTGGGGCAT
CTTTTCAGATAAGGCTATCGAGAAGTGACTAATCGCTGGCAAACAAACAAATGCGCTGGGAGTTCGAACAGATATGCGTAACATACATATCTCCA
ATGCGAGATAATCGTGTATTTCTATTTATCCCCCGCATCAATGGAGCCCAGAACTATGGGCTATTAAACGAACTATGACTATCAGTGCGGATTGT
TTACCCATTGATAAGACCGTGCAGCTGGACAGAGGGCTCATCTACGGCGTAGAAGCCCCTCTAATGGACGGGAGCAGCGCACACACTTGACCTTC
GGGCGGCGATAAAGAAGCCTCTTCGGCGAGTCATTGACACCATCAATCAGCAGCAGCGGCAGCAGCAGCAACAAATGCTGCAAATGCAGCGGCGG
CATATGGAAAAGAGGCGCAAAAAAAAGAGGCACAAAAAGGGAGAAAACCTGCCACGGGCCTGGGTTCCTGCTGTGACTAACCTACGACAAGGTAG
ACACACAGCAACGAAAATCAGCTTACATCGCGCCCTGGCAACAAGAAACCGGAAAATTCGCCAGCCAAAACAAAGGGTTTGGCCTAGGACAGCCA
GCCAGCCAGCCATCGAGCCAGTGAGCCAACACAAACACAAACACCTGGAAGGAAGCAAGGCGGCGAAAAAGATCGAATCGCAGCCTGCCAGCAGC
CTTTTTCTTGGCCAGAAAAGCCAGCGAATACAAGCAACACGGGTAAGCATCGGATGTCCCCCACAAAGTTCCGCAAAGTCAAAGGGGGCATCGAA
TATATCATCACTACAAACTGTTGGAATTGTTTTTCTAAGCATTCGGAAGAAAACGAATAAGGAAAGTTGAAATAGTATATATACTATAGGAATGC
TAACAATAAATAAGTTCATTCAAGGAAACACAGTGAAAAATGCTAGATTTGCAAAGTATAGTATATAGATTAAATCATATATGCATGTTTATAGC
TTTAGAAACCCCCTCCTCACATCATTTTTTAAACTTACTTTGTAATGCTAATCACAACTATATGCAGATTAAATGGGGTCAAAAATATGGTCTTG
ATAGATTTGAAGTGCAGTTGAGAAATGAAAAAATGTAGAGTAGAATGTACAATATTTCAGTATGTGATGCTTCACAAGGATTTTGTACTGATAGT
GGAATATATTTGACTGAATCTTTTCGTTCTAGTAAGAGTATTCGGGCTGCGGTGGCTAATGAGTCGTAATCCTTTCGTGTTGCCTTCTGCGAATG
CACCTTTTGAAACTCTTTAGCCAGCTTTTGCGACTGCTGTCTGTTTGGTCGCGATTTAGTAACAAAATCTGTCTGGGGATTGAACCTAGGATGTG
GGTTAAGGCAACGACCTGGACGGCGGCAGCTGCATCGCAGCGGATTATGCATGCAGGACCTGCCACGTCCCCCTGTGCACCCCCTTACACCCTTG
CGTGCCCCCATTCAGTGTGAAGTCTATGAATAAATGCAGATATTATGATTTGAGGTGGGAATTGATGATTTTGGAACAGCACTCACCTTTAGAAT
CTGAGTTTTGCGAAAACTCAGCTCGTCGTCAGCCGTCGCAGAGAAATCGTGTTTGGCAATCGCTTCCATTTTGCTGTGTTGTTTTGTGCGCAGTT
AGAAAACGCTTTCGGAGTTTGTTTTAAAATTTAGTTGCAATTGTAGTTTTGGATTTAGTTCTATCAGCCTTGATGCACCACACACGCACACAC
AGAGGCACAGACACACACGCTCGTTCTCTGCTCTTTCTCTCTAACTCTCTTTGAATTTCTCTCTCACTCACTACTCAGTGCTGTGGAAATGAAAA
CGAAACGAGACGAATCCGCGATTAGTTAGCGCACATTATATAAACGATAAATCATGGATATTCGGCAGTGCGCTTTTCTCAGTTCGGTTAATAAT
AATATATCTTGTGCGAAGGCAAGGGAAGAAAGCGATTAAAAATACACCGACGACGACGACATTCCCAGGCGGAGCAGCAACAGAGAATGAACACA
GACACGAGCCGCTCTCTCCACGGCGGCCACTGTGTGGGTGTGTGTGCGTGAGCGTGGCAGCGTTGCCAGCAGCTTGCGATTTGGAATTTCGGGGA
AAAGCAGGTACCGCAAAAGCAATTAGACGATGTTTGGCTATTACTTGTTGTTATGCGAAGTAATTTGCCTTAAATAATATGAAATGTGTCGCTTA
GAACACAATTAACATTTGGCAATCTAGGGCGTGGGTGCTTGCTGTTGGCAATGCTGCCGCGGTGACGTTGTTGTTTGTTTTATTTTTTGTAACCC
CAATAAACACACACACACACACGCGGCGCTTATATTTCTATATGCGTAAGTTGCGGCTAACTATTTTCGAGTCTCTGGCACGTGCAAAGAG
GCCGCCGGGCTTACAATTTCAÂAGGGCTAGGGTGGCTGCAAGCTTAAGCGACACTAATTAGGCGCGGGAGCGGTTTGGCTAACATATTACTACTG
CTAAATTTGTAATTCACTTTTATTTTCATAGCAGCGTGACCGTGGCCGGGTCGCTTTATTATTCCAAGAAAATATACTGAACACAACACTGTGGG
AGAGGCATACCGCAGGGCTTTCGTAGTTTTCCTTCACCTGGTCACACCGCAAGACGCTTCGCCATTTTAAAAATCAAAACAGGAGACGCTTCGCC
GGAAAAGTCAGCATTACGTTTCATTCCCAACCGGACACTTCAGTTTGACTCGCCCATCCGTCACAGCAGTCGCCATGCAGCGCCACAAGGAACTG
TACAAGGAGCAATCGCTGGTGCTGAGTCCGCGCAATCACTGCCAGGAGAACAGGGATCGGTTGCAGGCGGCGCGCGCCAAAAAACGAGAGGATTG
TTTTTATCAGAACCGCATCATCAGCGTGAGCCCGACGCCCGTCAAAATAAAGCAATTGGCGGCGGCCCAAGCTGCTCTGACCCAGGAAAATGTGG
CACCCAAACTGGAGAGTCCGGAGCGGCTGGACACGAAGCCCGCAGAACTGCTGAAGGAATCCAACCCGAAGGTCTCCCGCCAGAAGCTCTACTTA
CAACGCTACATGGAGTGGAAGATAGCCAAGACCAAGGAGCATAAGCAGCAAGACCAGAAACGTCGAGGCGCAGCCATCAATGTGCCGACAGTAAA
ACAATCAAAGGCCTTGCCCAAATCACAAACATTTCGGGTTCCCGATAATCTGGCTTCTGCAAAGCAGAAGGAGGCGGCTCCCATGTTCCAGCCTC
CCAAGCGGTGTTCTCTCTACATGATTGCCAATCCGACGGGCAAGGGAAAAGCCGCAGAACCGATTAAACCTTCAATACCCAAGCCAACGTCAGCA
GCAGCTCCTCCGTCATCCAATACCGTGGCTGCATCTTCCGCCTTGGCCAGGCATAAATCAGCTGCTTCTGCAACAAAAATAGTGCCTGCAATTCG
TCAGAACAACAATCCAGTGGCCTTGGCCAGGCAAAAAGCAGCTGCACGACCCATTCCCAACACAACGAAGCAAACTACCAGTGTAAGGCAGCCT
(SEQ ID NO: 679)

Exon: 8594..8470
Exon: 7870..7592
Exon: 3668..3571
Exon: 3511..3392
Exon: 3312..3147
Exon: 2930..1001
Start ATG: 7669 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT18920
CACGGTCACGCTGCTATGAAAATAAAAGTGAATTACAAATTTAGCAGTAGTAATATGTTAGCCAAACCGCTCCCGCGCCTAATTAGTGTCGCTTA
AGCTTGCAGCCACCCTAGCCCTTTGAAATTCACTGAGTAGTGAGTGAGAGAGAAATTCAAAGAGAGTTAGAGAGAAAGAGCAGAGAACGAGCGTG
TGTGTCTGTGCCTCTGTGTGTGCGTGTGTGTGGTGCATCAAGGCTGATAGAACTAAATCCAAAACTACAATTGCAACTAAATTTTAAAACAAACT
CCGAAAGCGTTTTCTAACTGCGCACAAAACAACACAGCAAAATGGAAGCGATTGCCAAACACGATTTCTCTGCGACGGCTGACGACGAGCTGAGT
TTTCGCAAAACTCAGATTCTAAAGATATTAAATATGGAAGACGATTCAAATTGGTATCGCGCGGAGCTGGATGGAAAGGAAGGCCTCATACCTAG
TAATTACATAGAAATGAAGAATCACGACTGGTATTACGGACGCATCACACGCGCCGATGCTGAGAAGCTGCTGTCAAATAAGCACGAAGGCGCCT
TCTTGATACGCATCAGCGAATCCAGTCCCGGCGATTTCTCCTTATCAGTCAAATGCCCCGATGGCGTTCAGCATTTCAAGGTTCTGCGCGATGCC
CAAAGCAAATTCTTCCTCTGGGTGGTCAAGTTCAACTCCCTCAACGAACTGGTCGAATATCATCGGACGGCGAGCGTGTCCCGGTCGCAGGATGT
CAAATTGCGTGATATGATACCTGAAGAGATGCTCGTGCAGGCGCTGTACGATTTTGTGCCACAGGAATCCGGGGAATTGGACTTCAGACGCGGCG
ATGTCATCACCGTCACAGATCGCTCCGATGAGAACTGGTGGAACGGCGAGATCGGCAATAGGAAAGGCATCTTCCCAGCAACTTATGTGACGCCA
TATCATTCATAATAAGATAACTTCTAAGGAGGGACGCCACACACAATCCTCTCCGGGAAACGCGAAAAACACAACACACCCATAACGATTAGG
CAGCATTATCAGCAATTGCGAATAACAACAAGAAGAAACTAAAAAACACAAATTTTAAATATTTATATACAAGAAACGTGGACATAAATTCTGTA
GACAACGTATAGAACAACACAAGTTTAAGCCTTTAAGCCGAATGCATTTTTTACGTTTTGACGTTTTTTGATAAAACAATTACATTACGATAACA
TTACGAAATCGTTTAATAGCAACTGAGTGACACTTTAAACTAGATATGTAAATTTATTTGTGTATTTATAGCTGCGGCCGAAGAAAAAGGCATTT
GATCGGAGTTTTCCTTTGCAATCCTTCCGCACAGAGGACGAAACTCACTTGCTACAATCTTGACCGCAACTATAGGCATATGCAAGTATGTCTAC
ATACCAGACCAGGCACTATTATTATTATTGTAAACAAGCGGATTTTTGATATAAATATATAATTTAAGTTCGATAAAGAGAAGTTCTGTCCTGTG
CTTTTGAACGTGTGTTGAGGATTTTGCCCTACATGTGCTCTTTAGTTTATGTTTTGATGTTTTCAAGGAGTGCGTTTCGCAGCGAGTGAACACTT
ATATTATTATGATTATATGATAACGAATTACCAACCAACCAACCTAATGCTTAACACGTTTTATAGAAAACAAAACAAATTCACTATGAAAAGAA
AACTTTTGCCTAAATGTCTCAAAGCTGAAGACAATTAAAACAAAATTTATATTATATTATCGTAAATGCCTACCACATAAATTAAATTAATTTTT
GCATCGCTGGTTACTATATGCATACATGCACGCATCTATAAATAAATATGTATCTTCTTAATGCAAATTGAACGATATTAGGCCTCGGCTGCACA
TGCAACTTTTGCGGCGACTGTAAATTGATTATGTGAAATTTTGTCCCTTCGCTTTAAAGTTGAAAATTGTCAGTAATTATAATTTGCACTCTGTC
TTCTGACCACAAAAACTCCATGAACGAAAAATGAATCTTGCAAACGGGAAGAAAACATTTGTGACATGTGTAAAAAGTTTCAAACTGCTGCTATA
TCATATTGTGCTATAAATTATTACTACTACTATTTATATAATTGGTTGAGTGTGCTGTGTGTAACCATTTTTGTCATCAGCAAAGCGAAATAGTT
GCACGTTCGAGCGTTTTTCAACTACATAACTATATGCATTAACAAATGTAATGAGAGTTGCCAATATAAAGTAATTTAAACAACAACAAAATGCT
AAAACGAAACATTTTAAGCCTATTTTTTTATCTATATATAAATATTATATATCGAAGCAAATACATTTATACATTTTCCTAATATCCACCAAACT
AAGAAACACGACGACGATGCCTCATGGAAACAACACATCAAAAATAACTTTTGATAGGCCATAGTTTACATAAGCCGCAATTTATATTGGCCAGC
AGCTGGACGCACGACAGTTTTGTACTTTTTGAGCATATTTGCAGGCGTTGGCGAGCATTTCCCGGCCCAGAACCAGTAGTAGCCGCATATTTAAA
CATAAATTCTAATCGTAACAATAAAGCAGGCAATTGACAAGGTTTAGATATTAACTAACAAGCGAATACACAAATGAAACATTGCATACGGTATG
TTAAGTTGAGGACGTAGTTTAAGCAACAAACTGATTTATCTAATAAACTATGATATAT
(SEQ ID NO: 680)

Start ATG: 327 (Reverse strand: CAT)

MEAIAKHDFSATADDELSFRKTQILKILNMEDDSNWYRAELDGKEGLIPSNYIEMKNHDWYYGRITRADAEKLLSNKHEGAFLIRISESSPGDFS
LSVKCPDGVQHFKVLRDAQSKFFLWVVKFNSLNELVEYHRTASVSRSQDVKLRDMIPEEMLVQALYDFVPQESGELDFRRGDVITVTDRSDENWW
NGEIGNRKGIFPATYVTPYHS*
(SEQ ID NO: 681)

Name: downstream of receptor kinase
Classification: signal_transduction
Gene Symbol: drk
FlyBase ID: FBgn0004638

Celera Sequence No. : 142000013384288
TCCTGCGTGGGCATGTAGTCCTCCACGCGCACCTTCTTCTTTTTGCGCTTGCGGGCATCGTCCAACTCTTTGAGGCGTATTTTGGTAGCCTGTGT
CTTGATGGCCGTGGAAGTGCGTATGGATTTGCGGCCGGAATCGAGGACCGTGAAGCGTGGACGTGGCCGCCGTTTCGTTACCCCACCACCAGGTC
GTTTCTTGTGCAGGGCCGGCGTTGCCTTTGTTTCCTTTTTGACTGCAGGCTTGGTTTCCTGCGGAAATCATATGTACCATTTAAACACATTCAGT
AATCACAGGATTTTATCGCATTTTAAGAATGGTTCGCACCTTATAAGCCTTTGTGTTAACGACACCGCGTTTCCGCTTTTTCTCGGGCGCCTCTT
CCTGATCCGAAACGGGCTCGTCGTTCTCATCGATACTGAAGTCGGAGTCAACCACATCTTCCTCTTCGTCTTTTTGCCTGCAGAGTGAATTTTAT
ATGGCTTGAGCATTTAAATTTATTCAAATGATTAGTGCTCACTCGTATTCCTTATCCTCTTCGTCCTCCTGAAATCCACCATAGGACGTTTTGTA
AAAGTCGTCCTCCTCTTCCTCATTGAGCAAATGAGCTATTTTGTTGCCGGCATTGTTGCGCCGTGATCGCGAGGCAGCCATTTTTGTTATTTATA
TATAGAAACTATGATTTAAAGCAGCTATTAAATAATAATATTTTACAATTTGTAAATGTAAACAAGCAGAGCAGTGTGACCAATGTAGCAAACAT
AGTATATATCGCAGAGGCTTTACAACTTTGGTATGCGTTTCAGCCCTGGTAAAGAAAATGGTTTCTCCTGCATTGGCAGTTATTCAAACACATTT
AAAACATAGCTAAATTTATTTATTTATCTATTACATGTATCACAACAAAAAGCAGGCAGCTGCTTTAAAATCACATTAAAAAGCGGTCGGTAATT
CAACTACCGAAAGTAGACCACATTACTTTACACTTGCGCTGGCCACACTCTTGGCTTGTTGCTTTTTATTCTGCCGGCTGCCTGCATTTTCTGAT
TTAATTTAATACCATCGATAAAAAGACTGCTCGCAACATGTCGGAACAATGGGAGGTGGTCTCCAAGTCGCGCAAGCAAAAGAATCTGGACAAGA
AGGTGTCTGCACACAACGAGCAGAAGCGCATCGCGGCCCAGTTGCCCAAACTGGAGGAGCTGTGTAAGAATCTTTTAAAAGGTGCACCTTGCAAT
GCGATTACATGTTTGCCCCTGCCATTTTATTCACTTCGCAGTGCCAACTCAGCGGTATCGCAATTTGTTCGGCAGCAGCAACAACAACAACAGCA
AGTCCCATTCCCCTGCGAAATCTAGTTCAAGTGCCTCATCTTCCTCAAAAGCCAATAAGTCGCCAGTTAAAAAGCACACCGCAAAGAATGCCTCT
ACCCAAAAAAGGACCACGTCGGCAGCCGCATCGAAGCCAAAGACTCTGGAGCTGGCCTTGAGAAACATCACCCGGGATGATTTTGCTGCCCAACT
GGAGCAGGTGAAGCTCAGTTGTCCTGGCTCCGAGCTGCGCTGGTTAAGCCATGTATGTTTCTAAAGGAAATGTGCCTAAATATTTGCTCACCTAT

CGTTGTCCCCCAGATTGCGCTATACTTCAATGAAGCCTTGTCCTATGACTGCGATCCCATCTTCTCCGGCCGCTCGGCTCAGTATCCCAGCAATT
TGGCCAGCGCCTCGCTCAAGTACTCAATTGTGGAGTTTCTGGGCAGTGTGGGCGAACAAAACCTGGAGTATTTCTTCTACTCCCTGCTGGATAGC
ATGTCAACGGATCTAAACAACAATCAGACAGTGGCAGGCTACAAGCTCATCCTACAGTTGATCGGTCAAAACTGGCCGAACATTTGTTCTAGGAA
CCTGGCCAAGACTGCGTTGCTAAGGAACTCCTATCAGAACCGTAGCAACATCTGCCTGAGCATCCTGTGGGCAATTGGACAAGGTGGCTATCAGT
CCCTAAACGAGGGCGTTCGCGTGTGGCAGAACCTGATGCTGCCCAACCTGGAGCTAAAGCAGTACACCAAGTTTGTGGTCGAGTATATGGAGCGG
GCTCTGAGTGCAGCAGCTGTCCGGAAGACAGCGGATCCTCTGCAGATCAACCAGCAGGAGTTCTTTGCCACTTACAATGCGCTCAATGCACCCTA
TAACCACCTGCCCAAGGAATGGCAGCAAAGTCTGAAGCGTAGTGCGCGTTTGTTGCTTGTAAGGACGAAAACAATTGATAGTTGTCCCATTGTTT
CACTGACCTTTCTTCCTCCTGTGTGTAGCAACACTATATCAACAGTCCTGTGAGGCATGCCAACATATTCCTTACGCTCTTCCGGGAAATAAGCG
CCGGATCCAAGCAGACTAATGAGATCGAAGGCTGTATTAGTTGTCTGCTCAGCAGCGGCAGAGATGATTGCCTCAGGGTGTGGCGCATGAACTAC
AAGAAGCAACAGTTGCCTAGTCTACTGCTTCTGAAAGCTATAAGTACGATCTACAGCTGTGAAAATTCATTTAATTGGATTTTTGTTTAAAAGTA
CCACCCACACTTAACGTTAATGTGTTATCTAATATTGAATTTCTATCTTTTCCTAGACGACAATTGGACCACGTCTACCCATGAGTTGGCTACGT
CGACTGTGTATCACTCTTTTCTGCAAGATGTGGCGAATCTGAACGAAGAACTGCAGGGAAGCAAGAGAAACGAAGGTCACCTAGATGATTTAAAG
GAGGTTTTGTTGGTGAGTGCGACTTAAGTATATCACTCGATTCCAAGCATAAGGCTCTGATCCCAGATCGATAAAAGGTGAATGTTGAATGTGTG
TTGTTTTATCTTTTATAGTTTTATTGGAAAACTAGTATATAGGTAATATATTTATTTTGTTAGCTTTTTTAACCCAAACTTATTATTCAAACTTA
AATGAAATCAGAAACACTATAAATTTGAATTTTCTCACACCTCTGGTAACACTGTTTAAGTTAAGTGGTCTGGCTTAGTACATTACGTACTCTGG
TCACATTGCTTTAGTGAAAAGAAAAACGAAGGTATAAACTTGTAGAACTGCCGTCTAAAAGTGAATAATTTATTGCAATCGGTGCTAAAAAGAAT
GATATGAGCTTATTACACTGCAGCTAACTAATGTAAAACTCTTCACGTAGAAGTGGCCGAACTGTTAGCCGTTAATGAAGTTAGAGTTCTTTAGG
AGGACGCTGCCAACGCGACGTCGCTGCGGGAAAGAGATGGAAAGCGTTAGCCGGCGTTCGTCCGAAATTTCTCCGCTATTCAACTGGCTTTTGAA
GCCTGGAGTGAGCATAAATTAATGGTCCGCACCTTAATTATCGCGTTGTCGCAATTATTGTTGCTGTTGCAGTAGTGCAAAGTGCGTTTCGTGCA
TATGTGTGCGTGTCAGTATTAACGGTTGTGTATTCCGCCGTTCTGCACTGGTATTGGTGGCAGCTATAGCTGCACTTTTCCCATAGCGTTGCCAT
GCGGGTTCCAGTTGCCGCTAAATTTCTCCGAGCAGAGCAGACGTTTTGCTTTCGAAAAGAGAGTGGGCATGGCCATCGGGGATCATAAATTGCCG
CATTATCAGCCAACATTCTTATCAGTACACCCAATTTTCGGCTGATCTGAGGCTTATTTTTATTTTCCTATTGACTGATGTGTTCCAGCTGCGAT
TGGCCACTCGCCTCCTGCTCCCTCACCCACTCCCCTCTCACATCCCGCTTGTGCGCACTCTCCTCCTCTCTTCGCCT
(SEQ ID NO: 682)

Exon: 1001..1203
Exon: 1277..1572
Exon: 1629..2243
Exon: 2309..2513
Exon: 2622..2782
Start ATG: 1083

Transcript No. : CT19152
TTGGCTTGTTGCTTTTTATTCTGCCGGCTGCCTGCATTTTCTGATTTAATTTAATACCATCGATAAAAAGACTGCTCGCAACATGTCGGAACAAT
GGGAGGTGGTCTCCAAGTCGCGCAAGCAAAAGAATCTGGACAAGAAGGTGTCTGCACACAACGAGCAGAAGCGCATCGCGGCCCAGTTGCCCAAA
CTGGAGGAGCTGTTGCCAACTCAGCGGTATCGCAATTTGTTCGGCAGCAGCAACAACAACAACAGCAAGTCCCATTCCCCTGCGAAATCTAGTTC
AAGTGCCTCATCTTCCTCAAAAGCCAATAAGTCGCCAGTTAAAAAGCACACCGCAAAGAATGCCTCTACCCAAAAAAGGACCACGTCGGCAGCCG
CATCGAAGCCAAAGACTCTGGAGCTGGCCTTGAGAAACATCACCCGGGATGATTTTGCTGCCCAACTGGAGCAGGTGAAGCTCAGTTGTCCTGGC
TCCGAGCTGCGCTGGTTAAGCCATATTGCGCTATACTTCAATGAAGCCTTGTCCTATGACTGCGATCCCATCTTCTCCGGCCGCTCGGCTCAGTA
TCCCAGCAATTTGGCCAGCGCCTCGCTCAAGTACTCAATTGTGGAGTTTCTGGGCAGTGTGGGCGAACAAAACCTGGAGTATTTCTTCTACTCCC
TGCTGGATAGCATGTCAACGGATCTAAACAACAATCAGACAGTGGCAGGCTACAAGCTCATCCTACAGTTGATCGGTCAAAACTGGCCGAACATT
TGTTCTAGGAACCTGGCCAAGACTGCGTTGCTAAGGAACTCCTATCAGAACCGTAGCAACATCTGCCTGAGCATCCTGTGGGCAATTGGACAAGG
TGGCTATCAGTCCCTAAACGAGGGCGTTCGCGTGTGGCAGAACCTGATGCTGCCCAACCTGGAGCTAAAGCAGTACACCAAGTTTGTGGTCGAGT
ATATGGAGCGGGCTCTGAGTGCAGCAGCTGTCCGGAAGACAGCGGATCCTCTGCAGATCAACCAGCAGGAGTTCTTTGCCACTTACAATGCGCTC
AATGCACCCTATAACCACCTGCCCAAGGAATGGCAGCAAAGTCTGAAGCGTAGTGCGCGTTTGTTGCTTCAACACTATATCAACAGTCCTGTGAG
GCATGCCAACATATTCCTTACGCTCTTCCGGGAAATAAGCGCCGGATCCAAGCAGACTAATGAGATCGAAGGCTGTATTAGTTGTCTGCTCAGCA
GCGGCAGAGATGATTGCCTCAGGGTGTGGCGCATGAACTACAAGAAGCAACAGTTGCCTAGTCTACTGCTTCTGAAAGCTATAAACGACAATTGG
ACCACGTCTACCCATGAGTTGGCTACGTCGACTGTGTATCACTCTTTTCTGCAAGATGTGGCGAATCTGAACGAAGAACTGCAGGGAAGCAAGAG
AAACGAAGGTCACCTAGATGATTTAAAGGAGGTTTTGTTGGTGAGTGCGACTTAA
(SEQ ID NO: 683)

Start ATG: 83

MSEQWEVVSKSRKQKNLDKKVSAHNEQKRIAAQLPKLEELLPTQRYRNLFGSSNNNNSKSHSPAKSSSSASSSSKANKSPVKKHTAKNASTQKRT
TSAAASKPKTLELALRNITRDDFAAQLEQVKLSCPGSELRWLSHIALYFNEALSYDCDPIFSGRSAQYPSNLASASLKYSIVEFLGSVGEQNLEY
FFYSLLDSMSTDLNNNQTVAGYKLILQLIGQNWPNICSRNLAKTALLRNSYQNRSNICLSILWAIGQGGYQSLNEGVRVWQNLMLPNLELKQYTK
FVVEYMERALSAAAVRKTADPLQINQQEFFATYNALNAPYNHLPKEWQQSLKRSARLLLQHYINSPVRHANIFLTLFREISAGSKQTNEIEGCIS
CLLSSGRDDCLRVWRMNYKKQQLPSLLLLKAINDNWTTSTHELATSTVYHSFLQDVANLNEELQGSKRNEGHLDDLKEVLLVSAT*
(SEQ ID NO: 684)

Celera Sequence No. : 142000013384288
GCGGGCCACATGCACGGGTTCTATGGATCGTTTGGGCAGCGGCATGGTCGGGCGCGATTGACAATTATCTCCAAATTGGCAAACCCGTAAATTAG
TGCGTCCTCATCGACTGAAAACGGCATTAATAAGTAATAAATTGTTTTAATACGAATTAATGCATTTAAAATTAATTAAATATAAAACCCTTTAT
TTACTGATTTACTACATAATCTCATGCCAAATTGGGATCAATAATAAAAAGATTTCTTTTTATGCTGATTATCAATTGAAGACATTTCATTCCGA
TAAAATTGTACTTCCCAAATTGTCGTTTAACTTTGTTTATAAATTTTCCCGTAAAAGTAGACGTTTAAAAAGTTAATTGGATACTATCAAAATTG
GTTTAAAAGAAATTTTGTCATCACTATACTAAACCGTCTATGAACAAGACTCAGAATGGTATTGCAGAAGATTTCACGAGACGCTTATCCATGTA
TCCATGAGACGTGTTCATTACAATCACCAAAATGCCATTTGAATTGTTTTGTGATATGCGCGACTGACGAACTCGACGTCTGGACCACACCCCAC
GAAACGATACCCACAGCGAGGTGATAAGGGCGTAACGCCCAAGTCACCCCCGCAAGATGCACCTTGCAGTCCCGGCGAGATTAGTCGATAATGCC
CCCCTTTTCGGTGGCAGTTTCTGGGTGCTACGACCTGGGGCCTTTACGTGGGCACCTATTCCATACGTGCATATACGTATATCGTCGGCGGCCTC

CCACCAACGCAAATTAGACCGTCACGCACTCACACACACGCATGAACCGCAGCAGCAGCAGCACCCAAGTAAATGTACATACATATGTGTGGGAC
GGAACGGCTGACTCTTTCAGATTTTCGCACTGAAACATTCGCACTAAATCGCAACAATGCACACACAAAGGTATCTCTCACACTTTCTAATCGTA
GTGGCTGCTGCGATTTTGATTTTGGTTTTGAACGGCGCAGCTTAGTTTTACACAGTCCACCTCACTTTACAGCATATCGTACACTCACCGCCCGT
CACACTTTTCGTTTGGCGGCTGGCACCACAACAAACATTAAGCAGCCACTTCCGTTTCGGGGGTTCGGTGGCAAATTCGATCCGATGCGAACTCT
AATTAGCCAATTTGGGGCTTGAAAACTGCAAATATTTGCTCGTTTTGTGGAAACTAAGATTTCCACACCTTTGCAGTGTGACCGAAGCTTTGTGG
TTCGAAAATACTGCAGGGATTCATCATTTCGGAAAATCAGACAAATATACTGCACGATGCGGTGGGGAAAAAGTTATTTTTATATTAAATGTAAT
ATGTATTTTAATTACTATATTTAAATAAATTTTGCAAGGGAATTTTCAGTAACTCATTTCATATTGTTTATTTACTGTATAGAATGAAATATTTT
AAATATAAATATATATTCAATTTATTTTATTTTATTTTAACTCTATATTATCCATAATAAGCTATTTTATTAACGTTATTTAAAATTACTGTTTG
CAGTTTCTTCCATTAACTTTAGAAATGTATATTTGGTATTTTTGGTATTTATCCGCCGATCGATAACTAGTGCTCCAGCCCTGGCCCCAATGCAT
AACATCTCTGTTTCGTCGCACACTGAATAGGTAAGTTTTCCGCACATTTCGTTGATTTCCTCTTGTATAATTCCAACTGCTTGCAGAACCAAATT
GAAAAGATGGCGAGTTTGGCTACCAAGGGATCAGGACTTGTGAACAGTGAGTGTCGTGAATCGAATGCAATCGAATGGATACACCACCATTGGCG
CCTGTCAATCGCAAAATTATGTAATGATCACTTTTTGCAGGGCTCCTCACACAGGCGAGGCCCCAACTGGACGTGTTCCTGAAGTACGCCAAGGT
GGAACTGACGCCCCCGACGCCCGCCGATATTCCGGCCATTCGCCAAGGACTGGGCAACATCATCAAGGGAGCCAAGACCGGCGCCTACAAGAACC
TCACGGTTCGCGAGGCCTGGCTTAACACCCTGGTGACCGCCGAGGTCATCTTCTGGTTCTACATCGGCGAGTGCATCGGCAAGCGTCACATTGTA
GGCTACAATGTCTAAGCTTACTATAGTCTCCGCTTGGCAGTCACTGGAATGGGCAACGTAATCCCTAACAGATGTGTATATTTATATGTCTGCGA
ACATTTCGACTCTGAATAAAGTGAAATAGTAATTTAAAATTCCGAAAATTTTCGAAAAATACATTGTTTTTTGAAAACCGTTAGAACGTTTGCGC
GGGATTTGTGTAAGCTAAAGATGAGGTGATGTAAAACCAAGTTTGGAATTAAAAGTTGACGATATTTAATGATAAAAATTAAAAAAATATATGTA
ATGTTATACATCAAATGTTTATGAAACGGTGTCGTAATCAAAGAGGCTAATGGTTCAGAAATACATAATATACTTAGAGCATTTAAAAGCACTCA
AGAATAATTTTATTTAAAAAAAAAAATAAATAAATCTAAATTTGCTTTTCATAGATAATTCATTTACACATTTTTTTAAACAAAGTAAAGTAAGA
TGTATTGAATTATTTTATTTATAAATAACGTTTTTTATTTGAATCTTGAAAAGCATTAATATTATTATTATTATACTTATATTTTTTAACAACAA
AACTTTTGTAGACAGAGTAAATTTTTGTAATCTAACTGCGGTCACACTTTACTTTAGTTACCTTCCGATCGGAAGAAGAACCCGGCTGACATTAG
GAATAGGAACTTGGCAGAACTTTCCCAGGATCTGTCAGAATGGCCTACAAGAAGCGCCTACAATCGCAGAACCTCGTGCATCTGCTGCAGAACCG
CGAGTCCGGATACACCAACGTGGGCCAACAGCCGGGCAGGATGCCGCTGTTGGCCTACGAGCGTCTCTTCTACAAGTGCATCACGCCTTGCCTGA
CAATTGACTCGATTACCATTCCGCCGATCTACCTGCGCAAGTTTACGCCGGATGGCAGAAAACTGTTGGCCTTCTCGCAGGATCAGCGCAGTCTG
CTCATATACAGCTACGGGGGTTCTAGTTGTGCGGCGGTGGGTGAACTGATTCGCCAGGCGGATGTAGGCAGTGGCGAGTGCTTCAGTAGCCAGGA
CACCATACTCAAGAGCAGGATCTTTGAACGCCTGTTTCCCACAAAAGAGACGCTGAATCTATGCCAAGGCGACTTTGGCCTCTACTATCTGCACC
GGGAGTTCAGTGTGTTCCTGGAAGAGGGTCGTTATGCCATGCTGGCTGCCATGACCGTTGTGCGCGGCGCACTGCCGGTCGATGACTACGTACGG
TACCCAGATCTGTTCGACAAAGTGGACGCCTTCTCGTATGTGTTCTTTCTGGTGGATTTGAAGCTAGGCGTCGTCACAGATAGACTTATCCTGCC
TAACGACTCCATCGTCATTGCCCACAATCATGGAATTTCCGTGTTTGGCTCAAC
(SEQ ID NO: 685)

Exon: 1001..1296
Exon: 1524..1645
Exon: 1702..1756
Exon: 1846..2474
Start ATG: 1717

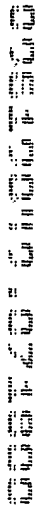
Transcript No. : CT19171
CACAGTCCACCTCACTTTACAGCATATCGTACACTCACCGCCCGTCACACTTTTCGTTTGGCGGCTGGCACCACAACAAACATTAAGCAGCCACT
TCCGTTTCGGGGGTTCGGTGGCAAATTCGATCCGATGCGAACTCTAATTAGCCAATTTGGGGCTTGAAAACTGCAAATATTTGCTCGTTTTGTGG
AAACTAAGATTTCCACACCTTTGCAGTGTGACCGAAGCTTTGTGGTTCGAAAATACTGCAGGGATTCATCATTTCGGAAAATCAGACAAATATAC
TGCACGATGCGTTTCTTCCATTAACTTTAGAAATGTATATTTGGTATTTTTGGTATTTATCCGCCGATCGATAACTAGTGCTCCAGCCCTGGCCC
CAATGCATAACATCTCTGTTTCGTCGCACACTGAATAGAACCAAATTGAAAAGATGGCGAGTTTGGCTACCAAGGGATCAGGACTTGTGAACAGG
CTCCTCACACAGGCGAGGCCCCAACTGGACGTGTTCCTGAAGTACGCCAAGGTGGAACTGACGCCCCCGACGCCCGCCGATATTCCGGCCATTCG
CCAAGGACTGGGCAACATCATCAAGGGAGCCAAGACCGGCGCCTACAAGAACCTCACGGTTCGCGAGGCCTGGCTTAACACCCTGGTGACCGCCG
AGGTCATCTTCTGGTTCTACATCGGCGAGTGCATCGGCAAGCGTCACATTGTAGGCTACAATGTCTAAGCTTACTATAGTCTCCGCTTGGCAGTC
ACTGGAATGGGCAACGTAATCCCTAACAGATGTGTATATTTATATGTCTGCGAACATTTCGACTCTGAATAAAGTGAAATAGTAATTTAAAATTC
CGAAAATTTTCGAAAAATACATTGTTTTTTGAAAACCGTTAGAACGTTTGCGCGGGATTTGTGTAAGCTAAAGATGAGGTGATGTAAAACCAAGT
TTGGAATTAAAAGTTGACGATATTTAATGATAAAAATTAAAAAAATATATGTAATGTTATACATCAAATGTTTATGAAACGGTGTCGTAATCAAA
GAGGCTAATGGTTCAGAAATACATAATATACTTAGAGCATTTAAAAGCACTCAAGAA
(SEQ ID NO: 686)

Start ATG: 434

MASLATKGSGLVNRLLTQARPQLDVFLKYAKVELTPPTPADIPAIRQGLGNIIKGAKTGAYKNLTVREAWLNTLVTAEVIFWFYIGECIGKRHIV
GYNV*
(SEQ ID NO: 687)

Name: ATP synthase g subunit
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384288
TTTCCGATAGAGTAGCCGGCATTCGGATATACCTGGAAGCTTTCGATGATAGGACAGATGCCACGCGCCTAGTTATTTTTGCCAAAGTGCGTAAA
CTAACGCCATGGGCCATTGCAGTTAATTTGGGGTGCTTAAATAAGAAAAAAATTTAGTAACAAATCTTAGTTTTCATTTTTGGCGGGCAATTTTG
AAAGCCAGTTCACACGGTTTTGATGTACATACAAATTCGCGAGTCTGGCATACAGAAATGTTTACTGTACCTCTGTGCCGCCCCACAAGCGAATA
GCGGATAGAATCTGCAAATCTATTGGAACTTGCTCCCTCTTTAACGGCTCAAAATATTCAATTTCCAAGTCATCCCGTACAATTTCAATAATTCT
GCGAAGGTTTTCCTTAGTGTATCGGTACTTTAGTCGAAATTTATGCTCATTTAGATCGGTCAATGGATTAAATCTTGGGTTCCTTTTCTTTATAT
GCGTTGCCCGCGCTCGAGAATTGTGTTTGATATTCAGAAAACATTGAAAGTCTTTGAAATAATCAAAGTCTTTTAGAGACCTTTGAAATCTTTGT
ATATCTTCCATTTTCACTTGTTTACTTGCATAGCAGGGTGGCTGTTTTGTATATATTAGAAAATACCTCATACGTACATGCGGTATTTAAGGCTC
TTGCAACGATTGAAATTTTATGATGAAACTTTACACTTTAAAAATAATCTTTTTAAATGTTGTTAATTAAAAAAATGTAAGTAAGTAAATTAATA



CTTTTATTTTTTTTAAGCACGTTATGTACTTTTGGAGTTAAATAATTTTTTTTTATGTATTTCTATACTTTTAAAAAAACAGAACAGAAAGAAAT
CAAAGCTCGAAGTACCAAAAAATAAATACTAGGGAAATAGAACCTATTGCGAAGATTTGCAAAAGCGATTGTTTTCAGTTGTGAAGACTAATATC
TACACATTCCAAAAGCTTAACGATCTTTGAAATCTGGCCATTTGGTCACACTGAGTCCAAAGCGTCGTTTTCAAAGTACTCTTTCAGTTTCCATT
GTGAAGTTTTAAGTGATCGCGAGTGCCAAAAAGTAACAATGGCTGATGATCAGGGACGTGGACGCAGGCGTCCACTTAACGAAGATGATTCCTCT
ACTTCCCGAGGTAGTGGTGATGGGCCGGTATGTAAACTCTTATTCAAGCTAGGAAAAAAAATCATAGCGGTAAAGCAAATTCCTTATAATTCCGT
TATGTCGCAAACACAAACACAGCCATGTACATAGATTGTAAATGCGCGCATTTCTTCGGAATTCGACACCAAAAGGAAGCACTAAAACTAACAAA
CAAAAATCTGCTATGAATTTGAGCTTGACTGCATAAAATCTTCTTGAATTTCTGTTGACCAAGCACTTTTTTCAAAGGGAATTCATTAAACATAT
TTCCAAAAACGCTTCTTTCAATTTGAATTTCCAAGGAAATGTAAAGCATTATCTGTTTCGTTTCATTTATTTTTTTTTAATAAAAACTGCTAAAA
TAACCATCACCTGACAGGAAGGTGGCTGTGGCAAGCCGAATCTTATTTACCCTTGCAGTCTATGTCTTTGGAATCTGCATGCCCGACGTTGATAT
GGACGGACATGACCAAATGGACCCGGCTAGTGATACTCATCAAAAATCATGGTCGGAAACGCTTCCTTCTATCTGTCACATACATTTGATTCCTA
GAAACTCTACGAGTAACGGGTATTTCTCCGATATTCATCCCAATTCTATACAACTTTGAGATGGCTTTCAGCATTGATATACTCTGAAATTGCAG
GCAAAGCATACTACAAAAACTATTTTTTTACCATTTTTTTTTCTGCTTCATCTTTGATTATGAGTAACAATATTTTCGTAGCTTGACCGTTAGTTTT
ATGATTTAAAATCTGTCGTACTTTAGGTAGTTGTTTAAATGGCTCACATTTAGGAATCACAACTATTTGTTTAAACCCCTTAATATTTTTTCTTT
TAATAATAAATAATAAACAGGTAATACTTTTTGATTGTTCATCGCGATTGTTTTCAATGTACAAAGTTGAGTCTTTCTGGTGTTTATTGCTGTCT
CGTGTTTATTGCTGAATCTCGCACGATCTCTCTCTTTCTTCTATGTTATTTTTTCCATCGGCGTCAATTATTCATAACTGCCGCTAGGTGGAGCT
AGTGTGCAGTCATTCACTTCTATTAGGAGACAGCGTCCTCTATATCTAATATTATAATTTTTTTTAAATGAGTAACTTACATCATTTAATGCTTT
CATGCAGCGGGTGAAAGTATTCAGAGGATCTTCATCAGGTGACCCGAGAGCGGATCCTCGTATAGAGGCTTCAAGAGAGAGAAGAGCTCTCGAGG
AAGCTCCCAGGCGTGAAGGTGGCCCGACAGAGCGAAAGCCGTGGGGTGACCAATATGATTACCTGAATACCCGTCCGGCTGAGCTGGTATCCAAG
AAGGGAACCGATGGCGTCCCGGTCATGCTGCAGACGAACTTTTTCCGATTAAAAACCAAGCCGGAATGGCGGATCGTTCATTATCACGTGGAGTT
TGAGCCGAGCATCGAGAATCCTCGTGTCCGTATGGGAGTTTTGTCCAATCATGCTAACCTTCTGGGATCAGGCTATCTATTCGATGGACTGCAAC
TGTTCACCACCAGGAAATTCGAGCAGGAAATCACGGTGCTCAGCGGAAAGTCGAAGCTGGACATTGAATACAAGATATCCATAAAGTTCGTTGGA
TTCATATCGTGTGCTGAGCCCCGCTTTTTGCAAGTCTTAAATCTAATATTGCGCCGCTCCATGAAGGGCCTAAATTTGGAATTAGTTGGCCGTAA
TCTCTTTGATCCCCGAGCTAAGGTAATTTCTTTTGGTATCGTTTTAAGTGCTGTTTGGTCAAATATGATTTATTTTAGATCGAAATAAGGGAGTT
CAAAATGGAGCTATGGCCGGGCTATGAGACATCGATTCGTCAGCACGAAAAAGATATTTTATTGGGCACCGAAATAACTCACAAAGTTATGCGCA
CCGAGACGATCTACGACATAATGCGACGTTGCTCACACAATCCGGCTCGTCATCAGGACGAAGTACGGGTAAATGTTTTGGACTTGATTGTCCTT
ACGGATTACAATAACAGAACTTATCGTATCAATGATGTCGACTTTGGACAAACTCCGAAATCAACATTCAGTTGCAAGGGTAGAGATATCAGTTT
CGTGGAATACTATCTCACTGTAAGTCTAATATTTACCACGGATATACATCGGCGTCTTATTTCTCCCAACATTTGTTCTCTTTAGAAATATAATA
TACGCATTCGCGACCACAATCAGCCGCTGCTGATCTCCAAAAATAGGGACAAGGCTCTAAAAACTAACGCTAGCGAATTAGTGGTACTAATTCCT
GAGCTCTGCCGAGTGACTGGGCTCAATGCCGAGATGCGCTCAAACTTTCAGTAAGACTTTAAACTATATTTAAATTAACAAGCTCTTGTGTCGCA
AACTATCTATTTCTTAAGTTATATTCTGTGTATCCTTTCTTTACATGACTAAAACTATATTAATTTCGCTAGTCCGTCCGATTCTTGACCTGTTT
GGAGTCAACGAGTTCATGCCGATCGGTTCGAAAAAACTTCTTACTGTTTGCAAACCTGAGATTACCTCCTTATCCCAGTAGACTAATGTTATTAC
AATAGAACTAATAACTAATAAGACTAATATGAGATAGAATTATTCCCCGACTATCAGATACCCGTTACTCAGCTAGTGGAACGGTAATTTTCATC
ATTTTTCTGTGGTATCGATAGATATTGAGGAATAAAATGAGAACATTTTTTAAAAATTTAAAACTAAAATTTTAAAAGTCTGGTCGTGACCGTTT
TGGCCGTTTCGTATGTGAAATGAGAGGCGCGGCTAAAGTGTTTTAGCTATACAAATAAAAATAGGCAAGACAAACAATAAAACGAAGAAAAATCT
GAGCACTTTTCAAAAGTGTGGGCGTGGCAGTTTAGGGCGGTTTTATGGCCCATAAAAAAATGTAATATTTAATTATTATAAACAGGCTTATGCGTG
CCATGAGCAGTTATACGCGAATGAACCCCAAACAACGCACTGATCGATTGCGCGCTTTTAACCACCGTTTACAAAACACTCCAGAAAGTGTGAAG
GTCTTGAGAGACTGGAACATGGAACTGGACAAGAACGTCACAGAAGTACAAGGCCGGATAATTGGACAGCAGAACATCGTGTTTCATAATGGAAA
GTGAGTTGAGCAAGTTAAGAGCACTGCAAGTTTATAGTTAATAATTTTTTCAGGGTTCCTGCTGGAGAAAACGCTGATTGGCAAAGGCACTTCAG
AGACCAAAGGATGCTTACCACTCCGAGCGATGGCCTCGATCGTTGGGCTGTCATCGCGCCGCAAAGGAATTCCCATGAACTCCGAACTCTACTTG
ACTCTTTGTATAGAGCAGCTAGTGGAATGGGTCTTAGAATTCGAAGCCCCCAGGAGTGAGTTTTTATAAAAAAACACGTATACCTCACATTACGT
CTTTACTTAATTCGTAAAGAGAGGTTTCGTGCTTCGTTTTCTGGGTATATATCCACTTTAACTATCGTTTTACAAACAGATTCATAATTTATGAT
GATCGCACTGGAACTTATGTGAGAGCAATGGATGATTGTGTGCGCTCAGATCCCAAACTTATATTATGCCTCGTACCCAATGATAACGCCGAAAG
GTATTTATTCCCTAATAAGTGTACAAATCTAAACTTAATGACTATATTTATCGAAGACATTGTTTAATTTTGGTACACTAAAGTTAATATAAATG
AAAGTACTGAAGTAAACCTTTTTATTTTAGATACTCATCAATCAAAAAGAGAGGATACGTTGACAGGGCGGTGCCAACTCAAGTTGTGACCCTTA
AAACGACCAAGAACCGTAGCCTTATGAGCATTGCCACCAAAATAGCAATCCAACTGAATTGCAAGTTGGGATATACACCCTGGATGATCGAACTA
CCCTTGTCCGGACTGATGACAATTGGCTTTGACATTGCGAAGAGCACACGAGATCGGAAGAGGGCCTACGGAGCATTGATTGCCTCAATGGATCT
ACAGCAAAACTCCACGTACTTCAGCACAGTCACGGAGTGCAGCGCCTTTGATGTGCTCGCTAACACCCTTTGGCCGATGATAGCAAAGGCCCTGC
GCCAATATCAACATGAGCATAGGAAGCTGCCATCTCGAATCGTATTTTATCGAGACGGTGTGAGCTCCGGCTCTCTAAAGCAGCTTTTTGAATTT
GAAGTCAAGGACATCATTGAGAAGTTGAAAACTGAATACGCCCGCGTCCAGCTAAGCCCACCGCAATTAGCTTATATTGTGGTAACCAGATCCAT
GAACACGCGCTTCTTCCTCAACGGACAAAATCCTCCGCCTGGTACTATAGTTGATGACGTTATAACTCTGCCCGAGAGATACGACTTTTATCTGG
TCTCGCAACAAGTTCGTCAGGGTACAGTGTCGCCGACCAGCTACAATGTTCTTTATAGCAGCATGGGTCTCTCACCGGAGAAAATGCAAAAACTT
ACGTACAAGATGTGCCACTTGTACTACAATTGGTCGGGCACCACACGAGTGCCAGCAGTTTGCCAGTACGCTAAGAAGCTAGCTACCCTCGTGGG
TACGAACTTGCACTCTATTCCGCAAAACGCGCTCGAAAAGAAGTTTTATTATCTATAATTGGATATAATTTAGAATGGAGTATTAATCCTTACTA
AGAGGCCATATATGAAACTAGCCCAGACATTTATACTTTTTCAATACTTTCTTACTTTTGCTAAGCACTTCAGCATTTATGACTAAATATTTTGT
ATTTGAAATGCATTACTGCTCTTTTTTCAAACAAAAGCAAAATTGAGGATTAAGATTCTGGTATTTAAGCATAAGACCAGAGGAAATTCCCAAAC
AAACATTTAAAGTTATCTATCAAGACATGTTCATTAATTTGGAATATAATTACTTTATTTTTTATTGTATATTTTAGTTTATGTAAAGAAAAATT
ACATACATCCATGTTTGCTTACTTAACCACACATTCATGGCTGCTTATATTCGTGAAACATATTTTATTAATTATACAGGTATTTAACTTTCACA
AGGATAATACAATTTCATAGCTTGTTGAGTATACTGAAATGCTACGGAGTTCGATATATTTTAATGTGTTTGTATTTACAAAATTCTAAATTTTC
ATTTTGGATAAATGTTTTATATTAATCGTATCGATTGCAAGTTGGGGTAGGATTGAGTTCAGTGATAATATCGATTATTTATAATTTAATATCCA
AACACCGACTACTATGATACAGAAGCCCATATCTACTCAGACCTTGACTCCAAAGAAGCGAACAAAATTAGCAAGTCTTTTAAATCGCTTTCCTT
GGATTGTCGTCTAGGCTTAAAATGCAAATGCGTTCGTTCACTATAGCGATTAATTTAACGATAATTACTCGTTGGTGTATATACAATTCAATGAA
ACTTTTGATTTTAGACATATTATTTAGGATTAGGTGTATATTGTATAAAGGGTGGTAGAAAAGCTTTGGTGCTTTTGTGTAATCCAATTTCATAC
CACGCTTGGTTTCGACCATCGTATGGATTAATTCTCTTTGGAATTACTTCTTCTTTTTGTTTTTTAGAATTATGTCAGGCTTTAACGAGTTAATC
AGGGATCAAGCCGATGTTTCGTTCGGTTCCATCCAGCCCTCGCTGTCGTCTTCGCTATCCGAATCCTCGGACTCGGATAATTCGATAGCCACACG
TCTGGCCAAGATTGAAGCCACATCCAATGGCGCCGCGTTTCGTTCAATTTCCTTTTGCTCTGACTTTTCAACTTTACGTAGAGTAATACCTGGAA
AGATTAATTTGATGATATTTTTGCATTCGAACCTTGAATGGCAATTACTTACCATCTCGAATGGCCTTCATCAAGTCGTTGCGTGGGTCATGGAA
TGGAGGCAGCATCTTCTTGGGTGCGACAATGTGAGGCACACCATTTTGTTGGCCGGGCTGCTGCATTTCGCCATTGGCCAGTGATTTGGGAAGAA
TTTGATGCGGGCGCAGCGTGTGTTGGTTGCCACTGCCCATGCCTTCCTCGACTGGAGGCGGTGGCGGCGGCGGTGGTGGCGCGGCATTAGGTGGC
GACATCTTAGGCGAGTGCTGTAAGGTTTTGCCACAAATTAAACCAAATTGTGATATATTAACACCCATCAGTGAACAACAAACCTGATCTGGAAC
CGGCGGCGGTGGCGGCAAGTCGCTAAGGGAGTTCAGTTGATTGCCCGTCATACCGATGCTGTGGAAAGTATTGCTCAGTTGCGTCATGACCATAT
CATTGGCATTCTGGACGCTGTTGGGAGATCCAGCTCCCGACGAACTGTTCGCCCGGCCAAGCAGTTTGGCCGCCATATGCCCGCTGTTGACTCCG

TTCATGCCAGACATTGGTGAAATGACGTCTGGAACTGGTGGAGGCGGTGGCAAGGCATCCCGACTGGTCGACATACTTCTGCCCCTTGTCGGAGT
GTTGGCATTGGAGGCTGTGGGCGTACCACCACCGCTGCCATTCGATGGCGGAGCCGGTGGCGGCTGC
(SEQ ID NO: 688)

Exon: 1001..1167
Exon: 2288..2872
Exon: 2929..3249
Exon: 3316..3470
Exon: 4075..4275
Exon: 4329..4520
Exon: 4640..4750
Exon: 4876..6667
Start ATG: 1084

Transcript No. : CT19209
CTGAGTCCAAAGCGTCGTTTTCAAAGTACTCTTTCAGTTTCCATTGTGAAGTTTTAAGTGATCGCGAGTGCCAAAAAGTAACAATGGCTGATGAT
CAGGGACGTGGACGCAGGCGTCCACTTAACGAAGATGATTCCTCTACTTCCCGAGGTAGTGGTGATGGGCCGCGGGTGAAAGTATTCAGAGGATC
TTCATCAGGTGACCCGAGAGCGGATCCTCGTATAGAGGCTTCAAGAGAGAGAAGAGCTCTCGAGGAAGCTCCCAGGCGTGAAGGTGGCCCGACAG
AGCGAAAGCCGTGGGGTGACCAATATGATTACCTGAATACCCGTCCGGCTGAGCTGGTATCCAAGAAGGGAACCGATGGCGTCCCGGTCATGCTG
CAGACGAACTTTTTCCGATTAAAAACCAAGCCGGAATGGCGGATCGTTCATTATCACGTGGAGTTTGAGCCGAGCATCGAGAATCCTCGTGTCCG
TATGGGAGTTTTGTCCAATCATGCTAACCTTCTGGGATCAGGCTATCTATTCGATGGACTGCAACTGTTCACCACCAGGAAATTCGAGCAGGAAA
TCACGGTGCTCAGCGGAAAGTCGAAGCTGGACATTGAATACAAGATATCCATAAAGTTCGTTGGATTCATATCGTGTGCTGAGCCCCGCTTTTTG
CAAGTCTTAAATCTAATATTGCGCCGCTCCATGAAGGGCCTAAATTTGGAATTAGTTGGCCGTAATCTCTTTGATCCCCGAGCTAAGATCGAAAT
AAGGGAGTTCAAAATGGAGCTATGGCCGGGCTATGAGACATCGATTCGTCAGCACGAAAAAGATATTTTATTGGGCACCGAAATAACTCACAAAG
TTATGCGCACCGAGACGATCTACGACATAATGCGACGTTGCTCACACAATCCGGCTCGTCATCAGGACGAAGTACGGGTAAATGTTTTGGACTTG
ATTGTCCTTACGGATTACAATAACAGAACTTATCGTATCAATGATGTCGACTTTGGACAAACTCCGAAATCAACATTCAGTTGCAAGGGTAGAGA
TATCAGTTTCGTGGAATACTATCTCACTAAATATAATATACGCATTCGCGACCACAATCAGCCGCTGCTGATCTCCAAAAATAGGGACAAGGCTC
TAAAAACTAACGCTAGCGAATTAGTGGTACTAATTCCTGAGCTCTGCCGAGTGACTGGGCTCAATGCCGAGATGCGCTCAAACTTTCAGCTTATG
CGTGCCATGAGCAGTTATACGCGAATGAACCCCAAACAACGCACTGATCGATTGCGCGCTTTTAACCACCGTTTACAAAACACTCCAGAAAGTGT
GAAGGTCTTGAGAGACTGGAACATGGAACTGGACAAGAACGTCACAGAAGTACAAGGCCGGATAATTGGACAGCAGAACATCGTGTTTCATAATG
GAAAGGTTCCTGCTGGAGAAAACGCTGATTGGCAAAGGCACTTCAGAGACCAAAGGATGCTTACCACTCCGAGCGATGGCCTCGATCGTTGGGCT
GTCATCGCGCCGCAAAGGAATTCCCATGAACTCCGAACTCTACTTGACTCTTTGTATAGAGCAGCTAGTGGAATGGGTCTTAGAATTCGAAGCCC
CCAGGAATTCATAATTTATGATGATCGCACTGGAACTTATGTGAGAGCAATGGATGATTGTGTGCGCTCAGATCCCAAACTTATATTATGCCTCG
TACCCAATGATAACGCCGAAAGATACTCATCAATCAAAAAGAGAGGATACGTTGACAGGGCGGTGCCAACTCAAGTTGTGACCCTTAAAACGACC
AAGAACCGTAGCCTTATGAGCATTGCCACCAAAATAGCAATCCAACTGAATTGCAAGTTGGGATATACACCCTGGATGATCGAACTACCCTTGTC
CGGACTGATGACAATTGGCTTTGACATTGCGAAGAGCACACGAGATCGGAAGAGGGCCTACGGAGCATTGATTGCCTCAATGGATCTACAGCAAA
ACTCCACGTACTTCAGCACAGTCACGGAGTGCAGCGCCTTTGATGTGCTCGCTAACACCCTTTGGCCGATGATAGCAAAGGCCCTGCGCCAATAT
CAACATGAGCATAGGAAGCTGCCATCTCGAATCGTATTTTATCGAGACGGTGTGAGCTCCGGCTCTCTAAAGCAGCTTTTTGAATTTGAAGTCAA
GGACATCATTGAGAAGTTGAAAACTGAATACGCCCGCGTCCAGCTAAGCCCACCGCAATTAGCTTATATTGTGGTAACCAGATCCATGAACACGC
GCTTCTTCCTCAACGGACAAAATCCTCCGCCTGGTACTATAGTTGATGACGTTATAACTCTGCCCGAGAGATACGACTTTTATCTGGTCTCGCAA
CAAGTTCGTCAGGGTACAGTGTCGCCGACCAGCTACAATGTTCTTTATAGCAGCATGGGTCTCTCACCGGAGAAAATGCAAAAACTTACGTACAA
GATGTGCCACTTGTACTACAATTGGTCGGGCACCACACGAGTGCCAGCAGTTTGCCAGTACGCTAAGAAGCTAGCTACCCTCGTGGGTACGAACT
TGCACTCTATTCCGCAAAACGCGCTCGAAAAGAAGTTTTATTATCTATAATTGGATATAATTTAGAATGGAGTATTAATCCTTACTAAGAGGCCA
TATATGAAACTAGCCCAGACATTTATACTTTTTCAATACTTTCTTACTTTTGCTAAGCACTTCAGCATTTATGACTAAATATTTTGTATTTGAAA
TGCATTACTGCTCTTTTTTCAAACAAAAGCAAAATTGAGGATTAAGATTCTGGTATTTAAGCATAAGACCAGAGGAAATTCCCAAACAAACATTT
AAAGTTATCTATCAAGACATGTTCATTAATTTGGAATATAATTACTTTATTTTTTATTGTATATTTTAGTTTATGTAAAGAAAAATTACATACAT
CCATGTTTGCTTACTTAACCACACATTCATGGCTGCTTATATTCGTGAAACATATTTTATTAATTATACAGGTATTTAACTTTCACAAGGATAAT
ACAATTTCATAGCTTGTTGAGTATACTGAAATGCTACGGAGTTCGATATATTTTAATGTGTTTGTATTTACAAAATTCTAAATTTTCATTTTGGA
TAAATGTTTTATATTAATCGTATCGATTGCAAGTTGGGGTAGGATTGAGTTCAGTGATAATATCGATTATTTATAATTTAATATCCAAACACCGA
CTACTATGATACAGAAGCCCATATCTACTCAGACCTTGACTCCAAAGAAGCGAACAAAATTAGCAAGTCTTTTAAATCGCTTTCCTTGGATTGTC
GTCTAGGCTTAAAATGCAAATGCGTTCGTTCACTATAGCGATTAATTTAACGATAATTACTCGTTGGTGTATATACAATTCAATGAAACTTTTGA
TTTTAGACATATTATTTAGGATTAGGTGTATATTGTATAAAGGGTGGTAGAAAAGCTTTGGTGCTTTTGTGTAATCCAATTTCATACCACGCTTG
GTTTCGACC
(SEQ ID NO: 689)

Start ATG: 84

MADDQGRGRRRPLNEDDSSTSRGSGDGPRVKVFRGSSSGDPRADPRIEASRERRALEEAPRREGGPTERKPWGDQYDYLNTRPAELVSKKGTDGV
PVMLQTNFFRLKTKPEWRIVHYHVEFEPSIENPRVRMGVLSNHANLLGSGYLFDGLQLFTTRKFEQEITVLSGKSKLDIEYKISIKFVGFISCAE
PRFLQVLNLILRRSMKGLNLELVGRNLFDPRAKIEIREFKMELWPGYETSIRQHEKDILLGTEITHKVMRTETIYDIMRRCSHNPARHQDEVRVN
VLDLIVLTDYNNRTYRINDVDFGQTPKSTFSCKGRDISFVEYYLTKYNIRIRDHNQPLLISKNRDKALKTNASELVVLIPELCRVTGLNAEMRSN
FQLMRAMSSYTRMNPKQRTDRLRAFNHRLQNTPESVKVLRDWNMELDKNVTEVQGRIIGQQNIVFHNGKVPAGENADWQRHFRDQRMLTTPSDGL
DRWAVIAPQRNSHELRTLLDSLYRAASGMGLRIRSPQEFIIYDDRTGTYVRAMDDCVRSDPKLILCLVPNDNAERYSSIKKRGYVDRAVPTQVVT
LKTTKNRSLMSIATKIAIQLNCKLGYTPWMIELPLSGLMTIGFDIAKSTRDRKRAYGALIASMDLQQNSTYFSTVTECSAFDVLANTLWPMIAKA
LRQYQHEHRKLPSRIVFYRDGVSSGSLKQLFEFEVKDIIEKLKTEYARVQLSPPQLAYIVVTRSMNTRFFLNGQNPPPGTIVDDVITLPERYDFY
LVSQQVRQGTVSPTSYNVLYSSMGLSPEKMQKLTYKMCHLYYNWSGTTRVPAVCQYAKKLATLVGTNLHSIPQNALEKKFYYL*
(SEQ ID NO: 690)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: piwi
FlyBase ID: FBgn0004872

Celera Sequence No. : 142000013384554

TAAGTTCTCGAATATTTTATTTAAAATTGTGTTGTACTTCAGTTTTAGTCTGATAATAAGACATACAATTTAATAAAACAACAAACCAGTTTTCA
TGCCACTTAAAATGAAAACCAAGAAAACACATTTAAAAACAAGCCCAACAAAAAAATTGGGTACAAAGTAAAAGAGATAAACAATTTTAATAAAA
ATAACACTTTAATTATGTATTTCGTCTTTTTATTAGGCGGGCTAAATATTAACTAAATAAAAACAAGATTGAACGCTACAGTCTGGATCCTCGAA
TTGCAGATAAACGATACTCTGGTAGTAGAAGTTCCCGCCAGAAATCACTATTTTTTACGAATACTCCAACCATAAATAAAATAAAACTAAAATTT
TGGATTTATTGTATGTTTATTTATTTGAAATATCAGTTTGTATGCTGCGGTTCTCTATAATTTATTTCAATTATCCATAATGATTTAGTATTATC
TGAACCTTCTTTGTTGGTATTATGGTGTTAAATACAGATCTTGAGCATCGTTAATATTGCTTAACTTTTCCGTTTTCATGTTAGATGCCTTGCTA
AATGTGCATTTTTATTTCATACAAACTACGTAATTTCCGTACGTTATGAAGATGCTGAGTTGATTGTATCTTTGTTTGAAGAGTAGATGCGTTTA
CTTATTTTGGTTTTGATTTTAGATGCTGATGTAGTTTTATGCTATAAATATTTAGCTACGTTCAATTCTGCTTAATATTTAGAGAACATTAAATT
TTGAAGATTTTATTTCCTAAATATTCCAATGATTTGCTACAAATCCAACAGATGAACGTATGAGGTTTAATTCTTAGCCTAAAACTTTATTATTA
ATGTATATGTGTTTCAACTCCATGAAATTCCGCTCGTAACTACTTACTAAGAAATGTTAAAATAAATATTTTACGTTAATGTGTAAATTTAAATA
CAATATATATTTATTGCAAATTGCTTTGTAAATTTAATATAATTTTGTCCTTATGTTGATTTTTGTAGATTTAATTTATTTAAACGTTGTGAAGG
GGTACAAAGTGTGACGTTCAGGCTACGCTTAACTAACAACAAAATTCACATATAACAACAATAAAATGAAAATGTTACAAAAAATATATATCCTT
CAATTAGTTTATGGTGTATGGTAAAAATACAATGTAAATATAGAGACTTTTTGTTTCGTTCGTGTGTACTATTCATTTAACATTTTGTGCTGCTT
CAACGGTTTCCCATATAAATAAGTTCCCCTGACACAAGGAGGGAAAAATCAAAAATTATTTCGATGCAGGTAAGTTGGATTCGACAAAATTCGTT
TCAAGTGTGGGTGATTTTAAAGGTTTCGAACTCACAGCATGGTCAACAATCACACGAACTTATCTATATATCCTTGCAGTTCTTACAATCAATAA
TTATATCTGCAAGGGTACACAAACATCTGTTTAAGATAGACGTACGATCATATTGACCATTATACTGTTTGGGGATCGTTTGAGGAGTAAATATA
CAGAATGCTGTTTGTCAACAGAATGGCCAACACTTACATATAATTTCCTAACGTTTTGCTTTTGCTCCTAGCTTATGCTCAAATAAATAGATCAT
AAATAAATTAAATTACAATTTTGTAAATACATAAAATATTTGGCATTTAATTTCGCGAAGCTCTACAAATTGAATGGTATTCGATTTTAGCACAA
CATTTTGCACAAGGTTCAGAAGTGATTTGAAAATATATTTTCGGCTGGGTCTTTGGATGGCAATGCGTTTTAACCAGAACAAAAATCTGTCAATC
ATTCTCATTCTTGTGGAATGCTATAATCATATGTTACATCATACGTCTATATGATTTCATATCTCTTTCTTTTGGCATTGTGTTAGCATACAAAA
ATGGCAACATCAAAAAAAAAAAGTAATCGATTCAAAAGTCTTATGGGAGGAAACAAATCGTAAGAGAAATGTACATGATTTCTTTTTTACATTTT
CCCATTTGTTTTTGGCATTTAACATTATACTTTTGTGCTTATGCTTTGATCTATATATTTAATATATAGTATGTATCTATGAATTCAAAATTGTT
TCGCTAGGCTAAGTATTATGGAGCTGCTTATGTTGTTCGTACATATATGAAGTTTACTGTCTGTGTTTTTTGTGGTAGAAATATTCTGTTAAAAA
AGAGTTTTATGTTTTTGCTCTCCTGGCATATCAAGTTCATATATAAAGTCGCTTCTGAGGCTCCTGTGGATTGTGCTTTAAAAACGTTTTACAAA
TTCCAAATGGTTGCCTCATCTCTAATACAATTGCTCATCTGTCTCGTGTTGTTTTCGCTTGTCTTGTTGTTAAAAGTACTACAAAAGTGTGTTGT
TTCTGTCGTCAGTAGTGTTGTTAAAGTATTGACCAGGGAACATCGTACATTATCTCGCTAGCCTTCGCTGCTAAATGCTTTTCCCCATTCGCACG
TCTTCAGTGATAACGCTCGCTATGCATCCGTTTCGATTTGGTTTGTTAGTACTTCTCATCGTCCGTAATTTCCCTATGGGAATTCTGTAATTCTC
AGGCCTTGTAGTGCTGATTCCTCACCGCGCAGCAGAGGCTCAGGGCGAAAGTCAGGGACAGCAGCTCCAGCAGAATGACAGCGGCGGTGACGGCG
AAAATGGTGACCCAGTTCTCGTAGATGATTTCAATCAGCTTGTCCACGCAGCCCTGCAAGAGACGTTTAATATGAAACTCATTAATCGGTTTGTG
TAAAAGTCAGCTCGATTTTCATTCAGTTTGTTTACAGCTCGCAATCTCTGGATCTACTACCCAACCAGACTGGCAGACAGAAGTTTGAGATGCGT
GTTGAATATCAATATTAATTAATACGTTTTTATCGTCTCAGCATTGGCGGGCGTGAATGTTTATTAACCCAATGCTTTCAGACCGCAGAAAAAAA
GGATTATTAGTTTTTATGGCCAGGCGGCGATAGCGATCGGTAGGCCAAGAAATTATGATTCGGGCACACCTATCAATTGAGTTTTGATGATTTTT
TGGAAATTCACTGAATCGAAAAACGATCTTTTCTGGTAAAATTCATATGACTCACGGAATCGAAAAACTCTTTGGTTGGTCATTGGCATTACCTG
CTGATAAATGGCGTTGTTCAATGGGCCACCAAATTTCAGGCGTCTGGACAGCTCACACTCATTATCCTTTAGATTATCCTTGCAGCAGGACTCGG
GTATGTTATAGAAGACATTCATGGAAGACACGGCGATCTCCACAATATTTGTGCGATCCACATTATTAAACCGACTCGTGGCCCAATCTCCAGGT
CCATCGGCGCCGCAGCATTTCAACTGAAACAGATCAGGAAAGTTCGCATAAATCGTTTTTCCGACGACGTGGTGGGTATGTCCAAGTACTTACAT
TCTTTTGCAGCGTATCAAAGGTGACGGTGCGCGAACTCATCGTGGACTGGCCGTACTCCTCCTGGACTGACGACTTGACAGCCGCCCGCACGATG
TCATCCAGCTTGTCTTTGTTGTGGAAGGCCCATGCTCCGGCTGCAATTTGTGCCACCATCACGATGAGTATGACACAGAAGAACTGCAAGAGAAT
TTCAGATTTATGAATGACGGAGTCCGGCCCGTGGGCGTTGAGTAAATAAACTGGTTGCGATTTAAGACAGATATGTTTGCACTCGCAATAAGGAA
CTCCAATTAAGTGCAACTTTTGTTTTCTTTACATCATTTATATGTATAAGATATACTTTCTGTTATATATATTTAATAAGTACTTTAAATGGCAA
TACTATTGGATAAATTTTCTGTATTCACAGTCCAATTTAGTTAGGTATAAAATTATTTTGGCAAGTGCATCGTTTTGCCAAACTGCCAAGACATT
GTGGGCGAACCTCCGTTGCAATCATATGAGCGGAACCGTGTGGGCCACACATTTGCATGCATTTTAATTGGAATTCCCAGACACTGGTTATGATA
TTACTTTTCACTTACCGAAACCAGCAGACATTGCGACTCACGACAGACTCCGCAACAGCCAAAGAATGCGCCCAATGTGATCAGTATGCCGATGG
CGAGGAAAACATACAGGGCTATGTGATAATGATTGTAGTTCTGTGTCATCGACAGCATAAATGTGGGATCCGTCAGCATCCAAACGGAGGTCACC
ACGATGGTCAGTCCGATGAGCTGCAAGCGAAAAGAATACAAAATATAGTAGAGCATTACCTATTTTTACACATTTTCGCTGTAATTCTCAAATTG
TTGCATCCATCTCACGCTGGGCACACGCGTCAATGACGCCATCTGGCGGCAAGGCGGCAATTAAAGTGGGAGACTGCCCCGCCCAGTTTCGCCTT
GCTTTAAACTTCTATAGTTTCATACATATGATGTCAGCTTAGTTGGACGCAGACTATATACATAGCAACTGCTGTTGCGCTTCTTTTAATTTAAT
TAAAGGCAGTAAACAGAAACCAAGTACAAATTACAATTTTCCCCATTCCATTCAATTTGTTAAAAAAAAAATCAGTAATTCTATCCAGTATACAG
ATTCAAAGGCAGCTTTTTGAGCTCCGAACTTTCAAAACCCGATAAGAAAAGGCCCATTAAGTTTGAAAATCAATGATGCGATAAAATTTGGTTTA
AAGTTAAATTTTGGCCTTCATCGCCAAGACATACTGTATGTATATACATATAGAAGTGGCAAGACATTGATCCCAAGCGAGAATATGAGAATTGC
GAGCTCGTGTTATCTCACTTCTCGGGTTATCAGCAAACGAAATATGAACTTTTCTTTGGATTTCCGCTAAAAGAATTCCGGTAATGTATTTCTTC
TTAAATTTTCCTACCCAGATATTAAACACTAAACTTGCTATTGCCAATCCATCCACCAGAAAAATGTTGTTCCGCTCGTGCAATGAGTAAGAGAA
TCTAATATAGAGGTAATGACTTAATGGGTTGGTCGAGGTGTCTATGCAAGTTCATTAATTATTCAGCAAAATTATTCATCGCAGGGAAATTGAGT
GTGCGATGAGAGCTAATCAAGAGATGTAAACAAGTGCACATATTACATGGGAAATATGTAAATTTAGAACCACTTAAGAACCGATGGCTAACTGA
GAAGCATTTCCAAATACAAAACACTTCTTATCTCGTATTTTTTCTCAGCCCGCAAGCTTTTGTAATTGCCAAGAGCATCAGTGCTTTCCGATAAG
ATTACGCAGTGGATCTCGCAATAAGCAAATATCTATTTAACTTAAAGATACAGCAAAATATAAGATACAGTTTTTGGCGCCCAGGAAAAACGGAT
GAAAAAGCATGAGGAAGTCTCGTAAATTTCATGAAAATCTTATGAAATATAAGAGAAGCGGAGACCGGCTTTTATGTGGGTGGTCCACGAAAGAG
AGAGCTGCCATAAAGTGAGCGAGACAAAAAGTGTGCCACAAAGTGCACGATATGCTGGCCCTAAAGTTCATGAATGTGCATGTGTGCAGCTAACG
GAAAAACTACTCATGGAAACGTAATACAATGTTGCCCCATTCGAGGGCAGTTTATTGAGTAAGTACATTGTAACCAGAAGCCCTTGTTTGCATAG
ATTTTACTTATTTTTCCAGGTCAGGTTTTCGGGTATGGATCAGTAACATAATCTTGAATTTGTTCATGTGTTGAATTAAAAAAAAAAATGTTTCT
GAAGAAGAGGTTTATTCCTAGAGCTCTTATAAAGTATGTGTATGTATATACTACTTTGGATAAACCTCAATTCCCTTATCCTTTTAGGGAACAAA
AGTTGACCTCGTTTTGAATCAGTCCCATTATCCCTGAACGAACTGAATCCACGCCTTGTTTGTAGCTCTGTTTGTTGGAATTTTTACGATTCCCC
GAACGTTTTCACACACATATATTTTTACACATCTGACACTATGTCGCGTGTCCAGGACAAACAAACAAAAATCCTGCCGAATGGGCCAATAAATG
TACAGAGTCCTTCGTTGACCCAGTTTTCAGAGCCGAGGCGTCGAAAGCGGAAAACGAGAGAGCATTTTACTGCTGCTAAATTGCAAAAAAAAAAA
TAAAATGGGGCCAAAAGGCAGCTGGGCTTGCATTGCATGTCCAGTCACAGTTTTGTCCCACAATTAACCGCATCGATGGCAAATCGCAGCCAACA
GCCATCATGCATCAGCCATAAGCTGAAAATACAAACTGAAAAATGAATGAAGCGCCACTCATGAATAATTGAGTGAAAAATAGCACAGCGAATTA
AGTATGTAGATGTGACATGTCACAGCGAATTGAAAATAGATACAGGCCAGCTTCGTTACTTGGAGAAATATTTTTAAATATTATTTTATTCACAG
CAAAAGATTACATTTTTTTCAGGAATTTAAGAATTCTGCACTATGGAAGTCTGACTGTGCTGAAATAAATGGTTTTTTTAGTGGGTGGACAGGAT

AGGATTGTCAGATGGTCGACCGAATATTTGGAAATCTTTCAGTTTTGGTCACTGTCAACTTCAATGACGACAGCGCCGGCCGTTTAGCATTTTAG
ACGCTTATGGCATAGGCCTCCCCCAGCATCTTGGATGTGGGATATCGGCCCCATTGGAGCGTCAGCGTCCTCAGAGATCGTGGCGTTTGATCACG
ATGCCCCACGGCGACGATGAAAATGGAAATGTTTGGAAATCGATGCACAGTGGAGAGCGAGATTCAAAACTAATCGGACAGTGGTCATTTTTTGC
GAAGTTATATAAAAATACTATTATTAAATTTATTATGGCTTTGTGGGGTAATTGATAACATGCCCTGGCTAAGAATAGCCTCAAAACAATGTATA
AAAAGTCTTATATAAAATAATATCTGACGCACTTTCATCCATAAATCGCTCTAAAAATAGTTCAAACGATTAGTGAAACGAACTGCATCACAAAC
ACATCACAATTTCTATCGCTCATTGTTCCTCCACTGAAATCAAACACACCACTGTGCATCCAACAACAACAACGATGAATACTAAAACATCACAG
ATCAAGGAACATTACACAGAAACCAATTATTGGATATAATCTTATTGGGATCGGTTAATTTTAATTTTTTTTACATGACATATATACAATAAACG
AAAAATAATTGAAAGGTATTCGAAAGTTTCCAAACACGAAACTTGGCTAGGCATCAGTATTTTCTTTCTGTGTACAACAACGAAAAACTGAACGG
ACGCGTAAGTTTGTGTTGTTCCTCGCCCGTATTCGAAAATAGCTTTTGACTAATAAATACTATAGACAGAAATCGAAAAAAGGCAGCAACAATCA
ACAAACGAACGAAAAAAAAATTAGAAATCAGCCCGCATAAGAATCAAAATTTTAAATTTGTTGCCCAAAGGAAAAGCGAAACTGATTTCGCAAGC
CGCGGAAGACAAGAGGAAACCCCAAGAAAAACTCAAGGAAACTCAAAACAAACGCAAACAATCGCTGTGGCAGATAGTAATTGAATGGAAACAAT
TGAAAGCCTAACGAGGCTATGTTGAAAGTCGAAAATTGCGTAAAACAACAAGCAGATAAGTTGGCCAAAGAAAGTAAAACCCTTTTTTTTGGGGT
GAGGAGAGGTCCTTTTTTACCGAATTAAGCCAACCGAAGTTTGTAAAAATATCAACGGCACGTATACGTTATAAAAATAATAAAACAAAAAAAGA
GAGACAGGAAGAGACAGAAGCAAAAGAAAAACAACTGAACAAACATGTGGAGGGAAAAGAAAACAGTGGGAGGTGGGAATGGAGATGCTTAAATG
TTTATCTGTCTGTGTGTGTGTGTCCCCTCCCACAACGGAACTTCTATTGTTTTTATGCGGGAGTACGAGCAGAGCGGTAGGGAGTGCGAGCGG
GAGATGGAGAGATACAGTGATGTCGCTTTTAAAAGCCAGTTGAAGTTTTGAAGTTATAAATGGTAGAAAATAATTTAAAGTCAAATAGTTCATAA
CAAACAAAACCGATTTGTTTAATTTCAAAAAGAAAAACCCTTCTATTAATGTTTTTAATTAACCGCGTACTTGAATATTTATATAATCTTGTCCA
TTTAATGTTTTTAAGCCCGCTCATTAAAAAAAAAATATTTAAGTTAATATATTATTATATTTATTTTATTATTTATTTATTTATATTTTTTACTT
CCTTTTCGATTAAATATTTCAAGCCGTACTTAAATAAGTTTCAACTTATGTTTTGGGCACCTCTGGGATCGAGAGAGTGGAAAGAGGGACTGAAA
GAGCGGTAGGACTCCAAAGAGCGTGCGCACGGCTCCTCCCTCCGCCCGCGCGCCAAGCGTGAGAAAGAGGGGCGTAGGGAATACACAACACACAC
ACATTCGCTCACGCAACACCCACACACACGCGCGCGAAAAGGAGGTCCGTGTGTTCCAGTTGTTGTTGTGATGGGAGAGAACCGAATCTCGCATT
GTTGTTGTTGCTGCTGCTGCTGGAATCTACATACCCAGAATAAAATGTTTATAAGGACCATCAGATATTTGACGCACGAACAGCAGCCGTTGAGA
CCCATGGCGCGGATTGATATTCTTAAATAGGTAACTCCTTAAAAAGTAGCTGCAATTTAACTGGTTTTTCAACCACTTGGAGATGCTCTTTTTCC
AAGGAACCCCGAACTGCAGTGTCGCCTGCACTTTTCGACCTTTTGCACTTTTTCAAAACACCCGCTCGATTGTACTATATTTTTCAAATTTTTTT
AAAATTTCCCGTGCTAAAATCCACCGATTTGAGCCACTGTTTGCGCGATTGGCCGTTGCACCCGATTTGTTTTAAAAATTTTATTTGTGCATCGA
GGCGTCCGTCCAACGTAAAATTCTTGTATCAGTGCGACCATTAGCTCGGCCGTTCAAATATACCAGCGGGTATAGAAAGGCTAAAAACCGAAAAG
TGGTGACCCTTAGAAGATACCAAAGAAGTGGTTGAATAACTTTGATGAGGCTTAGCATGGCTTGCAACCTGCTTGGATTTGCAGCCTATACGCAA
ACCAAAGTGGCCTATCGATATTTTGGATAAGTTCTATTGCCAATTTTCCCAATAAAATAAAAACTTCACTTGAATGTTAAAAGTAATTTAGTTTC
AGTGTTTACATAATGTTCAAATAACCTTTTGATTGTTATTATGAAAGTTAAAAATTAAAAATTTAGATATTCTAACTAACTATTATCCCCAATGT
TTCAGCTATAATCACCATATTTAAAGTAGATTTCATTTTAAAGTATAAATTTGTGGTTGTTTACATTATTTTAACATGTCTATTTAATTATTACT
ATGAAAGTGGGTAATTGAAAATTAGGATATTCCAGGTTTTTGATTTACTTTGGCTATGATTTTCCCAAAATATTTAAATCTGTAAATGTAAACAG
TTTGAAATGTGACCTTAATAGTTCATGCTTTGTTCATTCTTCTGCGAAACGGTCACACTGTTCGCGCAGGCGAAAATGGCCTAAAGCGTGAAATG
TTTAATTCGTTGTTGTTTCTCCTCCGCAATAGTTACTAATAGAAACAAATGCAAAATGGCTGTCTAACGTTTAAGTGCAGCGACCGCCGAAGATC
GTGGAAATATGCATGAAAAGCGGCTCGCAGGCAAATGAAAGGCGCGTGAAAATGTAGCAGACACCTTTTTATCGCGAAAACGAACATCGGTGCAA
AGGGAAAAACAAAAACCAAGGAAAATACAGCCAAACGCGAATGTGAATGTGAAGGCAAAGTAAGCGAAAAGTCCCCCAACTTTTTTGGGGAGTAT
CGAGTGCACCACATACGTTTTTCAATATATATTTCGATTGCATTGAAATCAGAAACATGACAA
(SEQ ID NO: 691)

Exon: 8848..8490
Exon: 4200..4006
Exon: 3598..3419
Exon: 3348..3133
Exon: 2713..1001
Start ATG: 8555 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT19213
TTGGACGGACGCCTCGATGCACAAATAAAATTTTTAAAACAAATCGGGTGCAACGGCCAATCGCGCAAACAGTGGCTCAAATCGGTGGATTTTAG
CACGGGAAATTTTAAAAAAATTTGAAAAATATAGTACAATCGAGCGGGTGTTTTGAAAAAGTGCAAAAGGTCGAAAAGTGCAGGCGACACTGCAG
TTCGGGGTTCCTTGGAAAAAGAGCATCTCCAAGTGGTTGAAAAACCAGTTAAATTGCAGCTACTTTTTAAGGAGTTACCTATTTAAGAATATCAA
TCCGCGCCATGGGTCTCAACGGCTGCTGTTCGTGCGTCAAATATCTGATGGTCCTTATAAACATTTTATTCTGGCTCATCGGACTGACCATCGTG
GTGACCTCCGTTTGGATGCTGACGGATCCCACATTTATGCTGTCGATGACACAGAACTACAATCATTATCACATAGCCCTGTATGTTTTCCTCGC
CATCGGCATACTGATCACATTGGGCGCATTCTTTGGCTGTTGCGGAGTCTGTCGTGAGTCGCAATGTCTGCTGGTTTCGTTCTTCTGTGTCATAC
TCATCGTGATGGTGGCACAAATTGCAGCCGGAGCATGGGCCTTCCACAACAAAGACAAGCTGGATGACATCGTGCGGGCGGCTGTCAAGTCGTCA
GTCCAGGAGGAGTACGGCCAGTCCACGATGAGTTCGCGCACCGTCACCTTTGATACGCTGCAAAAGAATTTGAAATGCTGCGGCGCCGATGGACC
TGGAGATTGGGCCACGAGTCGGTTTAATAATGTGGATCGCACAAATATTGTGGAGATCGCCGTGTCTTCCATGAATGTCTTCTATAACATACCCG
AGTCCTGCTGCAAGGATAATCTAAAGGATAATGAGTGTGAGCTGTCCAGACGCCTGAAATTTGGTGGCCCATTGAACAACGCCATTTATCAGCAG
GGCTGCGTGGACAAGCTGATTGAAATCATCTACGAGAACTGGGTCACCATTTTCGCCGTCACCGCCGCTGTCATTCTGCTGGAGCTGCTGTCCCT
GACTTTCGCCCTGAGCCTCTGCTGCGCGGTGAGGAATCAGCACTACAAGGCCTGAGAATTACAGAATTCCCATAGGGAAATTACGGACGATGAGA
AGTACTAACAAACCAAATCGAAACGGATGCATAGCGAGCGTTATCACTGAAGACGTGCGAATGGGGAAAAGCATTTAGCAGCGAAGGCTAGCGAG
ATAATGTACGATGTTCCCTGGTCAATACTTTAACAACACTACTGACGACAGAAACAACACACTTTTGTAGTACTTTTAACAACAAGACAAGCGAA
AACAACACGAGACAGATGAGCAATTGTATTAGAGATGAGGCAACCATTTGGAATTTGTAAAACGTTTTTAAAGCACAATCCACAGGAGCCTCAGA
AGCGACTTTATATATGAACTTGATATGCCAGGAGAGCAAAAACATAAAACTCTTTTTTAACAGAATATTTCTACCACAAAAAACACAGACAGTAA
ACTTCATATATGTACGAACAACATAAGCAGCTCCATAATACTTAGCCTAGCGAAACAATTTTGAATTCATAGATACATACTATATATTAAATATA
TAGATCAAAGCATAAGCACAAAAGTATAATGTTAAATGCCAAAAACAAATGGGAAAATGTAAAAAAGAAATCATGTACATTTCTCTTACGATTTG
TTTCCTCCCATAAGACTTTTGAATCGATTACTTTTTTTTTTTGATGTTGCCATTTTTGTATGCTAACACAATGCCAAAAGAAAGAGATATGAAAT
CATATAGACGTATGATGTAACATATGATTATAGCATTCCACAAGAATGAGAATGATTGACAGATTTTTGTTCTGGTTAAAACGCATTGCCATCCA
AAGACCCAGCCGAAAATATATTTTCAAATCACTTCTGAACCTTGTGCAAAATGTTGTGCTAAAATCGAATACCATTCAATTTGTAGAGCTTCGCG
AAATTAAATGCCAAATATTTTATGTATTTACAAAATTGTAATTTAATTTATTTATGATCTATTTATTTGAGCATAAGCTAGGAGCAAAAGCAAAA
CGTTAGGAAATTATATGTAAGTGTTGGCCATTCTGTTGACAAACAGCATTCTGTATATTTACTCCTCAAACGATCCCCAAACAGTATAATGGTCA
ATATGATCGTACGTCTATCTTAAACAGATGTTTGTGTACCCTTGCAGATATAATTATTGATTGTAAGAACTGCAAGGATATATAGATAAGTTCGT
GTGATTGTTGACCATGCTGTGAGTTCGAAACCTTTAAAATCACCCACACTTGAAACGAATTTTGTCGAATCCAACTTACCTGCATCGAAATAATT

TTTGATTTTTCCCTCCTTGTGTCAGGGGAACTTATTTATATGGGAAACCGTTGAAGCAGCACAAAATGTTAAATGAATAGTACACACGAACGAAA
CAAAAAGTCTCTATATTTACATTGTATTTTTACCATACACCATAAACTAATTGAAGGATATATATTTTTTGTAACATTTTCATTTTATTGTTGTT
ATATGTGAATTTTGTTGTTAGTTAAGCGTAGCCTGAACGTCACACTTTGTACCCCTTCACAACGTTTAAATAAATTAAATCTACAAAAATCAACA
TAA
(SEQ ID NO: 692)

Start ATG: 294 (Reverse strand: CAT)

MGLNGCCSCVKYLMVLINILFWLIGLTIVVTSVWMLTDPTFMLSMTQNYNHYHIALYVFLAIGILITLGAFFGCCGVCRESQCLLVSFFCVILIV
MVAQIAAGAWAFHNKDKLDDIVRAAVKSSVQEEYGQSTMSSRTVTFDTLQKNLKCCGADGPGDWATSRFNNVDRTNIVEIAVSSMNVFYNIPESC
CKDNLKDNECELSRRLKFGGPLNNAIYQQGCVDKLIEIIYENWVTIFAVTAAVILLELLSLTFALSLCCAVRNQHYKA*
(SEQ ID NO: 693)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: BcDNA:LD19727
FlyBase ID: FBgn0027865

Celera Sequence No. : 142000013385214
GTGGTGCCGTCACCAGCGGCCACATCCTGGGCACGCGACAGCTCCACCAGCATCTTGGCAGCCGGGTGCAGTACATTCATCTGCTTCAGGATGGT
GGCGCCATCGTTGGTGATGGACACCTCGCCGTTGCCGGCCTGGATCATCTTGTCCATGCCGCGGGGGCCCAAACTGGTGCGGATAGCATCGGAAA
CGGCTGGAAAACAGAATTATTTCAATAGGTTATAAATGTATTTTAATATTTCGTTAAAACTTAATGAGAAACTCAGATAAGTGGAATTCGTGTGG
TTAGTTTTACACAGCAGCATGACTAATTTACATACATACATACAAAAAGACATATGGTGTTTTATGTGTTAATTCAAAAAATCTACTGTAACTTA
TCTTAAGAGATAAACAATAAAATCCTTGTAGCGGATAAAAGGGTATTGGGAATAGAGTATTAAAAATCCTCAATTTTTAGGTTGTTTCAATTCAT
CACATGAGTAATGCGCGCTCTTCTTCTTCTTCCGCCCAAGAAGTTTCCAGACAGCCGGCATCCAACTGCTTTTTCAATAGGCCATTTGGCCGGAA
ATTCTGATGCACCACTGCTCGGAATTCAGTCACCTCGGTTCTTAGCTCAATAAATAGCACATACGCCAACATTTTGATACAAAAATGTGTTTAAT
TTTGTTAATTTCCTCGCTTTTTCTCACCTTTGGCCGCCTGGATGTTGGACAAACGCACATCGGTGGGCTTCGACTTGTCCTTGAAGGCCTTGGCC
GTTGGCTTGATGTTGACAGCTGCTGCCTTGGGCGCCATTGTAGGGTTAAGTTATAGTTTTTTAACAAAACACAGTTATTCTACAATAAATTCACA
GCGATTTACACAGAACACGTTGCTGCGAAATGTTAAGGAAAGTGTGGCCGCACTCGCTGAGCTCAAATATACCGCCAACTTATCGGCATCGATAA
CATCATCCCTTGTGAATGGCAAATTGGTGTGACCGTATTTTGCGTTGTGACTCGGCTGCTTTATTTACATTGAATTTTTGTTCGATTTTTGAATT
TAAAATAAAAATAATGCCGCACGGACACTCTCACGATCACGGCGGCTGCAGCCACGAGGCCTCGGACGTGGACCACGCCCTAGAAATGGGCATCG
AGTACAGCTTGTACACCAAAATCGATCTGGACAATGTGGAGTGCCTGAACGAGGAGACGGATGGCCAGGGAAAAAGTGTCTTTAAGCCGTACGAG
AAGCGCCAGGATCTGTCCAAGTACGTGGAGAGCGATGCGGATGAAGAGCTCCTCTTCAACATTCCCTTCACCGGCAACATCAAGCTCAAGGGCAT
CATCATAAGTGGGGCCAATGATGACTCCCATCCAAACATGGTCAAAATGTAAGGAACAAAAGTCAAGGCTGCTTTAATATTACTATATTCATCAT
ATATCTTATTTTTCAGCTTCAAGAACCGACCCAGGATGACCTTTGATGATGCCAGAGCAAAGCCCGACCAGGAGTTCCAGCTGACCCGCGATGCC
CGCGGAGAAATCGAGTACTCACCCAAAGTGGTCACCTTCTCCTCCGTGCACCATCTCTCCCTCTACTTTCCCAGCAATTTTGGCGAAGACATAAC
ACGCATTTACTATATAGGTAAGCTCACAACAATCTATGTTTTATCTGTGTTCCCAACTAAAACCAAGTCACTATTCAAAGGTCTTCGAGGAGAGT
TCACAGAAGCTCATTACCATGGCGTAACCATATGCAACTACGAATCCCGTGCCAATGCAGCGGATCACAAGGAAAAGGCTTTCGATGGAGTCGGC
AGAGCCATCCAATAGGGTTATAGAGATTAAAATTTACAATTTAATTGAGTATCTCTGTAGTGTATATATTTTGTGATCATTTAAGGCAAGAAATG
TTTTTGTATTCGCTTAACTTATTGAGCATTTGTATTGCACAGATATTGTGGGCTAAATCATACTAAGTATATTGTGTGGGTGGAATCACATCGGG
TCCTATTTTCATGCCCATATTGGGCACTTTATCCGAATGGATTTCAGCCGTGACCTCGGTGAACAGCTTGTCCCACTGCCAGAGATCGTCCTTCT
CGTTGAGGCTCTCCTGTGGAACCAGGCAATCGGTGAGGATTGAGAGATCAAAGCCATCCACAGCTGAAAAGGCGTACTGGGAAAGCAAATCGGAA
TTGGCCTCCTTCAAAACAGCAGATCGTGAGGTGCCAATACTACAAATTACAACTTATTATCGTAGTGAAGAGAAATATAGCAGCTTCTGCTTACG
TTGGCGGTTCTACAATCTCATTGAGCATGATTTCGTCCTTGACATCATCCATGTCTGGGATGACGGGAATGTCATCCGTTGGTATGGAATTTGTA
GCCGACTTTGTTTGTTTAAAGCGCTCACTAAAATGAATTTTATCATTATAACAGTCGGTGGAAAGTGAAGTTATTGTGATAAACTTGTACTCACT
CATCAAAGGAGTTTTTCTTGGACCTAAAAAGATATAGAGCAATCAGTAATGTGCCTAATTCGAGCCTAATCATACCCACTTTAATCCTTTGAGTC
CAGAATCCGCCCAGCCACCTGAAATGCGACGAATGGGTGGTCGATGTGACTCGAATTCATTGTTGTATGTGGACGAGGTGGCCGTGTCCGAGGTG
GTCGGTGGGGTGCCCGCCTGGACATTCAGCGTAATGTCGATGGAAATGTCCTTGGAGCCCCCAGCCGCCTGGACATCCTCCTCCTTCAGAACATC
GCGACTCTTGGAGCGCCGACCCTTCCTGGCCGTCGTCTAGGGTGGCAAATAAATCGAAACTTCAATTTGCATCCATTTAAACAGGGTTACTTACC
TTTCTTATGGTCATCTTG
(SEQ ID NO: 694)

Exon: 1001..1378
Exon: 1442..1632
Exon: 1696..1868
Start ATG: 1059

Transcript No. : CT19326
CTCGGCTGCTTTATTTACATTGAATTTTTGTTCGATTTTTGAATTTAAAATAAAAATAATGCCGCACGGACACTCTCACGATCACGGCGGCTGCA
GCCACGAGGCCTCGGACGTGGACCACGCCCTAGAAATGGGCATCGAGTACAGCTTGTACACCAAAATCGATCTGGACAATGTGGAGTGCCTGAAC
GAGGAGACGGATGGCCAGGGAAAAAGTGTCTTTAAGCCGTACGAGAAGCGCCAGGATCTGTCCAAGTACGTGGAGAGCGATGCGGATGAAGAGCT
CCTCTTCAACATTCCCTTCACCGGCAACATCAAGCTCAAGGGCATCATCATAAGTGGGGCCAATGATGACTCCCATCCAAACATGGTCAAAATCT
TCAAGAACCGACCCAGGATGACCTTTGATGATGCCAGAGCAAAGCCCGACCAGGAGTTCCAGCTGACCCGCGATGCCCGCGGAGAAATCGAGTAC
TCACCCAAAGTGGTCACCTTCTCCTCCGTGCACCATCTCTCCCTCTACTTTCCCAGCAATTTTGGCGAAGACATAACACGCATTTACTATATAGG
TCTTCGAGGAGAGTTCACAGAAGCTCATTACCATGGCGTAACCATATGCAACTACGAATCCCGTGCCAATGCAGCGGATCACAAGGAAAAGGCTT
TCGATGGAGTCGGCAGAGCCATCCAATAGGGTTATAGAGATTAAAATTTACAATTTAATTGAGTATCTCTGTAGTGT
(SEQ ID NO: 695)

Start ATG: 59

MPHGHSHDHGGCSHEASDVDHALEMGIEYSLYTKIDLDNVECLNEETDGQGKSVFKPYEKRQDLSKYVESDADEELLFNIPFTGNIKLKGIIISG
ANDDSHPNMVKIFKNRPRMTFDDARAKPDQEFQLTRDARGEIEYSPKVVTFSSVHHLSLYFPSNFGEDITRIYYIGLRGEFTEAHYHGVTICNYE
SRANAADHKEKAFDGVGRAIQ*
(SEQ ID NO: 696)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384548
GTAACCAAGTACACCTGTTGGAAGTTCTCCAGCGATCCATTAGCGGGATGTGGATGGAATATGTCCAGCAGACCGATTACGTTCTCATGATCCAT
ATGCTTTAAAAGTCGAAGCTCCCGGTACGTCCTCTTTGCATGGACAGCTGATTGAAAAGGCCTGGCAAGCTTTTTAATGGCCACATGCATATTGG
TGCCACGAACAACTGCCTTTGACACCTGTCCGTAAGCTCCCGATCCCACGGGCTGCAGATCCTGGTATATATCCGGGATCTCCCATTCCGTTCGA
TTTATATCCAACTTGTAAAACTTTTTTGTAATGGACACTGACATGGTATTGCTTGAGGAAGGGCGTCGTCACCTTAGTTAATGGTGCCTATAAGC
GAGATATGTATTGATTCTTAAAATGCCATGCGAACGATAATTCCATGCTGATTACGTTTATCTTGAGGCAGCTCTGCGTCAGTAGTACTTACCTC
TGTTCCACGCCCAAGAATATCAACAACTAAGTACTGGTCCCTGGCATTTTTCCTATATTTGCGCTATTACTCCATTCCGATGCGTGTTAGGCATT
CATGAATCAGATCGTCAGTGGATCAGATCGATCAGAAGCGACACACGAATGCGCTACATTTGATCAGAGTAAAGTTGTTAAAATCATTTTTGGCA
CGATATTAAAAAAAAATCCTTAATATATAAGTAAATAAATAAAATAATATATTAACCATATCATTGCATTGTAACAAGTCTCTTTTTCCACTCTTA
TCGATGTCCTTAAATGTGAATAAAGGGATTAAAATTAAATAATTTTGTTAGTTTTTAATAATATTCTAAAAATTAGGTAATATAATATATTTTTA
AAGCCCATATACCGTAAAATTTGGAGTGTAGAGCGTTTAAATGAAAATAAACACACGGCGTTGCCAGACCGTCAGCTGACAGTTCAATAAGAATT
TATCGAATAAGTATTTGAATCAGCTGTCTCTTGTTTTTCCTGCAAATTTGAGCAGCACCATCCCCTGACCCATTTTTTGTTGCACTTTTGGTGTA
CTTTGAATGAAAAATAGTCAGAGACACTACTCGCGCCTGCGCAGTTTCAACGCCGGGGTTATCAAATAAGCTAATCTAATCGTTCCGTAAACGCA
GCCTGACATTCCGCCCTACCATTCTCCGACGAACAGTTAGTTTCGCACGCAAGCCGCTCCCGCTCGCATCGTAACCTAGAAAACTTTAGCGTATG
TACATAAGTAAATTGACGAGTTTATCTGAATGATACTGAATATATTAGCGGTATAAAAGATAAACATTACATGGTTTAACGAGTGTTCGCTTGAA
AGCCTAAATGTTAGACCGCAGGGGAGCTGGAAGAAGCCACTTCAACCGCTGTGAACTGCGACCTTTGGAACCTGGACTGGCAAACATGCAGATTT
TCTGTAGTCCACTATCTCAGATAGCGGGAACATTGTTAACATCGATGGCATGTTCAGCACAAGTAAAAGATCTGCGAACCGAATGCGATTAGATA
GTCCGGGGGGTTCAAAGTATGGTTTGAAGGGTTGCTATAACTTCAACCCCTGAACCGTTTTTCTTTTAATATTTTCGAGGAAAACTTCACACTCC
CCAAAGGCGTGTATAATTTTTGGTAGATAACCCACAGTTCGTTATCTTCCATTATAGCTCATCATAAAATGCAAAACTATCATGTTTCTTTCTCT
TTGCAGACACAAAATGACTTCAAAGCTACTGCCCGGAAACATTGTGTACGGAGGTCCTGTGACTGAACGACAGGCCCAGGATAGCAGATCCTTGG
GTCAGTACATCCTCGACAAGTACAAGAGCTTTGGCGACCGGACGGTGCTGGTGGATGCCGTCAATGGAGTGGAGTACTCTGCCAGTTTCATGCAC
AAGTCCATTGTACGGCTGGCATACATCCTTCAAAAACTGGGAGTCAAACAGAATGACGTCGTTGGTTTGTCTAGCGAAAACAGCGTCAACTTCGC
CCTGGCCATGTTCGCTGGTCTAGCAGTTGGGGCTACGGTTGCTCCCCTTAACGTAACATATTCCGATCGTGAGGTGGACCACGCCATTAACTTGT
CCAAGCCAAAGATCATATTCGCCTCTAAGATTACCATTGATCGTGTTGCCAAAGTGGCCAGCAAGAATAAGTTCGTCAAGGGCATCATTGCGCTC
AGTGGAACTTCCAAGAAATTTAAGAACATCTATGATCTTAAGGAGCTGATGGAGGACGAGAAGTTCAAGACACAGCCTGACTTCACGAGCCCTGC
GGCCAATAAGGACGAGGACGTGTCTCTTATTGTGTGCTCTTCTGGAACCACCGGACTTCCTAAAGGAGTGCAGCTGACCCAAATGAACCTGCTGG
CCACTCTCGACTCACAAATGTAAGTTTAATAATATGCTATAAAGGCGTTTCTTTTAAATGATTTTTCTTTAATAGCCAACCCACTGTCATTCCAA
TGGAGGAGGTCACTCTACTCACTGTCATTCCCTGGTTCCACGCCTTCGGCTGTCTGACGCTTATCACCACCGCCTGCGTTGGCGCACGATTGGTA
TACCTGCCCAAGTTCGAGGAAAAGCTCTTCCTTTCTGCCATTGAAAAGTATCGCGTGATGATGGCCTTCATGGTGCCACCACTGATGGTCTTTTT
GGCTAAACACCCCATCGTGGATAAGTACGATTTGTCCTCTTTGATGGTCCTGCTGTGTGGAGCAGCTCCACTCAGTCGCGAAACTGAGGATCAGA
TCAAGGAGCGTATTGGAGTGCCATTCATCCGACAGGGATACGGCCTCAGCGAATCAACGCTGAGTGTTCTGGTGCAGAACGATGAGTTCTGCAAG
CCAGGCAGTGTGGGCGTTCTTAAGGTGGGAATCTATGCCAAGGTGATCGATCCCGACACCGGCAAGCTATTGGGGGCCAACGAGCGCGGCGAGCT
TTGTTTTAAAGGCGACGGCATCATGAAGGGCTACATCGGAGATACGAAGTCCACGCAGACCGCCATCAAGGACGGTTGGTTGCATACTGGCGATA
TTGGCTACTATGATGATGATTTTGAGTTCTTCATCGTGGACCGCATCAAGGAGCTGATCAAATACAAGGGATACCAGGTGCCGCCGGCAGAGATT
GAGGCTCTGCTGCTCACCAACGACAAGATTAAGGATGCGGCGGTCATTGGAAAGCCAGACGAGGAGGCTGGCGAGCTGCCGCTGGCATTTGTGGT
CAAACAGGCTAATGTTCAACTGACCGAGAACGAAGTCATTCAGTTTGTCAACGACAACGCCTCGCCCGCCAAGCGTCTAAGGGGTGGCGTGATCT
TTGTTGACGAAATTCCAAAGAACCCCAGTGGCAAGATTCTGCGTCGCATTCTGCGGGAAATGCTTAAGAAGCAAAAATCCAAGTTGTAAGGGATT
TCTCCCCTTAAGGGTGTGTGTACAAACAATTTACTATGTGTATGTTTTATTATTGCTAAACTTTGTTTTATAAACTACCAACTGGTTGGGTTTCG
ATTTACTCATATTTGGCTTTTCTTTCGAAGTATTCGCTTAAAACTTAAATACAAATAAAAACTGATGGATTTCCATGTCGCAGATAGCATGTGAC
ATCGCTGAAGCTCTAGAACTCAACTCCAGCTTTAATTACGTAGATGCCTGAACTATCAATAACAAGTTATATATAAACAACTACATACATTCGTT
CTCAACTTGTAACAAACATGTATTTTTTCCATATTGTTGTCGCTTTTATATAGACTCATTATTAATTTCGTATGGTGTATACATATATTTATATA
TTTATTTGAAATATTTAACTACTCATCTGCTCTGCTTTGTAAATAGTTGTTTAACATTTTTTGTTTTGCTTGGGAAAAGTTTCTATCTTGCTTTG
TCGCAGCAAATTGCATATATTGGGTTCATTTGTGTTTCCAGTATATAAAGAGGTTTATATGTCTGTCTCTAGCATTAGTTTACTAATTATTGTGT
ATGAAACCTTAAATGTAAGAGAAATGCCTTGGTTTCTATAACGGAAATATCATAGTTTGTGTAAAATCCTAAATACTGCTCATCCAGCACAGGCG
CACCCCCGTCAAAATCCTGCTTCCAATCTTTTCGAGCTGCGCTGCTACCAGTGCTTATTTGCAGTACATACTTATTGTTGCAATGCTAATCGACT
TGGTGCACGATTTACACTTAAACCTAGTTCGACAAATTAGATGAATAAATTCAGTTGTTCACTTCGTTAGTTTCTTTTCGTTTAACTTTACATAG
TTAAATAAAAACGGTGCATTTTAAAATTAGCTCGCTCTTTTTTCTTTTACCATTGGTACAATTCTAGTTTTCTGCTTTTGGCACAATCCTGACAA
CAAATTGGTTACTCTGATTGTCACTTGTGAACGAAACTAAATTG
(SEQ ID NO: 697)

Exon: 1001..1230
Exon: 1717..2394
Exon: 2451..3414
Start ATG: 1724

Transcript No. : CT19388
AGCAGCACCATCCCCTGACCCATTTTTTGTTGCACTTTTGGTGTACTTTGAATGAAAAATAGTCAGAGACACTACTCGCGCCTGCGCAGTTTCAA
CGCCGGGGTTATCAAATAAGCTAATCTAATCGTTCCGTAAACGCAGCCTGACATTCCGCCCTACCATTCTCCGACGAACAGTTAGTTTCGCACGC
AAGCCGCTCCCGCTCGCATCGTAACCTAGAAAACTTTAGCACACAAAATGACTTCAAAGCTACTGCCCGGAAACATTGTGTACGGAGGTCCTGTG
ACTGAACGACAGGCCCAGGATAGCAGATCCTTGGGTCAGTACATCCTCGACAAGTACAAGAGCTTTGGCGACCGGACGGTGCTGGTGGATGCCGT
CAATGGAGTGGAGTACTCTGCCAGTTTCATGCACAAGTCCATTGTACGGCTGGCATACATCCTTCAAAAACTGGGAGTCAAACAGAATGACGTCG
TTGGTTTGTCTAGCGAAAACAGCGTCAACTTCGCCCTGGCCATGTTCGCTGGTCTAGCAGTTGGGGCTACGGTTGCTCCCCTTAACGTAACATAT
TCCGATCGTGAGGTGGACCACGCCATTAACTTGTCCAAGCCAAAGATCATATTCGCCTCTAAGATTACCATTGATCGTGTTGCCAAAGTGGCCAG

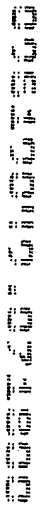
CAAGAATAAGTTCGTCAAGGGCATCATTGCGCTCAGTGGAACTTCCAAGAAATTTAAGAACATCTATGATCTTAAGGAGCTGATGGAGGACGAGA
AGTTCAAGACACAGCCTGACTTCACGAGCCCTGCGGCCAATAAGGACGAGGACGTGTCTCTTATTGTGTGCTCTTCTGGAACCACCGGACTTCCT
AAAGGAGTGCAGCTGACCCAAATGAACCTGCTGGCCACTCTCGACTCACAAATCCAACCCACTGTCATTCCAATGGAGGAGGTCACTCTACTCAC
TGTCATTCCCTGGTTCCACGCCTTCGGCTGTCTGACGCTTATCACCACCGCCTGCGTTGGCGCACGATTGGTATACCTGCCCAAGTTCGAGGAAA
AGCTCTTCCTTTCTGCCATTGAAAAGTATCGCGTGATGATGGCCTTCATGGTGCCACCACTGATGGTCTTTTTGGCTAAACACCCCATCGTGGAT
AAGTACGATTTGTCCTCTTTGATGGTCCTGCTGTGTGGAGCAGCTCCACTCAGTCGCGAAACTGAGGATCAGATCAAGGAGCGTATTGGAGTGCC
ATTCATCCGACAGGGATACGGCCTCAGCGAATCAACGCTGAGTGTTCTGGTGCAGAACGATGAGTTCTGCAAGCCAGGCAGTGTGGGCGTTCTTA
AGGTGGGAATCTATGCCAAGGTGATCGATCCCGACACCGGCAAGCTATTGGGGGCCAACGAGCGCGGCGAGCTTTGTTTTAAAGGCGACGGCATC
ATGAAGGGCTACATCGGAGATACGAAGTCCACGCAGACCGCCATCAAGGACGGTTGGTTGCATACTGGCGATATTGGCTACTATGATGATGATTT
TGAGTTCTTCATCGTGGACCGCATCAAGGAGCTGATCAAATACAAGGGATACCAGGTGCCGCCGGCAGAGATTGAGGCTCTGCTGCTCACCAACG
ACAAGATTAAGGATGCGGCGGTCATTGGAAAGCCAGACGAGGAGGCTGGCGAGCTGCCGCTGGCATTTGTGGTCAAACAGGCTAATGTTCAACTG
ACCGAGAACGAAGTCATTCAGTTTGTCAACGACAACGCCTCGCCCGCCAAGCGTCTAAGGGGTGGCGTGATCTTTGTTGACGAAATTCCAAAGAA
CCCCAGTGGCAAGATTCTGCGTCGCATTCTGCGGGAAATGCTTAAGAAGCAAAAATCCAAGTTGTAA
(SEQ ID NO: 698)

Start ATG: 238

MTSKLLPGNIVYGGPVTERQAQDSRSLGQYILDKYKSFGDRTVLVDAVNGVEYSASFMHKSIVRLAYILQKLGVKQNDVVGLSSENSVNFALAMF
AGLAVGATVAPLNVTYSDREVDHAINLSKPKIIFASKITIDRVAKVASKNKFVKGIIALSGTSKKFKNIYDLKELMEDEKFKTQPDFTSPAANKD
EDVSLIVCSSGTTGLPKGVQLTQMNLLATLDSQIQPTVIPMEEVTLLTVIPWFHAFGCLTLITTACVGARLVYLPKFEEKLFLSAIEKYRVMMAF
MVPPLMVFLAKHPIVDKYDLSSLMVLLCGAAPLSRETEDQIKERIGVPFIRQGYGLSESTLSVLVQNDEFCKPGSVGVLKVGIYAKVIDPDTGKL
LGANERGELCFKGDGIMKGYIGDTKSTQTAIKDGWLHTGDIGYYDDDFEFFIVDRIKELIKYKGYQVPPAEIEALLLTNDKIKDAAVIGKPDEEA
GELPLAFVVKQANVQLTENEVIQFVNDNASPAKRLRGGVIFVDEIPKNPSGKILRRILREMLKKQKSKL*
(SEQ ID NO: 699)

Name: luciferase-like
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384303
CCACTCCCCTCTCCAACACCACACTACCAATACCCTGCCAGCACGTTTGAGTTGCCCGTATTTTTGGGTTATCGCCCGGTCGTATTTGTTTATAG
AGAAAGAGAGAATTTTTTTTTTTGTCTTTTTTGACCTGACCACCTGTTGCTGGGCGCTGAGCGCCTGTTGCGCTAGCAAATAATCGATCGTCAGT
TATTTATTGATTTCTGATTGATGGGCCAACCAAGTCCCATCCAATTTGAATCCAAACGACGTGGCTTAAGGGCGGGGGATTAGCGTCTGCTACGT
GGGATCTTCGTGTGTGCCGGGGCGGATTAGCTGGCTTTGGTCATGCGGCTAACAGAAAAACGGCAGCAGGCAGAGATCGCGTCGCCAGTGGAAAT
TTGAATAAAATTAACATTACAACTACAGTAGTCGGCGGCACAGAATGCTGATAAGCGCTTAACTTATCAAATGCATACATAAGTGGTTTTCGTTT
GGTTAACTTTAGTTTATTCATTTTTGAAATGTCTATAACAGAAACCCAAGAAAACATATTTAAACATAAACACTTAGGAGTCTAGGAATCAGGGA
CGAAGGTAATTTTGGGATATACTCGTATATGTAAATTGTTTTTTTTCTAAGTTTTTTAATTTGTTTTGTTTTTTTTTTTGTAGTTTTGTGACTGT
TTTAGCAAAACTTATTTAGCTACGCCCTAAGCCTAGGCAATATTATCAATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT
TTATTATTTGATCAACGCACTGTTACCCATGCGGCAACTTAATTTGATCTGCTTAAATTATTTTATTTTACAATGTGTCTTGGTTACTTAAGACT
AACAGATTTTTAATCCTAAAAATGATAGGGAGAATTATAATAGTTGATATAACATAGTAATTATTATTTATTTGATTATTCTAATGAATTTTAAA
ACTAAGACTTTCTAGGTCAAAACCAGGTTAGGGAGGTCATGAGGGTGGTGAATATTATCAATACGATCGTTGAAAACCCAACACCCGAAAGTATG
CTATAAGTACGAACGCCTACTTGCGACTGCCCTTGCGACACAATTGCTGTACCGCCTGCGCTGCCGCCAGGAAACTCTTCTCGGCGCAGCGCTTG
GGCCAGTCCTAGGACTCGTAGAGCAGCCGCTGATAGTGTGGCAGGACCTCGTGCCGGTTTACATGCAGGCTAAACTCCAGAGCCACAAGCACAGC
GAACTCCGACGAGATCAGCTCCTTGCGATTCAACCGGAACACGCTCTCCGTCTTCTCGATGAGGCTCTTGAGTGCGTCACCCTTCACGTCATTCA
TCTTGGCGCTGAGCAGCAGACAGGCGCCGGCGCACAGCTTGCGGTTGCTCTTGTTAATCAGATTGGCCAGGATGAGCTTCTCGAAGTACACGTAC
GCCTGCGATATGGTCACCAGATCGATGCGCGAGTCCAACTTGTTGATTCGGCGCATTTCGCGCTTAATGCTGCAAGTGAAACGTAAATGGATAAG
TAGTGTTCCTTTAAATGGTTACTGAAAGAAGGTTATGGGTTCACTTTCTCAATATTACTTTCTATTGAGAGTAACTTTTTCCATTCCTTTTAAAA
GTGAAACCATAGTCCTTCAGATTCCTTGTCACTTACCTCCTCAGCTTACTCAGTGTGAGCTGGATGGTGGGGAACTTCTCGCGAAACTTATCGTT
CAGCTCCTTCTTAAGATCGGATGGACGCACATAGTCAATGACCGAGGTCATGTAAGAGGTGAAGGTAAGCAACGTGCGATGCTTTCCGGCAATCA
ACTCCGGATCGTCCAAAATGCTAGCGGAGTACTGCGGATTACGCAAGACATAACTCTAGTTAGTAAGGATATACATTCATAGAGATAACCATTCA
ACTTACCACCTGACCACGCGACGAGTCTCCGCCCAGGATAACACTCTCTATGTCCATATCCAGTTTCATGTCTGGCGTCGGACTGGTTGCACTAT
TGCGATTGTTGTTCTCATAAGTGAAGCACCTGCGAAGTCAATTTCGATTGATTAGGATGCACACTAAATACGAATTATATGCTAAGATAGCGCGT
GATAGAAGGCGGGATTGGGTTAGTCGAAGCATTGCTGTTCGTCGGATGTGTGCGAGAGTGGGTGGCTGGAGGTGTGTATGTGGGGATAGGTGAAC
TTGGTTAGTGGGCTAGAAGCTTTTGGCAGTCGACCAGGCTTTGAAACTACAGCAATTCAACTACTGAAGCTAGTAGTAACATAGCTAGGTTGGCT
GTTTTGTTTTTGTCATATTAGCTGTTTTTCAAAATTTACCATTTGCCTTGACGTTTGGTTATGGTTTTTGTGCTGAAACGAAGTAGTGCAAAGCG
TTAAATGAATTAGCAAAAGTTAATGGCACATAATGGTTTTATTTTTGTTTTGTTTTGTTTTTTTTTTTTTGGGTCAACTATTACCGAACCAAAGCA
AAGAAAACAATTGAACATTGTAGCTTATCAAGCGATAAAAATATCTTTCGATTTTGGGGATTATATAAATGCGAACAATGTGCTGAGCTTCAGTA
AATATATAATTATTGGTTTGGGTAACATTCGCGCTCAACTCTTGATGAGTCAGATTTTCAGGTCTTGCTGGGTCAGCTTTATGGCTGTTGACAAA
CACGAGCTAAACCAGTGTCTCCACTGGCAACCGAGTAATGCGAGAAGGTAACAAAGAAGCATTATGTTTACTTTTCGTTTTAAACGGAATGGCTA
CTTGCTCTTCGATCGGATAAAGGAATTATTAGTTTACAGTGGTCGTTCGGTATGGCTAACCATGCAATATGACGCTCAATGAATGTTTAGAATGG
TTCATGGGCATGACATGACATGAAATGGAGCTGATTGAATGTGTTCAACAAAAATGATACGAAAGATGATCCAAAATATGCTGGCAAACAGGAAG
CCGGCACCAACCTCGCAATGCCATGATTCTTAAGCGCCGCTGTGCTCGTGATCTCCATTTGGTTCTCAAAGATGGAAGGATTCGCCGATGCATTG
CCATGCTTCTTGCGCTCCTTTTCGTACTGACGTGAAGGTATCAGCAGGTGACCATATGATATGTCCTGTAAAAAACAAGTTGTAGTTAAGATCAG
TTACAGTTGAGCTAAACTTATTGACTTACCTGACCACTTTCGGCCTTCTGTATACCCAGCAAATCAAACGGATCGAATGGCGCATCGTTGATCGA
GCTCAAAGGACGCGAAGTGGATGGATTCCGACGACGACGATCCTCCTTGCGAAACTCAGCTCTGCAAATTGGAACATAATTATTATAATACTACA
CTAATAATTAGAATCTAGTTTTGCATGTCACCTTCCATTCTTGCCCTTGTAATAGGGAAGTGAAGAGAATATGAAGAACGGAATCTTGCGCGACA
CAAGCACCATTCGCTCATCCCGTGCCTGTCCAAGTCCCAATGGCTGGCCGGAGGTTCCACGCCGGCTATCGCTGATCTGGACCGACTTGCTGAGG
CTGTTCCGGAAACTGCCCGCATAGTTTCCCGCCGGAGTCAGGCTCTCCGTGCTGCTGTCGTCGGTGATGTGGCTAACGCTCGATCCACTCAAGAC
ATAGGTGCGCTTCAGACCGCCGCCCATGGCAATGCTCGAATTGGAGCCCACCCGCATACCCGGCGCCGTGTTCAAACGTGCCCTCCGCTCCGGCT
GCAAGTTCTGATCGCTTGCCCCATTGCTGAAGGTGCTGCAAGCGAGAAGCAGGAGATCGGTTAGAATCGTAGCGATCTAAGGAGCAACAGGCGCT
CAACAACTCAAGTAGCATGAAAAACGCGCAGAAAACGATACAAAAACGCGCTGGGCTGGACCTTGAAGGCCCCAAGTTGTTGCTGCTTTAAAATA



CGATTTTTTTTTGGTATTTATAAATTCAATGACAAATGTTAGCGAAGAGACTAGTGATGTCACTTTAGCTATTAACCAAAAAAACATACTTTTAG
GATACTTTCTTTAAAGAAATTACTTTTTAAATTTTTAAAATAAAAGCATTGATTATAATGTAACATTACTATTCATAGTTCTACTATACTTATTA
TAGCCTAACTAGCTATGCCTACGTTCTTAGCTCTAAATTGTTTAGCAATCTGTTTTAGTTTATAGCTAATTTTAGCCATTTTATGGGTATCTTGT
GGGAGCATCATCTCTGGAACTCTCTTCATCGCGGGGGCCCATTGTCACACCCCTCACGCAATGATCGATATTTTCACAGGCCCGCAGAAACGGAG
AGAAAAATCAGCGGAGGCAGAAAGATTTTCCCTTGTGCATTTAAAGGGCGATCAGGCCCGCTGCTTATCGCTTGTGTATTTTTGGAAATCAAACA
AACACATCAACACAAACACACACACGCATACACATTCACACGCTCGTTGGCACACACATGTGCAATGCCGAAGGGCAGCCGCAACGCAAGTCAAT
TAGCCAACTGAAGTCAACATCTTCACGGCATCTGTGCGCCTGGTTGATTACCTTGGGATAATTGGTCTAGGTCGAGGTTACAGTCAAAAAAAGTG
TGGTCTCTTGAAGCGGAAGGGGGCATGGGGCAGGGGGGTCTGTGCGCAAACTCCCCTCAAGTTCGTCGTGGTGACGATTCTGCGTTAATTAGCTG
GATGAAGTGCAAGGCAGCTCGCTTTTCATTAAAAAACCCCTTGCAAACCCAACCCCAAAAATATGATGGAAGTGGCGCCTAGGCTGTCATAACCC
GTTAATTAGTTGGAGCATTTTAACAGGCGCACAGAATTAGCAGCAGGAATTTAGTTTTACATGCTTACAACAGCAGTGAAGAAATGAAGAGGGTG
GGGATAGCTCCAAAATGTGTGTGTGTCTGCGTGTGTATGTTTGGCCGAAGAAGAAGAAGTAAAGGGCCGAGCAAACATTTATTTTTGTGCGTTTG
CTTTTGTGTTTTCTGTTCGTCTAACTATTGACTCGCTAATGAGTTTGTGTGCGTGTGTGTGTGTGTGCGTTGATAAGAGGTTGGGCAAAGTGCGT
GTGCGAGCGAAAGGGAGTCTATAGACCACCACTGCAACTCAAACAATAAAGCAAGTGAGCATGTATAGGTCCGGTATTTATAGTTTTTCTATTTC
AATTTCGTTTTTCGAAACTCCGTCTATGAAGTGCTGTGCCCCTGTGCCAAAAGCAAACAATATTTAAATTCTAACAATAGATTTGATGAATTGAA
AGAAAAATGATTCAGCATTTTTTGAACCGACAAAGAATTGGAAGAAAGTTCGACGAATTTTTTCAATTCTTCATGTTACATAACATTCGAATATG
TACAGTGCTATTTATAGATCGCCAGAAATGCGTTAGAAAATTCTCATAACAGAATCACAGTACTGTAATTTTAACAGAATGTTTTACAAAATTCT
TTACACATTCTGCTAATAGCATAATGTTTAAAACATGAACAATCCGACTTGACTTCTGTTGTTGACATAACCGATATGTTAAAAATATAAAACTC
AAATCACTTAGCAAATTTGCATGCCTTGTAGCATATAAAGAAAGAAATCCTATAGCTCTTATCTCCCAGCTGTGCAGATCTAAAGATATGTACAT
ATGTCTTTCTCCTAGAGACTATCTCTCTGATTTTATTTTGATTGCAAATATTGACCAAGAACTGCTACTAAAAGCTTTGGTAAATATACTTTTCA
CGTCTGCATGCGAGAGAGCGAGCAAATAAATCTGCCCAGAGTTTAATCGAAGAAAACACAATATTTTAATTGCAATATCTTTCCATTTTAATGGC
TTTTTCTTTGTGTGTATGTGTGTGTGAAGCAATCAAATCAACTGAGTCAATCGCGCTTTTATCAGCAATCGCTTTTGTTATTGTCATCGTGCCTT
GTTGTTTTTGCTGTTATCTGCTGGCTATGTGCAAACAGATGTTAATGGAAGTAAGTTTTATTATATAAGTTTCCGTTTGACCAGATCACGTGCCC
ATGAGCTTAAGCATGCAGCTCTGCTGATAAAAGCTTTCAGCCAGACATAAACAAAAACTAAAAAATAGACTAAATTAAATATGCAAATTTATTAA
AACATGTTTGACAACACCACAACTTTTAAAAAAAATTTCTAAAAACGCCCGCAAACCGCTTTCGAATCGCTAGAGAAACGCTAGCAAACCGCTAG
CAAATGCAACCAACTTCCATAAAAGTATGTACTCATTTCTTATGTTCATAATATTTTAACTGGAAATAACCACTACTCTACTATTATCTGAAACA
ACCCTAGTAGAAGATACACTGAAAGTAATAACTAGCAATTGCCACTTGAGGCTTTGTTTTGGCGGGCAATGACGCAAATTGATTCCAACATTATC
AATACTAGCTCCCTTTCACCTCGAAACAAAAGTGGATTTCGGAACGAAATGGTGTTCTAGATAAGGTGGAAACACATCCAGCGAAAACCGCCGAC
AAGCAACAATAACAATAATCGCGTTAGGAAAGGAAGGCGTAACCGAAGAATAAGCGTTTTGTAAACAAACAGTGGGAGCAAAACGGAATGCCAAA
AAACGCCAGCGATTTCGGGCGAGACGGGCAAAAACGTCGAACGAAATGTTTACACAAGCCGAAAGTAATTACATAAAGCAAATAGGCAAAAAAAA
AATAAAAAATTGCCTATTTACAAGTCCAATTGAAGGCTGTCGATAAAAAGCACAAACAAAGAAACACAATGATGTGTCGATATGAAACGAGTACA
TTTGTGTTCCATTATTTGATTTCAATACTTTGTGTGAATTAAAAAAATTGGATGTTATAACACGTTCCTACTGTTTTCCTCTTCTACTGACAGAT
CTTAACTTCAAGAGCAAAAACTTTGGCAAGAGCGAAAACCGAGAAATCAGTGAAACGGGAACCCATTTTATCCGCTTTTAACCGCTTTTACTACC
TTCAAATACAATGGAACAGATAAAACATAATAAAGCGACTTGAGAATGACGTGGAGTTCGGGCATGTGTCGATTAAATATATATTAAGTCGCAGT
TACTAGCAGAGAAGAGCATTAAGTTTAGTCGATACGAAGTGCATAGAGCTTTATTTATCGCAAGGGGTTCTTTGTTTTGTGTACTACATATGTGC
AATGAAGTCCACAAAGGCGGTGCAATAAGTATATTTACGAATCGGATTAGGTGTGTCTATGTCATCTTTGGGCTTATCGTTCATTTCTTCACCGA
CGAGAGAGACAATGGAGCTTTATGGCGGTCTGTGTTGACTTTAGCAGAGCTTACATATGCACAGAAAACAATTGGATAGCTTTTTCACAAATTTT
TAAAAAAAAAAAGTTTAAGAACAAAGTTTTTTCCAGTGTTTATTAACTAATTGTTCTCCGTGTGTACTGAAAGCAAATCAAGTTCTAGGGGTTGGT
TGCATAAACTGGGATGCAGTGGCAAAATGCAGCATGCACTTCAAGCTTTTTGCACCACTGACACACATTTCGCAACCCGCCGGCACAAAGGAACC
CCTTTTTCGAAACGGCGTGTCCTTGAACACAAGGATTAGAACCCCTGAAACGCACAAGTAGTGCGAATAAAAATAACGAAAACAAACAAGAACAG
GGAAAACCGGTTCCTATTACGTCGTCGATTGCATAAAACTCTGCCTCAAGGTTACCCAGTTTGATGGAGTGAACGGGATGGGAGGGGGTACGCAG
AGGATTTTCTCGCTGTTTGGACAGGTTTGCTGGCTGGCTGGGGCGACATTGACATTGAAATTGGTACGAGGCAGGGAGCAGGATGAGGCCACAAA
AAAAGCTCAAGTTCAATGCTAAGCTTTGCCTTTTGCCGGCTGAAGGTCCTTGGTTGACTGTTGAATGAACAAAAAGGGCCGGGCCACTCCCCTAA
ATCAAGTTAATTGCCATGACGCAACCTTTGGCCAAAGGAAGTGAAAACTGAGAATGAAAAAGAAAAAAATGATAGATGGGGCAATAAAAAAAAAT
TGTTTACGTTTTCGGTAGAGTTGCGGATTTTTTTTCAGTTTTTTTTTTTTCACTCTTCCATATTCCCATTCATTGGCCAACTCCACATAAAGCAGC
TCAGGTTTCAAAACAAAAACTGGACATAAGTAGTTTGTTTTGGTTTTGCCAATTGCGACGCAGTTTGTTTTTGCGCCTGCGCAGCTTTTTGTGGC
AAGATTCCCACACCGAAAAATGCGGACGATTCCGCATAGCACAATATTGTTGTTTGCAACAATGTGCCTCTTCAACAAATTCTGGCATCAACAAA
ATTGCTATCCCATTCCGGAGCGGAAATAGTAATGAAACCCTAGATTGGTGGGTAAAAAACAGAACTTGCTTTTTGGATTCAACGAAGAGCATAAT
ATTTTTTTTTCTTTTGCTGCGAAATGAGCGAAACTGGGAATACATATTTGAAATCGCTTAAAGACTTTGTAACTCGATGATGTGGCAAGAAATTC
ACATTTATTGTTCACGAACTGAGTCATGATAAAGGGTTAATATATAATTTTAAAATCAGCTGACACAAAAAATACCCCTTAATTAAAGTCTTTAA
CGTCACTGAGATATCTCATCGAGTGCTTTTATAATCTTCGAGGCTTCGATCATTTCCACATGCCAGATAAACCTGCTGAGTGTAAAAGATCTCAT
GATAGGACTATCCGTCATATATCAAGATCATTCTAACCAATCTTATCAGTTGATTGCTTTGTGTATATACATACATATGTACATATATGATCTAT
TGCTAGTTCATCGCTACGATAAGGTGCAAAAATATCAAAATTTCAAGCTTTCGACTTTATCAAAATCGATCAAAGAACTCATTGCAAGGAACCCT
GATAAAAATGTGTACATTTCACTATTTGCGAAGTATATATTTCTAGTTTTCCCTATGATATTCATTGACTATTTGCTATTCAGCGTGCTAAGTGT
TATGAATTTGCATTTTTATAGCTCGTTCGATAGTTTAGCTTTCATGGCGCAGTTAGATCGTATATGTATAAATGTATATGTATATTAATAAACGT
TTTATGGTATAATTAGAGTTATAGTAATAGCATCCTTCTCAAGCTTTTGCATAGTCATTGCCAAACTAAAACCAAATCCCCGGGAATTTGATTTG
CCACAGCAAATGGCAATGACAGGTCGCTGACAAGCCAATTGGCTGCAAGCCAAATGCATATCTACAAGTATGTAACCAACGGATGGATGACAATA
AGTCCCCTTCCCCACCCCTGCGGAATCCGAGGAAAAACGGGTTAGCCACCAGTTGAGTGGCGGCGGCATGCGAAAGAAACCGAAAACGAAAACGC
TAGGCAAAAATAGCGAAACGCCAGCGGAGCACGACTGCAAAGCTGCATGTGGCAAACAAGGTCAGTTAGCCAAAGCGCATCCAACGAGTTCAACG
AAACTTGTATCTGGCATTGGAAGTGAAAGCTCTGAGATGCACCTTAGCTTTGCCCAGCTTTATGCACGGAGAAAGACAAAGAAAGTCCCCCCGAG
TAGGGGGGGGGGGGGGTAGAGTGGGGCGTAAGTTCAAGGCAGTTTGCGAGCGGTTTACGAGCGTTTCGCTAGCGATTTACGAGCGATTCGATGGCA
CACGCATTTGGACATTGCGTAATTACTTTGCGCTAATACAACCAGATATAATGCCCATGATTCAACGTTGACAGGCCGTTTAAGTGCGTGACAAA
ATGACTGGCGCCTCGGACAAAAGTTCCGAATTAAACGAACACCGCGACGCCCCTCGACATGCAATTCAATTCAACTTAATTCAAACAATTGTTTG
CACAGCTTTCGGCCGGGCACGCTCTCTAATTTACGTTAATTGAGCCGGCACACGTTGATGAATGAAGCCGATTCGATTACAGGCCCCACCCTCCC
ATCCAACGCCCAACCCCTTGCCCCTCATGAGATCAAAATATTTGATGTGTATTTTTGGGGTAGGCGATATTTTTAGCGCCAAGCGACCGGCAACA
GACAGACTCCTAATTATGCAGCATCAGGCGTTGAAAACGTGCAAATAGTCCCTCGCCATCTGCGAAAATACGTCACAATCGGAAAAGCGCTCTCT
CAATTTTCACAAGCTTATGTTTATAAATAATTTTCGATTTCAGAACGCCCAGCGAAGTGTTTTGCTTTCGCGGTACTTTCGATCAAGCTGAGCCT
TTTTCGTAAGCAAATTAGAGAACCAGTGTCAATTGGCTAACGTAAACTTAGCGGAAATTTCAATTAACAAATTTGGGGAGGGGAAAAATCGATGC
CAATTATGACGACAGCTTAATTGAACTCAACAAAAGTTCAGTGATCAAGCGGAATGATTCATTCATTCTCGTAGCGTAGAAATTATTTATAAATC
AACAAAGAGCAAAGGAATATTAAGCGAATTTCATTCGTACGTGTATGGTTGGAAAATATTGCGATTGGACTAAGGAAAACTGTCCACTTGACGTC
ACGTGTCAATCTATTTCTGAGTGTCTACAAGATAGAAGATCGTTTAATTGGAAAAACATAAATTTGAAGCTGCAATAACTTAACACATTTCCTGT
TTGAATATTTTGGTAGGTTCCCTTATAGTCGATCTAATATAACATTTATAATATTATATAAACTTATGGTAAGAATCTTTACAGTTGCCTCTTCA

TACAGCTAATTTGATTACAACTTCTAGCAACTGCTTAACAAAATGCTGATTAGAAACCATAATAAGCTAAGATAGTTCACTGATATGACAAACAT
GAATTGTGCATTGATTACTCACCGTTCCCTCAGCGGCAATAGCTTGCTGCCCGCTCCGCCGGCCACGCCACCGCCGCTGCCCAGATTGGACACCT
TGAGCGGTATCTTGACGCTGTCCGAATCGCTGCCACTCTCGGCACCCGATCCTCCGCTGCCGGCGGCGCAACTTCGTGCCTGCCGCTGTTGCTGC
TGCAACTTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGTTGGAGCTTATTGCCCATATTGCCATTGCCCGGTGCCTGGTGGTTATGACGACCCGACGAGGTCGG
GCGCTTTATGTTGCGTCTCTCGGCCGGCACAATGCTGCTGCGATTGTGATCGGCGGCCGGCAGGACGTTCATCAGGTATTGACCCATATTTTCAG
TTTCACTAAAATGCCCGTCCCCATCGCTGGCACCGGTGGTGCAGTCCTCCAGTCCCAATCCCAGCCCGATGCCGCCATCGATGCCCATGTGGACA
TCGGCGCTGCAGAGGAGCGGCGAACAGAGGGCGCCATTCTGGTGTTGCTGCTGCTGCTGATGCTGCTGCTGATGTTGCTGCTGCTGCTGCTG
TTGGGTGTGTTGCTGTTGTTGCTGTTGCTGCTGCTGCTGCGTGTGATGCCGCTTCTGGTGGTTGTGGTGCGTCGCCGAGTGGCTGCGCTGATGGT
GGTGCTGCTGATAGTGCGGATGAAAGCCCCCCGAGCCGAGTCCCAGCGAGGATGGGTTCTTATTCTGGTTGCAGAGCAGGCTGCTGCCGAATGTT
GCGCCGAATTTGGTGTCCCGATGGGTGCCATCTAACGAGATATTCGATAGGAACGAGATCGCAGCCAGTCTGCGCCTGTGTCTCGTCTTGTTGAG
CGAACTTGCCATTAGGCGATGAACCCTTAATTACCAAGCGAGATTAACCGAAGTGGGTGCTGTGGGTCGTTTCCCTGGATGCTCCGATGTTGCTA
TATATGTACCTATATGTATATATAGTGTGTTTGTGTGTGTGTGCATATACTGTGTGGGAATGTGATGTTGCACTTTTCTGGAACACTCTTCGCGA
TTCTTTACGAAAAAACTGGTTTCGAAAGTGATTATGCTGCTGTTGTGTATTTTCACTGCTGGTTGCTCACTTTTCTTGATCGAATCAATTAAGTT
TTTTAGTCTCTAACTTGGCAGCCGAATTAAAAAACAAACTACTTGAACGCGACATGGTGACGAATTTTTAGCACTTTAGATGACGGAAGATGGTT
GGAATACGAATAATTTTATGCACTTTTATTATTAACTAGCGTTTATGCGTCGATGCGTTGCTTTGGCTGCAAGTAGAAATAAGAACAGAAGAGAG
GAATGGAATCAATAAATGAGACTATAAAAAGCGGCAGGAAAGCTGCTTTTGGCCAAGAGAAGCTTTCTCCGAGCGTTTCTGGAATATTCGTTGAA
GTGCAGTGGGTGGCTTAGGGGAAATTGTGGTCAGCACATTCTCATTCTCAGTGGGCAAAATATTGAATATGATATAATATTGTTAGCAGAAGTCA
TCTCAATATGATATTTTATAATTAGCAATGTTTTTAAGCTATTTTTAAGTGAATATGCTATGGTTTTTTCAACTCTTTTAGATTATTTACAATTT
TTAGACATAATAATCATTTTAAAAAATCTCATTTGAAAACAACGGGCATTTTTAATTTTAAGAATTAAAAGTTTTCCTTGAAATAAACCCGAATC
TTTGCTGGGATTTTAGCCAACTGAATTGATAAAGCTTTTCCGCTGGCAGTTAAAAAAGCTGCATGCGGCTCAAAGCTGCAGTGGTTTTAGCCGCC
TTTGTTGTTGCTGTTGTTGCTGGCGGGCGGCTTAGTGTGTCAGTTTAGTGGGTGGCAACAGTGCGAAGAGAGGGGGTGGCAAAGAGAGAGATATT
GGGCCACAGCCGGCAAGGAAAATCTAAGCGCTTTTCCGCACTTTCGTGTGTGTTTTCTGTTTACATTCAATACGGGAGGCCCTAAAATGCCCAAA
ATTTTCCCTCGGGCAACAAGAGCGAGTGGAAAATTTTTGAGAACCATCATAAACAGCTGTTCGGGAAGCGGGGAAATAGATTTTCCGGTGGTGGT
TTTTTTTTACCTAGGATCCAGTCTAATTGGATTTACCTGGACCAATTGGAGTGCGGCGGCACACACAAGTTTGAGCCTGTGCGAAAAATATAAAA
TCAATGCAGGAACAAGTGTGTGCGAAAATATTTATGACACCCACCCACTCACACGCTCGCACACACACACTTGCAAGCACACGCACACGTGTGAC
GTGTTTTTTCGTGTTTTCCCCTCGTCTTTTACTTACCACTGTGCTTGGTTTTTCCACGGTCGTTGGGTATTACTTAAAACTTAATTCGATTGATA
GTCGTTCTATGCTGAGAAATGTTTCAAGCGCGTCATTTTGATCTATTTTTATAGTGTTTTTTTCGATAGACTTTGATTTTTTGCCTTTGGCTGCC
AACTCGCCTGCGCTCCTCACTCTCTTTGGCTCTCTTTTGCACGGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTTGGTGCACTCACGCAGTTGCCTTCGTTGC
GTAAATTATGCAAAATGCAGGCCAATTGCAATGTGTTTACAAAAACAGAACAAACGATCGCGTTAAGTGTGTTTTTTGCGATTTTACGAGCGCGT
TAACTGGTCTCTGCGAAATACGCAAACGGTATGAACGTCAAAATATTGGCAGCAGCGACGAAAACATCTGCAGATGGGCTTACGAAAAATTCACA
AACTGAGGCCAGTGTTGGGCAGCGGACGAAGGGCGAAATACCAATTCAAAGGGAGGCAAAATATACCGCAATGGTACTCTAGAAAATTCACGATT
GTTTTGGTTTGTCCATAACTTCAACGTTTAAATAAGGTGCACTTAGAAAATTCTAGATGTTCACAATTTGTAAAAAAAATGTACACAAGCCAAAG
TTATCTTAGTTTTATGAACAATTTTTCTGTATTCTTAAAATATTGTTTACATGTTAATTAGGATTTAATTACTTTGGTATTAGCTGCGGTATCTT
AATACCACTACTTTTCAAACCTTCTGGCAACGCCATTTCGATCAGCTGTTTTCGTGGGACGCGCATGAGAAAATTATTGTTTGCGGCATTTCATG
AAAATCGCGAAAAATGGTGACAAAAACGATAAAATCTCTGAATTTAGAGATCAATTTCGTAAGTACCATGAAATATATGTAAATCACAACTAACC
TATCAAGTTTTTCACACACAGGAAGTGGAGGATGTGCCGTATGAGGAGGAAATCCTTCGAAACGCCTACTCCGTAAAACATTGGCTGCGCTACAT
TGATCACAAAGCGAAGGCGCCGAATAATGGTGTTAACATGGTCTATGAGCGTGCTCTGAAAGAGCTTCCTGGCAGCTATAAGATCTGGCACAATT
ACCTGAGAACTCGCAGGAAGCAGGTGCGCGGCAAGATACCCACGGATCCCATGTACGAGGAGGTCAACAGTGCCTTCGAACGTGCACTGGTGTTT
ATGCACAAAATGCCACGTATCTGGATGGACTACGGTGCCTTCATGACCTCGCAATGCAAGATTACCCGCACCCGGCACGTTTTCGATCGGGCTCT
AAGGGCTCTGCCCATCACGCAGCACGGCAGGATTTGGCCACTGTATTTGCAGTTTGTACGCCGCTTTGAAATGCCGGAAACAGCACTGCGAGTCT
ACCGTCGATATCTGAAACTCTTTC
(SEQ ID NO: 700)

Exon: 13464..13052
Exon: 12036..10758
Exon: 3740..3357
Exon: 3291..3165
Exon: 3105..2957
Exon: 2024..1907
Exon: 1836..1652
Exon: 1494..1001
Start ATG: 11602 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT19424
AGATGTTTTCGTCGCTGCTGCCAATATTTTGACGTTCATACCGTTTGCGTATTTCGCAGAGACCAGTTAACGCGCTCGTAAAATCGCAAAAAACA
CACTTAACGCGATCGTTTGTTCTGTTTTTGTAAACACATTGCAATTGGCCTGCATTTTGCATAATTTACGCAACGAAGGCAACTGCGTGAGTGCA
CCAACACACACACACACACACAGCCGTGCAAAAGAGAGCCAAAGAGAGTGAGGAGCGCAGGCGAGTTGGCAGCCAAAGGCAAAAAATCAAAGT
CTATCGAAAAAAACACTATAAAAATAGATCAAAATGACGCGCTTGAAACATTTCTCAGCATAGAACGACTATCAATCGAATTAAGTTTTAAGTAA
TACCCAACGACCGTGGAAAAACCAAGCACAGTGCCAAAGCAACGCATCGACGCATAAACGCTAGTTAATAATAAAAGTGCATAAAATTATTCGTA
TTCCAACCATCTTCCGTCATCTAAAGTGCTAAAAATTCGTCACCATGTCGCGTTCAAGTAGTTTGTTTTTTAATTCGGCTGCCAAGTTAGAGACT
AAAAAACTTAATTGATTCGATCAAGAAAAGTGAGCAACCAGCAGTGAAAATACACAACAGCAGCATAATCACTTTCGAAACCAGTTTTTTCGTAA
AGAATCGCGAAGAGTGTTCCAGAAAAGTGCAACATCACATTCCCACACAGTATATGCACACACACACAAACACACTATATATACATATAGGTACA
TATATAGCAACATCGGAGCATCCAGGGAAACGACCCACAGCACCCACTTCGGTTAATCTCGCTTGGTAATTAAGGGTTCATCGCCTAATGGCAAG
TTCGCTCAACAAGACGAGACACAGGCGCAGACTGGCTGCGATCTCGTTCCTATCGAATATCTCGTTAGATGGCACCCATCGGGACACCAAATTCG
GCGCAACATTCGGCAGCAGCCTGCTCTGCAACCAGAATAAGAACCCATCCTCGCTGGGACTCGGCTCGGGGGGCTTTCATCCGCACTATCAGCAG
CACCACCATCAGCGCAGCCACTCGGCGACGCACCACAACCACCAGAAGCGGCATCACACGCAGCAGCAACAGCAACAACAGCAACACAC
CCAACAGCAGCAGCAGCAGCAACATCAGCAGCAGCATCAGCAGCAGCAGCAACACCAGAATGGCGCCCTCTGTTCGCCGCTCCTCTGCAGCG
CCGATGTCCACATGGGCATCGATGGCGGCATCGGGCTGGGATTGGGACTGGAGGACTGCACCACCGGTGCCAGCGATGGGGACGGGCATTTTAGT
GAAACTGAAAATATGGGTCAATACCTGATGAACGTCCTGCCGGCCGCCGATCACAATCGCAGCAGCATTGTGCCGGCCGAGAGACGCAACATAAA
GCGCCCGACCTCGTCGGGTCGTCATAACCACCAGGCACCGGGCAATGGCAATATGGGCAATAAGCTCCAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCACAAGT
TGCAGCAGCAACAGCGGCAGGCACGAAGTTGCGCCGCCGGCAGCGGAGGATCGGGTGCCGAGAGTGGCAGCGATTCGGACAGCGTCAAGATACCG

CTCAAGGTGTCCAATCTGGGCAGCGGCGGTGGCGTGGCCGGCGGAGCGGGCAGCAAGCTATTGCCGCTGAGGGAACGCACCTTCAGCAATGGGGC
AAGCGATCAGAACTTGCAGCCGGAGCGGAGGGCACGTTTGAACACGGCGCCGGGTATGCGGGTGGGCTCCAATTCGAGCATTGCCATGGGCGGCG
GTCTGAAGCGCACCTATGTCTTGAGTGGATCGAGCGTTAGCCACATCACCGACGACAGCAGCACGGAGAGCCTGACTCCGGCGGGAAACTATGCG
GGCAGTTTCCGGAACAGCCTCAGCAAGTCGGTCCAGATCAGCGATAGCCGGCGTGGAACCTCCGGCCAGCCATTGGGACTTGGACAGGCACGGGA
TGAGCGAATGGTGCTTGTGTCGCGCAAGATTCCGTTCTTCATATTCTCTTCACTTCCCTATTACAAGGGCAAGAATGGAAGAGCTGAGTTTCGCA
AGGAGGATCGTCGTCGTCGGAATCCATCCACTTCGCGTCCTTTGAGCTCGATCAACGATGCGCCATTCGATCCGTTTGATTTGCTGGGTATACAG
AAGGCCGAAAGTGGTCAGGACATATCATATGGTCACCTGCTGATACCTTCACGTCAGTACGAAAAGGAGCGCAAGAAGCATGGCAATGCATCGGC
GAATCCTTCCATCTTTGAGAACCAAATGGAGATCACGAGCACAGCGGCGCTTAAGAATCATGGCATTGCGAGGTGCTTCACTTATGAGAACAACA
ATCGCAATAGTGCAACCAGTCCGACGCCAGACATGAAACTGGATATGGACATAGAGAGTGTTATCCTGGGCGGAGACTCGTCGCGTGGTCAGGTG
TACTCCGCTAGCATTTTGGACGATCCGGAGTTGATTGCCGGAAAGCATCGCACGTTGCTTACCTTCACCTCTTACATGACCTCGGTCATTGACTA
TGTGCGTCCATCCGATCTTAAGAAGGAGCTGAACGATAAGTTTCGCGAGAAGTTCCCCACCATCCAGCTCACACTGAGTAAGCTGAGGAGCATTA
AGCGCGAAATGCGCCGAATCAACAAGTTGGACTCGCGCATCGATCTGGTGACCATATCGCAGGCGTACGTGTACTTCGAGAAGCTCATCCTGGCC
AATCTGATTAACAAGAGCAACCGCAAGCTGTGCGCCGGCGCCTGTCTGCTGCTCAGCGCCAAGATGAATGACGTGAAGGGTGACGCACTCAAGAG
CCTCATCGAGAAGACGGAGAGCGTGTTCCGGTTGAATCGCAAGGAGCTGATCTCGTCGGAGTTCGCTGTGCTTGTGGCTCTGGAGTTTAGCCTGC
ATGTAAACCGGCACGAGGTCCTGCCACACTATCAGCGGCTGCTCTACGAGTCCTAGGACTGGCCCAAGCGCTGCGCCGAGAAGAGTTTCCTGGCG
GCAGCGCAGGCGGTACAGCAATTGTGTCGCAAGGGCAGTCGCAAGTAGGCGTTCGTACTTATAGCATACTTTCGGGTGTTGGGTTTTCAACGATC
GTATTGATAATATT
(SEQ ID NO: 701)

Start ATG: 848 (Reverse strand: CAT)

MASSLNKTRHRRRLAAISFLSNISLDGTHRDTKFGATFGSSLLCNQNKNPSSLGLGSGGFHPHYQQHHHQRSHSATHHNHQKRHHTQQQQQQQQQ
QHTQQQQQQQQHQQQHQQQQQHQNGALCSPLLCSADVHMGIDGGIGLGLGLEDCTTGASDGDGHFSETENMGQYLMNVLPAADHNRSSIVPAERR
NIKRPTSSGRHNHQAPGNGNMGNKLQQQQQQQHKLQQQQRQARSCAAGSGGSGAESGSDSDSVKIPLKVSNLGSGGGVAGGAGSKLLPLRERTFS
NGASDQNLQPERRARLNTAPGMRVGSNSSIAMGGGLKRTYVLSGSSVSHITDDSSTESLTPAGNYAGSFRNSLSKSVQISDSRRGTSGQPLGLGQ
ARDERMVLVSRKIPFFIFSSLPYYKGKNGRAEFRKEDRRRRNPSTSRPLSSINDAPFDPFDLLGIQKAESGQDISYGHLLIPSRQYEKERKKHGN
ASANPSIFENQMEITSTAALKNHGIARCFTYENNNRNSATSPTPDMKLDMDIESVILGGDSSRGQVYSASILDDPELIAGKHRTLLTFTSYMTSV
IDYVRPSDLKKELNDKFREKFPTIQLTLSKLRSIKREMRRINKLDSRIDLVTISQAYVYFEKLILANLINKSNRKLCAGACLLLSAKMNDVKGDA
LKSLIEKTESVFRLNRKELISSEFAVLVALEFSLHVNRHEVLPHYQRLLYES*
(SEQ ID NO: 702)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: BcDNA:GH06193
FlyBase ID: FBgn0027581

Celera Sequence No. : 142000013384674
TGTACAACAGCCCTAATATTAGATATTTAATGTTGTTCATATAACAAATATCCCGAACATCAACAATATTTCCTTATGATCTAATGACCCTTATG
ATCAGTTAAGCTTTCAGCCCTTTATGCAATTGGTTATTTCGGTCCAGAAGGCCTGAACTTCAGGATCCTGCATTAAACTACGTTTCTTAGCGTTC
AAAACTATGTTGAGGATGTCGGCATTTTTGCAGCAATCCCGTCTGGCGGATTTGCCATCCGGCGCCTCCGGGGAAAAGCCTTCCGTCTCCTGGTC
ATCCATTGGATCCACTTCACCCGCCGGACTGCCCAATTGTCCAACTGCAAAATAACAATGTATTTGGGGGAATCTATTGCTTAATCAACTTAAAT
ACCTTTCTTGCACTTGGTCGCCTCTGTTTTCGGTTTTTCTGTCCGTTTTTGGTAGGGTTTTCTTGGTTTTGAGACATCTTTCGTCTTGCTGCGCT
TGGCATTCGCATCGGTGGGCAGCAATTCGGGACTCTCGGCGGGATTATCCGCATCCTGCTGCAGGCGCCGCTTGACGTGCAGATTCAGGCGCTCC
TTGATGTTTTGCTGTTCCAGTTTTATTTGCACACCAGTGGTTTCTGCCATGTTTTTGCGTTTTGAATATAAAAACAATATCCAAAACAGTCCACC
AGTGTGACCCCTAAATAAATCTTACAAAAAAATAAACAGTAACGTAAGATACAACTTTCTCACTTGTATTTGATTGTTCCTAATTATTTCTAACT
ATGTAAATATCGTTAGTATTGGATGCAAAGCTATGGCGGTAGACGTAAGGAAGGAATTATCAGTGCAATTTAGAAGTTAAATAAATTTGTTATCT
AATAATTATTTGGCAAAATTTGTGGCAGTGTGAACGGAACTGGGTTGAGTCTCCGCTACCCCATATCCGAGCCACGCACCCCAGGTCTGCATTTG
TGTCGATGGCAAATCTGGTATTTTTCAGCGACGCCATGTTGGATTGCGAACAACAGTTAACAGCAGCAAACGAGAAATCAGCTCGCAGCGCAGAA
AAATTAAAAAATATCGCCGTAAAAGTGAGCCCAACCGACCCAAAACATATGAAAAGTGTGAATTAAAGGACAATAAAGATATAAATCATTAATTA
AGCTTTGAGCAAGCGCGAAAAGTACGCGAAATCAACGTTTTGCAAAACGTTCGCCATACGCGTCGCCATTGGTGTGAGCGATAGCTTGCCTGTGT
GTGCGTGTGGTATTGGAGGAGGTGAGAGCGCCTGTGTGTGTGTGTGTTTGCGTGCGTGTGTGAGAGCGAGCGAGCGGCCCCTATGAAAAGCAACA
GCAACAACGCCAGCAAAGGACCCGCAACAACAACAACAACAGCAAGAGTAACAAGCACAGCGTTTTAATATCCAAATAATGAGTGTCGCTGC
AATGACTATGGACGATCAAAGACCCTGTATGAACAGTTACGACAAAATGCCCCCGACCAAATACGAGCAAAACCTAAATATCCTAAACAGCAGCC
AAAACAGTGGGGCCACTGGCGGCCCCGCCTCCCCAACGCCCTCCGGCTTGGAGGACCACCATCATCATCACCATCCGCATCCGCACCATCATCAC
CATCAGGAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAGCAACACTTGCAGCAGCAGCAACAACAGCAGCAGCAGCAACATGCAGCAGCTGTTGCAGAGGC
TGTTGCAGCCGCCGAACAGCGACAGCGCTTGCTCGAAGGTATTTTGCACATTTTGGTACACTGCTATATGATCAGAGATCTATCTGATCTATATA
ATACCCCCTATATACTACATACATACTCGTTTCGAATACCGACAAAAAAAAAAAAGAAAAGGAAAAAACCACGATCCAAAGTGTTGACTCTGTGTA
AATTGTATAAATAATGCAATATATAAACAACAAGTAAACGTAGTCTTTTAGTTTATTTCTGCCCCCACTCCACTTGGGTTTCTTGTGTCATTTGA
ATTTGTTTATGAAAAACACTCGGTAAAGAACTCAACGTATATATTATGTGAATCGAATCGAAGCGAACACTCTTTGCAACGAACATTCTTTCAGC
GGCGTTTTGGTTAACTTTATTTATTTATTTTTTTCAACACCACCTCGAGCAAACCGTCGAATGTAGTGAAAGTGCTTTCAAAAAGGACCATGCAT
ATAATAATCTATAATACCTAAATATGAACTAAGTTAAAAGGCAACTGACGCCTAAAGTTATCAAGTGATTACAAAGTGTTGTGCAACAGAACTAT
CTAAAATATAAAATATGAGTTAAATAATCATAAATAATATATGAGAATCGTAACCAATTATAACCAGTAAGCTGAGCTAAGCTTTAATATTGAAA
GCAATCGTACTTAAAATAAAAAATTATAAAATGAATCATAAGAAGATAAGGTTAACGAAGTAAAGTTTAAGATTTTATATAATCTTAATGAGAAA
ACCGGGCTGATAATAACATCAAATGAATAGAGCATATCAAGTAATAATAGTAGAGAATCCTAATCGGAGATTTTCCTCGTTTTCCGTCGTTTTTG
CGGTGTACAGTTTTCGTTTTGCGACCACTTTTCGTTTGCCTACGTGCCCGTTGAAGAAGAAGAAGAAGCACAGCAGCAGAGAAGTGGAGAGGAGA
AGAAGAGAGCCAACGTGTCTGCGTCCCCTGCCCCACCCCCTGGACCCATCTTATTCTCTCTCTTCGCGCCCCTCACGCTCTTTTCGTCGCGCCTA
AATATAAATAATAATATTAAATAATCAATTGAAAATGTGACAGTGCATAACCAAAGAGAAAATAAAGTTGAAATTCTTTTTCTGTTGAAATTGTG
TTAAAGAAGTGAACGTCAAATGAAAAAAACATTGCCTCGTGTGTTCAAACAAATACAAATGTTTAAATAAATGGCGCCAAAATACGGCGAACATG
TGTGCGTTTGTGTGTGAGTGTGTATATTCACAATTGTTAAGCTTACTTAATTGATTTTTAAACGCTTAATTGGCCGCCAATCAATCAATTAACAT
GCAATGTGGGACACACGCACATGCACACATTTGTTTGCCCCGATCAAATAGTATATATAAATATAAAATAATTGCTTGGCTAAGTAAATACAAAA
GCGAAGTTATATATGTACGTGTTTGCACAACAAATCCAACAAAAAATGCAAAGTCAATAAACTTTTTGTATGACAAAAGAGTGTTCGAAAATGCC

GCAAAAAAGAGAAGGGGAAAAGCTTTTGAAATCCATGCATACATACATCCATGCATAGGCATACGAAAAAGCTTCCGAAAGCCCATTGTGTGTGC
GTCGAGTTTTTTGCAAGTGTTTTTCAAAAATATTTTCAGTTTTGCCACAAAAAATATGTATACCAATCAGTCATCGTTGTTTTCCACAGTGTATG
CAAGTTCGAAAATGCCGCGAAGATTCAAATTCAATCGCCAATCAAGTTCGATGCAAATGCAAATGCATAAGCAAAAGCAAGAAATCAAAATGCAA
ATAATGGCAGGTGTTCAAGTTATTCAAGTGCCAATGATAATGCCAGAGATAACGAAGCAATCGAAATCGAAATCCAAACCGCAAGCGAATTCGAT
ACCGAAATCGATATCGTGTTGTCCAAGTTCAAGTGGTTCAAGTTGTGACACTCGCATCGAATCAAAATCTAAATCAATATCATTATCAGCCAGAG
ATTGACGACGGGATGCGGCCTTTTCCACCGACCATGTCACGAACTTACACGAATGATTGCAACGCATTGGTATGATTTCGTATTAAGTTCCACCT
AAAAAAACAAACACTTTGCCTTGCCCATTAAGAACTTGTAAAATATCTATGTATATATAGTACGATATTGTTATATCTCGTGTGCGAACCAAAAA
AAAAAAAAAAAGACAGTGGCTCTCTCAGCTTGGAACGCCCGTTATCTAGACCCCATTATTAGCTAATCCTTATCCTTCGATTCGCAGATGAGATC
GAGAATCTCAAGCTGGAACAGGTCCGCATGGCTCAGCAATGCGCGGACGCCCAGCGACGCGAGAAGATCCTCATGCGACGGCTGGCCAACAAGGA
GCAAGAATTCCAGGACTATGTGGTGGGTACTCGCCTTAATATACACAAATTTCTCAAATACTAATGCACCCGTAATCCCCATTAGAGCCAAATTG
CCGAGTACAAGGCCCAACAGGCGCCAACTGCCCTCGCATTGCGCACTGCTCTGCTCGATCCTGCGGTCAATCTCCTGTTCGAGCGGCTCAAGAAG
GAACTTAAGGCCACCAAGGCCAAGCTGGAGGAGACCCAGAACGAGCTGTCCGCATGGAAGTTCACGCCGGACTCTAATACCGGCAAACGCCTAAT
GGCCAAGTGCCGACTGCTCTATCAGGAGAACGAGGAGCTGGGCAAGATGACCTCCAACGGCAGACTGGCCAAGCTGGAGACCGAACTGGCCATGC
AGAAGAGCTTCAGCGAAGAGGTCAAGAAATCGCAGTCGGGTAGGTTAAATCTGAACTAGGATTGGGATCGAAACTTATAGATATGTAAACTCCTT
TACCATTTAGAGTTGGACGACTTCCTGCAGGAGCTGGACGAGGATGTGGAGGGCATGCAGAGCACCATTCTGTTTTTGCAGCAAGAACTAAAGAC
CACACGCGATCGCATACAAACGCTTGAGAAGGAGAACGCCCAGTTGAAACAGGCCATCAAGGATGAGGTTGTGGCTCCAGCGGCTGCCACCAACG
GTGGCACCAACACGACGATAAATAAGCTAGAGACCATTCACGAGGACGCTTGCATGGCGAATAACCCAACGAATCCGGATTGTTACAATGGGAAT
ACCAACAACGAACAGATCGCGGCCGTGCCACAGATACCACTGTCGGATGATGGCAGCAATATGAACGGAAATGCAGCGCGATTAGCCCGCAAACG
AAACTACCAAGAGGAGGAAGCCCTTCCAACGGTAGTGGTGGTGCCGACTCCCACCCCAGTAGGAAATAACGTCCAGGAAGCGCCGCCCATCAGGG
AAGTTACCGCCCCACGTACTCTGCCGCCCAAAAAGTCCAAGCTGCGAGGCATTACCACGCGTCGCAACTCCCAGCTGGAGGAGGATCATCAGCCA
GTGACAACACCAGTGGCCGTCCCCATGATCGTGGACAACGCTGTGGCCGGAATGGCGAGCGAAGAGGCTGCTGCCGCCGCTGCGGCTGTTAATAA
CAGCAATACGGGAATAATCCCGGAAACGGGAGTGCAAGTGGGTGTCCCAGTTGAGGGCGGCGATCCAGGTGCTCCGGCGGCACCGGGCCGCATCC
TGACCCGTCGTCGGTCCGTCCGCATGCAGCAGAACGGCAGCGGAGCAGTCGACTACTCCACCTAAGCGCTGGCGAACCTTTTTCCAAAAAAGGGT
GCACTCCATATGAGTTCGTCAAATTGATCGTTAATTCCTGACGTTTACTTTTGTGAATTGAGATTTCAAAACAGAGAGAGACTTCATTTTATATT
TCTAACCTATCTTTTAGATTCTTTAATTTTTTTTACACATTGTCTTGTAAAATACGTTTATTATTTCGTTTGCATGCGGCGTAGACATACATAAT
TCGCAAATTATTTAGAAGTCACTGCTTTACATACGAAATGCATTATGTAGAACAGTGTAAAACTTCAGCACATATATTTACAATAATACGATCGA
GCTAAATGATAATGCTAAAAACTGATACACTATTTATGTTTTTTAACCACGGCATCTACTGAAAAGCTGAAAAGAAAGCTTGGTCAAAACAAAAC
TTGTCATTTAGCAAAATTAGGTTTTAATTATCAACTTAAGGCATTTTTGTAATACTATGAAAGTTGTGTAAAATAATATAAACTTGTGTTAAAAT
AAATTGTTAAGCATAACAAATATTTCAAAAAACCAGTGTCCTTTAATTTCAATTGCCGCCCAGCAAAACAATCGTTTTGATTTTCGAAATTATCT
TGTGTTTATTATCAGTTTCTTCTTTTAGCACATTAGACAAATGGTTTTACTTGTATTTGATTGAATTCGAAATATGTTTATGTATGTAGTACAAT
TGTGGCTGCCAGCGAGTGTGTTTGTATCCTTTGTTTCGTTTGTGTCTGTGAGAAGAGTTTAAACTTGAGATCGGGCTAAAATGTTCTGGTAAAGA
GGCCTGCAAGCTTGGCATAGTTTGATATTTGCTTTACCCTACTTTCAATCGAAATGTACAAAATGAGTAGGGATGTGGTGAGACAACCTGCAAGG
GGGTTAAACGTACTTCCGATTCCATATTAAATAGTTAATAACAAATACTAGGCAGTTCGAATGGCACAAGTTGATTACACTACCATGGGGAAATG
TGGGGTGTCTAAAGCTTAGCGAGTTCTGTTCCGATCGGAGGAGATATCCTTTCGGCTGAGAGTTTGTTTGTCTAGATGTACGATAGTTTGTTATG
GTAAATTTCAACTAGTCAATGGTTTAAGTGTAGTATTATTAATAATTTAGTCGCTAGATGCTGCTGCGTTTACTCAATCGTCTCAGTTCTGTGGC
TCGTATCAAGTAGTTAGTAATAAAAAGTATTTCTCATATATGTATGTAGGTACTTGTGGGTAATGCTAGGTATCGTCATCATCAGTGTATATAAA
AACAATGCCTTTAAATCGGATCTCTTTTTGGTTTTGCTTGTTCTTGAGTGGCCTACAATGTCCTTTTTAACGAATGTCTATAAAAGTATGTAGTT
TTCCAAGGCTCCGAGGCTGAACTTTCGGTTAGTTTTTCTCTGGGCTAGGCTAAGCAAATATACAAAAGCTACTTAAATTAGTTAGCATGTACAGT
ACCGGGCGTACTCGTAGGTATATATCGTATTATCGTATGAGTGTGTGTATATATAATTAAATGGTTCCATTATTCG
(SEQ ID NO: 703)

Exon: 1001..1748
Exon: 3983..4107
Exon: 4171..4504
Exon: 4571..5916
Start ATG: 1412

Transcript No. : CT19764
CAACAGTTAACAGCAGCAAACGAGAAATCAGCTCGCAGCGCAGAAAAATTAAAAAATATCGCCGTAAAAGTGAGCCCAACCGACCCAAAACATAT
GAAAAGTGTGAATTAAAGGACAATAAAGATATAAATCATTAATTAAGCTTTGAGCAAGCGCGAAAAGTACGCGAAATCAACGTTTTGCAAAACGT
TCGCCATACGCGTCGCCATTGGTGTGAGCGATAGCTTGCCTGTGTGTGCGTGTGGTATTGGAGGAGGTGAGAGCGCCTGTGTGTGTGTGTTTG
CGTGCGTGTGTGAGAGCGAGCGAGCGGCCCCTATGAAAAGCAACAGCAACAACGCCAGCAAAGGACCCGCAACAACAACAACAACAACAGCAAGA
GTAACAAGCACAGCGTTTTAATATCCAAATAATGAGTGTCGCTGCAATGACTATGGACGATCAAAGACCCTGTATGAACAGTTACGACAAAATGC
CCCCGACCAAATACGAGCAAAACCTAAATATCCTAAACAGCAGCCAAAACAGTGGGGCCACTGGCGGCCCCGCCTCCCCAACGCCCTCCGGCTTG
GAGGACCACCATCATCATCACCATCCGCATCCGCACCATCATCACCATCAGGAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAGCAACACTTGCAGCAGCA
GCAACAACAGCAGCAGCAGCAACATGCAGCAGCTGTTGCAGAGGCTGTTGCAGCCGCCGAACAGCGACAGCGCTTGCTCGAAGATGAGATCGAGA
ATCTCAAGCTGGAACAGGTCCGCATGGCTCAGCAATGCGCGGACGCCCAGCGACGCGAGAAGATCCTCATGCGACGGCTGGCCAACAAGGAGCAA
GAATTCCAGGACTATGTGAGCCAAATTGCCGAGTACAAGGCCCAACAGGCGCCAACTGCCCTCGCATTGCGCACTGCTCTGCTCGATCCTGCGGT
CAATCTCCTGTTCGAGCGGCTCAAGAAGGAACTTAAGGCCACCAAGGCCAAGCTGGAGGAGACCCAGAACGAGCTGTCCGCATGGAAGTTCACGC
CGGACTCTAATACCGGCAAACGCCTAATGGCCAAGTGCCGACTGCTCTATCAGGAGAACGAGGAGCTGGGCAAGATGACCTCCAACGGCAGACTG
GCCAAGCTGGAGACCGAACTGGCCATGCAGAAGAGCTTCAGCGAAGAGGTCAAGAAATCGCAGTCGGAGTTGGACGACTTCCTGCAGGAGCTGGA
CGAGGATGTGGAGGGCATGCAGAGCACCATTCTGTTTTTGCAGCAAGAACTAAAGACCACACGCGATCGCATACAAACGCTTGAGAAGGAGAACG
CCCAGTTGAAACAGGCCATCAAGGATGAGGTTGTGGCTCCAGCGGCTGCCACCAACGGTGGCACCAACACGACGATAAATAAGCTAGAGACCATT
CACGAGGACGCTTGCATGGCGAATAACCCAACGAATCCGGATTGTTACAATGGGAATACCAACAACGAACAGATCGCGGCCGTGCCACAGATACC
ACTGTCGGATGATGGCAGCAATATGAACGGAAATGCAGCGCGATTAGCCCGCAAACGAAACTACCAAGAGGAGGAAGCCCTTCCAACGGTAGTGG
TGGTGCCGACTCCCACCCCAGTAGGAAATAACGTCCAGGAAGCGCCGCCCATCAGGGAAGTTACCGCCCCACGTACTCTGCCGCCCAAAAAGTCC
AAGCTGCGAGGCATTACCACGCGTCGCAACTCCCAGCTGGAGGAGGATCATCAGCCAGTGACAACACCAGTGGCCGTCCCCATGATCGTGGACAA
CGCTGTGGCCGGAATGGCGAGCGAAGAGGCTGCTGCCGCCGCTGCGGCTGTTAATAACAGCAATACGGGAATAATCCCGGAAACGGGAGTGCAAG
TGGGTGTCCCAGTTGAGGGCGGCGATCCAGGTGCTCCGGCGGCACCGGGCCGCATCCTGACCCGTCGTCGGTCCGTCCGCATGCAGCAGAACGGC
AGCGGAGCAGTCGACTACTCCACCTAAGCGCTGGCGAACCTTTTTCCAAAAAAGGGTGCACTCCATATGAGTTCGTCAAATTGATCGTTAATTCC
TGACGTTTACTTTTGTGAATTGAGATTTCAAAACAGAGAGAGACTTCATTTTATATTTCTAACCTATCTTTTAGATTCTTTAATTTTTTTTACAC

ATTGTCTTGTAAAATACGTTTATTATTTCGTTTGCATGCGGCGTAGACATACATAATTCGCAAATTATTTAGAAGTCACTGCTTTACATACGAAA
TGCATTATGTAGAACAGTGTAAAACTTCAGCACATATATTTACAATAATACGATCGAGCTAAATGATAATGCTAAAAACTGATACACTATTTATG
TTTTTTAACCACGGCATCTACTGAAAAGCTGAAAAGAAAGCTTGGTCAAAACAAAACTTGTCATTTAGCAAAATTAGGTTTTAATTATCAACTTA
AGGCATTTTTGTAATACTATGAAAGTTGTGTAAAATAATATAAACTTGTGTTAAAATAAATTGTTAAGCATAACAAATATTTC
(SEQ ID NO: 704)

Start ATG: 412

MSVAAMTMDDQRPCMNSYDKMPPTKYEQNLNILNSSQNSGATGGPASPTPSGLEDHHHHHHPHPHHHHHQEQQQQQQQQQHLQQQQQQQQQQHAA
AVAEAVAAAEQRQRLLEDEIENLKLEQVRMAQQCADAQRREKILMRRLANKEQEFQDYVSQIAEYKAQQAPTALALRTALLDPAVNLLFERLKKE
LKATKAKLEETQNELSAWKFTPDSNTGKRLMAKCRLLYQENEELGKMTSNGRLAKLETELAMQKSFSEEVKKSQSELDDFLQELDEDVEGMQSTI
LFLQQELKTTRDRIQTLEKENAQLKQAIKDEVVAPAAATNGGTNTTINKLETIHEDACMANNPTNPDCYNGNTNNEQIAAVPQIPLSDDGSNMNG
NAARLARKRNYQEEEALPTVVVVPTPTPVGNNVQEAPPIREVTAPRTLPPKKSKLRGITTRRNSQLEEDHQPVTTPVAVPMIVDNAVAGMASEEA
AAAAAAVNNSNTGIIPETGVQVGVPVEGGDPGAPAAPGRILTRRRSVRMQQNGSGAVDYST*
(SEQ ID NO: 705)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: fl(2)d
FlyBase ID: FBgn0000662

Celera Sequence No. : 142000013384544
TTTTCTCGGATATAGGCAAAATGGAACAATTTAGCCATTTCTAGCCAATGACACGCCCCTTCACCTCGACGTTTCTACATCTGTGCAAAGTCATA
AAAGTTAAACGATTGCCAGAGCTATTAAATATTTCAGACACATTTTGTGGGCAAAAATTGTAACAGACTTCAAGCGAACGAAATAAACCGAAACC
CAACCCAAATTTAAGCAAAAACCTAAAATGTCTTTTGGAAATGTTAAGCGCGAAATTGGCAAACTTTATGTGCCTGAATTTTGGACTGCAATTTG
CGTTTAATTTGGGGTCACACACATTTCGGGCGAACCCCGGGCAATGTTAAGTTATGTAAAGGCAAATTTAACAATGTGCCAAGGGACGGAGCTGA
GGGTAATCAATGTGAAGCAGTTTTAGTCTCCGAAGGCATTTTAATTGCCACAGAGCAACTTGCAACATTGCAACCTGCCCCGCGGCCAAGTTAAA
TGACACATGTGTCTGCCCCGGCCATTTTTCTCTTTCTCCCCCAATATCTTATCTCTCTCTCTCTCTCTGTCTGTCTCTGTATATCTTGGCCTGTT
TGTTGCTGCTGCTGCCGATGCTGTTGAAAAGACTTTCACTCTGGCCGAGCGCTATAGATGAAATGGCATTTGACTTCATTTTTGGCCAAAAATAA
AACCGAACCATTAACTAATTAGCTTACATTTTGAACGATTTATTGAGCTCTAGACTTAAGCGAAGCTCGTCTAACTAAAAATACTACTTAAATGC
TATGGTTTGCTCTCTCTTCATGAGAGCAGGCAATGATTAATTTTAAAGGAAGGCACAAAAGTCGATGTTTCAGTTTTAACAAATATTGTGGAATA
TATTGAGCTCTAGTTAAGTTATATTTACTGAAATAACTCCTCCTTTTATTTTATGGATTTTGGTTTTTAATAAATATCTAGAAACACTCAGAAAA
CGTTCTCACTTGTCCTAATTATTTCTTTTATATTAACCATATCTGATCACTCACCTTCTGGCCTGCCTGGGAATGGACTGCGTCCAGCACACGGG
TGCCTTGTGTAGTTGATGCATATTTCGGGAGGACTTGTAGGTGAGATCGCCGCACTCCGTCTGCCACACCTGGAGATTCCCCTCCGCCGGATAGA
AGGTATACAGGCTGTGGGTGGCCGAGGCGATGACCGGCGAGGAGCCACCGCCCTCGACCACATCGACCACGCCCGCTGCCACCAGTGGAGATAGG
GTGGCACTAGAAATCGGTTGGACGAGTAGGGCCTGTCCGGCTGCCGGTGCTCCGGCTGCAGTGCCTCCGCCAGGCGACTTGTAGTTCAGCATGCG
GGTGGCGGTGGCACCGGCATTGCTGCTGCTTATATTGCCATTTCCGTCGTGCTTCAGGATCAGGCTACTTGGATCGTAGCCGTGGCGATTGTGCC
GCGAAATGGCGTCCACCGAATGGGATCTAATGCCGGTTCGAGGTGGATTCACGTGGAGCCGACGTCCGCGCCGGTAGTTAGCAGTGCCAGTTCCG
GTTCCCAGGCTACTATTGCCCAATCCCGAAGATCCCTGCTGCATCGACGCGGTCAACCGGTGATTGTGGACACTGGAGGCGGCACTTGGAACGAG
GGGCTGTCGTTGTTTTTGGTACTGGAGGCGTGGCTGTTGCGGGGGTGCCTGATGCCTTAGTTTCCCCTGATCCTTGGCAAAGAACTCCCGCCTCT
GCAGCTGGGGGGCGGCCAAAGTGAGTGCGCCCCTGACGGAGTTCACCATTGAGGGGCTGGATGCATTTGCTCCGGACGTCGTCTTAGTGGCGCCC
CCAGTAGCCGCCGAACTAAGCTGCGCGAGCTTACTGGCATTGTTGTTGCTGACCGTATTTGCTGCATTGCTGTTGTTGCAAGTGCTGGTGCTAGT
GGTTCCACTTGTCTGATGCTCCGAATCGGTGGAAACCCGATCCGGATCACTTTCGAAACCTTCGTCCAGGGATCGAGTTGGACTCAGAATGGGCT
TCGAGTGCTGCTGCTCCAGTTTCGTAGACATGGCTGCTGGCCACTAAGGGGTATTATTTGTTGTTGTTTCTTTTGTGTTTTTTTATTATTTTTTC
TACAGCTTTAGCCCGGGTATTGGGTATCGTTACACTTGCTGCACATATGCACCTTATTTCTCTCTTTCTCTGCCGCCTGCCATGCACACTTGTTT
TTCACATTTAATTTCGCTTGGCTTTCAGCTCGTTCACTTCGCGAAAAGTCGCGCCAAAGTTGCAGTTTGCAGTTGGTTTGGATTTTGGTTTTGGT
TCGAATAAAAAATAGCTACTGCGTTATACACGTCTGTCTCGCACGAAAGCTTTTTATCGACTGTGGAGTGCGAGTCGGAAACGGAATTAACTTGG
TTCGCTCTGTTATCGCCATGTTAAGTAACATTCGTTAACATTTACCAACGGAAAGAGCAAAAGCTTCGATCGACACTTGTTGCGGTGCACCTGTT
ACATTTAAAAAGTGCCTGAGAGAGAGAGAGAGTAACATCGCTCAGCTGTTTGCCAAATGTTATTCGCGAAACTTCCAAGTGAGAAAGATCATCAC
AGAATAACAAAGTAAAATGAAGAAAGACAGGAAAATATAAACACGGAAGTGTCGAGACATCATCCTAAAAATGCTTTTTCCTGTTCACATTTGCT
TTGCACGAAAATGTTATCAATTTACAATATTTTTTAAGTGTTTTATCAAAGCTGTTGTTTTAGTAAATACGATTGTGAAAATCTTTTAATTGACA
CTACACATTCAATATCTCCCAGATATATATCTATATTTTTCCGATATTCGGTAAAACTTTAAAACCACCATGCCATATATTTTAGAAGCGACTGT
GATTTTGTTTTCGGCTCCACTGGGATTTATCAATGAAAATACCAACTCCAAAGCAAGAGCAAAAACAACAACCGGCACAAGCCGAGAGAGGGAGC
GAAGCAAACAAAAACAAAACGAAGGCTTGAAAAGCTCGCTGTGCTGAGAGCAAAAGAGCAAGGAGCTTTCGACACCTGCTGCACCTGTACAACAA
CAGCATAAATATTTGTGGGAGGGTGGCGATAGGAAGTATTTTGCTTATTTTGTTGCTTAGATTCGATTGAATTTTGAGCAATGTCTTTTGTAATT
TCCTTTTTATATATTTTTTTAATTTTTGCAATATGCCTAACTGACTGTATGAACCATATGAATTAACTCCTATTGAATATATTTTAAAAACTTAC
GCCTATTGACTATATATTGTTCGAAAAATTATTGTAATAATCACTTGGCGGCACAGATCCTTCCGCAATCCTAATCCAATTCATGGA
(SEQ ID NO: 706)

Exon: 2317..1001
Start ATG: 2026 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT19790
ACAGACGTGTATAACGCAGTAGCTATTTTTTATTCGAACCAAAACCAAAATCCAAACCAACTGCAAACTGCAACTTTGGCGCGACTTTTCGCGAA
GTGAACGAGCTGAAAGCCAAGCGAAATTAAATGTGAAAAACAAGTGTGCATGGCAGGCGGCAGAGAAAGAGAGAAATAAGGTGCATATGTGCAGC
AAGTGTAACGATACCCAATACCCGGGCTAAAGCTGTAGAAAAAATAATAAAAAAACACAAAAGAAACAACAACAAATAATACCCCTTAGTGGCCA
GCAGCCATGTCTACGAAACTGGAGCAGCAGCACTCGAAGCCCATTCTGAGTCCAACTCGATCCCTGGACGAAGGTTTCGAAAGTGATCCGGATCG
GGTTTCCACCGATTCGGAGCATCAGACAAGTGGAACCACTAGCACCAGCACTTGCAACAACAGCAATGCAGCAAATACGGTCAGCAACAACAATG
CCAGTAAGCTCGCGCAGCTTAGTTCGGCGGCTACTGGGGGCGCCACTAAGACGACGTCCGGAGCAAATGCATCCAGCCCCTCAATGGTGAACTCC
GTCAGGGGCGCACTCACTTTGGCCGCCCCCCAGCTGCAGAGGCGGGAGTTCTTTGCCAAGGATCAGGGGAAACTAAGGCATCAGGCACCCCCGCA
ACAGCCACGCCTCCAGTACCAAAAACAACGACAGCCCCTCGTTCCAAGTGCCGCCTCCAGTGTCCACAATCACCGGTTGACCGCGTCGATGCAGC

AGGGATCTTCGGGATTGGGCAATAGTAGCCTGGGAACCGGAACTGGCACTGCTAACTACCGGCGCGGACGTCGGCTCCACGTGAATCCACCTCGA
ACCGGCATTAGATCCCATTCGGTGGACGCCATTTCGCGGCACAATCGCCACGGCTACGATCCAAGTAGCCTGATCCTGAAGCACGACGGAAATGG
CAATATAAGCAGCAGCAATGCCGGTGCCACCGCCACCCGCATGCTGAACTACAAGTCGCCTGGCGGAGGCACTGCAGCCGGAGCACCGGCAGCCG
GACAGGCCCTACTCGTCCAACCGATTTCTAGTGCCACCCTATCTCCACTGGTGGCAGCGGGCGTGGTCGATGTGGTCGAGGGCGGTGGCTCCTCG
CCGGTCATCGCCTCGGCCACCCACAGCCTGTATACCTTCTATCCGGCGGAGGGGAATCTCCAGGTGTGGCAGACGGAGTGCGGCGATCTCACCTA
CAAGTCCTCCCGAAATATGCATCAACTACACAAGGCACCCGTGTGCTGGACGCAGTCCATTCCCAGGCAGGCCAGAAGGTGA
(SEQ ID NO: 707)

Start ATG: 292 (Reverse strand: CAT)

MSTKLEQQHSKPILSPTRSLDEGFESDPDRVSTDSEHQTSGTTSTSTCNNSNAANTVSNNNASKLAQLSSAATGGATKTTSGANASSPSMVNSVR
GALTLAAPQLQRREFFAKDQGKLRHQAPPQQPRLQYQKQRQPLVPSAASSVHNHRLTASMQQGSSGLGNSSLGTGTGTANYRRGRRLHVNPPRTG
IRSHSVDAISRHNRHGYDPSSLILKHDGNGNISSSNAGATATRMLNYKSPGGGTAAGAPAAGQALLVQPISSATLSPLVAAGVVDVVEGGGSSPV
IASATHSLYTFYPAEGNLQVWQTECGDLTYKSSRNMHQLHKAPVCWTQSIPRQARR*
(SEQ ID NO: 708)

Celera Sequence No. : 142000013384512
AATATGCATGTTCTTGAATCCCACAACGTGACTATTTGTTCATTGACCCCAGGGCGTATTTGTGGGTCAATTCGTTTGCGGAAGCCACCCGTGGC
CCCACCGCAACCCCTTAAGAGCCGATCCTATAACCGGCAAAACTGATGCCGGGTTCAGTGCGCCGGGTTTTAGAGCTGAACAAAGTGCAGTCATG
AAGAAACCCAGCAGCGGGCTTCAAAATTTTTGGTAATTCGGCATAAAAATGTCGAGCATGCCAGCAAAACAGAACGCCAATTGCCGGGATCAGCA
AATTTAGCCAATGGAAATTCGGATCAGAACCGATCGACCAGGAAACCTGATGCGCTGGCAGCGGCCATTGCACCGTGCTTATAAGAGCTGGATGG
CTAACTCTCAGGTTTTAGTTCTGGAATAGTACGTGTCGCGGTTGGTAAATCGAGGTACTTCGATACCCCGAGGAATCAGTTAAAATCATACATAA
TTGTTGACCACAATTGCCTCGGGAACTTCGATCGCGTCCTGAATTTATATCGAGTTATCTAAGGAAATAGTAGCCGTGATTTTACCCAAGAATTT
TTCACATATCACAGTTGCTGTTTCTTTTAGATAGCTCTTTTGTAAACAGCCTAGATCCGAATGCGAGTATCCGAGTGCCTTGCGTGAATCCTGGA
TGAAAAGGTCCTTCGGTTTCAGTTTATGGGATACACACAGTTCAGTTTTGTCACACTTCAAGCATCACTGGGCTTTGTTTATCTCATGAGAGCGA
AATTTATTCAACAGGAAACCTTAAATCATACCAATATATAAAAAAATCTGTATATAAAACATTTGAATTTCTTGGATCAAGTTTTTAAGCTTAAT
CAGAAAAGTAAGTACAAAAGTGAAATAAAGTAGGTTGGTGGATAAATATATTGTAAACTAAATTCTTTTGTCATAAAACGAAATAAGTTAAAATA
TTTTCATTGAAATCAATCTTTCATTTCCCAGAAAAACAAAGTACACCCAATTTAATTAGATACCAAGAATAAGGGCTTACTTTATTGGTTTGACC
AGGTTGGGGAAGCACCACCACAATTTAAAACTTAGGGAACTACAATTTACAGTGTAGAAATGCATGTGGAATATACATATATAAAAACAAAATAA
GATGAGTTGCTTAAGAGAGCATTTTGCGAATCATGTAGTTGAGGATTCCACCATTCTTGTAGTAGGTGATGTCCACCTCAGTGTCGAAGCGCAGA
ATAGTCTCAAAGACGGTGCCATCAGCCTTGAAAAAAGATAGTTCATTAATATAACCAAAATCGCTAGCACCAGGTTTCCAATAGCCTACCTCCAC
TTGGATCTTCTGGCCCGGCTTTAAACCGCTCTCTGGCAGGGCGATGTTGTACACCTCCCGGCCAGTCAGGTTCAATGTCTCGGCACTCTGTCCCG
GCAGGAATTGCAGCGGAATGATGCCCATGCCCACCAGGTTGGAACGATGAATGCGCTCGTAGGACTCCGCGATCACCGCCTTGACGCCCAGCAGG
AAGGGACCCTTGGCGGCCCAATCCCGAGAGCTTCCGCTGCCGTAGTCCTTGCCTACAACGAGGACCAGAGGAGTACCCTCCTCGCGGTACCGCTC
GGCGGCATCGAAGATATCCAGCTCTTCCTGGCTGGGAATGTGCACGGTGCGGGGTCCTGTCTTTTCGACCAGTTTGTTGACCAACCGAATGTTGG
CGAAGGTGCCGCGCGACATGATGGCATCGTTGCCACGACGCGATCCGTACGAGTTGAAGTCACGGGGTGTGATGTTCCGCTCGGACAAGAATCGG
GCAGCAGGCGAGGTTCTAGCAATAGATCCAGCCGGCGAGATGTGATCCGTGGTGACGGAATCGCCTAGGAAGAGCAGGCAACGTGCCTTCTGAAT
GCTCTGCAGCTTGGGAAGATCTCTGGTCATGCCCTCGAAGAAGGGTGGTCGCTTAATGTAGGTGGAATCGGCACTCCAGGAGAAGAGCTTGCCCT
CGGACACCTGCAGAGTCTGCCAATCCTGGGAGCCCAGCTCAATTTTGCCTGCAGATGGAAGTGAAATTAAACCAAACTCAAATAAAGATGGCGCA
CGAAGTACTCACTGTACACCTCCTGGAACATGGCGGGGATTACATGCTTGTTCTCCACTTCCTGTATCTCCGATCGCGTTGGCCAGATGTCCTGC
AAGAACACATTCTTGCCATTGGCATCCACTCCCAGAGGTTCCTTCTCGAAGTCGATGTCCACGCGTCCTGCGATGGCATATGCGATCACCAACAG
AGGACTGGCCAGATAGTTGGCCCTGGTGTTGGGATGGATGCGACCCTCGAAGTTTCGGTTTCCGGACAAAACTCCAGCACACACGAGGCCGTTCT
TCTCGATGGTGTTCACCACATTCTCCTCGAGAGGACCGGAGTTACCAATGCAGGTCATGCATCCATAGCCCACAATATCGAAGCCCAACTTCTCC
AGATAGGGAATGACTCCGGACTCTTTCAGGTAGTAGGTAACCACACCGGATCCAGGCGACAGCGAGGTCTTGATATAGGGCAGGATGCTCAGACC
CTTCTCAACGGCCTTTTTGGCCAGCAGACCGGCACCCAGCATCACCGAAGGATTCGATGTGTTCGTGCAGGATGTGATGGCCGCAATGACAACAG
ATCCATGATGCAGTTTGTAGGTCTTGCCATCATCCCACTGGAACTCCCCAAAAGCGGATTGAGCTTCCGGAGCAATGGCGAATCCCTTGAAACCC
ACCTAAGGTAATGGTGGAGCAAAACAATGTTTAATTTAATTCCCTTTTTCTCAATGAATTTGAAACTTACTGGGCTGGACAGGCACGACTTAAAA
TCCTCAGGCATGTCGGAGACAGAAACGCGATCGTGAGGACGCTTGGGTCCCGAAACGGAGGTGACCACCGTCGACAGATCCAAGGTGATACTCTG
TAGAAGGGATGTATGTTAGCTTAAGTTTTTAGTGGTATATGTAAGGCAATTTCAACCTGAGTAAACTTGGGATCTTGGGCCGCATCAGCATAGTT
GCGCAGCTGCTGAGTTGCCTTCAGATACTGGCGAATGATGTCGATCTTCTTTTCAGACCGATCTAAAAAGTTTGTTATGATATAGGTAAAATATT
GTTTTATGAAACAGTCTGGTTTTCCGTACTTGTCTGCTTCATGTAACCAAGAGTATTCTCATCGATGGGGAAGTATCCCACGGTGGCTCCGTATT
CGGGACACATATTGCTGATGGTGGCCCTGTCAGCAATGCTGAGTTCCGCAACTCCCGGGCCGTAAAACTCCACAAACTTTCCCACCACACCCAAC
TGGCGCAGGTGCTTGGTAATGGTCAGCACCAGATCGGTGGATGTGACCAGTGGGCTCAGTTTGCCCTCCAACTTGTAGCCAATTACCTCGGGCAA
CAACATGGAAATCGATTGGCCCAACATCACAGCTTCCGCTTCGATGCCTCCCACTCCCCAACCAAGTACGCCCAATCCATTTATCATCGTGGTAT
GGGAATCAGTGCCCACCACACTGTCGGGATACAGAATCTTGGAGCCATCGGTTGCGTCATTCTCGAACACCACGCGGGCCAAGTACTCCAGATTC
ACCTGGTGGACAATACCGGAGCCAGGTGGCACGATCAGCATGTTGTTGAAGGCCTTGGCTCCCCACTAATTAGGAAAAACAATATTATTAAAAAT
ACTATCTGGATAATAAGCTAAGGAAAAGTAACCTTCAGGAAGGTGAAGCGCTCCTTGTTGCGCTCAAATTCCAGTGACTGGTTCTTGGCCAAAGC
ATCAGGCGCACGGGCGAAGTCCACCTGGACCGAGTGATCGATGACCAAGTCGGCGGGGCAGATGGGATTGATTTTCTCCGGGTCGCCGCCCAGAT
CCAAAACAGCATCGCGCATAGCTGCAAAGTCCACCACAGCAGGAACTCCAGTAAAGTCCTAGTAGCAAGATATTATATAATTTAAATATTACTTT
GCTAGATTGCCGTATGAAACTCACCTGCAGGATGACACGGGCCGGCTTGAAGGACACCTCCACATCGTTGGATCCCTGCTTGAGGGCGGGCGACC
ATCCCAGGATGCTCTGCACGTCCTTCTCTAGGATATGGAAGTTGTCGCAGTTGCGAACCGCCGACTCCAAGAGCACTCGGATCGAGTAGGGCAGT
TGATCTACGCGTTGGAAATGTTAAGTGTTAATCAAAGTGTTTAGAATTTCATCACAGGTACAGTAAAGCCTCTTGGTGAGAGGACCTAAGACAAT
TTGCCGCACTAAACGTATGTATCTTTAAAAAACCTTTAAGTTGCACTTGTTGAATTAAAATTCACGAGTAGAGTAAAGAACCTCCCTTTTTCTAT
AACCGTCCACCTTAGTTAGTTTAAAGTGTGCTAGTCAGATAGCAGTCACTTCTTATCACAGGCACAATGATTACGTTTGTCCAGCACTTAATGCG
ATTCACAGGCGTCACTATATGGGAGGAGCCACCAAAGAAGCCCTCACCTCAGAACCCCGATTTCTGGACACGCGCGGTTCCAGTAAAAACATTCC
ACTGATCTTGAGATTTTTCGGAGTCATCGGACTACGACCCCAAATCAGCAGATCTGCGAAGTTTTAATTCGCTGATAAGTGAGCACGTAAAATTG
GGAAATGGAAATCAAATTTCGGAGGCACACGATTCGTTATCACCGCTAGACGAGCCCCATTATGAGGCAATCTGGCGGTGATAACTTTCGCTTTC
GGCGCAAGACAAGCCCGCCCATAGAAAACTATAGAAAATCCACTTAATGCTCCGGGAGCACCTTCTACTTGACATTGCCTGACTTGCAAATTGAG
CTGTTCTTCTACGCTTCTTTTTCAATTCAGGGGTCAAACTCCAACTTCAACAGGTGCTTAATTAATCCCATTTTTGATATGCATGTTTAGCCTAG

TTTATTGCGACCACGTAGACAGACACGCCCACTTTTAAAGCCTTCTTAAGACCACATCCACTTACCATATTTACTATCGATGGAGGCGAGGTCAA
AGTACTTGTATGTTGTGCCGGCCTGGGAGAAAGTTTTCTCGAACTGGGCGAAGGGATTGGCGCCTGCGACGATACGAATGTGTTATATAAGCCAC
AGGATTCGGGGGACAGGGTATATGGTAGTCGAGGGAACTGCAAAGCTCCGGACTGGCAACCCACCTGACATCTTATTGGAACTCTTTACTGAACT
TATTCCGGACGAGCAAAGCAAGAAACTGATTGGAGAAGCAGTTCGGATAGGAGCTGGCCAGCCTTCGCTGTCTATCGATAGCCAGCGATAGTTGC
GTATATCGCCAGTCGGATCGACAGTGCATTTTATACATTATATATGGTGCATTATATTTTATAAAACGATAGCTTTATGTTCACTTCTCTTTTTC
TAAAATGAGATTATAGTGTTCTGCGCTTGGTATGTTATTATCATATGTATTAAATGCAGTAATAACTATTCGGATATTTATGTAATACACCATCT
TTTGAAAAGCCTGAAATTTGTGCAATTATCAGTAAACTAAATCGACGAAAATAATTGAAAGTTGTATAACATATGGTTCATTTTTAAAATGAAAA
CTCCACCCGCCAAACCTATCAGTAATCGACAGAGCTCGTGCAATCGCAACATCATATTGCACCGATATGTCGAGGGAAAATTGAAATCGTTATCG
AAAATACGAGGCGATAGCACGCGCACGTTGTTTTCTTTGAATATTAGGAAAATATAATATGAATTTACCAGCGAAAATGGACGTGGAAAAGGATA
AGCTTCGCCAGATGCACTGCGAATTCAATCCCTTGTCGCGTTGCGACGGATCCGTGATGTACAGCCAGGGTATAGCCGTGTTTTCAACTCTAGTA
CATGGCCAGAACCGGCTAACATGGTCTTGCCAATTTCAGGTGCTACAGGTCTCATAGGCGCAGTTCTCGGCCCCATCGAGGTGAAGACCCAAAAC
CTGAGCATAGATGGCAGCTACTTGGAGTGTAACTACCGACCAAAAGCGGGCCTGCCGCAGGTTACCGATCGGATTCGGGAGGCGGCCATTCGGGA
TGTGCTGGAACTGGCCCTCCTGTCGGAGGCTCATCCGCGCTCCAAGATGTCCGTGCAGATCCAGGAGCTGGAAGATCGTGGCAGTGTATGTTTTT
GAATCTCCTTCATCTGTAATCCTTCTAACAATATATATATTCTATCAGATTGATGCCTGCGCCGTAAATTGCGCCTGCCTAGCCATGCTCAT
(SEQ ID NO: 709)

Exon: 5267..5195
Exon: 5098..5006
Exon: 4184..4015
Exon: 3953..3738
Exon: 3675..3165
Exon: 3102..3002
Exon: 2942..2826
Exon: 2757..2103
Exon: 2043..1325
Exon: 1261..1001
Start ATG: 5201 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT19806
ACTGCTTCTCCAATCAGTTTCTTGCTTTGCTCGTCCGGAATAAGTTCAGTAAAGAGTTCCAATAAGATGTCAGGCGCCAATCCCTTCGCCCAGTT
CGAGAAAACTTTCTCCCAGGCCGGCACAACATACAAGTACTTTGACCTCGCCTCCATCGATAGTAAATATGATCAACTGCCCTACTCGATCCGAG
TGCTCTTGGAGTCGGCGGTTCGCAACTGCGACAACTTCCATATCCTAGAGAAGGACGTGCAGAGCATCCTGGGATGGTCGCCCGCCCTCAAGCAG
GGATCCAACGATGTGGAGGTGTCCTTCAAGCCGGCCCGTGTCATCCTGCAGGACTTTACTGGAGTTCCTGCTGTGGTGGACTTTGCAGCTATGCG
CGATGCTGTTTTGGATCTGGGCGGCGACCCGGAGAAAATCAATCCCATCTGCCCCGCCGACTTGGTCATCGATCACTCGGTCCAGGTGGACTTCG
CCCGTGCGCCTGATGCTTTGGCCAAGAACCAGTCACTGGAATTTGAGCGCAACAAGGAGCGCTTCACCTTCCTGAAGTGGGGAGCCAAGGCCTTC
AACAACATGCTGATCGTGCCACCTGGCTCCGGTATTGTCCACCAGGTGAATCTGGAGTACTTGGCCCGCGTGGTGTTCGAGAATGACGCAACCGA
TGGCTCCAAGATTCTGTATCCCGACAGTGTGGTGGGCACTGATTCCCATACCACGATGATAAATGGATTGGGCGTACTTGGTTGGGGAGTGGGAG
GCATCGAAGCGGAAGCTGTGATGTTGGGCCAATCGATTTCCATGTTGTTGCCCGAGGTAATTGGCTACAAGTTGGAGGGCAAACTGAGCCCACTG
GTCACATCCACCGATCTGGTGCTGACCATTACCAAGCACCTGCGCCAGTTGGGTGTGGTGGGAAAGTTTGTGGAGTTTTACGGCCCGGGAGTTGC
GGAACTCAGCATTGCTGACAGGGCCACCATCAGCAATATGTGTCCCGAATACGGAGCCACCGTGGGATACTTCCCCATCGATGAGAATACTCTTG
GTTACATGAAGCAGACAAATCGGTCTGAAAAGAAGATCGACATCATTCGCCAGTATCTGAAGGCAACTCAGCAGCTGCGCAACTATGCTGATGCG
GCCCAAGATCCCAAGTTTACTCAGAGTATCACCTTGGATCTGTCGACGGTGGTCACCTCCGTTTCGGGACCCAAGCGTCCTCACGATCGCGTTTC
TGTCTCCGACATGCCTGAGGATTTTAAGTCGTGCCTGTCCAGCCCAGTGGGTTTCAAGGGATTCGCCATTGCTCCGGAAGCTCAATCCGCTTTTG
GGGAGTTCCAGTGGGATGATGGCAAGACCTACAAACTGCATCATGGATCTGTTGTCATTGCGGCCATCACATCCTGCACGAACACATCGAATCCT
TCGGTGATGCTGGGTGCCGGTCTGCTGGCCAAAAAGGCCGTTGAGAAGGGTCTGAGCATCCTGCCCTATATCAAGACCTCGCTGTCGCCTGGATC
CGGTGTGGTTACCTACTACCTGAAAGAGTCCGGAGTCATTCCCTATCTGGAGAAGTTGGGCTTCGATATTGTGGGCTATGGATGCATGACCTGCA
TTGGTAACTCCGGTCCTCTCGAGGAGAATGTGGTGAACACCATCGAGAAGAACGGCCTCGTGTGTGCTGGAGTTTTGTCCGGAAACCGAAACTTC
GAGGGTCGCATCCATCCCAACACCAGGGCCAACTATCTGGCCAGTCCTCTGTTGGTGATCGCATATGCCATCGCAGGACGCGTGGACATCGACTT
CGAGAAGGAACCTCTGGGAGTGGATGCCAATGGCAAGAATGTGTTCTTGCAGGACATCTGGCCAACGCGATCGGAGATACAGGAAGTGGAGAACA
AGCATGTAATCCCCGCCATGTTCCAGGAGGTGTACAGCAAAATTGAGCTGGGCTCCCAGGATTGGCAGACTCTGCAGGTGTCCGAGGGCAAGCTC
TTCTCCTGGAGTGCCGATTCCACCTACATTAAGCGACCACCCTTCTTCGAGGGCATGACCAGAGATCTTCCCAAGCTGCAGAGCATTCAGAAGGC
ACGTTGCCTGCTCTTCCTAGGCGATTCCGTCACCACGGATCACATCTCGCCGGCTGGATCTATTGCTAGAACCTCGCCTGCTGCCCGATTCTTGT
CCGAGCGGAACATCACACCCCGTGACTTCAACTCGTACGGATCGCGTCGTGGCAACGATGCCATCATGTCGCGCGGCACCTTCGCCAACATTCGG
TTGGTCAACAAACTGGTCGAAAAGACAGGACCCCGCACCGTGCACATTCCCAGCCAGGAAGAGCTGGATATCTTCGATGCCGCCGAGCGGTACCG
CGAGGAGGGTACTCCTCTGGTCCTCGTTGTAGGCAAGGACTACGGCAGCGGAAGCTCTCGGGATTGGGCCGCCAAGGGTCCCTTCCTGCTGGGCG
TCAAGGCGGTGATCGCGGAGTCCTACGAGCGCATTCATCGTTCCAACCTGGTGGGCATGGGCATCATTCCGCTGCAATTCCTGCCGGGACAGAGT
GCCGAGACATTGAACCTGACTGGCCGGGAGGTGTACAACATCGCCCTGCCAGAGAGCGGTTTAAAGCCGGGCCAGAAGATCCAAGTGGAGGCTGA
TGGCACCGTCTTTGAGACTATTCTGCGCTTCGACACTGAGGTGGACATCACCTACTACAAGAATGGTGGAATCCTCAACTACATGATTCGCAAAA
TGCTCTCTTAAGCAACTCATCTTATTTTGTTTTTATATATGTATATTCCACATGCATTTCTACACTGTAAATTGTAGTTCCCTAAGTTTTAAATT
GTGGTGGTGCTTCCCCAACCTGGTCAAACCAATAAAGTAAGCCCTTATTCTTGGTATCTAATTAAA
(SEQ ID NO: 710)

Start ATG: 67 (Reverse strand: CAT)

MSGANPFAQFEKTFSQAGTTYKYFDLASIDSKYDQLPYSIRVLLESAVRNCDNFHILEKDVQSILGWSPALKQGSNDVEVSFKPARVILQDFTGV
PAVVDFAAMRDAVLDLGGDPEKINPICPADLVIDHSVQVDFARAPDALAKNQSLEFERNKERFTFLKWGAKAFNNMLIVPPGSGIVHQVNLEYLA
RVVFENDATDGSKILYPDSVVGTDSHTTMINGLGVLGWGVGGIEAEAVMLGQSISMLLPEVIGYKLEGKLSPLVTSTDLVLTITKHLRQLGVVGK
FVEFYGPGVAELSIADRATISNMCPEYGATVGYFPIDENTLGYMKQTNRSEKKIDIIRQYLKATQQLRNYADAAQDPKFTQSITLDLSTVVTSVS
GPKRPHDRVSVSDMPEDFKSCLSSPVGFKGFAIAPEAQSAFGEFQWDDGKTYKLHHGSVVIAAITSCTNTSNPSVMLGAGLLAKKAVEKGLSILP
YIKTSLSPGSGVVTYYLKESGVIPYLEKLGFDIVGYGCMTCIGNSGPLEENVVNTIEKNGLVCAGVLSGNRNFEGRIHPNTRANYLASPLLVIAY
AIAGRVDIDFEKEPLGVDANGKNVFLQDIWPTRSEIQEVENKHVIPAMFQEVYSKIELGSQDWQTLQVSEGKLFSWSADSTYIKRPPFFEGMTRD

LPKLQSIQKARCLLFLGDSVTTDHISPAGSIARTSPAARFLSERNITPRDFNSYGSRRGNDAIMSRGTFANIRLVNKLVEKTGPRTVHIPSQEEL
DIFDAAERYREEGTPLVLVVGKDYGSGSSRDWAAKGPFLLGVKAVIAESYERIHRSNLVGMGIIPLQFLPGQSAETLNLTGREVYNIALPESGLK
PGQKIQVEADGTVFETILRFDTEVDITYYKNGGILNYMIRKMLS*
(SEQ ID NO: 711)

Name: RNA-binding protein
Classification: RNA_binding
Gene Symbol: Irp-1B
FlyBase ID: FBgn0024957

Celera Sequence No. : 142000013384287
CTTTTCCATTACCTCGATGATCGTTAGTTGGTTCGGTTCATCCGGTCGCGTGGGCAACGTATTGGTCAACTATCGAGCCGTGGCCCACGAGGACA
AGTCCTTCGCCCAGGGGCTGGCGCTGATGATGATTAGCCTTCTGGCCCTCATACCGGGACCCATCATATTCGGCCGCCTCATCGACTCCACGTGC
CTGGTGTGGACAAAGACCTGCAATGGCAATGGCAACTGTCAGTTGTACGACCAGACCCGTTTCCGTTACTCCCTCAACTTTTTATCCTGCCGTAA
GTTTGATTCAAAATATGTAATAAGATAACATATTCTCTACCTTCTTGCTAACTTCCAGTGCTCACCTTTATGGGACTCCTCTTCGATTACCTCGT
TTGGTACTACGGACGCAACCTGGACATTTATGGCGACAAGGAGGCCAAGGAGGAGGAGCGTGCCAACAGAAAAGACCAGCCCATTACTCCGCTCC
TGGCCAAGAAATCCGAACAGGAGTAAAATCAACAAAAAAAAGAAAGTGCAACCCATCCGTGATACTCAATTATAAGGAGTAGATTCATATGAAAC
ACGCCAGTTCCGAGTATTTCATAACAATAATTCAAAGCACATTCCTAGAGTTAGTTTTTGAAATCAAAATAGAGAAAGATTGGGCAAAGCCTGTA
CTCCAACGCCATATGTACAAATCTTCCGCTTTTCGATAGGAATTTAGCTATTGAACTCGCGCTGTCAAATGTCTTCTTTCAGTGTACAATTGTTA
ATTACTTTTACTTTGTGCTAAGATCAATTAAATATACCATGCTTAGTTTAACAACAAAAATGAAAAGAATTTATGTGTACGTATGTATAAAAAAA
AATGTTTCAAATAAAAATGTATGTTTATTAAAATATTATGAGGAGTCTAAATCATAAATATTTATATTTTATATATATTAATTTTGCCAAAATAT
TCGATTGCAATCCATAAAACCAGAATATAATTTCTTAGGTTTCATTTTTTTTTTTTTTTTTGAAATTTTCTTTTCACTTTTATTGATAAAAAATGT
TCAAATTTATGCAGATCGTTTGTTTTTCATTCCATACGTATATGTATAATAATAATACACTTTAATTTCGATTTTTGTATAAATATTCATTCCCG
TTTGTCTATATAATTTCTATTATTACGATCGCTCTTATTCCTCAGTGGCGTAGTTTTCGACTTCCGTTCCGATTTCGCGAGTGATTTGTTGCTTG
AGTGTCAGTGTTGGGTGTCTGTGTGAAACATTTTGAATGAATTTCCGCGTTGTCAACAATTATATCGCACTCAGTATTATTACAATAATAATTAA
TTAATTAATTATCATTCGCGTTCGATTCGTAGGAGGCTGCGAGAAGCGTTAAAAGCTGGCTTAAGTCCTTCATTTACTAGGTCCGCAATGTAAGT
ATTAATCAGTTAATTAAATTAACTTAGACTTCAGGGGACTGCTCAACGTGCTTAATTGATATTATTTTATTTACTTGCGTCTGTTACGGCAACAA
CATTCAATTTAACAAAAACTGAATTTTCGACAATGGCAGAGGGGAAGACAGATTTTAAAAAATGGCTATGTGAATATTTTGAAACCGCCTTGGTC
CGGAATTTGAATGAGTGAATAGCGTATATAAACAATAAAGGGGTAAACTTAAATAAAAAGCTTTACTAGTTTGTGTTTTTGTTTCTGCTCGGTAG
CAAAAGGCATTTTATTTTTTCATATATGGGATTTCGTGTTCAACTCGCACGAATTCTTCAATTAACTAAATTATACAAAATCAAATGTGTTTTAA
GTAGCAAAATCAAATGGTTTTAAATGATTAACAATTAGGTGTTTCCGTAAATTTGAATTTTCTCCGTTCTGCTTTTACAGACTTTACTCCATGTT
CTTTAAGCTTAAACTTAAATTAAAGCATATAGATTATATCATTTAAAAAGAAGAGCAGAAATATCTTAATGCATTTTGCAGGGTATTTAACAAAT
TTGCAATTTAAAGGCGCATACAGGAAGATGGATGGGGAAAGGATTCTCGGGATCGTACTTTCGCTTACAAATACAAAAATTGGGTAGCTTGCAGC
TTTAGTTTTAGTATTTTAAAGAAATTCACGTATTGCGCGCGATTTAGGCATGTACGTGTAGGCTATTTAATGCTTACAGTTTATACAAAATAGTA
AACCAAAAGAAAACGACGACTGCGACAAGTGCTCAATATCCTTGCGAGATGGGCTCAACAAACAAAATCGTTATCAATGCAACTCCTCTTCTTCA
ACTCTTTCTCTCTCTTTGCATATATACGTGTGAGTTGTTTGTTTTGTATACATATATAAATAGTTCATCTTGTTTCGCATTCGCTGCCTCCGATT
TTGCTGCTTAGTTTTACATAATATAGTTTATAATTCGTATATAATGCATTTCTGTTTCTATCTCCGAACTCGTCCTTGTTGTAAATTAACTTTTC
GCCTGCCTACATTGCCGTTCCGTTCCGTTTTGAATCGATCTGGATTCTATAATCGATTGCTATTGCTGGTTGAAAGTAATGTGAGTGAGAGCTCG
AGCGATGCTGAGTACTGTTTTTGTTGATTTGTCAAATGTGAAGAAAGCGTGGCGTGGCGTTGCTGTTGTTGTGGCTGTGGCTGTGTTCTCTCGTC
GGGCTTGCAATGCTATCTCAAAAATCGCAATGAAAGGCGGGCGCTCGAATTTAGCTAGGCTCAATTTATTCGACCACCTTCAGCACCTTGCCAAT
GGCAATGGTTTTGTCTGAAAGATAGAAATGATAATTAGACGGGGATCTCCCGAGTCACCAATCGACTTACTTTCATCTCTGAGCGTAAAACGGCC
CATTTGAGGGAATAGCTTAAATTGTTCAAGGCAAATCATTCCGGAGCACTCGATTCGCATAATTGCAACCTGATCCTGCTTAACGAACCGTGGAC
GTGTTTTTGATTTGTCACCAGACTTTTTGTCGACCAAACAGATGAGGGCCTATTGAAAAATAATACATATTCAGTATCTGGCTAATGTATGGGAA
TTATAGACCTAAAACTTACCTTAACTGTGACTTCTTCGGCTGCACAGTGTATGTGCATGACAGCCGAGTAACCCGCACAGATAATTGATTTGTGT
TCTAAAATTACGACCTGAGCATCAAAGATTTTTCCCGTCTTGATGGGATTGGCTGCATCGCAGAGAACAAAACCGGGCGAGACATCCTCCTCCTC
AATACCCTAAAAAAAAGTTTAAGAATCAATTAAAATAATCCAAGGGTATAACAAAAGAATCATGTACTCACTTTCAGCTTAATCTTGACGTTCTC
GCCGGGACCAACAGAAGTGACTTCAAAGTCGTCCGAGAACAACTGATCCACCGCCACTTGCGTCTATGTGAAAAACAAGCTTAGTTTCAAATATT
CAGCTGATTGCAAAGTGTATAAACTTACCCTATTTGGCATCACTAACAGGTTTTGACCCTTGCGCGCTGTTCCGGACTCAACCTTGCCCATCACC
ACGGTGCCCATATCCTTGTACTTGTCCACAATTGGCATGATGAAAGGCCCGTCCGACTTGCGGTTGAGCGAGGGCAGCTCGTCAATGAACGGAAT
GAAGGCGGGTCCCCGGTACCAGGGGCAGAGCGTCTCCGGGATTTGGTCTTTCAGCCCGTATCCGCTGAGGCCCGAGCAAGGCATAAAGGTAAGGT
CCTTGGCCGGGTTGAAGCCCAGCTTCTTGAGGTATGGTAGTATCTTGTCTTTGCATTCGTTGTAGCGCGTCTGATCCCAATTGACCGTTGGGTCA
TCCATTTTGTTGACCAGCACGACCAGATGCTTAACGCCGGCGGTCTTGGCCAACATGGCATGTTCTCGGGTCTGGCCGCCGCGATCGAAGCCCGT
CTCGAATTCACCCTTTCGCGCCGAGATGACCAGCACTGCGAGATCGGCCTGCGCCGCGCCACCGATCATGTTAGGCACGAAGCTCTTGTGACCGG
GTGCGTCGAGGATAGTGAAATGCTTTCGGTCCGTTTCGAAGAAGGCTCGTCCCACCTCGACGGTCTTGCCCTTGTCGCGTTCCTCCTGGTTGGTG
TCCAGCGCCCAGGACAAGTACCAACTCTCACGCGACTTCTCACGTGCCTCCCGCTCGTACTTCTCCAGTGTTCGCTTGTCCACCATGCCCGTGAG
CGACATGATCTGTCCGCCAATTGTTGATTTGCCAGCATCTACCCAAAGCAAAGTGCGAATGTTAATAATGGCTTTTGGTGGGACATATGTTTATA
AGTAATGATAACTCACCAACATGGCCAATGAACACAACATTCACGTGCTCACGCTTGCTCCTATTTTCCTCCACCTTAACCACCTTCTTCTTGGA
CACCTTCGGCGTGGCCTCGCCCTCCGTGAACTCAGCATCTTCCACCTCCTCATCCTCGGGCGTGATCACTGCATCGTCCACATCCCAGCTGTCAG
CAGGATCGGTTTCTAAGCAAATAAAAAAAAACCAAATAAAAGGTCATTAGTCGAGACATTTACAAGGCGATTCTACTGTGCTTGGTGGTGAAAAT
AATATGGCTTGTTGAGGAATATATAATTGTTTGTTGTTTATTTTCTATCGATTACTAAAATTGTTATCGCGCAAATATATAATTTATTTACATTA
GACAATCTTGGGAAAACTAGTAATTTTAAAAATTGTTCAAAATAGTGTCGGTTTGTCCAGATCAATCCAGTTAAAAACCGAATAAAGCAATGAAT
TTTTTTTATTTTTGGAATTGTCCACATCATCGTAATAGTTTAAAGAAACTTTAGTGATGGGAGTAAAATTCACTTTAACTTTCTCTATTTCACAA
TATCGAAACCTTTGTATTTTGAGCGACATTTAGTAAATGCAAACATGTCTCTTTTTATGCACAAAAATAAAAATGCAAATGTCATGCCTTTTATT
TTTGCACATGAAACAACTGTGTAAATAGTTTCTTTTTAATTTAGGTCGGTTTGTTAGAAACTTATAGCACTTCAGATGATTTAAACTCAGGGAAG
TTGAGCTATCACTTCACCAATTATATACTTCGTACTACCACTCATGCACTCGCCGTGTTTGACCTGGCGGCCACATGCTAATTGCTAATCGCTGA
CTCTAGCCACCCGGGCGGATGAGTCATGTGCGGGATTGGATTGGTGGAGTGCTGTTCTGTGCTGGTGTCAACGTGCTTGGTTAATAGTAGTTCCC
GAACCTTTGACGTAAATGTCGGAGGATCATTTGACCGTCTGGAGATGGGCTGTAACGAATGGTATCCCAACTCCACGATTACTAACTTTTTCTCC
ACTGCGAAAACGAGTAAATGTAGCGAGATCCGGCGCCCTTACTCATGATTCCGATGCATACAACTCAATTCTAATCGGATTTCGGAACTAGGAGC
GGATGTAGATATAGCCGGAGAAACGAGCTTCGATCGCGCCAAAGTGTAAGAGCCAACAGCAAATGCTATTTTTTTTCGGCGCTTTGGCAAGCGCG
CCGCACAGCCAAACGCCATGTAATCAAGTTCGAAGCGGTTTCAACCGCCGGCGAGCTGCACTAAGCGCTTCCATTCGGGCCAAGCAACTACAAAA

GTCGCCACATTGGAGTCGCTGCGATAACGACGAGTGAGCCATTCCCATTCCCATGCCCATTCCATTCCAGTCCACACCGCCAGTCGAAGCTGGGC
GCAGCGTAGGCTCCAATGAATGGCTGACAAAAGAGTAAACGTGTCCAAAACACAAGAATTGGGGGGCAAGCATTTGCGAGTGTGGGTGCGGAAGA
AGGGGACAAGGCAATGGCCAAATAAACGACACCACAAAGCGAAGCGGCAGTAAAATGGCAGCACAAACAGCTGCTTGTCAACGTCGCCCGGCGAA
TGGCAAGTAGGTGAGTGGCCACCAGAGATGCGCCGTGATTGTTAACAGTTTAACAAGTGACAGTGATAAGTCGTTACATCGAGAAATCAACAAAG
CTAAACAAGAAAGTGTTTTCTAACTATGAAATTTTCAGAATATTAAAATTATGAACAAGTTTATAGAATTGAAAAATACACAAGGCTAGAATATT
TATATTAGCATATTCGTGTAAAATTTTCATGGCTTAACTCTTAAATATCCCAATTCTTGAAACTCAAAATACTGAACGACGATTAAGAATATAAG
AATACTATTCGGACGAAAGTTTTCACAAATCCCAAATCCCAAGATCACAGCGAGGCGTGGATTGTTTGATGTTCATGTACATATAGATTCAACAA
GTATTTTTAAATGTATGTACCTACATTTGTTTAAAGCAAAAATGTCAAAGTGCATGATTAATTCCCAACCATTAGCTGGTTTCTAGAAAACAACT
AGACCTGATTTGCGGTTATTTCACCATTTGGTGACACCTCTGTAGTGATTCTGGTCGTGATTCCTGGGCATCTCTGCGCTGAGCCACTGCTGGCG
ACACGACGACGAGAAAAGCGGCCAAAGAAAGGGCCCTGGCCGGACGAACTGTTTTTGCGCGCAGGCCGAAAGCGATTAGCCATTTGTTTAGCGGC
ACAATAATGCCCGCAATTCGAATAGAAGTCAAGCAACACATGCGACGCCGACGTCGGCAGTGCTGACGCAGATTGAGGTTATGTACTAGGGCCAG
CGATAATAACCTAAACGGAACCTGGTGAATGCAACCTATCTTTGGGGTTTTCCCTATCCCATTCCCCATTGTTGTGTCTCTGCCAACGGTCTTGC
GACCAGCAGGTAGCAACAATAACACGCTTCTTTGTTGACGTCACAGAAGAAGCGAGTTCAATGGACGTGGGGCATGTGTATTTGGCAGGGGGTAT
TTAGGTAGCTAGCAAGCTCTATTTACCATTGTTTGCGATTTTGTCCGAGGGGTTGAGACCATCGATGGGCGTTGGATCCGCCGCCGCTGCTCCTG
CTGAAGGCGTGGTGGCTGGCGAACCCGGCGCTGGCGATGCGGAATTGGAGGATGATGTGGGCGGCTGTGCTGAGGGTGCTGCTGCCCCCGCCCCC
TGTGCAGTTGGAGGCGGTGGAGCTGCTCCCGCTGTGGATCCCCCGCTGCCGACGGAATCGGGTGTGGTGGCTGGCGTGGCTGAACCGGAGGCGGG
ACCCGGATCCGCCGTCTCCTCGGCCGCAGCCGCTGCAACCACTACTGCCGCCGCCTCCTCAGCTACATTCACAACGCTGTTGTAACTGAAACTGG
GCACAAATTCTACCGCGTTCACGTTCAGCGTTGAGAACTTTGTGCTGATCTCCGTGTTTTCCTGGGCGGCCATCGTTGCAGTGCGTCCGTAATCC
TCCGCAGTGGTTTCCTCCGATGAAAATCTCTCTCTCGCTTTTTTCACGCGACGACACACTTTCGCCCTCCTTCTACAAACTGCTTCAGCTGCTTC
TTCTTGCTGCTCCCGCACTCACACAGAACACACGCGGTCGTTCGGAATTCTTGGGATTGCCTATGGTAATGGAAATTGGGAATGGCAAAAGCAAT
GCCACCAACACACGCACGCCTTGATGGTTGTTGGCCGGGGGGGTGGCTTGTGGGGGGTTTAGGCCAGACTTTCGGCTCAATGTGGTCTACACTTT
TGTTGTGACTCGGTGTTGTGTTTGTTGTTTGTGCTTTGCTAGCCTGGCCAACTCGGGTTGAACTCGAATTCCCTTTAATTTGATCGACTATCGCC
TGTTTGGGGCAGTGGTGACCACCTGGTGATCTGCAGGTATGATTCGACTACCTGAACACTAAATGCAGTGCTCGGAACTAGCAATCTTCTATTAT
TTTACACGTTTTAAGCCACGCATCAAGTCAGGGTTGCCACTTGTATGCGGTGTTATCGGTGCATCGATATGTGCTGGCTGTCACAGTGGCCTATA
ATTGATTTGGGGCAAAGTATTAAGATATTTTTAAATTTTTTTAGTAAGATTTTTAATACTTTTAAAATTATTCAACATAAATAATTATATTGCTT
TTGTACTTTGTTCTGATTAATATAATTTTTTAAGGCTAAATATAACGTAGTCCACATGTACATATATAAATACAAACTGTATTTGTTTTATGTGT
GACTAGACATTAATAATTTTTTATTCACTTTCAGTGAGTTTTTATAATTATTAATTTAGTTATTTTGTATAATAGAAGTGTAATGCGAGTTTTGT
AAATATTGATAAGTGTGTAGTGAGCCTTGGGGTTTCAATACATTTCTAAGCTCATCATCAATGGTATCGAATTACAATCGATGTTGTTCCAGCTC
TAACGTCGTGCCAGACGCCATTTTAACAGTAGTGAAAAAATCGTCTGGAGTTTGGCTCGTTTTCAGCATTCGCATTAGCATTTTAGCGGTAAAAC
AAATATCCAAATAGACAATGAGCAACGGTGGTGGTGCCGGGGGATTGGGCGCAGCGCGTCCACCTCCACGGATCGATGGAATGGTCTCGCTTAAG
GCAAGTATCTGCTAAGTAAAATGCGACTAAATCGCCCACAAAATGGCGGCCGGCTGGCAACGTTGTGTGGTTAGGTAACCTCTCCAAAAGCATGT
AAATTAATCCGCGTGTAATTATGCCTACAGGTCGACAATCTCACATATCGCACCACGCCGGAGGATCTGCGTCGGGTCTTCGAGCGGTGCGGCGA
GGTGGGGGACATCTACATACCCAGGGATCGCTACACACGTGAGAGCCGCGGATTCGCATTTGTTCGGTAAGCATTCACTTCTCTTCCGGGAAAAT
TGTGAAAGTCTTAGGTCTTTTTTGTTTTGTTACTTTCACTTGCCGGCGGTGGATTTTAATTATCATGGGACCTAAAATGTA
(SEQ ID NO: 712)

Exon: 7821..6867
Exon: 4477..4292
Exon: 4218..3449
Exon: 3388..3302
Exon: 3236..3060
Exon: 2994..2826
Exon: 2769..1697
Exon: 1007..1001
Start ATG: 7293 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT19890
CTGACTTGATGCGTGGCTTAAAACGTGTAAAATAATAGAAGATTGCTAGTTCCGAGCACTGCATTTAGTGTTCAGGTAGTCGAATCATACCTGCA
GATCACCAGGTGGTCACCACTGCCCCAAACAGGCGATAGTCGATCAAATTAAAGGGAATTCGAGTTCAACCCGAGTTGGCCAGGCTAGCAAAGCA
CAAACAACAAACACAACACCGAGTCACAACAAAAGTGTAGACCACATTGAGCCGAAAGTCTGGCCTAAACCCCCCACAAGCCACCCCCCCGGCCA
ACAACCATCAAGGCGTGCGTGTGTTGGTGGCATTGCTTTTGCCATTCCCAATTTCCATTACCATAGGCAATCCCAAGAATTCCGAACGACCGCGT
GTGTTCTGTGTGAGTGCGGGAGCAGCAAGAAGAAGCAGCTGAAGCAGTTTGTAGAAGGAGGGCGAAAGTGTGTCGTCGCGTGAAAAAAGCGAGAG
AGAGATTTTCATCGGAGGAAACCACTGCGGAGGATTACGGACGCACTGCAACGATGGCCGCCCAGGAAAACACGGAGATCAGCACAAAGTTCTCA
ACGCTGAACGTGAACGCGGTAGAATTTGTGCCCAGTTTCAGTTACAACAGCGTTGTGAATGTAGCTGAGGAGGCGGCGGCAGTAGTGGTTGCAGC
GGCTGCGGCCGAGGAGACGGCGGATCCGGGTCCCGCCTCCGGTTCAGCCACGCCAGCCACCACACCCGATTCCGTCGGCAGCGGGGGATCCACAG
CGGGAGCAGCTCCACCGCCTCCAACTGCACAGGGGGCGGGGGCAGCAGCACCCTCAGCACAGCCGCCCACATCATCCTCCAATTCCGCATCGCCA
GCGCCGGGTTCGCCAGCCACCACGCCTTCAGCAGGAGCAGCGGCGGCGGATCCAACGCCCATCGATGGTCTCAACCCCTCGGACAAAATCGCAAA
CAATGAAACCGATCCTGCTGACAGCTGGGATGTGGACGATGCAGTGATCACGCCCGAGGATGAGGAGGTGGAAGATGCTGAGTTCACGGAGGGCG
AGGCCACGCCGAAGGTGTCCAAGAAGAAGGTGGTTAAGGTGGAGGAAAATAGGAGCAAGCGTGAGCACGTGAATGTTGTGTTCATTGGCCATGTT
GATGCTGGCAAATCAACAATTGGCGGACAGATCATGTCGCTCACGGGCATGGTGGACAAGCGAACACTGGAGAAGTACGAGCGGGAGGCACGTGA
GAAGTCGCGTGAGAGTTGGTACTTGTCCTGGGCGCTGGACACCAACCAGGAGGAACGCGACAAGGGCAAGACCGTCGAGGTGGGACGAGCCTTCT
TCGAAACGGACCGAAAGCATTTCACTATCCTCGACGCACCCGGTCACAAGAGCTTCGTGCCTAACATGATCGGTGGCGCGGCGCAGGCCGATCTC
GCAGTGCTGGTCATCTCGGCGCGAAAGGGTGAATTCGAGACGGGCTTCGATCGCGGCGGCCAGACCCGAGAACATGCCATGTTGGCCAAGACCGC
CGGCGTTAAGCATCTGGTCGTGCTGGTCAACAAAATGGATGACCCAACGGTCAATTGGGATCAGACGCGCTACAACGAATGCAAAGACAAGATAC
TACCATACCTCAAGAAGCTGGGCTTCAACCCGGCCAAGGACCTTACCTTTATGCCTTGCTCGGGCCTCAGCGGATACGGGCTGAAAGACCAAATC
CCGGAGACGCTCTGCCCCTGGTACCGGGGACCCGCCTTCATTCCGTTCATTGACGAGCTGCCCTCGCTCAACCGCAAGTCGGACGGGCCTTTCAT
CATGCCAATTGTGGACAAGTACAAGGATATGGGCACCGTGGTGATGGGCAAGGTTGAGTCCGGAACAGCGCGCAAGGGTCAAAACCTGTTAGTGA
TGCCAAATAGGACGCAAGTGGCGGTGGATCAGTTGTTCTCGGACGACTTTGAAGTCACTTCTGTTGGTCCCGGCGAGAACGTCAAGATTAAGCTG
AAAGGTATTGAGGAGGAGGATGTCTCGCCCGGTTTTGTTCTCTGCGATGCAGCCAATCCCATCAAGACGGGAAAAATCTTTGATGCTCAGGTCGT
AATTTTAGAACACAAATCAATTATCTGTGCGGGTTACTCGGCTGTCATGCACATACACTGTGCAGCCGAAGAAGTCACAGTTAAGGCCCTCATCT
GTTTGGTCGACAAAAAGTCTGGTGACAAATCAAAAACACGTCCACGGTTCGTTAAGCAGGATCAGGTTGCAATTATGCGAATCGAGTGCTCCGGA

ATGATTTGCCTTGAACAATTTAAGCTATTCCCTCAAATGGGCCGTTTTACGCTCAGAGATGAAAACAAAACCATTGCCATTGGCAAGGTGCTGAA
GGTGGTCGAATAAATTGAGCCTAGCTAAATTCGAGCGCCCGCCTTTCATTGCGATTTTTGAGATAGCATTGCAAGCCCGACGAGAGAACACAGCC
ACAGCCACAACAACAGCAACGCCACGCCACGCTTTCTTCACATTTGACAAATCAACAAAAACAGTACTCAGCATCGCTCGAGCTCTCACTCACAT
TACTTTCAACCAGCAATAGCAATCGATTATAGAATCCAGATCGATTCAAAACGGAACGGAACGGCAATGTAGGCAGGCGAAAAGTTAATTTACAA
CAAGGACGAGTTCGGAGATAGAAACAGAAATGCATTATATACGAATTATAAACTATATTATGTAAAACTAAGCAGCAAAATCGGAGGCAGCGAAT
GCGAAACAAGATGAACTATTTATATATGTATACAAAACAAACAACTCACACGTATATATGCAAAGAGAGAGAAAGAGTTGAAGAAGAGGAGTTGC
ATTGATAACGATTTTGTTTGTTGAGCCCATCTCGCAAGGATATTGAGCACTTGTCGCAGTCGTCGTTTTCTTTTGGTTTACTATTTTGTATAAAC
TGTAAGCATTAAATAGCCTACACGTACATGCCTAAATCGCGCGCAATACGTGAATTTCTTTAAAATACTAAAACTAAAGCTGCAAGCTACCCAAT
TTTTGTATTTGTAAGCGAAAGTACGATCCCGAGAATCCTTTCCCCATCCATCTTCCTGTATGCGCCTTTAAATTGCAAATTTGTTAAATACCCTG
CAAAATGCATTAAGATATTTCTGCTCTTCTTTTTAAATGATATAATCTATATGCTTTAATTTAAGTTTAAGCTTAAAGAACATGGAGTAAAGTCT
GTAAAAGCAGAACGGAGAAAATTCAAATTTACGGAAACACCTAATTGTTAATCATTTAAAACCATTTGATTTTGCTACTTAAAACACATTTGATT
TTGTATAATTTAGTTAATTGAAGAATTCGTGCGAGTTGAACACGAAATCCCATATATGAAAAAATAAAATGCCTTTTGCTACCGAGCAGAAAAAA
AAAA
(SEQ ID NO: 713)

Start ATG: 529 (Reverse strand: CAT)

MAAQENTEISTKFSTLNVNAVEFVPSFSYNSVVNVAEEAAAVVVAAAAAEETADPGPASGSATPATTPDSVGSGGSTAGAAPPPPTAQGAGAAAP
SAQPPTSSSNSASPAPGSPATTPSAGAAAADPTPIDGLNPSDKIANNETDPADSWDVDDAVITPEDEEVEDAEFTEGEATPKVSKKKVVKVEENR
SKREHVNVVFIGHVDAGKSTIGGQIMSLTGMVDKRTLEKYEREAREKSRESWYLSWALDTNQEERDKGKTVEVGRAFFETDRKHFTILDAPGHKS
FVPNMIGGAAQADLAVLVISARKGEFETGFDRGGQTREHAMLAKTAGVKHLVVLVNKMDDPTVNWDQTRYNECKDKILPYLKKLGFNPAKDLTFM
PCSGLSGYGLKDQIPETLCPWYRGPAFIPFIDELPSLNRKSDGPFIMPIVDKYKDMGTVVMGKVESGTARKGQNLLVMPNRTQVAVDQLFSDDFE
VTSVGPGENVKIKLKGIEEEDVSPGFVLCDAANPIKTGKIFDAQVVILEHKSIICAGYSAVMHIHCAAEEVTVKALICLVDKKSGDKSKTRPRFV
KQDQVAIMRIECSGMICLEQFKLFPQMGRFTLRDENKTIAIGKVLKVVE*
(SEQ ID NO: 714)

Name: eRF-3
Classification: translation_factor
Gene Symbol: Elf
FlyBase ID: FBgn0020443

Celera Sequence No. : 142000013384669
AGCTAGCTCCGTTGGGCTCCATGCTGCAGTACATACTGGATCATGGTCATGAGATCACGGCCAATGCGGAGCTGAAAGTTTGGGCGTCACAGATT
GCGTGTGGTAAGTCAAATTCAAGACAATTTGATTCAATTCAATTAATTAATTAATGTTTGTACCAGGCATGCATTATCTGGAATCACAGCATTTT
GTACACCGCGATCTGGCCGCCAGAAATATATTGCTGACCGCACGCCACCAGGCGAAGATCAGTGACTTCGGCATGTCGCGATCACTGAGACCCGG
TAGCACGGAATACCAATTCACCCAGGGCGGACGTTGGCCCATCCGCTGGTACGCACCGGAAAGCTTCAACCTGGGCATCTTCTCGCACGCCAGTG
ATGTGTGGTCCTTTGGCGTGACCATCTGGGAGATGTTTTCCCTCGGCGCACCGCCATATGGGGAAATATCTAATGTCGATGCCATCAAGTTGGTG
GACAGTGGCGAACGCCTGCCGCAGCCCAATCTCTGTCCAGCTTACATCTATGCCGTGATGCAGAGCTGCTGGAAGGAACGACCCAAAGATCGGCC
AACCTTTGTCTATCTCACCGAGTTTTTCGCCCGCGATCCTGATTACCAAAACCTGCCGGAATTGGTGCAAACGGTTCACATTTAAGCCAGTTTCC
ATTTTCCATTTTTTCCGTTCTGAGTGCAATTTTCTGTAGCTATTTATGCAATGTCTTCTATTTCGTTTTCAACGTATTAACGATCTGGAACCCAC
AGATCACTATTGTTGTTCCGTATCCTAGTATTCATGTTTATAGCTTGTAATATATTTTTTAATCATATGTACAACCAATTTGTGTCAAAAGAAAG
CGAACAAGTGCCTTAAAGATTTAGCATATAAGCTTTGTATTCATTTTTACAAATCCATTTTGTTTCATTGGTTATACAAAATAAAAACTATTTTT
ATACATACTGCGCTTTTTGATTTAGTATTAAATAATACAGCAGTATGCTTTAATAATCAATGTTTAAACATTTAATGCAGTTCTTTTATATAAAA
CGTGGTAACAAAAGTAAATAGTTTGTTGGTAAACCGCTTAAATACTAGGTTAGTAATATGGTTTCTTGGAAAGATTATAACTACGTTAGCGTGGT
TAGTGCTCTAGAAATGGATTATATATTTTTTTGTTAATTTTTTCGAGCTAGCACAACAGTAATCAAGCTGATCCGTTTATTGCCTGCTTCACATT
CGATGCGCTGACGAGCTTAAGGGCGCCAAGTATTCCGTTCAGGTTCTCCTCGTTGTAGGGCTTGCCCTGGAGCGGAGTCACCACCGGGACGAGCT
GATCGCTCTGCGGCAGCTGGATGCCGATCTCCTTCATTAATCCCTACAAATTTAGTAAAATCATAAGTGATAATTCTCTAAAACAGGGCAAAACA
AATCTTACCGCTTCCACTTCCACGCTTAGTTTCAGTTTCATGTCCTGCTCATCGCCCTTCACCTCCAGTTCCTTCTGCACGGTGAACTTGGGAGT
CTTGCCGATGACCCAGTCCCAAGAGCTGTAGTTGGAGCGCAATTCCTCAATGCCGGGGAACCATTTCTCTGTGGGATTGACCAGCTGAAAGCCGC
GCTGCTGCATCGTCTGTGTGCTGCCGCCGTCTTCAAGCGTAGTTGCAGCCGTTCTCAAATACTCGTAACCCACGGCGGAACGCAGCTGAGCAACG
TTCACCGTGCGATTGACATCAACCAGGTTGCGAATGGGCGACGGCACCGAAGCCGTGGCCTTGCTAATATAATTGGCCGGCTCCCGCACCAGAGA
TTCGCCCAAGTGCAATTTGTTGGCGCTGGCCAAAATGGTGCAGTGATGGTACGAGTTCGGGTGTCCCAGCTTGGCCGCAGTGCCGGAAATCTGTA
ATTGAACAAGGGCATACTCGTTGAGTGGGCAAATAAAGACCAGATGCACAGCCCCAGCTGTTGGTTAAGTGAGCTGATGCCAATGTGAGGGATCA
GCCGGGGTCGCATCATTCCTTGATAAGAGCCACCGCTCCTCCTCACCTTCTTATTCATCACTACAATGTCGTCGCGCTCATTTATCTCTGCCTTG
ATGGCCCATTCGCGGAACAAGGCCCTGGTCACGATGTTCAGGTTGTACTTGCGATCGTAGCGCTCTCTGGGCGAGAAAAAGGTGCAGTTGAGGTT
CCCAAGATCATGGTACACCGCTCCACCGCCACTATTGCGGCGTGCAAGTGTTATGCCGCGTTCCACCAGCTGCGAAACATTAGCCTCGGTGAAGG
GATTCTGGTGGCGACCAATGACTACGCACGGGTCGTTGGCCCACAGCAGCAGCACATGGTGGCGGCTGAAATCAAAGTTTTTGTACAGCCAATCC
TCTAGAGCGAGGTTGGTGAACACATCGCTGGACTGCGAGATGAACACGGACTTCTTGATCTCCGAATCGGGAACCACGGGCGGTGGCTGGCGCCT
CTGCTTTTTAATCTCCTGCTGTCCAGCAGATGGTGGCTCCACTCCGCTGGATGCCAGGCGCGTGGCCTGAGCGGCGGAGGAGAGAAGTAGCCGCA
GCTGGCTGGAATTGCGTCGCAACAGCATGCTCATGGCTTACACAAGGAAGTGGGGCGTACGGGTGTGTGTGATTTCTGTTGCCAGGTGATCTGGG
ACACAATGCACTTGCAAGCGAAACAAGGTCAATGGTGTCGAAAAAAGCTTTTGGCTGGTTGATTGGTTGGTTGGTTGGTTTCTACGGTTGT
CGTCTGCCTGGTTCTGTGTGGTCCGTGTGTGCTCTTCTTTAGGTTATGTATGGTCTACTATCTACGCTATTCGTTTTGGTCTTTAAATGGCTTTG
GTCGCTCTGGACTTTAGACTGTGGCGTTCTTAGTGGCTCGGGATGTGTTTGCAGCCACGGAGCTGGCCGAGATGAGGTATTCGTGCAGGGCGGGC
GTCTGATGCAGCCACTTCCACGTTTGATGCAGACCACAGACACGCTTACGGAGACCCAGGCAGTCCTTGTTGGCACAGTTCACTGGCATACTACG
CCTCACACCCATCCAGGTGGGGGATACAACGAATCCGGTGTTTACGGGGGGCCGCAACGTTACGGGGCCCAAATAAGATGGCTAAAGGGTTTCCT
TTTTAGCTGACACCAAAATTTTCCACTCTTTGTTCGCGGCGCACGGGAACTGCGGGGGGCGGGGGCAAGGCGGATGATCGCAGTGGGCGGGGGTA
GCAGTTATAGCACAAACAAACGAACGAACACAGAGCCGATCGAAAAGCAGCTGCGCGTGTGGAAATATCACGACCGATTGGCTTTCGTTTCAGAT
GAGCAGTGGTGCTCGCTGCTCTTGTTCTTCCTCGACGGTCCCCAAATGCCATTCGCAGCGAACGACGAAAGCTCCGGTCATTAAAAAAAAAAAAA
AACAACGGCACTCTGGCGCCGCACTTAATTTATTTTCATCTTTTTAATTCGAACTTGTATAATTTACGCTAAACATGTGTGATAATCCGAGACGT
CTACAACAGATGTGACATTAATATGTGTTATATTTTATAAGCAGCATACTTTGAGAGCCCCTTCAGTTTGGAATACCCCCATTATTAATGTAAGC

CGCCTCTTCGGGATCAATTGGCTTGCGGGCAAATCGTGCCGGCAGCTCGTAGTCCTCAATTGCTGGTCCACCGGCCAACTAAATGTAGAAGGGAC
AATTACGAAGATTAGTTATGATGCACAGAAGAAGCCGTGGTATTGTGTATAAATGAAATGGGCTGGGTTAACCTTTTTGCCTCCTGCGGCCTGGG
AACTTGCCTTCTGGTTTGCTGTCTGGGCGCCCGGCACTCCTGCACCACCCTTGCGGAAGTGTATGAGCGGTACGCGCTTAGCCAGCGCAACTAGT
GTTGGTCGAACCATAGCAACAGCAATTGAATTTCTACCAAAAAGCCAAGGCAAAAGTAAAAGTTACGTGAATAACAGCTGACTGTAAACTCATAC
AAGCGCTGCCAGATCGTTAAAATTGCATGCCATTCGCCGCGCAATGGATTATTATCGTTATTGAAATTTACGTGATCCTGTGAATGGCTAAGGCA
GATAAGAGGAAGCGCAAAAAACTATTTTGGTCCAAATCGGTAATATTTTTATATTTAAAATGAATTGGGGACAGAAGATAACCGGCAGCCGACGG
CCCTAACTTCTGGACGGACATCGCCAGTATATGGATTGCTCCTAAAACTAGCAAACCAACGTACTTATGCTCTATGCAACAATAAATGTCATATG
AAAACAAACTATTGAAGACGTTTTTATGAGTATAACCGGTAACTATTTCATTTGTTTATTATATTAATGACAAATAAAC
(SEQ ID NO: 715)

Exon: 3354..2042
Exon: 1895..1434
Exon: 1373..1001
Start ATG: 2593 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT19977
AAGAACAAGAGCAGCGAGCACCACTGCTCATCTGAAACGAAAGCCAATCGGTCGTGATATTTCCACACGCGCAGCTGCTTTTCGATCGGCTCTGT
GTTCGTTCGTTTGTTTGTGCTATAACTGCTACCCCCGCCCACTGCGATCATCCGCCTTGCCCCCGCCCCCCGCAGTTCCCGTGCGCCGCGAACAA
AGAGTGGAAAATTTTGGTGTCAGCTAAAAAGGAAACCCTTTAGCCATCTTATTTGGGCCCCGTAACGTTGCGGCCCCCCGTAAACACCGGATTCG
TTGTATCCCCCACCTGGATGGGTGTGAGGCGTAGTATGCCAGTGAACTGTGCCAACAAGGACTGCCTGGGTCTCCGTAAGCGTGTCTGTGGTCTG
CATCAAACGTGGAAGTGGCTGCATCAGACGCCCGCCCTGCACGAATACCTCATCTCGGCCAGCTCCGTGGCTGCAAACACATCCCGAGCCACTAA
GAACGCCACAGTCTAAAGTCCAGAGCGACCAAAGCCATTTAAAGACCAAAACGAATAGCGTAGATAGTAGACCATACATAACCTAAAGAAGAGCA
CACACGGACCACACAGAACCAGGCAGACGACAACCGTAGAAACCAACCAACCAACCAATCAACCAGCCAAAAGCTTTTTTCGACACCCATTG
ACCTTGTTTCGCTTGCAAGTGCATTGTGTCCCAGATCACCTGGCAACAGAAATCACACACACCCGTACGCCCCACTTCCTTGTGTAAGCCATGAG
CATGCTGTTGCGACGCAATTCCAGCCAGCTGCGGCTACTTCTCTCCTCCGCCGCTCAGGCCACGCGCCTGGCATCCAGCGGAGTGGAGCCACCAT
CTGCTGGACAGCAGGAGATTAAAAAGCAGAGGCGCCAGCCACCGCCCGTGGTTCCCGATTCGGAGATCAAGAAGTCCGTGTTCATCTCGCAGTCC
AGCGATGTGTTCACCAACCTCGCTCTAGAGGATTGGCTGTACAAAAACTTTGATTTCAGCCGCCACCATGTGCTGCTGCTGTGGGCCAACGACCC
GTGCGTAGTCATTGGTCGCCACCAGAATCCCTTCACCGAGGCTAATGTTTCGCAGCTGGTGGAACGCGGCATAACACTTGCACGCCGCAATAGTG
GCGGTGGAGCGGTGTACCATGATCTTGGGAACCTCAACTGCACCTTTTTCTCGCCCAGAGAGCGCTACGATCGCAAGTACAACCTGAACATCGTG
ACCAGGGCCTTGTTCCGCGAATGGGCCATCAAGGCAGAGATAAATGAGCGCGACGACATTGTAGTGATGAATAAGAAGATTTCCGGCACTGCGGC
CAAGCTGGGACACCCGAACTCGTACCATCACTGCACCATTTTGGCCAGCGCCAACAAATTGCACTTGGGCGAATCTCTGGTGCGGGAGCCGGCCA
ATTATATTAGCAAGGCCACGGCTTCGGTGCCGTCGCCCATTCGCAACCTGGTTGATGTCAATCGCACGGTGAACGTTGCTCAGCTGCGTTCCGCC
GTGGGTTACGAGTATTTGAGAACGGCTGCAACTACGCTTGAAGACGGCGGCAGCACACAGACGATGCAGCAGCGCGGCTTTCAGCTGGTCAATCC
CACAGAGAAATGGTTCCCCGGCATTGAGGAATTGCGCTCCAACTACAGCTCTTGGGACTGGGTCATCGGCAAGACTCCCAAGTTCACCGTGCAGA
AGGAACTGGAGGTGAAGGGCGATGAGCAGGACATGAAACTGAAACTAAGCGTGGAAGTGGAAGCGGGATTAATGAAGGAGATCGGCATCCAGCTG
CCGCAGAGCGATCAGCTCGTCCCGGTGGTGACTCCGCTCCAGGGCAAGCCCTACAACGAGGAGAACCTGAACGGAATACTTGGCGCCCTTAAGCT
CGTCAGCGCATCGAATGTGAAGCAGGCAATAAACGGATCAGCTTGATTACTGTTGTGCTAGCTCGAAAAAATTAACAAAAAAATATATAATCCAT
TTCTAGAGCACTAACCACGCTAACGTAGTTATAATCTTTCCAAGAAACCATATTACTAACCTAGTATTTAAGCGGTTTACCAACAAACTATTTAC
TTTTGTTACCACGTTTTATATAAAAGAACTGCATTAAATGTTTAAACATTGATTATTA
(SEQ ID NO: 716)

Start ATG: 762 (Reverse strand: CAT)

MLLRRNSSQLRLLLSSAAQATRLASSGVEPPSAGQQEIKKQRRQPPPVVPDSEIKKSVFISQSSDVFTNLALEDWLYKNFDFSRHHVLLLWANDP
CVVIGRHQNPFTEANVSQLVERGITLARRNSGGGAVYHDLGNLNCTFFSPRERYDRKYNLNIVTRALFREWAIKAEINERDDIVVMNKKISGTAA
KLGHPNSYHHCTILASANKLHLGESLVREPANYISKATASVPSPIRNLVDVNRTVNVAQLRSAVGYEYLRTAATTLEDGGSTQTMQQRGFQLVNP
TEKWFPGIEELRSNYSSWDWVIGKTPKFTVQKELEVKGDEQDMKLKLSVEVEAGLMKEIGIQLPQSDQLVPVVTPLQGKPYNEENLNGILGALKL
VSASNVKQAINGSA*
(SEQ ID NO: 717)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384513
TTAATCCCGAGGACGACGTGGGCAACATAAATGCTGCCCAGAGCAAATCGACGCCGAGAAGTAAACAGCTAAATGATTCAGCTCACAAGCCACGA
ACAAGCACGACGGCATCTGCACCAACAAAACGAAAGTCTGCGGAAAATTCTTTATCCGAGGTGTTTGCTAAAACTGTGCGATTGATACAGCCCAT
CCCAAAGATGTGGCCTACTCCTTCTGATGCCGACTCGGGGATATCTTCGATGGGCTCATCATTGGCATCGACAGCCCGCCTGAAGTAGTAGCCGT
GTTTCGTCTTAAATGTGCTTAGTAGTTCTTTGTAGATAAGATTCCTTGCGTCCTGACCCAGTAGTAGAGTCTAGTTTGTGTGCCCCCTTATTCGA
ATTCAATTTTTATGTATATTATTTTCAGGCCGAGAGATCAATGCGCTTTCCCATGCGGTACAACAAGATCAAGAGGCTGCATTAGATATATGTTC
TTGCCAGATTATTTACCCGCAATCGTGTACAAATGTAAGTTTTAGTTACGTATTATTAGGAAGCTTGCAATAGAAAGAATGCTTTAGCTTAAGCT
TATCGATGTATGAATCAATATTTCTTTAGAGTAGTAAACCAGTATTATCTAAGCTCGATTTTCCTAAGCATGAAGCCGTTTTTTAGTTTTTCTTT
CACTTCACTTTTTTAACTTTTTACGACGCTTTTAGTTGCTTATGAAATTTTCACATTTTTATTAATTTCTATTTCTTTTGAACATTTTTGATTTA
TTTTACTTTACCTACGAATAGATTTATTTCGTATTCTTATTATTTCTATGATTTCCTAAAAATTTAACACTATACCTCCTTTGATTTAGAACAAA
AATAGACAAATGACTTTTTGATTGACGAAGCGCGTGTTTTGGAAATCCTCATGAGCTGATAGTACTAAATTCAAGTACCTGATCTCGTCTGTACA
AAAGTATAAACATAAGAACTCTTCGGACATAAGACAAAGTTCAAGATAAATTAAGGATAAAGTGTATATATACGTATGTATTTACCAGAGTGCAA
GCTAGTGTCTATTTACAATCATTTTAAGATATAATGTTTTTTTCGTAAGTATAACGTGTAGTTCTTAAGGAATAAAACGGAACCATGCAATTACT
TAATGTGTTTTAATGAAAGTAAGTCGGCGATTCTCCCAATGCTACTCCGAGTCGCTGCTGCCTGACTTGTGCTCCTCCTCTTTCTTCTCTTCAGT
CTTGTAGTGGCGATATTCTTTCTTGAGCTCCCACATGTTCTTGTGCGGGTTCTTCATATTGTAATCGCAGACATCCTTGAGAATCTCCTTCAGGT
AGCTAATCGGCTGGTTGGTGATCTTGACCAGATCCTTGATGTTATAGTATTGATGCTTCTCGAATGCGTGGAAGAGCATATCCATCACGGCATTC
TTGTCGTCGCGCGCCTTCTTGCCCTCGGCCTTCTTTCGCTCCCGATATTCAATCTGCAGGAATGGAGGAGTTATATATACATATATATTACCAAA
ACAGAGTGTATTATTGTTCTCACGTTGTGTGCGTGGTCTTTTACAGGCTTAAAGTTCTGCACGATTTTGTCGATAGGCTGCACACGTCGCTGTGG

TTCCGATGCCTTGCGTATGGACTCCAGCTTTAGTTTCATGTAGCAGTTGTCGGCGATGGGTCGGCACTCTAGCTTTTGCACAATCCTGCCCTCCA
TATACAACTTTTCGTTATCCGGCTGTGCCGCCGAGGTAGTCGAGTTCTCCTTGCCATCGGACGGTGCCATGTGCGAGAATACGCCGAGCGTCTGC
TTGGTGACCTGCGACACGTCCAGGATGTGCTCGGTGGGTATTTTCTCCTCGGGATCTAGAGCCAAAACGGCGGGCGTGAGGGAAAGCGAGACCTG
GGCCTTTTGGCCAGGTGTCTTGTTTATCCGGAGCTTGCCCACGTCCATGTTCGTCGGCGCCTTCTCCCATTTCTGGGCAATGTACTTGGGCACCT
TCACCAGCCATACGCCTCGCCCAGCATTGGACAGGTCCAGGTCCTTGTCGATGATCTGTGTCTTTTCCTTATCCTCCTTCGACATTCTGTTTGCT
TTAAATTATTAAAAACGAATTTGCAAAGCCACTTGTACCGTTTTCGGCTTTGCTTGTTGTTGTTGTTTTGCCGTAAATTTAGTGCGGTCGAATAA
ACAGTTTCGAAAAAATGCTAGTTTAGTATATCACGGTATTTTTCTTTCGGTATTTATTCGTTATGTTATTATTAGGCGCCAAGTTTGAAAAAGTC
CGAAGTGCAGATAACGAAATAGAACTATTTACATATCTGAATTTTATATAGTTAGCAAGAACTTTAGAACATAAGAAATAACTTTTATAATGAAA
TGTCTTAGAAAGAATATGATATCTTAATTTTGATTTATTCAGCAAATTTTATGACTAAATTTAGAACACAACATTGTATTGATTTAAGATGAATT
TATGAATTGATGTGACACCTTATCCAGCATTATCCACCCCATTGCCCTATTAAATTGTTTTTCTAATATTTTTATTGTTTTTTCATTCTTTTTAA
ATTAGGTTGACAGCATGGTGATTGTGTAGAATCTATTCCTCCTCCTCTTCCTCGTCCTCCTCCTCCTCCGCATCGAGATCCTCCTCGTAGCTATT
ACCACCAGTGGGGGTAACATTAGAGCCGAGCTCGATGATCGGTTCCTGTTCCTCAACGGGCGTGACGGGCTCTTCGACCACAGGCTCGCTGGTCT
CGTTCTCGTTCTTCTGGATGGCCTGCAGTTCCTGGGCGGCAAGCTCGGATTCCTGGCGGGCGATCTCGGCCAGCTCGGCGGCCTGGCGAGCAAGT
TCTCCCTCACTCTCCTTCTCGATCTCCGCCAGGCGCTCCAGCTCCTGCTCACGGACACGCTGCTCCTCCTCCAGGCGAGCCTCTTCAGCGACACG
AGCCTCTTCGGCGGCCTTTTGGGCAGCTTCTTCGGCGGCACGAGCCTCCTCTACAGCCTTCAGTGCGGCTTCTTCGGCGGCCTTTTGGGCAGCTT
CTTCAGCCAGACGAGCCTCTTCGGCTGCCTTTAAAGCGGCTTCTTCGGCAGCCTTTTGGGCAGCTTCCTCGGCGGCCTTTTGGGCGGCTGCCTCC
TCTGCTAGGCGAGCTTCCTCAGCAGCTTTTTGGGCAGCTTCCTCGGCGACCTTTTGGGCGGCAGCCTCCTCCGCTAGACGCGCTTCTTCGGCAGC
TTTCTGGGCAGCATCTTCAGCGGCTTTTAGGGCTTTAGCTTCTTCGGCTGCTTTTTGGGCGGCAGCTTCAGCCAGGAGAGCCTCTTCGGCAGCGA
TT
(SEQ ID NO: 718)

Exon: 2327..1544
Exon: 1478..1001
Start ATG: 2080 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT20349
ATAAAATTCAGATATGTAAATAGTTCTATTTCGTTATCTGCACTTCGGACTTTTTCAAACTTGGCGCCTAATAATAACATAACGAATAAATACCG
AAAGAAAAATACCGTGATATACTAAACTAGCATTTTTTCGAAACTGTTTATTCGACCGCACTAAATTTACGGCAAAACAACAACAACAAGCAAAG
CCGAAAACGGTACAAGTGGCTTTGCAAATTCGTTTTTAATAATTTAAAGCAAACAGAATGTCGAAGGAGGATAAGGAAAAGACACAGATCATCGA
CAAGGACCTGGACCTGTCCAATGCTGGGCGAGGCGTATGGCTGGTGAAGGTGCCCAAGTACATTGCCCAGAAATGGGAGAAGGCGCCGACGAACA
TGGACGTGGGCAAGCTCCGGATAAACAAGACACCTGGCCAAAAGGCCCAGGTCTCGCTTTCCCTCACGCCCGCCGTTTTGGCTCTAGATCCCGAG
GAGAAAATACCCACCGAGCACATCCTGGACGTGTCGCAGGTCACCAAGCAGACGCTCGGCGTATTCTCGCACATGGCACCGTCCGATGGCAAGGA
GAACTCGACTACCTCGGCGGCACAGCCGGATAACGAAAAGTTGTATATGGAGGGCAGGATTGTGCAAAAGCTAGAGTGCCGACCCATCGCCGACA
ACTGCTACATGAAACTAAAGCTGGAGTCCATACGCAAGGCATCGGAACCACAGCGACGTGTGCAGCCTATCGACAAAATCGTGCAGAACTTTAAG
CCTGTAAAAGACCACGCACACAACATTGAATATCGGGAGCGAAAGAAGGCCGAGGGCAAGAAGGCGCGCGACGACAAGAATGCCGTGATGGATAT
GCTCTTCCACGCATTCGAGAAGCATCAATACTATAACATCAAGGATCTGGTCAAGATCACCAACCAGCCGATTAGCTACCTGAAGGAGATTCTCA
AGGATGTCTGCGATTACAATATGAAGAACCCGCACAAGAACATGTGGGAGCTCAAGAAAGAATATCGCCACTACAAGACTGAAGAGAAGAAAGAG
GAGGAGCACAAGTCAGGCAGCAGCGACTCGGAGTAGCATTGGGAGAATCGCCGACTTACTTTCATTAAAACACATTAAGTAATTGCATGGTTCCG
TTTTATTCCTTAAGAACTACACGTTATACTTACGAAAAAAACATTATATCTTAAAATGATTGTAAATAGACACTAGCTTGCACTCTGGTAAATAC
ATACGTATATATACACTTTATCCTTAA
(SEQ ID NO: 719)

Start ATG: 248 (Reverse strand: CAT)

MSKEDKEKTQIIDKDLDLSNAGRGVWLVKVPKYIAQKWEKAPTNMDVGKLRINKTPGQKAQVSLSLTPAVLALDPEEKIPTEHILDVSQVTKQTL
GVFSHMAPSDGKENSTTSAAQPDNEKLYMEGRIVQKLECRPIADNCYMKLKLESIRKASEPQRRVQPIDKIVQNFKPVKDHAHNIEYRERKKAEG
KKARDDKNAVMDMLFHAFEKHQYYNIKDLVKITNQPISYLKEILKDVCDYNMKNPHKNMWELKKEYRHYKTEEKKEEEHKSGSSDSE*
(SEQ ID NO: 720)

Name: TRANSCRIPTION INITIATION FACTOR II
Classification: transcription_factor
Gene Symbol: TfIIFbeta
FlyBase ID: FBgn0010421

Celera Sequence No. : 142000013384643
ACCAGCATCCAGTGATTGTATTTATAGCCCAATTGAAGCGTTAGATTACGATTCACGGAGGGATAGACCGTTTTTAGATTGGCATTCGCCTCGAT
GACCGGCTGAAGATTTGAGCCCAAGTGCAGGGATGTCAGCAGCGCAAAGTAACCAATGTCTCGTATTTTGGGTATGAACATGGTTCTCGAATTTG
GAGTTCAAAATGAAAAAATTTTAAGTCGTTTTTTAAATTTTGTATCTAATTTTGTGTGACCTCAATGTGCTCTGACATTCCCAGTCTGATTGCTT
AAAAAACGTTATATTATAAACATTTTTTGATTTTTATTTTAAATTATACGTAATTAAAATTACGTAATTAAACAATTAGGTAAATAATAAAAGAT
TTTATCGTTGTTTGTTATAAATTAATTTATTAAATTGAAAGGCAGCGTGCTGAAACTACTTAACTGCATCAACTTATTTTAGCGACATAAATTAT
TTGAAATTCCCGCCAGCTGGTACAGTTTGAGAGCAACTATTAGCTGTGCTAAAACCCCTGCATTTAAGTGCTTGACAATCTTGCCTTATTCCAAC
CTATTGGAAATATAAATTTCATATTAAAACAATCAACGGTACGATGTACATATTTTTTTATTGTAAAACAATATATTGTTAAGATTTCAAAAGGA
ATTAATTTTTTATTTTTAGTTCAATTGGTTGGAGTGCTTGGTAAATAGTTAGCACAGATAGCAACCTTGGTGTGAGCCTTCGCTAATATTTCGAC
ATAAGATTTAAATACAGAAAATAATATTTAATTCTAACAATTATACCTTATTTCTGTGTGAAATTATGAAAAATGTAAACATTTCTCTGAATACA
AATGACATTTCGTTACTGTAGGTTTTGTTCTGTGTAAATAGGTTTAATATTCACGGATAATTCGTTTGTAGTATATTTTAGTATATAATTATTCG
CGTATGATGGATTTTTTGGCCGGCAATAAAAAAGTGTAAATTGTAGCAAGGCAACCGAATCGTTTCAAAATTTTGTCCAAAAAGTGGAAATTTAC
GCGAAATGGAGCGCGAAATAGCGCACAGTTTAGCTGGCGGCGAGGAACGAAGTAGCGATGTGGCACCTGGACAGGTTAAGACCTTCGAGGAACTG
CGTCTATACCGAAATCTGTTGAACGGATTGAAGCGCAACAATTTCGTGACGCCAACGAAGATTCAGGCAGCTGCCATACCCATGGCACTGGCCAA
AATGGGTAAATATCTTGCATGCAACAGAAGATTATCAATAATAGTTGCTATATTAATCTGCAGATCTAATAATACAATCGAAGAGTGGAACTGGC
AAAACTCTAATCTATGTTATAGCCGTCGTTCAGAGCTTTAATCCCAACATAAACCAACCGCATGCCATGATCGTGGTCCCAACTCGAGAGCTGGC

CATTCAGGTGCAGGACACATTTTTCCATCTCTGCAAATCGTTTCGGGACTTTAAATGCTCTGCTTTCATCGGTGGCACCGATGTGGCCAAGGATC
GCAAGCGAATGAATGAAAGTCGAGTCATTATCGGTACACCGGGACGTTTGCTGCATCTGTATGAGAATAGAGTATTCGATGTGTCCAAACTGCGA
CTGCTGGTGCTCGACGAGGCCGATCAACTTTATCAGACAAAGAGCCTGCAGCATACGGTCAGTAAACTCATTGAGGCAATGCCCAAGAATCGGCA
AATAATTGCCTGCAGTGCCACATACGATCAGAATTTGGATGAGCGTCTGGCCAAGGTCATGGACAAACCCATGCTTATATCGAATTCCGAAAGGG
CTACCGTTCTACTGGGCATTCGGCAGTTTGTCTACGAATTGCCACAGCAGAATAACAGTGTGGAGGAGATGCGTCTTAAACTGCAGATTCTTGGC
CAGATCTTTAATCAGCTGCCTTACGAACAGGCCATCATCTTTGCTAGCTCACAAATGCGAGCGGATTCTTACAAGAACTATCTTACAGCCAGTGG
TATCGATTGTCATTTAATTTCGGGAGCCATGGAACAATCGGAGCGTTTGCATGTTTTCGAGGGCTATAGAAACTTTACTATGCGCATCCTGGTGG
CCACTGATTTGATGGCACGCGGAGTGGACTCCCCGCATGCCAACCTGGTTATCAACATTGATCCACCACAGGATCATGTCACCTATTTGCACCGC
ATTGGACGAGCTGGTCGGTTTGGCTCCAAAGGCATAGCCATCACGTTTATTGCCTCCAAGAAGGAGAGCCAGAGATTTAGGGAAATGTCAAAAAA
AATCGCTACGGCTTGGTCGGTTCTGGAGTTTCCCAAGGAGCCAATGCCCAATGAATTCAATTTTTGGGATTTCGAAAAGTACAACTTTGATTATT
ACATTAAGGAAGAGAATCCGCTACAGGAAATGCCTATGCCTATTAAAGAAAATAGAAGTAAAGAAAATGTTGATGCTTCTTCAGTTGACTTGGAA
AATCTTCAAAAGGATCAGGATGGCAAAAGGAGAGATCCAGACAAACTACCAGTGGCCTTAGAAAATGTTGAAACCCAAAAAGAGTTGGAGCTCGA
AAACTTACCAGAAAGTTCACATAATAATAAGAATCTTAGGGTCAAAGAGAAAGAAATTGTAAGGCAAGGAAAGCTTAAAGAAACTAATTCCAAAG
CTGGAGGTTCTAAAACGAACAAGACGGAGAGAAGGAAAAAATCTAACACTCCATCAAAGTTACAGAAACAAATAACTGAAGTGCAGCAAACACCA
GAGATCACCGTAAATAAATACTATATGCAAGAAGACATACAACGAACAGCAGACGGCAAAGAGTATCATCCTGTTAATGGAGCGGGAAACCACCA
GGTTCCGTCAAAATCTAATCAAAAACCGGTGGAGTTTATATCTCCCGAATTGACACCAACCCTAACACCATTGGAACTGACCCAGGAGCCGTCTC
CAACCACAGTGACACCACCTGCACCGCCAGCCAACTCGATTAACAACAAAACCTATTGCCTAGCTGCTCCAACGCAAACCAGTTCGATGACCATA
CAGAACATGGTAATATCGAACACGGTGGACGATGCCAGTAGCATCAGTTCGGATAGCATGGTGGTATGTGGCTATCATAGCGATAGGTCCTACGA
CACATACTATGCAACCAGTGATGAGGAGGAGATCTGGAATAGATTAATGTCGAAACAAAGGCGTCAGCTGAAGAGCAAGAGAGGCCATGGAAAAC
GGCGTGTGATACTATACAAGAAAGTATTTCCTAAACTAAAGGCGAATGTTAAACGCAAGCTTAAAAAACGGATGAGCTCGTCATGCAGATCCAAA
AAAGCACACCATTTGCGAAAACGTCATGTATACAAAAATATATCACTTTTGCCACACATGAATTTGTGTCATCTGCTTCAAAAATTTACAAATCA
AGAGAGATTTTTGAAACGGCTCCACAAATATGCAAAGAATCAATTCATTGACAATGCGAGGGTTGGCTTTTTGCTGGATAAGCTCTATAAATCCA
TCCTGGAAATGTACTATAACAGTGCTAAGGAGAGGAAGAAGCATTTTAAGGAAGCTATGAAGGAGTCCCTAAAATCCATTGATAACTACGAGAGC
CAAGAGTCTTCGGAATCAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGAAGGATCTAAAGAACAAGTTAAGTGTTCATGTGACGAATCAGATGGACATACCACC
AATGCCACAGGCCGCTGTTGAAATTGGTTCAGGAAGTGAATCGGATACGGAGGACTCGCAGGAATACGGCGAAGGCGAAGAGATCATTGTGGACG
ATGAGGACGATGGCAGCGATGGCGGGCCAAATTCATCGAGTGGTTTTGTAGAGAGTCAGGAGAGTGTTTCGTCTGGAATAGACACTTCCGTTTAC
GAAACGGAATCTACGGGCGCATCTGGAAATAATTCAAGTGCATTCTTTATTTCGGATGATGAATCAGATACTGAATCCTTAACAGATTCGGAAGC
TGGAAGCAATGTCAGCGCGACAGGATCAAGCTCACAGCGATCTTCAGTAGCGAGCAGCACCTATGAATCTTCGGATGATGATTCTGTAACTGTAA
CCAATGTCAGTTCAATGCAGAACGCTCAATCATTGTGGTTGCAGACTTTCAACATGCAGTACCAATTCATTGCATCCCATGTGGCCAAGAATCTA
CAGAACTATTACTAAGTGGTTATGAATGAAAAACTAGTGAAAACTCAGGCATTAAAATTAAACTCAACTAATCACTTCATTCGGAAACAAAACGG
ATCAGTTCCAAGAGAGGCTGTATCAGTCTCTTTCCTTACAATTGTATATCGTAGCCAGTTAAACCGTTTTCTTAATTAGAATACTCAATGTCGAA
ATAGTTGATAGCATGTTGGATACCATGAATGTTTTTTTATGCAAGCAATAAATTGCAGAATTTGTTACCAAAAAAATAAATGAATTAAAGCAGGA
AACTAACTATTTTGAATTTATTAAACAATAAGTTCATTGCTCAACTTCTTTGATTTCAAAATTGATTGTTTTTCATGTTTATTCGCTACATAATC
GCATCAAACAAATTAATCCACAATGTGAAAGTTAAATCCCTTTAATCACTCGCAATGATTTATCTAAGAGATGGGAAAACAAACATTTTTCTTGG
TTTCGGCAAGCCGGATGGATGAAGGTAAAGAAGCGGCGCCAACCGACTGCCGGGACATAAATCATATAGTCAGTGGGATCGGGATCGGCATCGAC
CATCGACCATCGGGCAACGGGCATCAGCTGTGTGGCAGACAACATTGTTGCACGGGCGCCGCTCACTTTGCAACTGACTGCAGAGGTGTTAACCC
ATTAATTAGCTGTTGTCAAAAGTCGTTCACTCGATTTTGAAAGCCACTCGAAAATCAGAATGGATTGTACAAAAATATGACATATATTTATGTTT
TATTTATTTATTTAATGCATTTTGTGAATTATTTGTGCAACGAATGCCATGTTTGTCAGCAAATAAATGAGTTCTACTATTTTCTTTTTATACTC
CACTGCTGTATTTAATTTTTAAAATACTTCGATTCATAAATAATTTATTTTTAAATTGATTAAATGCAGTTAAAATTTTTAAGTTTCCTTTTACG
AGTTTTGTGTCCCCATTTGCGAGTGCTTCGCAATGGGTTAAGCGAATGAGACGGTCCACAGGCGGCATGCCGCGTCGGTGGCATAGTCAAAACAT
TCGCCCTGCGGTCGAGCACGCAAAAAGCCGGCATCTGGATGGTACTGCTCATTGGTCGTCGATCTGCAGTGCCCCAAGTGCCCCTCTTTTGGAGT
GCAACACCCCTCCCCCCCCTGCGTTGCAAGTCCAATAAGGAGCGTGAGAAAACGCAAATTCAAAGCGAGCTGGAAGCGACAACATTTTATAGATC
CTAGAGACATGGATAGCGTTGCATTTTGTCGCTGCCGCAGTGGCAGCAAACT
(SEQ ID NO: 721)

Exon: 1001..1240
Exon: 1299..4467
Start ATG: 1051

Transcript No. : CT20361
GCAACCGAATCGTTTCAAAATTTTGTCCAAAAAGTGGAAATTTACGCGAAATGGAGCGCGAAATAGCGCACAGTTTAGCTGGCGGCGAGGAACGA
AGTAGCGATGTGGCACCTGGACAGGTTAAGACCTTCGAGGAACTGCGTCTATACCGAAATCTGTTGAACGGATTGAAGCGCAACAATTTCGTGAC
GCCAACGAAGATTCAGGCAGCTGCCATACCCATGGCACTGGCCAAAATGGATCTAATAATACAATCGAAGAGTGGAACTGGCAAAACTCTAATCT
ATGTTATAGCCGTCGTTCAGAGCTTTAATCCCAACATAAACCAACCGCATGCCATGATCGTGGTCCCAACTCGAGAGCTGGCCATTCAGGTGCAG
GACACATTTTTCCATCTCTGCAAATCGTTTCGGGACTTTAAATGCTCTGCTTTCATCGGTGGCACCGATGTGGCCAAGGATCGCAAGCGAATGAA
TGAAAGTCGAGTCATTATCGGTACACCGGGACGTTTGCTGCATCTGTATGAGAATAGAGTATTCGATGTGTCCAAACTGCGACTGCTGGTGCTCG
ACGAGGCCGATCAACTTTATCAGACAAAGAGCCTGCAGCATACGGTCAGTAAACTCATTGAGGCAATGCCCAAGAATCGGCAAATAATTGCCTGC
AGTGCCACATACGATCAGAATTTGGATGAGCGTCTGGCCAAGGTCATGGACAAACCCATGCTTATATCGAATTCCGAAAGGGCTACCGTTCTACT
GGGCATTCGGCAGTTTGTCTACGAATTGCCACAGCAGAATAACAGTGTGGAGGAGATGCGTCTTAAACTGCAGATTCTTGGCCAGATCTTTAATC
AGCTGCCTTACGAACAGGCCATCATCTTTGCTAGCTCACAAATGCGAGCGGATTCTTACAAGAACTATCTTACAGCCAGTGGTATCGATTGTCAT
TTAATTTCGGGAGCCATGGAACAATCGGAGCGTTTGCATGTTTTCGAGGGCTATAGAAACTTTACTATGCGCATCCTGGTGGCCACTGATTTGAT
GGCACGCGGAGTGGACTCCCCGCATGCCAACCTGGTTATCAACATTGATCCACCACAGGATCATGTCACCTATTTGCACCGCATTGGACGAGCTG
GTCGGTTTGGCTCCAAAGGCATAGCCATCACGTTTATTGCCTCCAAGAAGGAGAGCCAGAGATTTAGGGAAATGTCAAAAAAAATCGCTACGGCT
TGGTCGGTTCTGGAGTTTCCCAAGGAGCCAATGCCCAATGAATTCAATTTTTGGGATTTCGAAAAGTACAACTTTGATTATTACATTAAGGAAGA
GAATCCGCTACAGGAAATGCCTATGCCTATTAAAGAAAATAGAAGTAAAGAAAATGTTGATGCTTCTTCAGTTGACTTGGAAAATCTTCAAAAGG
ATCAGGATGGCAAAAGGAGAGATCCAGACAAACTACCAGTGGCCTTAGAAAATGTTGAAACCCAAAAAGAGTTGGAGCTCGAAAACTTACCAGAA
AGTTCACATAATAATAAGAATCTTAGGGTCAAAGAGAAAGAAATTGTAAGGCAAGGAAAGCTTAAAGAAACTAATTCCAAAGCTGGAGGTTCTAA
AACGAACAAGACGGAGAGAAGGAAAAAATCTAACACTCCATCAAAGTTACAGAAACAAATAACTGAAGTGCAGCAAACACCAGAGATCACCGTAA
ATAAATACTATATGCAAGAAGACATACAACGAACAGCAGACGGCAAAGAGTATCATCCTGTTAATGGAGCGGGAAACCACCAGGTTCCGTCAAAA
TCTAATCAAAAACCGGTGGAGTTTATATCTCCCGAATTGACACCAACCCTAACACCATTGGAACTGACCCAGGAGCCGTCTCCAACCACAGTGAC
ACCACCTGCACCGCCAGCCAACTCGATTAACAACAAAACCTATTGCCTAGCTGCTCCAACGCAAACCAGTTCGATGACCATACAGAACATGGTAA

TATCGAACACGGTGGACGATGCCAGTAGCATCAGTTCGGATAGCATGGTGGTATGTGGCTATCATAGCGATAGGTCCTACGACACATACTATGCA
ACCAGTGATGAGGAGGAGATCTGGAATAGATTAATGTCGAAACAAAGGCGTCAGCTGAAGAGCAAGAGAGGCCATGGAAAACGGCGTGTGATACT
ATACAAGAAAGTATTTCCTAAACTAAAGGCGAATGTTAAACGCAAGCTTAAAAAACGGATGAGCTCGTCATGCAGATCCAAAAAAGCACACCATT
TGCGAAAACGTCATGTATACAAAAATATATCACTTTTGCCACACATGAATTTGTGTCATCTGCTTCAAAAATTTACAAATCAAGAGAGATTTTTG
AAACGGCTCCACAAATATGCAAAGAATCAATTCATTGACAATGCGAGGGTTGGCTTTTTGCTGGATAAGCTCTATAAATCCATCCTGGAAATGTA
CTATAACAGTGCTAAGGAGAGGAAGAAGCATTTTAAGGAAGCTATGAAGGAGTCCCTAAAATCCATTGATAACTACGAGAGCCAAGAGTCTTCGG
AATCAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGAAGGATCTAAAGAACAAGTTAAGTGTTCATGTGACGAATCAGATGGACATACCACCAATGCCACAGGCC
GCTGTTGAAATTGGTTCAGGAAGTGAATCGGATACGGAGGACTCGCAGGAATACGGCGAAGGCGAAGAGATCATTGTGGACGATGAGGACGATGG
CAGCGATGGCGGGCCAAATTCATCGAGTGGTTTTGTAGAGAGTCAGGAGAGTGTTTCGTCTGGAATAGACACTTCCGTTTACGAAACGGAATCTA
CGGGCGCATCTGGAAATAATTCAAGTGCATTCTTTATTTCGGATGATGAATCAGATACTGAATCCTTAACAGATTCGGAAGCTGGAAGCAATGTC
AGCGCGACAGGATCAAGCTCACAGCGATCTTCAGTAGCGAGCAGCACCTATGAATCTTCGGATGATGATTCTGTAACTGTAACCAATGTCAGTTC
AATGCAGAACGCTCAATCATTGTGGTTGCAGACTTTCAACATGCAGTACCAATTCATTGCATCCCATGTGGCCAAGAATCTACAGAACTATTACT
AAGTGGTTATGAATGAAAAACTAGTGAAAACTCAGGCATTAAAATTAAACTCAACTAATCACTTCATTCGGAAACAAAACGGATCAGTTCCAAGA
GAGGCTGTATCAGTCTCTTTCCTTACAATTGTATATCGTAGCCAGTTAAACCGTTTTCTTAATTAGAATACTCAATGTCGAAATAGTTGATAGCA
TGTTGGATACCATGAATGTTTTTTTATGCAAGCAATAAATTGCAGAATTTGTTACCAAAAAAATAAATGAATTAAAGCAGGAAA
(SEQ ID NO: 722)

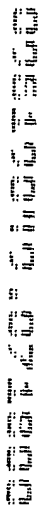
Start ATG: 51

MEREIAHSLAGGEERSSDVAPGQVKTFEELRLYRNLLNGLKRNNFVTPTKIQAAAIPMALAKMDLIIQSKSGTGKTLIYVIAVVQSFNPNINQPH
AMIVVPTRELAIQVQDTFFHLCKSFRDFKCSAFIGGTDVAKDRKRMNESRVIIGTPGRLLHLYENRVFDVSKLRLLVLDEADQLYQTKSLQHTVS
KLIEAMPKNRQIIACSATYDQNLDERLAKVMDKPMLISNSERATVLLGIRQFVYELPQQNNSVEEMRLKLQILGQIFNQLPYEQAIIFASSQMRA
DSYKNYLTASGIDCHLISGAMEQSERLHVFEGYRNFTMRILVATDLMARGVDSPHANLVINIDPPQDHVTYLHRIGRAGRFGSKGIAITFIASKK
ESQRFREMSKKIATAWSVLEFPKEPMPNEFNFWDFEKYNFDYYIKEENPLQEMPMPIKENRSKENVDASSVDLENLQKDQDGKRRDPDKLPVALE
NVETQKELELENLPESSHNNKNLRVKEKEIVRQGKLKETNSKAGGSKTNKTERRKKSNTPSKLQKQITEVQQTPEITVNKYYMQEDIQRTADGKE
YHPVNGAGNHQVPSKSNQKPVEFISPELTPTLTPLELTQEPSPTTVTPPAPPANSINNKTYCLAAPTQTSSMTIQNMVISNTVDDASSISSDSMV
VCGYHSDRSYDTYYATSDEEEIWNRLMSKQRRQLKSKRGHGKRRVILYKKVFPKLKANVKRKLKKRMSSSCRSKKAHHLRKRHVYKNISLLPHMN
LCHLLQKFTNQERFLKRLHKYAKNQFIDNARVGFLLDKLYKSILEMYYNSAKERKKHFKEAMKESLKSIDNYESQESSESEEEEEEEKDLKNKLS
VHVTNQMDIPPMPQAAVEIGSGSESDTEDSQEYGEGEEIIVDDEDDGSDGGPNSSSGFVESQESVSSGIDTSVYETESTGASGNNSSAFFISDDE
SDTESLTDSEAGSNVSATGSSSQRSSVASSTYESSDDDSVTVTNVSSMQNAQSLWLQTFNMQYQFIASHVAKNLQNYY*
(SEQ ID NO: 723)

Name: DEAD-box helicase
Classification: RNA_binding
Gene Symbol: Dhh1
FlyBase ID: FBgn0011802

Celera Sequence No. : 142000013384666
GCGATATGACTGTCATGATCTACTTCTATGGCCCGATGCTGTTGCTAATCGCTTTCAACATAATAATGTTTGTCCTTTCGGCGATTTACATATAT
AACATAAAGAAAAATGTGAAAGGCCTTGTCCACAAGCAACAAACAAACCAACAGATAAATGACCAACAAATGTAATTATATTATATTATAAGATA
ATAACTATAATGTCAAATGGCACTTTTTGTAATCTTTTATAGGTTTGCTATATTCCTGCGACTTTTCATCTTAATGGGTTTGTCGTGGAGCTTTG
AGATATTATCCTTTTTGTTAACCAAACAGCAAGCTTGGGCTAGGGCTTTAATGGTGGCTGACTACTTTAATTGGTCCCAGGGTACCATCATATTC
GTGCTTTTTATTTTAAAGCCTAGCATTCTAAAACTTATAATAGCAGGGTAAGTAAAGTATTACAAATAACCTTGAAATTTGACCGTCTCATACGT
ATGAACAATCTTTTGATTTAGGGGACGTCAAAACCTCCCAGGAAGTCACCATAATTCGAGATCAAAAGCAGCTCGATATAATTCAACTCATACGG
CTTGTGAAGGATCAATTGCGGATCCAAACGCTTACTGCTAAAAAAATGGAATTCAATAAGATGCAACGTCTCTGTTATTGATCACATTATTTTAA
TTTTCTATGGAGCAAAAGTTTAAAAAAAATATTTGTTATCAAGACAATAAATAATGTCTTGGAACATATAAAGCAAAATATATTAAAGGGTACAA
AAAACAGGAAAAGTATGGGGCAATACAGCAAAATATTTTTCGGATCATCAACTTTTTTGTAAGACAAAATGTAGAAATATTTCTGGCACCGTTGT
TTCAAACCAGGGTTTGAGTCAACAATGCTGGCCCACCACTGGCAAGTACCAAACGATTACAGAAAACTTTTTCTAATCGATTAAGCATCGGGGGT
CATCGATGTTTCTCCACCACTACAATTTCATGTTGTTTTTTTAGTCGCGGCTGTTTGACGTTTGTCGCTTTCCTCCGTTGCGAATATAATATATT
ACGTAGCTCATTTTTATACAAACGGAATTACGAGCGCAACGACGACAGCAACACTAGTAGCACTAATCGTAAGCGCAGGGGCCAAAAATTAAATT
GCGTTTGCGGCCGCAAAGATTTGATGACGTCGCATACGCCGTCTTCTAGGGCGTAAAAAGCAAAGCAAAGCAAACAAACGCGAAAGCGAAACGTG
TAAACGGCGTAGAAGCGATAAACGCGACTCAAATACGCAGCAGATAAAATACAATACGCGAGAAGAGAAAAGTCACGGGAAATATTGTTCATATT
CGGCGTCTTTCTGCGAGCGTAAACGTGTGTGCGTGGGCTTGTGCTTTTGCCAGTGTCGTGTGTGTTAAGTGCCTGTGTGTGTGTGTGATTAAGAA
GATATAAAGGAATATAACGGTAAATGCAGCGCCGCAAAAATGTGCAGCCTGACGCCAAACCACATGGTAAACGTAACGCAGCAGCACCTACACGA
TCTATTGGAAACTTTCGAAAAAAAGTCCTTCGAGGCGGCGGCCTTTGAGGAAGGGACGGCGGTAAGTTAACGGTACCAGTGTGTGCTTGTGTCTG
TGACTGTGTGTGTGACATACATTTAGGCGCACGTGCACGTGCTGCCGCCGCAAAAACACGCAGACACACACACACCCATGCATGATATGCCTGTT
GTGCTAGTGTGCGTGGCGCTTACACCGAGGACACGTCATAATGTCCTGTCCTCCTATTGCTCTTATTCTCTTCCCTTTCTTGCGCTCCTCTCCCT
CGCCGTCTTCCTTCTGCCGCGCCCCGAAAATACTGAGCCACTCAAAATGGCTGCCATTAAGCTTCCTGCGAGGAAAATCGCATTTTCATGGCAAT
CAATAGGCGGTAAAACATGTCGTTTGAAGGACTTAATGGTTCGTTTTCTCAAAGAGCAGAATTAATCACGGGATAGCTTTTCCAATTTGGTAGTC
AATCAAGGTTGTTACCTATAAGAGCACTAATCACTAATTAAAATATCTTTTTTAAATAAGATGAGCAATAAACGGTATTTTTGTATAATTTCTAT
TAACATACATTTTATGGTCCTAATATTATTTAATTTAATTGATTTTTCTATTCCGTTTCTTAGCAAATTTTTAATTAATTGATAAGAATTAAATA
TTAAGTTTCAGCTTTCAGAGTTCCTTATCGAGTTGCATTCATTTTGATTATTAAATCAATTTCAACTAGGAAATCCCGAGTAAGCAGGTTTTCCG
AAACCGGAAACTTCCTAATGGCTTTTGTTCTCGAATTGCCATTGAAACTCAATATCCCACTAAGCTGTGCTAAGCGATAATTAAAAGCCTAACAA
CGGCCTTTTTAGGCCCGCCCCTGACCCACGCATAAATGTGCATTTTCTTTCCACGACACGCACTCGAATTCAACTTTTGTCTTTTGCCTTCAGCT
CATCCCCTTGCACCCGTTCATCCATTTTACCCCCCTCGAATGTCACGCACGCCTTTTAAATAGTCCAGTGTGTAATGCCATCTTATCGCCCGCTT
AACCGGCAATAACACAGAATAACAATTGTAATGGCAACTTGGCAACAGCCGCTGCTCATTTGCATGCCAGTGCTGGTGAATATATTTAAGCCAAA
TCCCCGAGCCAGGCTGCCTGGAAACAGAGCGAGGAAAGCCAAGTGGGAACTTGGCACGTAACTCACGTTTCCGCGACGATCTTACATCGGTTTGT
TCAGCTGCAATCGGCACATAAATATGTACATACATACATACATATGTGCATACTTACTTGTGAATGTTTAACCGCTACCGCAAACTTTGTTGCAA
ACGTATGTTTTTATCAAACAATGGCTAGGTCTTATCACCAACCAGGGCGCCAACCTTCGATTTGATTTTCCACAAGTATTTTCCTATTCCTTATC
TATCTGCCAGCTATTCGAAGGCACAAACAAAACGCTGCTACTGCCCCTTGATACAAAGCATTGCATTTTTGATGGGGTGCAAAGGGTGAATTATG

Celera Confidential



TGTGCGCTTCTCTCTCACTTGTTTATTTCCCAGTCTCCTCGGGGTTCAGGGTTAAGTTTAGCCACACCGATTAGATTAGGCGTTCGCCCAGCCAA
AGTCACAATACCTAAGCAAATGACGTAGGCAGGCGATGAGGTTTATAGCTTACAGAGAACGTATGTAAGAACCATTAAATGGGTTAAATATACGA
GCTAATAAGGTCAAAATGGCATTTAAATTGCAGCTAAAGATAATATTGCTACCTGAAATATATTTGGAAATCTTTAAATTGAAATTGAAGAGCTT
TCCAAATTCATAAGTTTTACTCCTCGTCTTATCGCAGCAACCAAAAACAAGCAATCCTCTTAAAAGGACTCAGAAAAAAATCGAGTGAATAATAA
GATTGAGTTTGCTCCAATTTACATCAAGACATGGAAATATTTAATATTCAACATCCATCAAAAAAAATTACACTTATTTATGTTGGTTCACCACA
AAAAAAAATACATTTATATATGTAGATTTGCTAAAAAAAAAAAAATCAACGTACATTTAAAAAGTTTCGCAGTAGACGCCGACCGACAATCGTTGG
ACAATTATTGTATGCTTATGGACTTAGAAACCCTGGAAACTCCGGCGGAACTCTTCCTCGAAATCCGCGTGGCCAAGATCAAGCTTGTGGTAGTC
GGTGAATCCCTCGCGATCCAGCTTGGCCTGGGCCCAAAGGATTAGCTTGATGAGGAACATCATTCTTGGCTCCATGGGCTCCTCTTTGCTCTTAC
TCTCATCCTCGTGGCAGCGTAACATGGCTGCATTCATTTCACCGGCCACCTTTGGCGATATGAGTAGTACATCAGCTCCCCGTAGGGACTGTAT
TCCGGCCGATCGAAGGCCAGCAGACCCATGGTCCGCTCCACTTCGTGGTAGTGACTTGGATCGACCTTGGAAAAGCCCGCTGCCTTGCTCTGGGC
AAACTTCAAGGCCTTCTCCATCTTCTGATCCCTGATCATCTCGATCAGGCGCAACTGTTGCATGTGAAAAAATACATAGTTGTCGGTCTCGAAGA
GCCGTGGATAGATCCGTGTGGCCAGGTCCATGGCGTACTTGACCTGACCCACACGCACGGCATCCTGAATCCTTAAACGATCCCCGATGGTGTCC
ATGTGTGGACCCGGCTTCACAGACGCCTCGGTCATGAAACGCTTGGCGGCCTCTTGATATCCCTCTAAATTTGAAGTTATGTACTTCAGTTAGGG
GGGAAGCATACTAGTGAGGCTCACCTGTAACCAGATAGTTCATCACCAGGCGATTCAGGTCCGCCTGCCGGCACTGGAAGCTCATCATCCGATGG
GGCCACGAAGTGGATGGTCTATACTCGGCCATTCTCAATTTTTATAGTTTGATTTAGGTACTGAAAATTGAAACATAGGTAAACATGCAAATTGA
CATTAGTCCTGCTTTACTTCCTTAGTTCTTTAATTATTTCTCGTTTTTATCTATCTACTAATTGTAAACATGTTCTTTCCATTTATGTGAAGACA
TTAGAAAGCTGTCGAGTTTTGTCTTCTTTGTTTTATTGATTCCCACACATTTTGTTGCCATATAGGAAAGTTCCGCTGATGATCATCTATTAACA
ATGTGCTGATCATTATATCACTTTTGTTTTCAGCGAGTGAGTTACACATCATTTTTGCGCATTGGTTGTACGTACTATCGCCAACTGATTTATTT
TTATGGCCTGGCATTGAAAACTGTTGCAGTTGCGAGTGTGTATTGGGATTTGCATTTGTATTAAGTATCTGCGCGGGTGGGGTGGACCATCTGTC
TGCTCGTGTGGGCGCCAAAAAGTCAATCCCTGGCCAAGCAGAGAAATGCCAGAAATAGCAGGGAAGGCTTTTTCTTCATAAATATCTCACTTTCG
TAAACATTTTTTGTCCGCGCGTCTTGCCGTGTGTTTGCCGTTTTTTGTTGTTTTTATTTTTATATATTTTATTTGTTTATTTGCACAGTGTTAAA
ACCCACCTGTTGTTGTTTTTGTTGCTGCTTTCGTTGTCAATCAAAGATTGTTGCAAAAATTTCACCTGCTGAAAACGAAGAAAAGGCTGAAATGA
TTTTGCAATACAATGGAATATGGAAAACGTACTCTGTTGTATGTATTGTTTTGGATGGCTAGCGATGGCTAGCTGCAGTTTTTCTTCTATTTTCT
TTTTGGCAACAATCGGCTTAATCCAAACCAATTGGACCAAAAATGGCCGCGTTGCGAGCGCTGCCTTTGGCGCCTGCTGGAACACTACTCTGGTC
CCAGGAGCTGCAGGACCTGGACTGCAGCTACTCCTCCGCATTAATGTGTATCCCGCCTGGAGCCTTCCAGTCTGCAGCTCGCTTCCAGTTCGGAG
ATTGCACTCGTTTTGGGGGTTGCAACCAGTTCCAGGAACAGTGGAGACACCGTATGACAAACGCCGGTGTACGGAGCATTGAGTGTTGGACCCTT
CTGGTCGGTCCTGCTCGCCTGCTGTTGTTGGCAGCAGTCTGTGCCGTGGCCACGCCCCCGTCAAACGGCAGCTTCCCACCACCGCCCCCGGAAAC
GGATGCAGCTGCGCTGCAAGCCGTGCGGCGTCATTTGTGTGGGCGCTTTGGAAAATGCGGCACAGGCGCGCAGGAATCGCCGGAAGAGCGGAAGT
GCGACGCCTTCCAGCGCAACAATTGCAACCAAAGTTGGGTACTGTGGGATAAGTTCGAACAAAATGGGTCAAATATGAGGAATCTATGAGCAATA
GAGTTTATGTTGCGCCTTATCAGTCGAAGATTTCAGGATCAATAAGCTTTTAAAAGCTATTTATTGTTTCCTAAAATTATTATTATATCTAAACG
TTGAAAAATATATAAAAAGTACATTGAAATTGACAAGGCTAACGCGTTTTTGGTGATTGATTTTTAATGTATACATTATGGTAGCTCGTCAAGCA
TGCCAAAAATAATTATTTGATGACCTCAGTGTGTAGAGTTGGGAAATGAGAACTGCCATGAATTGTGGGTCAATGATTGTTTATTTATATCAATT
ATAAAGAAATATAGAAATATAAAATTGTTCAAACTTTTTGTTCCATTTGTTCCACTTTTCTAAAGAGCGCCTGTTAAGATACTCCCACTGTGCGA
CTTGGCACGACTTGGCACCCTGCACCCTTTTATGACAGCCTGTTGCACGTTGAACTTTGCTCCCACGCGTTTGGATGCTCCTCCCCGCGCCGCCC
CCTTTGTAGGCAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGCAAAGTGTGTTCGATGATGGCCAGCTGTTTGCTGCAAGGTGCGTGGGTCGCACCACAGACACTT
GTGCCAGGAACGCAGGAGTGGAAGTAATCGCCCCCTTGAAGGGAATGGCCAGACGGGAGGAGTGTCTAGCGGAGTGGAGGGGAAGATGCATCTCC
GCATACCCGCATCTGTAGCAGTGCGAGCAGCTGCGTTTCCAACATTTATCGGGGATGCAGCAGCAGCTTTTCGGGCGCATGTCCACAATGAAGAG
AGCCGGCGAGTTCGATTTGATTAAGGGCCACTCCGATAAAGGGGTTCCAATGCTTCCAGTTACATGCTCATATATATGAACATATGTGTGAATGG
ATATGGCTCCGCCAGTCGAAGTGCAGTAAGTCGAATCACCCTGGTGCGGAACTCCTTGCGCATTCCGGACTAACTGCCTAGCATCCGGACCCACC
ATGCAAGCATGATTAGAAGAAGGGCACAACTCGGCATCGCCGTGTTCGCTACTACTCCTTCGATTTTCCAGCTACGCGTGGTTTCGGATGCTGCC
GATTTTTAGCCACCAACTTGACATTCATGCTCGCCTGTTCGCTAACAGATAAAATCGATAATGTGCGAAATGGCAATGCCGCTTTACTCAAATAT
TTGGTGAGAGTTCGGATTCAGATTCGGATTCGTTACGTTGGTTGGGGGATCGGACTTCGTTTGGTTATGACCTAAGCATAAAATATAGGGGATGT
TGGCTGAAGGCAAAACGAATTATTTAGTTGTGTGCTTGATTTACAAAGCGCCAACAGGAGCGCAGAAATTTTATTCTACTTATTGATTTTAATTT
GTGGTAGTGCTGGATTAAAGCACTGGGAAAAATGTAACCCACATTAAACCCAAGTGTTGCCTTATTTGTATGAGTTAATATATGATTAGTGTAAT
ATTTTCGGATGTAATAGAACTTCATATCGTTTCTGCTAGCCCATGCTGGCATTGCCAAACTGAATCGATTATTCAGATGACCTTCTTTTCGCATC
ACAGTGAATTGTCTGATGGGAAGCCAGAAAGCGTGAAAAGCGATCGGCGCCTGGCGGAACTCAGTTCTGTTTGTGGCAACTAGTGTGGGCGGGGA
AAATCTCTTCCTGGCTGGCTGGCGAATAAATTAAGCAAATGATAAATAGATTTCTGAAACAACCCTGCCTCGTACTCATTATTCGTAACGCCCAC
TTACTGCGCTCAATTATTGTCATTGCGAAGTGTTTGAAGTGCTTTCAGGCGTTTGTTTGGCAAGCAAAAATCATTTAGCTCTTCAGGGCGGCAAA
AAACTCCTCCATTGGATACATCTTCTTCGCATATTATCCACAAAGCGGTTTCAATGCCTTTCGAAAGTTGCCCCACACACTGTCAAGTGTTTTTC
TATACCCGTGGTGATAATTATGTACATCTTAAAGAAATAAATGCAAGTTAACTGCACCGGCAATTTGCATACTAAAAGTTCATTAATATCCACAA
TCGATGTGGATGATGTTGCATAAATTAAAAGAAATGCTAGTCGTTAACGTAAAGATTAGTTGAAATTATAAAAGTTGTGGTTAAAAGTTTTAGCA
TATTATTTTCAATTCAGTCATTTACATACATATGCGTCGTAATAAACCTTAAAATATTTATTTTACAATGCACAATGTAAACAATGCCTTGTTTT
TGGTTGCTTTATGTTGGAAAAGAAAGGCATTGTTTATACTTATATAGATAAATATGTTTATTTATTTAACTTATAATAAACCCAACCGAACTGTA
CTGCTTATGGCAGTTCCTTGATTTGGAACCTGATCCCAACGCCAACTCAGAGTTTGAAACGTGGGCGCAACTTGTTTTCATATCGGGGGGGTCTT
TGAACGCCGACGAAAACAACACGCTGCACATTTTAAAGCGCAAGCATAAATCATGTAAACAAGAACAACGAGAATCAAAGGCGGAACTCCCCTCT
CTGTCGCAGTCATTTTGGGTGTGGTCAGTGGCCCCAGTTTAATGCCACTGAATAATTCATTCAAGAAAAGCCATTTCCCTGTCGCCGGCGGATTG
ATGAATATGCATCGTGTGGCCAGCACCGAGGCCTCCTTCAGTTTTTCAGGTTATTTGGCAAAAAAAAAAACCACACAAGACAAGAGTCAGAGCAGG
AGCTCAAGAGTCAGCTTATACAGTAAACATAACTTAAGGCGGAATATGACATGAAAATACGTATTAAAAATAAGTGGTAGCTTGGTTGAAGTAGT
TGTTGGTCTGAATAGTTTTATTCATTTATACAATGTTGCAACTCAATGGTGTTTACTTGACTACTTTCCATTACGTTCCCCTGAGGAAAGTGCAG
CTCCGTTAATGTCACAGTTAAAGAAGTCGTACTGTACTTAATGGGCGACCTCTCCACCCTTTTCTTTTGCTGATTCCCTGTGCTTGGTCGAGTTG
GTTCGGTTCGGTTGGTGGTTTTCTCGGTTCGATTGCACACGAGTGCGACTACGATTATTTTCAGCTGTGCGGTTTCTTACCGCTGTTGTTCAGTT
TTTTCTTTCTTTCTTCTCTCTTTTTTTTAATTTTTGTAAGCTTTTCTGCTTTATTTTCTGTTCGGTTCCATTTTTCAAGAGAGAGCGAAGAAAAG
TGTGTCGCACTCTGCAGCTTCTGCTGCATTTCTGGTGGCCCAGCATCGGCAGAGTCTTTAAAATCCGGGTTTGTGAGGCGAGCTTGGGTTCCGAG
CCAGCCTTTCGGTTTGAGTTTCACTATTTGGGTCAGCGATGATGAAAGCGCCAGCGCCGTTCGTGATGTTGATGATGACGATGGGGCTTAATGAT
CACCACGCTCGCAAACTATTTTCCGCGCTGTAACTAAACGAGCGCGCGTCTGTTTGTTGTTTTTAAGTTTTACAGCGCCTTTGGAACAGGCGCTC
AGTTTTTCAAGCAGCGCTGCTGCACTTACAGTTGCACTTGCTCGCTTACAATGAAAAAACGACAGCGGCAGCAAAAGCAACGAAACAACGGCAAC
AGAAGCAGTGGGCAAGCAGTTCAATGCACACAACAACAGTAGCCACCCGTACATGTGTGCATGTGTGACTTGACTGCTTTGTAACGGCAGCTTCT
CCGACTTGGAGCGCACTCACACTCAAACACTCACTCGCGCATCGGCCATCGATGGGGCTTATATTTTCTTTCCGACAGTCCCATCTCTCTCACAC
TCATCACCTCGCCTGCTCCCGCTCGCATCATCTGTCAAACAGTGCTGCCGAAAGTAGCTGCATGGAACCTCAAAAGTAGCTAAACTCTTTTAAGA
CTAGCTTTGGCATTTCGAGCTTTGATATTTGCTATTTTTATTTATTATTATTATTATTTTGATCCGTAGATCCATTTTTCACCTTCGTATTAATA
GTTCAACCGCTAAAACAGTGAACGCATTTATCATTAAATTAATTTCCAACACTGTAAGCCAAATACTCGATTAAATTGTAATCAATAAGTATTTA

ATAAATAGTAAAGCAATAGTAGTTTTGTACTGATGTGTTTTATCTTAAACCTATCGTTATGCAATTCAAAAATGCTAAAAATACAATAAAAGCAC
CATAAAAAGCGATTGGCTTTTGCGTGTTTCCGTCGGCGTTTTTCTTGGTAATTGTAATTGCGTTTTAGTTGTTTTGCTCGTTCGCTTCGCACTGC
GCACTTGTGTGCAGTAGTTTTGAGTCCCCACACACAGACACACATGCGCCCCACTAAGTTTTCATCGGGTTTGTTTTGCTCGCTGCTTCGCTTTT
GTTGTTGCCAATTTTTGCGCAGCTACGGCGGTCTTCGTCTTTTTATAGTTTTTGTTTTTCTCTCCTCCATTTGTTTTGCACATTTCTCTCTGTGA
GCTAGAAACCTGTTTTCCCAAGGTGTTTGTTTTTGCACGAGTCGTTTTATTTTGAGGCTATATTATTATTGTGCTTTTATCTAGTCGCAGTTGTT
TGTCTGGGACAGCTGGCTGGGGGCCACGCCCCCATTCGCCGCCACCGCCCCCTTGCTCGCCTTTCCTTCTATTTTTAGCCAGTCGCCTAAACAAC
CTTTAGAATTCTTTTTGATTAGCACACAAAATACGTATTATTTTGTTTCTTATGAATTGGTTATACTTGTTGTGAATTTATTACTGTATCTCGAT
GGTTAATTGGCGTTGTAACTTGGCCATTACCCCCCTTAGCTTATCTGTTTTAACCCTTGAGCGGCAGATAGCAACCAGTCGAAGCCGAACGATCC
AGATTCCAGTTCTCCTACCCTGGTAGCGTCCAAGTTCCATTGAACTCGGGTTAGGAATGTCTATATAGTATATGTATACACACATTGCGAATGCA
TGAAAACCAGTTGCACTCCGCGTTCTAATCTCGCTGTCCATTAAGAAGCGTCTCCGGCATCGCTGATTTATGCAAACCATTGACTTTACACACTG
CCCGTCAAATACTTAATGTTTACCCGAAGTGAATGGGTACTAAGGTCATTCGTAAATGGATCCCATTTGTGGCAAGAAAAGTTGCACAACTTTAT
TCAAACGATTATTTTACCACATAATCCTTACCTATTACATCTACTTTTAGCATATATGTATTATATTAACTCCCTATTCATGGTATCCTGATCTT
TTTCCTTTCCTTTTAGGAGTACGACATCTCCAAAAAATGCGAATACCTGTTTAAGCTCGACTACAGCCTAATTGAGCTGGATAATACGAACGGAT
TGCTCAGTCCGCGATATCCTGGCCGAATACTCATCCCGGAATATGAGCACGGGCACATGGCCAAGACGCTGGTACCGGGAAATGGACTCTTCGGG
CAAGTTGGTGGGGGAGTGGGAGGTGGAGGCTCCTCGGGAACAACCGCCACTGCCACGCCTCTGAACAGCAGTGCAGGAAGCACCGGAAGTGAGGG
TGTGGGCATCCAAGCCTTTGTGACCTTTGCCAATCCCCTGCAGACGCAACAACAGCATCCGCTCCAGCAACAATATCCCTCGCAGCAGATGCATC
CCCTCCACGCGCAATATCCCTCCCAGCAGCCACATCCACTCCAGCAGCAGCAGCAGCCATCGCAACAGCAACCACAAAATACGATATACGAG
GATCAGTATGATATCCAGCGAATGCGGGAATTGGTAACGATGGCCAAATATGCGAGATGCCGTCAAAGATTCGCCGTGCCTGTGATTATGTATCG
CGGAAAGTACATATGCCGCTCTGCCACGCTATCCGTCATGCCAGAAACCTACGGCCGAAAAGTGGTGGACTATGCCTACGACTGCCTGAGTGGCG
GCAATTACACCGCGCCAAACGGAGAAGAGAACGATGCTGACTCCACGGACGAGTCGCTGATCACCCACATGCACGACCAGGCGCAGTCGCAGTTC
AGCTACGACGAAGTCATCAAGAGTGACATCCAGCTGCTGCATACGCTCAATGTCTCAACCATTGTGGACCTCATGGTCGAAAACCGCAAAATCAA
ATACTTCATGGCGTGAGTACACTTTAAGATACCGAGTACAAAACAAAAACTGACCACCTGTTTTTTTTGTTCTTTTAGCGTTTCCTCGTCAGAGA
AAGCGGATCCCAACAAGCACTATAAGAGCTTTAACCTTCTATCCCTGCCGTATCCGGGCTGTGAGTTCTTCAAAAAGTTCCGGGACAATAATTAC
ATGGCTCGCAACCTGCACTACAACTGGAAGCAAACGTTCAACGATGCGAATATCAACATTCCCAACATGGGACCCGCTGCGGATATCGATGTGGC
GTGGTCGGAGTACCGGGATTGGGATCTGGTGGCAATCACCCAAAACTATTTGAGAGCTACACTGAAATACGTGCAAGAGGAAAACTCCGGCCTGC
TGATTCACTGCATCAGCGGTTGGGATCGCACGCCACTGTTTGTCTCCTTGGTCAGGCTGTCTCTGTGGGCAGATGGACTCATCCATCAGTCGCTG
AACGCCATGCAAATGGCCTATTTCACACTGGCCTACGACTGGTACCTGTTTGGCCATCAACTTCCCGATCGCCTGAAACGAGGCGAAGACATCAT
GTTCTTCTGCTTCCACGTGCTGAAGTTTATCACGGACGAGGAGTTCAGCATTGTGGAGCACCGCAAGCGCACCAAGACATCCAGCAGCAGCGGCA
GTAGTGTAATAGTAATCAAATCCGATTGCTGCGACGATGAACCGCTCAAGGAGTGAGTATAGCCAAAGACACTAGAATTATAGCCAAGTATTGTA
AATGAACAGTACCATTATCAGTCCATTTACTTTGAATTGCAGAGACTACATCCTTTCGTTCGATCAAGATAGCAACGACAGCTACTCAAACTGTT
CCAACTGTGATATGTCCATAACAGATAACTTCTATGCCACGACGCCGGCGCAAGTCAATCCGTTGACCAGCAGGTCGCCAAATCCGAAGAGGTTG
AACAGCTGAATACTAAAATTAGAAACCTGACTAACTGTGAACTCAACTTGTTTTAGATCTAGAACCAGCCCCATTTCAGTGCCCGGATCAAATGC
GCGGCAAAGACAGGAGTCTACATCGTCCAATGGTAGCTGGCAGGTGGTTACCGACACGGGTTCAATTGACTCCATGATGAACGGCAGCTACATGA
TGCGCTTTGTGGCGCAACAGGCAGCCGATGGTGGCGGCTCCTCAAACATTCCTTTATGCAATGGCGGCAATGGTTACCACTGCAGCATCAATGCA
GCATCGAGTGGCAGTGGGAGCGGAAGTGGTAGCAGTATCAGTAACGGCAGCTCGACGCACGGTTTCGCAAACGGTTCCTCCAAAGACGTAGGCGG
CAGCACTATGGCCAGCAAGCAATGCATCAACTTGTAAGTTGTAGTCTGATTATTCGACAGCAAATACATAATGACATAATTTTGTTTTACAATTG
GAGACGAAAGCAACGCCTGAATGCAGTGCGCGCCATTTTTATACAAGCCTACGGCAAGACGATTGGACTGAAATTCAAGGAGGGCTCATCCATGA
ACCTGGCCACGTTCATTGGGAACCTGGCGGACCAACTGTTTTGAGAAAGGATTAGCAGCTATGACCGTTTGTTAGATTTCATCAACATTGTTTGT
TTCTTGTTAAGTGCTACGCTTTCAACCAACGACTGTATTTATAGACCTGTTAAATTGCGTTCTTTAGTATCTGTTGACGATTGTGTAGTGTAACG
GATTACTGATTACCGATAAGCATCGAAAGAACCAGGCGATCGTAGGCAACGAGCAAACAAAATCCTGTCGTCCTTCTGCCCCGGCTAAACCGCTC
TCCTGTTCTCTAGGTTCTCCCGCTCCTTGTTTGTTTAGTTATTAGTTCTTCGAGAATGCAAAGCAAGTGAAATATAAAATGCTATTTGGATTATA
CAATAGTTTTAAGTTGTAATTTATAGTAATGTATTTTTTAATAAACTTATGTGCATTTTATACGAAAGAAAGTCATGTTCTCAGCGTAGGCCGCC
TTGAGCGCCGTATTCTAGCTAAGGGTAAATAATCATCAATTTCCACTCGCTTCAGCCGGATGCGACACCTTTTAATGTAGTATTTCGCGCTTTTA
AGAGGAACGAAGCGTGGTGTTTCTATCGGTCGTTCGTCACATTTTGTTGTATCTTTAATTTTAGGTTCAATAGCTGTTTCTATTTTGATTTTGAC
ATCATTTGATCCTTTGCAAGCATTATTATATCTGATTCTTTTATTGGCACTTGCGACATTGGGTCTTATTTTGTGTGGGCTAATGCCGAATCTGT
CCATGGCCGGACTGAGTAAATTGTCTGCTGGGAGCTCTTTCACCCGTATCGCTTTAAGAAATTCGTCGTATTCGCTCTGAACCGTCTCCAGGTCC
TTAGGACCCAGCTTTCGAGTAGCTTTCTCTTGGCGCTCTTGCTCCAGGATGAGGGCGAGGACCTCCACTTCTAAATGCCGGCGTTCCGCTTGCGC
CATAGATTTCACGAAAGGCAACTGACTGAGAAGAAACTCCTGACACTTGGTTTTCGGCACATCCGCCGGATTCGGGGCTTGCATGCGAATGTGCA
CATCGTGCATCACCCGCCACAGAGGTTCAGGGATTTGCCCTTTGGAACCGGCCAAGGCTCTGACCAGCGGGCGCAGCTTCACCCAACGCAGCTTC
AGTTCACTTACGGAGAACGGAGTACTCAGCTCAACGTGCTCGTAGCTTTGGTTAAAGGACTTGGCCAGCTGATCCCAACCCCAGGAGTCGTAGTC
AACGTCCATTTTGGGCTCCACCTGCGGGATGATAAGGAAGGGATACCGGGCGAGCATCTCCATGAGCAGCAAGTCGTTTAAAACAATCTGGCCGC
TGATGTTGGTGTTTGATATGTTAATCTCCAAATGGGGAACAGTGGAATGGATCACCGTTTCCTCGGCGCTGTCGGTACTCATTTTAATATTTTTC
GCACTGTGTTTCTCCAACG
(SEQ ID NO: 724)

Exon: 1001..1581
Exon: 10942..11792
Exon: 11859..12497
Exon: 12583..12726
Exon: 12787..13143
Exon: 13209..13744
Start ATG: 1465

Transcript No. : CT20377
CTGTTTGACGTTTGTCGCTTTCCTCCGTTGCGAATATAATATATTACGTAGCTCATTTTTATACAAACGGAATTACGAGCGCAACGACGACAGCA
ACACTAGTAGCACTAATCGTAAGCGCAGGGGCCAAAAATTAAATTGCGTTTGCGGCCGCAAAGATTTGATGACGTCGCATACGCCGTCTTCTAGG
GCGTAAAAAGCAAAGCAAAGCAAACAAACGCGAAAGCGAAACGTGTAAACGGCGTAGAAGCGATAAACGCGACTCAAATACGCAGCAGATAAAAT
ACAATACGCGAGAAGAGAAAAGTCACGGGAAATATTGTTCATATTCGGCGTCTTTCTGCGAGCGTAAACGTGTGTGCGTGGGCTTGTGCTTTTGC
CAGTGTCGTGTGTGTTAAGTGCCTGTGTGTGTGTGTGATTAAGAAGATATAAAGGAATATAACGGTAAATGCAGCGCCGCAAAAATGTGCAGCCT
GACGCCAAACCACATGGTAAACGTAACGCAGCAGCACCTACACGATCTATTGGAAACTTTCGAAAAAAAGTCCTTCGAGGCGGCGGCCTTTGAGG
AAGGGACGGCGGAGTACGACATCTCCAAAAAATGCGAATACCTGTTTAAGCTCGACTACAGCCTAATTGAGCTGGATAATACGAACGGATTGCTC

AGTCCGCGATATCCTGGCCGAATACTCATCCCGGAATATGAGCACGGGCACATGGCCAAGACGCTGGTACCGGGAAATGGACTCTTCGGGCAAGT
TGGTGGGGGAGTGGGAGGTGGAGGCTCCTCGGGAACAACCGCCACTGCCACGCCTCTGAACAGCAGTGCAGGAAGCACCGGAAGTGAGGGTGTGG
GCATCCAAGCCTTTGTGACCTTTGCCAATCCCCTGCAGACGCAACAACAGCATCCGCTCCAGCAACAATATCCCTCGCAGCAGATGCATCCCCTC
CACGCGCAATATCCCTCCCAGCAGCCACATCCACTCCAGCAGCAGCAGCAGCAGCCATCGCAACAGCAACCACAAAATACGATATACGAGGATCA
GTATGATATCCAGCGAATGCGGGAATTGGTAACGATGGCCAAATATGCGAGATGCCGTCAAAGATTCGCCGTGCCTGTGATTATGTATCGCGGAA
AGTACATATGCCGCTCTGCCACGCTATCCGTCATGCCAGAAACCTACGGCCGAAAAGTGGTGGACTATGCCTACGACTGCCTGAGTGGCGGCAAT
TACACCGCGCCAAACGGAGAAGAGAACGATGCTGACTCCACGGACGAGTCGCTGATCACCCACATGCACGACCAGGCGCAGTCGCAGTTCAGCTA
CGACGAAGTCATCAAGAGTGACATCCAGCTGCTGCATACGCTCAATGTCTCAACCATTGTGGACCTCATGGTCGAAAACCGCAAAATCAAATACT
TCATGGCCGTTTCCTCGTCAGAGAAAGCGGATCCCAACAAGCACTATAAGAGCTTTAACCTTCTATCCCTGCCGTATCCGGGCTGTGAGTTCTTC
AAAAAGTTCCGGGACAATAATTACATGGCTCGCAACCTGCACTACAACTGGAAGCAAACGTTCAACGATGCGAATATCAACATTCCCAACATGGG
ACCCGCTGCGGATATCGATGTGGCGTGGTCGGAGTACCGGGATTGGGATCTGGTGGCAATCACCCAAAACTATTTGAGAGCTACACTGAAATACG
TGCAAGAGGAAAACTCCGGCCTGCTGATTCACTGCATCAGCGGTTGGGATCGCACGCCACTGTTTGTCTCCTTGGTCAGGCTGTCTCTGTGGGCA
GATGGACTCATCCATCAGTCGCTGAACGCCATGCAAATGGCCTATTTCACACTGGCCTACGACTGGTACCTGTTTGGCCATCAACTTCCCGATCG
CCTGAAACGAGGCGAAGACATCATGTTCTTCTGCTTCCACGTGCTGAAGTTTATCACGGACGAGGAGTTCAGCATTGTGGAGCACCGCAAGCGCA
CCAAGACATCCAGCAGCAGCGGCAGTAGTGTAATAGTAATCAAATCCGATTGCTGCGACGATGAACCGCTCAAGGAAGACTACATCCTTTCGTTC
GATCAAGATAGCAACGACAGCTACTCAAACTGTTCCAACTGTGATATGTCCATAACAGATAACTTCTATGCCACGACGCCGGCGCAAGTCAATCC
GTTGACCAGCAGGTCGCCAAATCCGAAGAGATCTAGAACCAGCCCCATTTCAGTGCCCGGATCAAATGCGCGGCAAAGACAGGAGTCTACATCGT
CCAATGGTAGCTGGCAGGTGGTTACCGACACGGGTTCAATTGACTCCATGATGAACGGCAGCTACATGATGCGCTTTGTGGCGCAACAGGCAGCC
GATGGTGGCGGCTCCTCAAACATTCCTTTATGCAATGGCGGCAATGGTTACCACTGCAGCATCAATGCAGCATCGAGTGGCAGTGGGAGCGGAAG
TGGTAGCAGTATCAGTAACGGCAGCTCGACGCACGGTTTCGCAAACGGTTCCTCCAAAGACGTAGGCGGCAGCACTATGGCCAGCAAGCAATGCA
TCAACTTACGAAAGCAACGCCTGAATGCAGTGCGCGCCATTTTTATACAAGCCTACGGCAAGACGATTGGACTGAAATTCAAGGAGGGCTCATCC
ATGAACCTGGCCACGTTCATTGGGAACCTGGCGGACCAACTGTTTTGAGAAAGGATTAGCAGCTATGACCGTTTGTTAGATTTCATCAACATTGT
TTGTTTCTTGTTAAGTGCTACGCTTTCAACCAACGACTGTATTTATAGACCTGTTAAATTGCGTTCTTTAGTATCTGTTGACGATTGTGTAGTGT
AACGGATTACTGATTACCGATAAGCATCGAAAGAACCAGGCGATCGTAGGCAACGAGCAAACAAAATCCTGTCGTCCTTCTGCCCCGGCTAAACC
GCTCTCCTGTTCTCTAGGTTCTCCCGCTCCTTGTTTGTTTAGTTATTAGTTCTTCGAGAATGCAAAGCAAGTGAAATATAAAATGCTATTTGGAT
TATACAATAGTTTTAAGTTGTAATTTATAGTAATGTATTTTTTAATAAACTTATGTGCATTTTATACG
(SEQ ID NO: 725)

Start ATG: 465

MCSLTPNHMVNVTQQHLHDLLETFEKKSFEAAAFEEGTAEYDISKKCEYLFKLDYSLIELDNTNGLLSPRYPGRILIPEYEHGHMAKTLVPGNGL
FGQVGGGVGGGGSSGTTATATPLNSSAGSTGSEGVGIQAFVTFANPLQTQQQHPLQQQYPSQQMHPLHAQYPSQQPHPLQQQQQQPSQQQPQNTI
YEDQYDIQRMRELVTMAKYARCRQRFAVPVIMYRGKYICRSATLSVMPETYGRKVVDYAYDCLSGGNYTAPNGEENDADSTDESLITHMHDQAQS
QFSYDEVIKSDIQLLHTLNVSTIVDLMVENRKIKYFMAVSSSEKADPNKHYKSFNLLSLPYPGCEFFKKFRDNNYMARNLHYNWKQTFNDANINI
PNMGPAADIDVAWSEYRDWDLVAITQNYLRATLKYVQEENSGLLIHCISGWDRTPLFVSLVRLSLWADGLIHQSLNAMQMAYFTLAYDWYLFGHQ
LPDRLKRGEDIMFFCFHVLKFITDEEFSIVEHRKRTKTSSSSGSSVIVIKSDCCDDEPLKEDYILSFDQDSNDSYSNCSNCDMSITDNFYATTPA
QVNPLTSRSPNPKRSRTSPISVPGSNARQRQESTSSNGSWQVVTDTGSIDSMMNGSYMMRFVAQQAADGGGSSNIPLCNGGNGYHCSINAASSGS
GSGSGSSISNGSSTHGFANGSSKDVGGSTMASKQCINLRKQRLNAVRAIFIQAYGKTIGLKFKEGSSMNLATFIGNLADQLF*
(SEQ ID NO: 726)

Classification: protein_phosphatase
Gene Symbol: BcDNA:LD23181
FlyBase ID: FBgn0027506

Celera Sequence No. : 142000013384666
TGCGGCATTAAAAAGTCGTTCGTTACCTGTCGGAGCTAGCGGAACTCGATGGGTTGTAGAACTTGATTTGTTTCGTCTGGGTCACAGACATTTCG
ACAAGAGAATAGTGATTGCAGCAGCCAGTTGCAGCGATTAGAAAAAAACACGCGGTGATTTACTTCGTCGTGCCTCTCCCTCTCCGAGCAAGTGA
CTGATTCGTTTCTGAAGGCATTGCGTTGGAAAAACGTGCGCCGCCTTCGTATACATACATATGTATACATCTACCCGAGCTTGAATGGTCAAGTA
AAGTGCTAATTGTCAGCTGGGGAAAGGCACTGGAGCGGAGGGACGCTCATTGCCTTGTTTATCTCCATTTGATGCTGTCATTGAGGCATTTATTT
ATATGTTTTGGGGCAATTCAATTCCATTCGCAAGGCGCTCAGCTGTTTGATTGGGGCGGCGACAGTGTTGCGAAGCGCTGTTGGCTGTTGGGTTG
CAGTAAATTCGAATGTGAATGGCTAAATCCGAAGCGGGGTTTTTAAATGTTTGATAATTATTACTTCGAGCTTGTGTCAATATAAGTGAATATTT
TACATAAAACTTTGTGGTTTCTAAAAGATTAGCTTACAACATGATCTTTAGGTACTAACAAATAAAAGGTTGTAAATAGCGGTAGTGCTCGGAAA
ATATATCAACATGAGACAATTACCAATTCGATTATTTTTTGTTGGTCCTCTATCGATAACTGTTACTCTTACTCTCTTGCACTGCAAGCCAAATT
CATATTAATTAAGACTATAAAAATAAACACATACAGAAACATGTGGCTGTTTCCTGGCTATCTTGGATGGAGAAAGTAGTATGTAGTAGTATCAT
AATTTATAGTTTTCTTTCCTCTTGTTCTGTCCCTTAAAGAAACTTTGAATAAATTGCATTTTGTTCAGTTTTAAAATGCATTAAATAATCGATTG
CCACGCTAGTTCGATAGTATTTAACGAGCACCGAGTATTGTTCGAGCTCTAAAAGATGGTCACTCCGGACCAGAGAGACGCAACAATATAGCAAT
TCTGAACTTGGTTCGAGTGTTTTTGCAGCACGAATTGATAATATGCCGTAGGTGCGGCCCAGCGCGGATCATCAGCAGCAGCAGCGATGGCCTAC
ATCAACATCGCCGAGTGGACGCCCGACCAGGTCACCGACTGGATAAAAGGTAATGCTCGAGGTCAAGGAAAGCGCAGCTGAGAAAAAAAAAACTG
CATCTCGCAGCCACTGCCCCAAAAAGCAGCAGCAACAACAAGTGCAACAAGAATTTCCGCTTTGTTCAAGGTTTCAACAGGCACATCATAATAAT
TATGTTTTCCTGATTCTCGCAGGTCTGGATGAGTCTATGAAGGGGTATTTGTACGAGTTCTCCAAGCAGGAGATCGGCGGACGGGCGTTGCTCAA
CATACGGCCATACGAGCTGGAGAATCTGGGCATGCTGCGCATTGGCCATCAGGAGATCGTGCTGGAGGCGGTGGAGAACTTAAGAAACTTCGTGA
GACCCCAAACAAATATTGTGACATACAAACCCGTTAATTGAGCTTGATATTCCAGCATTATCACCTGAAAAACGACAATCTGCAGTTCATGGCCT
TGCATGTGGCCACGGCAGCTAAGAATCTGCATCGCGAACTGGCCAGGAATCATGCGGAGAGCACTAAGATCGATACCCGGATACTGCACGATATT
ACCAGGACGATAGCTACTCTAAAGCCATTGGTGGGCAGCCTGGAGCGAACACCGTTCCGTAAGCAGGAGATGTACCGCGAGTATTGTGGCAATGT
GCTCAAATGCGGCCTGGAGCTGGCCACAATTGCCCACCGTGATCGTTTTGCCCTGCAGCCGGTGCCAGCGATTCGACAGTCAGCGGAACGGCTCG
AGAATCTTGCCAACTTTGTAATCCAGGACATATCTGATCCCATGGTACTGCAGCCAGCCTCTCTGAACCTTGTCACCCTTAAAAAACGCGAATCC
GAGTTGGGTTTCAACATAGAGTCCAGTTATAATGGCATTCACCGTGTCACGGATATCAAGTACAACTCGCCAGCTCACAATTCCGGAAAAATCGA
AGATGGCGACGAGATTGTGCAGATCAACTACCAGACCGTTGTGGGCTGGCAGCATCGCACAGTACTGGAGCATCTGAGGGAAGCACTTCCAGATG
TGGTGCTGACGGTGAAGAAACGGCCGAAGCACACAAAGATGTTTGGACAGATCTATATGCAGCCGTACAGGTTGCCCAGCAAGAAGAGGAATATG
GCCGCCCGCTGGGCGGCACAGATGCCAAGTCCCCGTGCTGCATTTTTAACCCTGGACACGGAGCAACTGGCAACAGGAGGAACAGGAAGCGCGGT

GCCAGATCCCAGTAAATCCCTAAGCAGTGAGAAGAGGGAGGTACTTACCAAGGCCAATCCAGTGTCCTCTGCCTCCGACTCTGATTCCAGTTGCA
GTGATATTCCAACACCAACGGATCCCAAGCTAGCCGCACGGGAGATCCGTTTGTATTACCCAAAGCCAAGAGCTTTGCTCCAACGAAGAAACACT
ATTTGTGGATGCGAGTATCTTAGCCTGAAAAACTCGGATCTAGTCGTTCCATCGTGGCACGAAAGAAAGCCAGGAATTGGTTCGCCCACCAATTG
CGACCCTGGCTCGCCCAGTATACGGGATAAGTCGATATCCTTCGGTTATGGCCTAGAGATGGCAGCAAGGCCGACCACTTGCATTGGGATTGCGG
GCGATACCTCCACGGACAAGGCCAGGCGAATGTTTCATGAGGCGCGAAAACTAAAGCAGCTGACGGAGGACTCGCAGCGCGAATTCCTCGTGGAT
CGTTACAAGCCGGGTGTCAGCAAAGTAGTTCGGTTCGACGCCAAGGAAGATTATGTGATGAAGAATGAAAAATTTATCTGTAACGTTGAGAACAC
CATACTGGAGACCTTTGAACCGATTCCCTTTGCGGATGAGGGAGACGAGGACGCCTTGGAAACGCTGCGCAACTGCAAAACAGAAAACGCAGAGG
AGCTCCTAGAGGCAATTAATCTGGCTACAAAAGGTCAGGACTTGCCCCTGGCCGAGGCCATTAACATGCCTTTGTTGCAGCAAGGTCGAAGGGGC
CGATTAGACAAGAGTCATAGTACTCCGGCATACGATAATTCGGGTGAAGAATCGGATACGCCGCCAGCGATTGAGCCAAGAAAGGAGTTCCTGCT
TGTCACACCGCCAGCACCGCCACCGCGACCCCGCAAGCAAAGGGAAATGACGCCACCGGCGGTGCCTCCACCTCCACCAAAACCAGCCAGCATGC
AGCCGGCTAGTAGTATCACCAGTATCTCCATTCCCGTGCCAGTACCTGTACCAGCCGCAGTTGATCCATCGGAGATCAGTGAGCTTCATACGCCC
AGCAAATCCCGGACACTGACCCTTAAAAAGAAGCACAGCTTAATGGCCAAGCGGCGGAACACAAATCTCAAGCTGTTGGGGACTGGGGATATCCA
AGGTCATCTGTACAGGCGCAAGAAAAATCATCGCGGAGTGACTTACTGGGCGAGAATCTATTTCGTGATGCTGGATACGATACTGTACGGATTTC
GCAGTAAGCAGAGTACCAGCGCCAGCTTGGTAATATTTTTACCGGGCTTTACGGTTTCATTGGCAAAAGAAGTGCACTCCAAACCGCATGCCTTT
AAAGTTTACCACACGGCCAAGAGCTTCTACTTTGCGGCCGAGTCGCTGGACGCACTTAACCAATGGGTGGACTTCTTGCGCCAGGCTTCGCTCAA
AGTGCCGCCTAGTACGGGTTCAAAAGGCGGTGGTGACGCAAAGGATTTGTATTCGGAGAACGATAGCTCAGGCGAGGAATGCGATGCCCTTGTGA
TCCAGAATTTAAGCACGCCCTCGCCGCAAGGCAACAAGGAGTCAATGTCCATGTCGATGACACTATCTGGCGGAACACCACCTTCCTCTGCACCC
ATTAAGCATGAACGCGGCTACTTGGACTCGTTTCGCAAATTTACGAATACATTCAAGAGCAGTGCAGCGAAACCGTCGAGCGACATCCCTGTGCC
AACGGAGCAATACCGCAGCTATAGGAAGGTGCCAGGCGGAAGTTTTGGCATTCAGATTGGTGCCAATACACCGGGCTACCATGATCCCGCAATGC
CGCCGACACAGATTCCACCTTTGGTGGGTCCTAAACTGTCGCGTAGCTCAAGTAGGAGTTCGGTGGTCAGTGGAACCGAGTCTGCCGTATCATTA
TCTGCTTCGATTCTGGGTCCGCCCGCGTCGCCAGCGCCAACGCCCACGCCTACAGCCACTCCCACATCGCTGCAGCATCAGAGCTCCGAGGAGAG
TCCAAGTCAGAGCCAGAGCCAGAGTCCCAGTAGCAAGTCGAGTTTGAAGAAGGCACCATTCAACTTCTTGCACGCCTCAAATCCGAATTTGGTGG
AATTCGATTTCCATACCTCGAAAACACTACTCCCCAAGATGAGTGTGGGTAATACACTCGACCATGGCCATAATATACAGGGCTTTGTGACGCTT
AAGGATCTGATGCTGCGCAAACAGGAGGAGGAGGCCCAGGAAATGTACAACAATCGAGTGCACTTGGGTGTGGAGAAGCACAAGCACGCACGGAC
GGAATCCACGGCCAGTCAGCAGAGCGCCATGAGCAGCAGCGTGACAAAGCCGCTGGAAAAGTTGCCCAAGATCCAGAGCGTGAGTCTGCCCAAAA
CACCCGACTACGAGATCAGTTTTAAGCCTGACGACGAGAGTATTAAGAGAACCAGAACTAAGGAAGGTCAGAAGTTGCGCGACTTTGGTTACGAG
CTGATATGTGGGGATGAGCCGAGCACTAGCTCCATCAGCCGGCAAGAGCACCACCATCATCATCATCATCACCAGCACCACCTGCAGCATGTGCA
ACAGCAGCAGCAGCTACAACATCAGCAGACGCAGCAGCAACATAGCAGCAAGGCCAAGCACTTCTTGCGCTCACAGCAGTTACAGCTCTCCAGTT
TCCTGCACAAGAACAGCAGCGGCGGCAGCGGCAAGAGTTCCGGATCCGGTGCGGATCAAAAGAAGTCCAAAGGAAAGTCTAGCGGCGATCGTCGG
TTTCCCTTTTCCAAGCACTCAACTGGCTCCGCGGGCAGTGGCTGTGGGCCGGGTCATGCGATGACTATGACGCTGCCGCTGAACAAGAAGTCCAA
ATCGAATCACGCCTTGGATGGAGCCGTAGGCAATGGAGTCACCATAATCGGCAGCGGCAGCAGCATCAAGAAAAGCCAGACGTACAATCAGGATC
TGCGAGACAAGATAGTGGGCACCAAGTACGATGCGCATCGCAAGAACTCGGCCCCGATACCAATCTTTTCGAAACTCTCCATATCGGGTGGCACG
CCGGCGAAGCCCTCCAAGGAGAATCGTTTCCTGGGCTCACCGCTGCTGCATCGCACGCTGTTCGGGCACCATCACCATCAGCAGCAGGCAGTAAC
GCCACCAAGCAGTGCGGATCCCGATTGCGATCAGGAGATCTTCTCCCAAATCACCCTGCCCACGCACAATCAGGCGGGATATCGAAGTTACCGTG
GACCTGGCATACTAACCACCTCGACCACTAATTTGTGCTCGTCGGAGGGCTTGCAGCCGCCGTTGCCCCCAGCGCCACCGCCTCCCGTCAACACC
AGCAGGCAGAGAGAGGAGGAGCAAGCGGAGGCAACGATATCAGAGTGTGCGGCCACCCCAAAAGTGTCCAGTTCGGGATCTGTGGATTCGAAGGC
GGCAACGCCGGACTATCCAAATATGGAGTGTCCGCCTGTCTTTGAGCCGGAAATCTACTCGCTCAGCGATACCAGCTTGTCCCGCATCGTGATGC
GGACGCCCAGCAGCAGTGGTGCCACCAGTGCCACCGCCAGCACCACCACCAACAACAACAACAATAATAACCAATAACAACACCAAC
ACCAACAGCAGTCCCAGTGGCGGCGAACACCATCAGACCTAGATGTGTGATGAAAACTATTGTGAATGCTCGCGGGGATTAGCCCCCGTTTACTT
ATGTATTTATACACACGCATATAGATATATATATATATATTATATATAGCGATATTCTCGTACGATTTAGGTATACAACTTGTTCATTTTGATCG
TCTTCCCTGTCTGTCCACCAGAAACAAACACACGCATACCTGCAATCCCTTCGATTCGAAACCCACTTAGATGTAAATGTTTAATCTGCCTTATT
TGCATTGTATTTCGGTTCTAGGCAAAATGTTTTACACATGTAGTCACGCAAGCAAAACAATGAATTATAGCGAAAATGGAGAATAACTTTAGAAG
TCTGTGCATCGAACAAAGACGGTTCTTTATGATTTGCCTTTGTACGCGATTAACCAAGTTAATCCGAGCTGTTTGATTTGCTCAACAGTTTGTGT
CTAGATTGCGTGTAATATACATATATTATTATGCGAAATGAGATATTATTGTAATGGCATCCAGCGACGCCAATGGAGCCAGAAATGTTGTAGCG
GAATGCAAGAAATATATATATACACAATTACACGAAATATACATGCATACGAATAAAGTCAACTGTACATAATAGAATAACGATCTTTTTATTTT
GGGATTTTTCAAGAAACAGGTTGTTTCATTAGAGGAGGATTGAAAATCTTTTTATGCACGCAACTTATTCAAAGACCTAAGAAATGAGAATCTCT
GGACAGAAGTGCTGAACCCTGCTTCTTTTTACTAATGTAACCAAATCAACTTGATCAAAACGAGTATTACCTTCTATTATTAGTTCGATTTAGAA
TCCCTTTCTTTATTCACATTACATTTGAAATTAGATCAATTTAAAACCACTGCCGCTTACGCAATGTTCTTAATGTGCTGCTCCACCTCCTCCTT
GGTGAACATGTAGAACTCTCTTTCTTTCGTCATGGTCATCACCTCCACATTGGTGGAGTTTAGTTTCTCCTCCATAACCTGTTTAAGTGTGTTGA
GCGAAATGTCGATAGCCTCATCGAGAGTCAAATCGGGTCTAAATAAGTCCTGCAGATTCTGCTGAGCACCTTCGCTGCCCGAGCCAATGGCCTTG
GCTCCGTGGCGCACGAATGTGCCGGAGGGATCCATGTGCCACAACTGGGGTTGTCCCGCCTCGATGCCGGCAAATAGAATGGCCACACCAAAGGG
ACGACTCATGGCGGCGGCACCATCGCTGTCGCCACTATCACCGAACTGGATGGCCAAAGTGGACACAGCCTGGGCGCAGGACTCGATGGACATGC
GCTCGTTGTAGACGAACCAGTGGTTCTGGCACTCCACGCGTGCCCTCTCGATCAGAGTCCTGGCATCGGCCATCAAGCCGGAGGTGGCGCAACCA
ATGTGCTTGTCCACCTCCACAATCTTCTCCACAGTACTGGGTACCATTAGCGGCGAAGTGATGCGCTTCTCCACCGCCAAAACCACTCCTGGAAT
GCAATTTTACCATTAGATCTCCGCGTGTACTTATGGCAGCAAAGAACATACCTTCTGGCGTGCAAATTCCAATTGCTGTGGAGCCCAATTTGATG
GCCTCAATGGCATATTCCACTTGGAAGAGGCGGCC
(SEQ ID NO: 727)

Exon: 1001..1189
Exon: 1353..1516
Exon: 1576..6635
Start ATG: 1132

Transcript No. : CT20428
AAAAGATGGTCACTCCGGACCAGAGAGACGCAACAATATAGCAATTCTGAACTTGGTTCGAGTGTTTTTGCAGCACGAATTGATAATATGCCGTA
GGTGCGGCCCAGCGCGGATCATCAGCAGCAGCAGCGATGGCCTACATCAACATCGCCGAGTGGACGCCCGACCAGGTCACCGACTGGATAAAAGG
TCTGGATGAGTCTATGAAGGGGTATTTGTACGAGTTCTCCAAGCAGGAGATCGGCGGACGGGCGTTGCTCAACATACGGCCATACGAGCTGGAGA
ATCTGGGCATGCTGCGCATTGGCCATCAGGAGATCGTGCTGGAGGCGGTGGAGAACTTAAGAAACTTCCATTATCACCTGAAAAACGACAATCTG
CAGTTCATGGCCTTGCATGTGGCCACGGCAGCTAAGAATCTGCATCGCGAACTGGCCAGGAATCATGCGGAGAGCACTAAGATCGATACCCGGAT
ACTGCACGATATTACCAGGACGATAGCTACTCTAAAGCCATTGGTGGGCAGCCTGGAGCGAACACCGTTCCGTAAGCAGGAGATGTACCGCGAGT
ATTGTGGCAATGTGCTCAAATGCGGCCTGGAGCTGGCCACAATTGCCCACCGTGATCGTTTTGCCCTGCAGCCGGTGCCAGCGATTCGACAGTCA

GCGGAACGGCTCGAGAATCTTGCCAACTTTGTAATCCAGGACATATCTGATCCCATGGTACTGCAGCCAGCCTCTCTGAACCTTGTCACCCTTAA
AAAACGCGAATCCGAGTTGGGTTTCAACATAGAGTCCAGTTATAATGGCATTCACCGTGTCACGGATATCAAGTACAACTCGCCAGCTCACAATT
CCGGAAAAATCGAAGATGGCGACGAGATTGTGCAGATCAACTACCAGACCGTTGTGGGCTGGCAGCATCGCACAGTACTGGAGCATCTGAGGGAA
GCACTTCCAGATGTGGTGCTGACGGTGAAGAAACGGCCGAAGCACACAAAGATGTTTGGACAGATCTATATGCAGCCGTACAGGTTGCCCAGCAA
GAAGAGGAATATGGCCGCCCGCTGGGCGGCACAGATGCCAAGTCCCCGTGCTGCATTTTTAACCCTGGACACGGAGCAACTGGCAACAGGAGGAA
CAGGAAGCGCGGTGCCAGATCCCAGTAAATCCCTAAGCAGTGAGAAGAGGGAGGTACTTACCAAGGCCAATCCAGTGTCCTCTGCCTCCGACTCT
GATTCCAGTTGCAGTGATATTCCAACACCAACGGATCCCAAGCTAGCCGCACGGGAGATCCGTTTGTATTACCCAAAGCCAAGAGCTTTGCTCCA
ACGAAGAAACACTATTTGTGGATGCGAGTATCTTAGCCTGAAAAACTCGGATCTAGTCGTTCCATCGTGGCACGAAAGAAAGCCAGGAATTGGTT
CGCCCACCAATTGCGACCCTGGCTCGCCCAGTATACGGGATAAGTCGATATCCTTCGGTTATGGCCTAGAGATGGCAGCAAGGCCGACCACTTGC
ATTGGGATTGCGGGCGATACCTCCACGGACAAGGCCAGGCGAATGTTTCATGAGGCGCGAAAACTAAAGCAGCTGACGGAGGACTCGCAGCGCGA
ATTCCTCGTGGATCGTTACAAGCCGGGTGTCAGCAAAGTAGTTCGGTTCGACGCCAAGGAAGATTATGTGATGAAGAATGAAAAATTTATCTGTA
ACGTTGAGAACACCATACTGGAGACCTTTGAACCGATTCCCTTTGCGGATGAGGGAGACGAGGACGCCTTGGAAACGCTGCGCAACTGCAAAACA
GAAAACGCAGAGGAGCTCCTAGAGGCAATTAATCTGGCTACAAAAGGTCAGGACTTGCCCCTGGCCGAGGCCATTAACATGCCTTTGTTGCAGCA
AGGTCGAAGGGGCCGATTAGACAAGAGTCATAGTACTCCGGCATACGATAATTCGGGTGAAGAATCGGATACGCCGCCAGCGATTGAGCCAAGAA
AGGAGTTCCTGCTTGTCACACCGCCAGCACCGCCACCGCGACCCCGCAAGCAAAGGGAAATGACGCCACCGGCGGTGCCTCCACCTCCACCAAAA
CCAGCCAGCATGCAGCCGGCTAGTAGTATCACCAGTATCTCCATTCCCGTGCCAGTACCTGTACCAGCCGCAGTTGATCCATCGGAGATCAGTGA
GCTTCATACGCCCAGCAAATCCCGGACACTGACCCTTAAAAAGAAGCACAGCTTAATGGCCAAGCGGCGGAACACAAATCTCAAGCTGTTGGGGA
CTGGGGATATCCAAGGTCATCTGTACAGGCGCAAGAAAAATCATCGCGGAGTGACTTACTGGGCGAGAATCTATTTCGTGATGCTGGATACGATA
CTGTACGGATTTCGCAGTAAGCAGAGTACCAGCGCCAGCTTGGTAATATTTTTACCGGGCTTTACGGTTTCATTGGCAAAAGAAGTGCACTCCAA
ACCGCATGCCTTTAAAGTTTACCACACGGCCAAGAGCTTCTACTTTGCGGCCGAGTCGCTGGACGCACTTAACCAATGGGTGGACTTCTTGCGCC
AGGCTTCGCTCAAAGTGCCGCCTAGTACGGGTTCAAAAGGCGGTGGTGACGCAAAGGATTTGTATTCGGAGAACGATAGCTCAGGCGAGGAATGC
GATGCCCTTGTGATCCAGAATTTAAGCACGCCCTCGCCGCAAGGCAACAAGGAGTCAATGTCCATGTCGATGACACTATCTGGCGGAACACCACC
TTCCTCTGCACCCATTAAGCATGAACGCGGCTACTTGGACTCGTTTCGCAAATTTACGAATACATTCAAGAGCAGTGCAGCGAAACCGTCGAGCG
ACATCCCTGTGCCAACGGAGCAATACCGCAGCTATAGGAAGGTGCCAGGCGGAAGTTTTGGCATTCAGATTGGTGCCAATACACCGGGCTACCAT
GATCCCGCAATGCCGCCGACACAGATTCCACCTTTGGTGGGTCCTAAACTGTCGCGTAGCTCAAGTAGGAGTTCGGTGGTCAGTGGAACCGAGTC
TGCCGTATCATTATCTGCTTCGATTCTGGGTCCGCCCGCGTCGCCAGCGCCAACGCCCACGCCTACAGCCACTCCCACATCGCTGCAGCATCAGA
GCTCCGAGGAGAGTCCAAGTCAGAGCCAGAGCCAGAGTCCCAGTAGCAAGTCGAGTTTGAAGAAGGCACCATTCAACTTCTTGCACGCCTCAAAT
CCGAATTTGGTGGAATTCGATTTCCATACCTCGAAAACACTACTCCCCAAGATGAGTGTGGGTAATACACTCGACCATGGCCATAATATACAGGG
CTTTGTGACGCTTAAGGATCTGATGCTGCGCAAACAGGAGGAGGAGGCCCAGGAAATGTACAACAATCGAGTGCACTTGGGTGTGGAGAAGCACA
AGCACGCACGGACGGAATCCACGGCCAGTCAGCAGAGCGCCATGAGCAGCAGCGTGACAAAGCCGCTGGAAAAGTTGCCCAAGATCCAGAGCGTG
AGTCTGCCCAAAACACCCGACTACGAGATCAGTTTTAAGCCTGACGACGAGAGTATTAAGAGAACCAGAACTAAGGAAGGTCAGAAGTTGCGCGA
CTTTGGTTACGAGCTGATATGTGGGGATGAGCCGAGCACTAGCTCCATCAGCCGGCAAGAGCACCACCATCATCATCATCATCACCAGCACCACC
TGCAGCATGTGCAACAGCAGCAGCAGCTACAACATCAGCAGACGCAGCAGCAACATAGCAGCAAGGCCAAGCACTTCTTGCGCTCACAGCAGTTA
CAGCTCTCCAGTTTCCTGCACAAGAACAGCAGCGGCGGCAGCGGCAAGAGTTCCGGATCCGGTGCGGATCAAAAGAAGTCCAAAGGAAAGTCTAG
CGGCGATCGTCGGTTTCCCTTTTCCAAGCACTCAACTGGCTCCGCGGGCAGTGGCTGTGGGCCGGGTCATGCGATGACTATGACGCTGCCGCTGA
ACAAGAAGTCCAAATCGAATCACGCCTTGGATGGAGCCGTAGGCAATGGAGTCACCATAATCGGCAGCGGCAGCAGCATCAAGAAAAGCCAGACG
TACAATCAGGATCTGCGAGACAAGATAGTGGGCACCAAGTACGATGCGCATCGCAAGAACTCGGCCCCGATACCAATCTTTTCGAAACTCTCCAT
ATCGGGTGGCACGCCGGCGAAGCCCTCCAAGGAGAATCGTTTCCTGGGCTCACCGCTGCTGCATCGCACGCTGTTCGGGCACCATCACCATCAGC
AGCAGGCAGTAACGCCACCAAGCAGTGCGGATCCCGATTGCGATCAGGAGATCTTCTCCCAAATCACCCTGCCCACGCACAATCAGGCGGGATAT
CGAAGTTACCGTGGACCTGGCATACTAACCACCTCGACCACTAATTTGTGCTCGTCGGAGGGCTTGCAGCCGCCGTTGCCCCCAGCGCCACCGCC
TCCCGTCAACACCAGCAGGCAGAGAGAGGAGGAGCAAGCGGAGGCAACGATATCAGAGTGTGCGGCCACCCCAAAAGTGTCCAGTTCGGGATCTG
TGGATTCGAAGGCGGCAACGCCGGACTATCCAAATATGGAGTGTCCGCCTGTCTTTGAGCCGGAAATCTACTCGCTCAGCGATACCAGCTTGTCC
CGCATCGTGATGCGGACGCCCAGCAGCAGTGGTGCCACCAGTGCCACCGCCAGCACCACCACCACCAACAACAACAACAACAATAATAACACCAA
TAACAACACCAACACCAACAGCAGTCCCAGTGGCGGCGAACACCATCAGACCTAGATGTGTGATGAAAACTATTGTGAATGCTCGCGGGGATTAG
CCCCCGTTTACTTATGTATTTATACACACGCATATAGATATATATATATTATATATAGCGATATTCTCGTACGATTTAGGTATACAACTTG
TTCATTTTGATCGTCTTCCCTGTCTGTCCACCAGAAACAAACACACGCATACCTGCAATCCCTTCGATTCGAAACCCACTTAGATGTAAATGTTT
AATCTGCCTTATTTGCATTGTATTTCGGTTCTAGGCAAAATGTTTTACACATGTAGTCACGCAAGCAAAACAATGAATTATAGCGAAAATGGAGA
ATAACTTTAGAAGTCTGTGCATCGAACAAAGACGGTTCTTTATGATTTGCCTTTGTACGCGATTAACCAAGTTAATCCGAGCTGTTTGATTTGCT
CAACAGTTTGTGTCTAGATTGCGTGTAATATACATATATTATTATGCGAAATGAGATATTATTGTAATGGCATCCAGCGACGCCAATGGAGCCAG
AAATGTTGTAGCGGAATGCAAGAAATATATATATACACAATTACACGAAATATACATGCATACGAATAAAGTCAACTGTACATAATAGAATAA
(SEQ ID NO: 728)

Start ATG: 132

MAYINIAEWTPDQVTDWIKGLDESMKGYLYEFSKQEIGGRALLNIRPYELENLGMLRIGHQEIVLEAVENLRNFHYHLKNDNLQFMALHVATAAK
NLHRELARNHAESTKIDTRILHDITRTIATLKPLVGSLERTPFRKQEMYREYCGNVLKCGLELATIAHRDRFALQPVPAIRQSAERLENLANFVI
QDISDPMVLQPASLNLVTLKKRESELGFNIESSYNGIHRVTDIKYNSPAHNSGKIEDGDEIVQINYQTVVGWQHRTVLEHLREALPDVVLTVKKR
PKHTKMFGQIYMQPYRLPSKKRNMAARWAAQMPSPRAAFLTLDTEQLATGGTGSAVPDPSKSLSSEKREVLTKANPVSSASDSDSSCSDIPTPTD
PKLAAREIRLYYPKPRALLQRRNTICGCEYLSLKNSDLVVPSWHERKPGIGSPTNCDPGSPSIRDKSISFGYGLEMAARPTTCIGIAGDTSTDKA
RRMFHEARKLKQLTEDSQREFLVDRYKPGVSKVVRFDAKEDYVMKNEKFICNVENTILETFEPIPFADEGDEDALETLRNCKTENAEELLEAINL
ATKGQDLPLAEAINMPLLQQGRRGRLDKSHSTPAYDNSGEESDTPPAIEPRKEFLLVTPPAPPPRPRKQREMTPPAVPPPPPKPASMQPASSITS
ISIPVPVPVPAAVDPSEISELHTPSKSRTLTLKKKHSLMAKRRNTNLKLLGTGDIQGHLYRRKKNHRGVTYWARIYFVMLDTILYGFRSKQSTSA
SLVIFLPGFTVSLAKEVHSKPHAFKVYHTAKSFYFAAESLDALNQWVDFLRQASLKVPPSTGSKGGGDAKDLYSENDSSGEECDALVIQNLSTPS
PQGNKESMSMSMTLSGGTPPSSAPIKHERGYLDSFRKFTNTFKSSAAKPSSDIPVPTEQYRSYRKVPGGSFGIQIGANTPGYHDPAMPPTQIPPL
VGPKLSRSSSRSSVVSGTESAVSLSASILGPPASPAPTPTPTATPTSLQHQSSEESPSQSQSQSPSSKSSLKKAPFNFLHASNPNLVEFDFHTSK
TLLPKMSVGNTLDHGHNIQGFVTLKDLMLRKQEEEAQEMYNNRVHLGVEKHKHARTESTASQQSAMSSSVTKPLEKLPKIQSVSLPKTPDYEISF
KPDDESIKRTRTKEGQKLRDFGYELICGDEPSTSSISRQEHHHHHHHHQHHLQHVQQQQQLQHQQTQQQHSSKAKHFLRSQQLQLSSFLHKNSSG
GSGKSSGSGADQKKSKGKSSGDRRFPFSKHSTGSAGSGCGPGHAMTMTLPLNKKSKSNHALDGAVGNGVTIIGSGSSIKKSQTYNQDLRDKIVGT
KYDAHRKNSAPIPIFSKLSISGGTPAKPSKENRFLGSPLLHRTLFGHHHHQQQAVTPPSSADPDCDQEIFSQITLPTHNQAGYRSYRGPGILTTS
TTNLCSSEGLQPPLPPAPPPPVNTSRQREEEQAEATISECAATPKVSSSGSVDSKAATPDYPNMECPPVFEPEIYSLSDTSLSRIVMRTPSSSGA
TSATASTTTTNNNNNNNNTNNNTNTNSSPSGGEHHQT*

(SEQ ID NO: 729)

Name: connector enhancer of ksr
Classification: signal_transduction
Gene Symbol: cnk
FlyBase ID: FBgn0021818

Celera Sequence No. : 142000013384589
ATAAAAGCAATTCGATTCAATATACGATTATTAAGCTTCCCCAACTAAAAATCGTATTTTTCTGATCCACCTTAAGCCGCCTATTTCACTCCAGT
TTCTTGACGAATCAGTGGAATTTGTCAGCAATTGAGGACTAGTCATGCCGACACAGAGGTGCGCTGTAGTCCATTCAGGAACGATTTGGAATGAT
AAGATAAGTCGGCCCACATTTGGCGGAAAACTTTTTGGGAAAGGTGTGCGTGCACCCACAACGTATGAGTCATGTTTTGAATTTATTTTTTTGTA
TTAATTTATTGCTAGTATCTTGTATACTTTTCATTTTCATAATTTGATTTATTAAAAATTGCATCAATAGTTTATGTTTTTATTCAATTATCAAT
TTTGTAAGCTTTTGCTTTTCGCGTAAAAAATGCACAAAGTTCTCTCGCTAATCGAAGCAAAAATCGTTAATAATATTGTTAAGTGTTTGCTCTGC
TCGTGCTCTGCTTATCTGTTTCAGTTTTAGTCATAAAAATACATATTTTATATTTGTGTATATTTATTCATAAGATGCACGTGGCCAAGTCCTAT
GCCATCCACAGTTCCAGTTAGCAGTCGCGTTCGCTGTGCTAAAAAAAAAAACCGAAATCCTAACCAAAACTGGCGAAACAAAAGCCGCAAACAGAA
CAGAACGGGGGCTAAAATTGGAAACAAAATGCCTGGCTGGTGGAATCATTGAACACAGACTGGCTGCGTGGTATCTACGACTGCTGGAGATGCCG
AGAGCTGGAATGTCGGAGGATCCTGGGACCGCCTGGCCTGACATAAGTACATGGTCTTGGGTTTTTTTTCGTTTAGAGGGTTTAGGGGGTATCGG
AAATGCACTACACTATATTCTTGTCTGGTAGCTAACTCGCAAATATTACTCTGATCTTGATCCCTGATCTCGTGTCAATGAGTTAGCATTCGCAC
TCGCCTGCGCTCGGGATTAGCTCGTCAATTAACAGTAATTAGTTAGCCGATTTCGTTAATTGTTGTTTAGTCTATTTGCCTTTGCTATCATTTGT
TACTTTATAAATAAACTTAAACGTAAAGTGTGTATGTGTGTATAGATGTTGAGGAATCCGCCGCAGATCCGGCCAGTACATACACCTGACACCTG
TGTACACCAGTGCTGCTGGCCGATCTCCTGCATCTGCATCTGCTCCTGCTGTTGAAAAAGGGGGAGAGGATGGTTGGATCGTCGGCTCAACCGGT
TCTAGCAGGCGCAGCCGCCCTCGGGATCCTTTGTCTCGTTGGGTGAGTCCTTTAGCACAACCTCCTGCATGTCCTCGGAGGGCTTGTTCTCCGTG
GAATCCATGCCGGGCAGTGCCGCGGCCACCCGTCGGAACAATTGCTTCACATTGTAGCCGGCCTTGGCGCTTGTCTCGATGAACATCACGTTAAG
CTCCTTCGCCTTGCGCTCACCCTCCTCGGTGGACACCTGACGCTTGTCGGAGAGATCCGTCTTGTTGCCCACCAGCATGATGATGACGTCGCTAC
CCCGCTCCGTGCGCACGTCATCGATCCACTTGGAGGTCTGGTGGAACGAGTTGGTGTTGGTGATATCGTAAACGACCACTGCCACCGTGGAGTCG
CGTATGTACGAGGGTATCAGCGAGCGGAATCGCTCCTGTCCCGCCGTATCCCACAGCTGCAGGCGCACAGTGCGATCCTCCAGGTACATGGTCTT
CGATAGGAAATCAATTCCGATCGTCGCCTGGTACGTGTTGTCGAAGCTGTCGTACATGAAGCGCGTAATCAGCGAGGTCTTGCCCACACTCTGCT
CGCCGAGGAAGACGAGCTTGAACTTCCGCAGCGGATTGCCAAAATCTCCGGATGACATCTTCCTCAACGTACGTGTCTACTTTTTCTTAATTACG
GGTTTGCTGAACTCTCTTCTCGCTCCGCTCCGCTCTCACCAATCTCCACCCCTCCTCACTGTTTATAATGGGGCTGGGCCAGCGGTTTTCGGGGC
CCTTTCGCACTGCGATTTCTCGGGATGCACCGCTTTCAAGTTGCCGCACTCTATTACACACGCTCTAAATGCTTTCCGTCTGGCTAAAGACTCAA
TTGCGGCTCGAATGGCTTGGTAAATCGCTAGGTTGAGTCGTGGAAAAATTACGGTCTCTGCTTCTTCTTCTTTAACTTCTGAGTCAGTTGCTGTG
TGACCAGAGTGGCAATCAAAAGCAATTTCTCTGCCACGCTATCGATAAACGCATATTTGTACTAAATCGATGTTTTATGATTTAAAAAAAAATCG
ATTGATATTCGTTACCGTTATTAAATAATTTTAACTAAAATTTACCTGCTTAAAATGTTTAAATACTGATGAAGTACAAGGTAATTGCTTAACTT
TTTATTTCATATTAAAAAGTGAATACTAAGTGTAAGAAATACTAACAGGTGATAACGCGATTTTCAAATATAAAGCTCTCTAAAGTGATTTGCTT
GTTTTTAGATAAACGAGCGTAGGTATTTGCCCATCCTATCGGTGGAACTTGACGTACTTCTGTCAAAGAGTCACTGTTCGGGCGTCGCTTAATCT
CAAATTATAATAAGTGGTTATCTGAAGAACACACGGTCCTTAATTGAAAGCCTTATCTGCTGGCGCTGGCAAAATTTTGGAATGGCGAATTAATT
TAAACGTGCCGCGATAAAGGTCGATGTAAACAGTTCCGCGAAAACTATGTTAGCGAACGGACAGCAAACAAAGTCGTTGGCCAGTGGGCTTCTTC
TCCTACTGGGCATATGCCGAATATCCGGAGTGGCTATCGGCGCACCCGAGGGGCGTGTCGTGGGTGGATCTCCGGCAGCGGTGAATAGTGCTCCC
TATGCGGTGTCCATGCAGTACGGTGGCACCCATTACTGTGCCGCCAGCATTCTGAATGCCAACTGGCTAGTCACCGCTGCCCACTGCCTGACCAA
TAGTAACCAGGTGCTGGGCAGCACCTTGGTGGCCGGAAGCATCGCGGTGGACGGAACTGCAAGCACTACGCAGACGCGGAGCATCACGTACTTCG
TGATCAATGACTTGTACACCGGCGGAACTGTGCCCTATGACATCGGAATGATCTACACGCCCACCGCCTTCGTTTGGAGCGCCGCCGTTGCCCCA
GTGACGCTACCATCCTCGGGAGTGGTGCCCACTGGCACCGCCAATCTGTACGG
(SEQ ID NO: 730)

Exon: 2188..1001
Start ATG: 1863 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT20524
TCACACAGCAACTGACTCAGAAGTTAAAGAAGAAGAAGCAGAGACCGTAATTTTTCCACGACTCAACCTAGCGATTTACCAAGCCATTCGAGCCG
CAATTGAGTCTTTAGCCAGACGGAAAGCATTTAGAGCGTGTGTAATAGAGTGCGGCAACTTGAAAGCGGTGCATCCCGAGAAATCGCAGTGCGAA
AGGGCCCCGAAAACCGCTGGCCCAGCCCCATTATAAACAGTGAGGAGGGGTGGAGATTGGTGAGAGCGGAGCGGAGCGAGAAGAGAGTTCAGCAA
ACCCGTAATTAAGAAAAAGTAGACACGTACGTTGAGGAAGATGTCATCCGGAGATTTTGGCAATCCGCTGCGGAAGTTCAAGCTCGTCTTCCTCG
GCGAGCAGAGTGTGGGCAAGACCTCGCTGATTACGCGCTTCATGTACGACAGCTTCGACAACACGTACCAGGCGACGATCGGAATTGATTTCCTA
TCGAAGACCATGTACCTGGAGGATCGCACTGTGCGCCTGCAGCTGTGGGATACGGCGGGACAGGAGCGATTCCGCTCGCTGATACCCTCGTACAT
ACGCGACTCCACGGTGGCAGTGGTCGTTTACGATATCACCAACACCAACTCGTTCCACCAGACCTCCAAGTGGATCGATGACGTGCGCACGGAGC
GGGGTAGCGACGTCATCATCATGCTGGTGGGCAACAAGACGGATCTCTCCGACAAGCGTCAGGTGTCCACCGAGGAGGGTGAGCGCAAGGCGAAG
GAGCTTAACGTGATGTTCATCGAGACAAGCGCCAAGGCCGGCTACAATGTGAAGCAATTGTTCCGACGGGTGGCCGCGGCACTGCCCGGCATGGA
TTCCACGGAGAACAAGCCCTCCGAGGACATGCAGGAGGTTGTGCTAAAGGACTCACCCAACGAGACAAAGGATCCCGAGGGCGGCTGCGCCTGCT
AGAACCGGTTGAGCCGACGATCCAACCATCCTCTCCCCCTTTTTCAACAGCAGGAGCAGATGCAGATGCAGGAGATCGGCCAGCAGCACTGGTGT
ACACAGGTGTCAGGTGTATGTACTGGCCGGATCTGCGGCGGATTCCTCAACATCTATACACACATACACACTTTACGTTTAAGTTTATTTATAAA
GTAACAAATGATAGCAAAGGCAAATAGACTAAACAACAATTAACGAAA
(SEQ ID NO: 731)

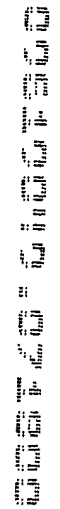
Start ATG: 326 (Reverse strand: CAT)

MSSGDFGNPLRKFKLVFLGEQSVGKTSLITRFMYDSFDNTYQATIGIDFLSKTMYLEDRTVRLQLWDTAGQERFRSLIPSYIRDSTVAVVVYDIT
NTNSFHQTSKWIDDVRTERGSDVIIMLVGNKTDLSDKRQVSTEEGERKAKELNVMFIETSAKAGYNVKQLFRRVAAALPGMDSTENKPSEDMQEV
VLKDSPNETKDPEGGCAC*
(SEQ ID NO: 732)

Name: RAB6
Classification: signal_transduction
Gene Symbol: Rab6
FlyBase ID: FBgn0015797

Celera Sequence No. : 142000012790778

ATTCTTTATTGGAAATCTTCACACTACAACTATCTGCTGAAACTTAAAAACCTTCATACATTTACACATCATATCTTCACAAAAGGCTCCACCCT
CGATCACGGACTTAACTCGCGCACAACAAAATATAAATAAAACTCCAATGTCACCGAGTCGAGTTGATAAAAAGCATCGCTAAAGGCCTTTTAAT
TGCCGCTGCAGTCGATAAATCATCAAACGGGAATATGAAAGCATCTCAGGAATTCAGTGCGTAAAATTAGAATGCAACAACAACAGCAGTAGCAG
CAGCAACAACAACAACACGCGGGCGGAGGCAGGAAAGATACAAAATAGCCAAGGAGCCAATATACATACATATACATGTACATATACATCCACGT
CGTAAAGTGCGTCTCTCTCTTGCACTCTCTCTCTCTCTCTGTGTTAGAGCTCCATCTCCCTCTCCCCACAGCCACCTACTTCCTGCACATATGCT
GCGAGCAACAACAACACAACGTGCTCCTCTTGGGGATGCTGTGTGCGAGCGAGAAAGAGAGAAAGCCAGAGAGAACGGCAGAGTAACTTCGAATC
AAAGAGCGCAACTACACTCGTAAAAATTATTACAGCTGCCAAGTTAAAAGCTATTACATCGTAATAATGTTGTTGTGGAATTTTTTTAAAACAAA
TATAACTTTTTATAAATACGTTACATTTGAATAAGATATAATTACGAGAAGGTTAGGGAATATATTGTTATTTAATGTTTTTACAATAGATTTGC
GTTTTACTCTATTACTATTACTCTAACCAAACTAAAAAAAAGTTATAGGAATCTTTAATGAAATTCCTTTATTCCTTTTGTTTGAGTTGACTGAT
AACTGAATTTCCACCCTAAATTTTTGCGTTATCGTTTTCCCGTTTAGGGCATCCATTTCTCTGAGTGCAGGGCTCAGTCATCGCAGCCTTTTCGC
CTTGGCCACGAACACACGTCTCATTTGAACGCGAAACGCCGAGTCAAACGGACGCAGTCGCTCGTCGCAGTGGTTGTTAAACTCGAGTTTCGTAC
TTTCGAGCGCGCGTATTGAAACATAAGTGAGCGATCGTGTGAACAGTGATATAAAGTGCACCGTGTATGCGGGATAGAGATACCTAACCTAGTGC
CACACGAAAGTTGAAGTAATACCAGCAGGATATCTACTCAGTTGGCAGTGAAAAGCGTGGTGAAGTGTTCGGTCATAATGAGTGTGTGAGCGGGG
ACAAGCTGACAAACTGAATGCGATAAGGTTACAGATGTCCTAAACACACAGGCACTGGCACACAAGGATTCCCGGGGTCCTGGTGACATGTAACT
GGATCCGGATCTGGATACATGTTGGCTCCTAAGACAACAGCCCGCTCCTTTGCCTATCGTCTGGCCGCACTGCAGAAACGGGAGCAACAAAAGCG
AGACACCGGGTAAGTAGCGATGCTTAACTATAATAAGAAACCTGTCCCCTCGGACAGGATAAAAACAAGCCGCACACACAGTAGCACATGCGGAC
AAAGGGGCGCACTGCAGTGGTCGTCCGATGCTTCCTGCGCCGCTAAGTATGCCACTGCAATGCTATTTTAAGGTGCAAAGTGCATTGAGTAGGAG
GAGGCAAAGTGCCAGCCAGCTAGCCCTAACCCACACACACACTTCGCATAGACACACATGGGCAGTGGACTACGGCGACAACACACAAAACGTAT
TCAAGTGTAACTAAAGACGACCAATTCACAAACAAACAAGCGCGCCAGGAGCAGTTGGCGGATGTGTGGGAGGGAGGGAGTTGGGGGAAACGGAA
CCGACTGAAGCGGAGCGGAGCGGTCGACCCTCGAACCGTGTGACCGCGGGGCAGGAGGGGGCGGGGTTCTGAAGGGACGACAGGGGCCGCTCGCT
AATGTTTATTATGAAAAGCGTGCCCTTTTGAACGCCATCGTGTATTTTTATTTTTATTTGTATTTTATGATTGCGCTTAGCCATGTGTATTTGCT
GTGAGTGGAACTGTGGTGAGCGCTAGTGCACAGGAAGAAAAAGATATAGACTTGGTTTTTTATTTGAGGTTAAAGGGAGATCCCATTTCAAAGCA
AAGGAAAACAATTCTATTGAAGGTTTCGATTAGGAGACGTTTCGTTTTTTGAAATCTGAACTCTACACTGTGGAATTATTGAAGTTCATACCATG
TTTGGTTTACGATCAATTAAAATGGGATACATTATACATCATGAATACTATGTTTGGTTTACGATCAATTAAAATGGGATAGATTATACATCGTC
AAATGATAAGACAGTTTAAAACAATGATTAGTGAATCATATAATGTGTATTGAAACCTTTTCGATTGGAATACGATTATAAAATCCATCTAAAGG
CCTGGGAATAATCCCCCGAGAGCTCTTACAAACCATTCTCGATCGATTCCGAGTACTACATTTTCTCTCAGTATGTTTATTTATGTTTTTCTTGT
CACGGAGCTGGATCAGAGGGGGTGAAGGGGCGGCTGTCGAGAGGCCCTCATGTGAGTGCAGCACTCAATTCATTGATAAAAGATGCAGCTACAAT
TATAATAATAATAATAAGAACTCCGGCCAACGGGATGCCGCCGCGATCAACATGCCGCAATTACAGTTATAATTTGGGCCCGTAAGCGTTGTTCA
AATGTAAATTCAAATGTGGATGAATTGCAATTACCAACCCTCCGCGGCGACAAACGTTGGCTGCTTCGCTGAGTGGGGGTAACAAACAATCGCCA
ATTGGCATATAATGATCCCCTTTGGACGTCGAAACGTCCTAACTGACTGACTGACGTACCAACTGGCTGACTGACTGACATGCTGACGATA
TACATACGAGTATATGCGCCATGAGGTGGGTATGGTAAAAAGTGGCATGGGACTCAGACAACCAGCAGCGACATTCGGAACAATTCTCAGGCCTT
GACAAATGCACGTAATGATTGGACTCACACTTTGGTTTCTGCTTTTTTAACAATTTACGCGCAGCTCTTACTCTTACCCCTTCTTCGCTGGTTCT
CACACTCACTCGGCCTAGTCATAATTTTAGGGGTTGTGCAACCCGGCACAGTAATCGAAACTCAAACCCAAAAACTCGTAGATACAGATACAGCT
GTTCGCCTTGATGGGCAAACAAGGGCTTGGAGGTAGACCTCCGCCCTTCGACTTTCGATTTTTCGGGACATGGGAACGGAACGTTGCATGAACAT
CTTAGACTCCTGCGGTGATTAATTGTCATTCCAGGGCCCTACAGCATATGTAGAGGCCACTCGGGCTCCTATGTATATGCGTTATGTAGGATCCA
GGGTTCAGGGTCTTAACACTGGATTAGATGTCGATCGAAGTGAAAGAATAGGCTCTTTTCAGTTTCTTTCGGCAACTGGCTTTGTTCCGAGCCTA
GGTAGCTGATGTTGGTAAGGGCTTAGCGTCGTAAATCGTTGGATTGAACCATTCCGATCGATGGCGGAGAGAATCGGTAGGGCATTAACATGCCT
AGGTAGTAGAACTTTCTATACGCCAGACTCTTATCATTGCATCTTCGACATGCGTAGGCAATACGTTTGCTTTCCATTTTTCTCTGGCTATCATC
AGCTGGCATCATGTGGCAGTAGTTTTGGCAACATAAATTAGGCCACGGGCATCATTTGTTACAACCGGACACATTAGAACTTTGCTAATACGATA
CAAATGATAAGGGCCTTTCATCAGTTGTTCAGTTTGTGCTACTTATGCCGCTGATGGGATAGAATCATAAATAATTTGTTTATTGCATGCAGAGG
GGGTCACAAGTATGCTGGCTACGATTGTATCTTGTGTATGCTGTGTATCTTGTAGTAACATGAGCCTGTGTAGCTTGGCCCATAACTCATGCTTG
AAACTTTTGTTTCTACTTCTATTTAATTCCTCGACAATTACGCTTAATTAATTTAAAGATGTTTGTTGCCGTTGTCGTGCTCGCATCCCCCGTCG
AGTTGTTCGATCAATTTTGAGCAGTTATGACGGCGGCTCGGCCATGGGGGAGGATTTTTTAAATAGATTAATTAAAATCATCTTTAATTGTTTGA
TTACAAGGCAAGCGCGGCCCGAAAAAAATGCGAAGCGAACGCAGATAGCTCACAATAGCTGCTTTCATACGTTCTCAAGTTGCGGAGTGTGTGGG
CAAAATGCGCAACATGTGAAATACAGATGCCTCAGAGTTACCAGCACGGTCCCTTGGGCATTAAAGATTTCATTTGTGCTACAGATGTTCCGGCG
ATTGTACAACATAACTACAAGGAGGAGTCTCACGCAATTGAGGCAACGGCATCTGCCACAACCACACCAACACTCACAGCCACATCCACATCCAC
ATCCATGGATCCATGGTTCCACTTCAGCGCAGTCACCAAGCGACTGGCGCAGCGTTTCGAGTGGCATTTGATTTTAGTGCTCGAGAGTGTGTGTG
CGAGTGCTTCAGAAGTATAAAAATTATTGCTGCCAAGCAACTGAGTCAGTCAGTCATCAATTATTTTATAGAATGCTCACTTGTTTTGTGTGTTC
TGGCATTGTTCCCCGACCAGACCCAATCTCCATCTCCCCGACCCATTTCGGCATCCCCATGCCCCGAAATGCCAAAACCGAATCTGTGTTCTTGG
AGTTCACTTGGAAGTTCTCGTTCGGTACAGGAAGGGCTTCTCCGCCCTCTACACTTCACTTCACTGGGACTCCGGCAATAGTTGTGAAATTAAAT
TGAATACGACGCCGATTATCCCACGCAGTCTTCCATTCGCATTTCCCATTCATTCAGGCAGGCATCCACGGGCTGCCTAGGAAGCAAGTGCTGGC
GACACAATCTCATCCTCATACTCCTCCGCGGAATCCGAGAGCTTGGGAAATCATCAAAGTTCAGCGGGACTTCGGTGGCGTCTCCTGCTCACAAT
ATAAGATGATTACATGCACACGCAACTTGCCGTATCTGGCCATAAATCTCAAAGAGTGCACAGGGAAAAAAGGATATTAATATATACAAATTATG
AAACGGTATAGTGTTTCTACTGCGCAAGGCTTTAATATTAATAGACATGAAATCAATTGAAAAATGTATAAAATTCTTATCTGAAATACACGTTC
CTTGACGCAGTATTCCGTTCTATGTAAAGAACAAGAAATATCACCAATTTGGCAGAAGTTCTAATATTTATTTTAATATTTTGTTTAAAATTCTC
CTTTTCTTTGATTTTTTCGCTCAGTGCATGTGCGTGTGTGTCCCACAGTTTGTCACTCAGTCATTCCATTCAGAGGATGAGGAAGTGGATGTAGA
GGGGGTTTTCGCCGGATGCTTGCGTGCCAAAATCAATGCAGGTTTTTTTATTTGTCAACGACAAGTTTGCATTCAATAAATAAAACCCATTCGAT
TATAAAGTACACCCGCAGACAATGAAATGTCGCTGATAAGCGCCTCTTACAATCCATTTGGCCTACTTCAGTTCATTAAAAATCTATTAAAATGT
AATGTACAATACCCCACCTCCCCTATGCATGAAGCTTTCGGTCCGATAAGGCAGACAGCCATCCAATCGATCGAATCGGGGCTATTTAATGTGCG
AGACTTTGATTAATCTCGCCATCAGTTCGGTTGTTCCCTTGTCATGCGGAATATATGTACATATGTACAGCTATCTGTATCTGTCTGCAATTCAG
CATTATTCTTGAGAGTAGCTGCAGTAATAAATAAGCCATGTTTGTAAGAGCTGAAAATTTGTTCGATTTTCGCTGATGGCGATATCGATTTAGTT
TAGCCGAAATGTAATTTGGCTAAGCAGCCCGGCAAACAATGTGGCCCAATATCGGCCTCGTCAAACAAAGGTCTAGACAAATCGAAAACAAAACG
AACTTCAATATCCCATCTATAATTGAATGCACACACAAAACAAAGCGGATAGAGTTGGAAGACTATTATAATCTGGTCAGTTACATGAGCACCGC
CCGCCCACACACTCCATATCCACAAATATAGCAGATATGAGATAGCACATAGTATATATGGCATATATGGCATTTACCATTACTATTACCCCAAC



CCATCCACACACAAAGGAGAATATTGACAGACACTCAAGTGTCCACAAGCACCCTGTAAATCCAATTGAATTACGCATAAAGGCGCTTAAGCCGA
ACGAAACGAGTCTCTCGATGATGACGACCCATCAAATGTATGATTTCCCTTTAACTTCTGATTACCCGATATTTTATTACGTTTCGTGGTCACGC
CGGCTACTGGGTACCACTGATTTGGTGTAGCTATGGAGCTGTGGCGCATGGATCCCCCAATAATAATCACTTATCGCATATCAGCGTTTCCGCAA
AATTTACATATCGACTTTTACTTGATGCGCCTTTTAATGGCCCACGTCGACGGCAATAAAATATTGAGAGACTGAGCGTGCGGGGGCCTTTGAGT
TTTAACTTATGCATGATTAATACATAATTACAAAGACAAACGCATAAACTCCAACTCAAACTCCAGCTCTAAGTGAGGCCCAAAGAGGGGGGCCG
GACTTATCGCGGTATTCGTGCAGGTATGCCTCCTCCATATAACCATTTGCCACTCCAACGTCCACCACACCACCACTTAATAACTCTAAAAGACA
AAAGGCACTTTTCCCACAGCCAAAGGCAAAGGCAAAGGCAAAGCCCGTGGAGGAGACCACGTCCTGAACCGAGCCAAGCTGCCTAGGTGCCCGGA
GAACTGCAGTGTGGCGGAGCATACTTATACCTGTTATTAATATTTCGATTAGGTACCAACGATTCGTAGAACCTGACGCATGACTTGCATGGCTA
ATGGGAAATTTTGTAACTTGTGACCACGCTGCCCTACAATTTGTGGGTCGTCGGACGGGGTCGTCGGATTGGTCCCCTGATTGATGGAGACAACT
CATCGATTGTGCGGCGAGGACAGGAAGTGTCCCTAAGTGCAGCCGATACATCCTCATTTTCCCATAGATCCTGACAGTAGATTGGAATCTGGGCC
TACCTTCGCCAGGAAATGATATCTAAACTCATGCGTACAACTCGAGATAGTTTCATTCGTGAAAGGAGCATATTTTTTGACCTTTTGGAAGGGTT
TGTTGCGTGATCATTTCATCTTCTCTTCGCAGACACCACCCTTAAAATATTGTTGATTCTGGGAAATGTGATTGTAAGCAGACACCTTTTTCTTC
CTTACTCATAAAGAGGATTTGCGTCATAAAAAAGCAGGTGTACATCTGAGGGTTCCATTAAATGTTTGAATAACACTGTAATAGGATATGCAGCC
TAAATACAGATACAGGTTAGCAATATCTACAACAAAATGTAACATGATGTTTAGGTTAGGTTCTATAATGAATGAATTCAATATAAATTCACTGA
ACAGCAGATTTCTTAGGCAATAGAGTGTGTACTAGTCGTCTCAGATAGCAAAATCCAAGTGCAAGACCATAAGTTTGTTAATGCTGAGCGTGTGC
GTCAAAGATATGAACAGTTTAGTCAAACCGTGGACACTTTCGTGGCTTGACAGACCGCTTTGTAAATAATCGCCTTATGGCCAAGTGCGCAAATT
GCCTGGTCGAAGGAGCAAAAGTAAATGTAGCTAACTGGCGTTTCTTATCTGACTTTCCAGATCGTATTCACCACGTGAACAAAGCGAGTGTGCGG
CTAATGCTAATGCCAGCTCCTTCAGCTAGCTCGCCACATCGCCAGCAGCAGCAACAACAATTGCAGGTGCCCCTGCAGGTGCATCAGTTGCACAG
GAAGCGCCGGACAAAGGGACACCTACACCACCTTCACCATCTCAACCACGAAACGACAGGTCAACTGACAGCGAAGCATGGCGGTGATTAATAAA
GCCGGAAATGTGATTGCCCTCCTGCTGGTTAAGCTTCAGCTAATCCTGCTGTTCACGCTGTCAGTTTCCGGAGAGTTGCCGCAGCTGGACTACGG
CAGCTTGTCCGCATCCCTGGAGGAGGATGCTATTGACCCACTCACGGCGATGGCACCCTTCGCCAACTCCCTGGTCACCGAAGAATCGGCGCAGC
ACAAGAACAACGCCGAGCTGCTTGGCAATAGCAGTGAGGATGAGAATGTGAGACCGCAGCAAGGGTCCTCTTCCTCGGGACTAGGATCATCGGGA
GCAGCAGGTGGATCAGGCATACTGCTCGAGGAGTTTAACAGCGGCAAACTGAGTCCCGGAGAGGCGAGTAATACGCTGCCCATATTCCTCATCGA
GCCGGAGAGCGTGTTCGTGGTCAAGAACCGGCCGGCGGTGCTTAAGTGCAAGGCCTCCCACTCGCTGCAGGTGATCTTCAAGTGTAGCGGCAGTT
CGCAACCACCGCCGTCCACGCACGAAACTCACGTGGATCCGCACACGGGGGTCAACATGGAGGAGGTCACCGCCACCATCCACCGCGACCTGGTC
GACGAGTTCTTCGGCGACGGACCCTTCAAGTGCGAGTGCCACGCGTGGTCGTCGCGTGGCGTGGTCAAGAGTCAGGCGGCCACCGTGCACATTGC
TTGTGAGTACACTGTTCAAAAAGTTGTAGTTTACAAATTTATTATGAGCGAAACCTTATCCTAGGATTTTCGTATCGGAAAAAAAGTTAAAATAA
ATATTTATTCTACAATAGTTAATTTTCCTTACGAATTTTTGTTTCAGTATAATGGCATGCAGTTGAAAATGTAATTTTTGTAGTTAACTTTGCAC
CTTTGTTCGGGGGTGGCTTCCTGTCAACAACTGACCCTCGCTTAGCTTACCCCTATCTGTATCTGAATCTACATCGGTAACCTGCATCTGTCCGT
TTAACCCCCACAGATATTCGCAAGTCCTTCAACCAGTCGCCCACCTCGCTGCGCCTGGAGCTGGGCAGTCGGGCGGAACTGCGCTGCGAACCACC
CGGCGGTTTCCCCGAACCGAAGCTCACCTGGCACAAAAACAACGCGGTCATCACGGCGGACAGCGAGCCGGGGATCACCGTTTCGGCCGGCACAC
TCATCTTCCGCCAGGTGGCCCTGCAGCATATGGCCAACTATAGCTGCAGTGCGGAGAATATCGCTGGCAGACGCGTCTCCGATTCCGCCGTGCTC
ATCGTTTATGGTCAGTACAGATGGGCTTTGGGGCAAATTAAAAATTTATAGGTTTCATGCTGTAAATTCCAGAAAGAAACCCCATTTACTGGGGG
TTCTCGGTTTTAATCATTTTCCATGAAATTTTATTAAATTTATTGCTAATAGAACTGAGGAACTATAATCATTTTACACTAATATACTCTTAAAT
TATATGGCCAAAAATCGCATAGCACCTTAAATGGAGTAGCGAAAAATCATTTGGTATTGCAGGTCGATAAAGCTCTTAATTGTTTTATTTTCCGT
TTTCATCCCACAGTCAACGGTGGCTGGAGCACCTGGAGTCCATGGCGCGAATGCAAGTGTGCGGGCAAGCCCAGCCAGGGAAGGAAGCGTTCGCG
CACCTGCAACAATCCGATGCCATTGAATGGGGGCGCCCAGTGTCCGGGCCCCCAGATCCAGAAGTCCGCCGACTGCGCCGCATGTCCAGGTACGT
TCCTGCGGTCATCCGCAAAATTGTGGGCGCATCGAATTGCGGCCAACACGCCCATTATACGGGCCCATTATATGTGCTGCTGTGGGGTTTTTGGG
GGGAAAATGGGAATGGGAAAATGCTTAAAGGCAGATGTTAAGCAGAAGCCAAAATTGTCAATTTAAATGGTATTTTGCGGCCGGGATTCCAGCTT
GGGCGCCACCTGAAAATCCCCATCTGGTTGCCCCGCTGCTTCTGTCGATACATCTCCCGGAGCGTCGAGAACAACGCGTATTTTTCACACCAGGG
CGGACATGAGGATACCAGGATGGTGTGGAGTGGCAAGGACTGCCCAAAATACAAAGCACTGCACAACGCAAAAGTTCAGGGGGCGTTTCACAAAA
AAAAAAGATGAGAAATAAAAGACAAGATAAGCTTTTGAGGGTCAATGCGAACTAGACATACTCTAAGGACCTCAGTGAATTATCATAATCCGAAA
GGGAGCGGATTTACCTGAATGATGGGAGTGGCATTGGGATTAATTTACAAAGTACAACAGCTGAACGAAATATTTTAATATTAAATTTATTTAAG
ACTAATCCGCATGGTTCTTACAAATTTCTACAGATTTTTATCAGCAATCAAAGTTACTAGATGTCAAAATATTTTCCCGGTTTAAAGTTAGTCTC
ATTATAACTTTTTGACACACCTTATTTCAACAATTAGCGATAACTATTTCTTACAATAATGAGTACATCAAAAAATGCCTATTTCAAGATTAATA
ACTTAATACCCACTAGAACTAAATATAGACCAACCCCAGTACATAGTCAACATGCCCCGACCGAACAATGGTATAATACACTTTTGAGTGAGTGC
TGAGTATTTCATTTTAAACACGCATTCGGTTCCTCGGACCGACGACAGATATCTCCACATGCGAGATGCGTATATAGATGGATAGATTGGGCCGC
CGCCTTTGGCAGTGGGGAACGCCTGCCGCCGGCGTGCCACCGACTAAATGGTGACAAAGGAATGAATCCGGGGGAAGGCAGTCCAGAGACTTGGT
GCGACTCAGCATTGAGGACTGGAGATGTGAGGATGAAATCTGGAGTGGAGTGGCATGGAATGGGTCGGACGGTGGTAGCTGGGGCGCTCTTTTTG
ACAGACGCACGGGCGGCATGTGTTTGAGACTCTTCACTTTTATTCATGTAAATTTATTGTATTGCATTGTATTGTATTGTAGTGCTCGCACAGAT
ACTCACCCACACGGAGATTTCGTAGGATACTTGGCCAGGCGCACAGCGGGCACAGCAATGAGCAATTGTTGACAGACAAGCGGGCCAAATGGGTG
ATGGGAAATGGGTGGGTGGACTACGAGTATATACTGTGCTCCAGAAGGGGGCCTTTCGGTCGTCAAGAGGGGGACGCCATTGTGGGCTCGGGTAT
TTCTTTTCTATGAAAAGTGTGTCATAAAATTAATTTTAAATTTCGCTTGGCTTTCGTTTTTCTTCCTTTTTTTTTTTTGTCCCCGGACGACTTTT
CATCCCCATGGAACCGTGTCAACCTTATGGTCCTGCCGCTGCCACGCCCACCAACGCCCCGTGATTACGCTGTCGCTCTGACGTCCCGTCGTCCT
GACGTCCCGTCGCCATCGTCGCCATCGTCGCCCGCCAACAACAGAGGACACTCAAATCGTGAGCCCTGATGGATTTGACATTTCGTCGAGTAAGC
GCAGTAAGTTGAACCGAAAGCCCGACAATATGCATTTCCCTCAAAGGCTTCCGAGCCGTTTCAGGATCCAATGGGATGGGGCTACTCGAATGGGT
GGATGGGGGTTCCAAAGGATTCAATACATCGACATTGTGTTCGAGCAGTTAAACTTGAATGTTTAACGAGCCGACGACAGTTAAATTTTTTAGTT
GGGGTCGCCTCGCTATCCACTGGGTCCTTAACAATCCAATAAACAATCGTGTTAACCCGAACCGGAGGCATCAGCATCCAACCAACCGTGGCGTC
ATTCGTTTCGGGACTTCCCCCAAAAAAAAATCCTCCGCACTTTAACTGACTTTAACTGAAGTGACTTACTTTGCGACGGGGTAGTTGTTGGTGAC
GTCACTGCGGCAGATAGCAACTTAAAAATCACTTACCACGACTCACGCTCTCTGATTCATGCAACAGTCTGAGTCTGGGTCTGGGTCTAGTTCTG
GGTCTCGGTTTTTGGCTGGGGTCGAAAAGGATACGTCCTGGGATGGGTATTGACAGGCGGGATGGGTTGGGGATCAGGATGCGCACGGCGTGGCA
GCGGGGAAAACTAAATGCCTGGCAATGTGATGATGGCTGGCGACAAGTCCGGAATTTTGTGCGCCCTTTCTGAGGGTGGTTTTATGTTTCCAAAA
CAGGAAGTGCCAAATGCCGATGTATTTATACCAGGATGTGCGCACACTTAGCGAAAAACTAGCCCAGGAACTAAATACATAATTAAAATAAACCA
TCGCAGACATGTGGAAATATGAATATTATTGCAAAAGAAGTAACTTAATGAAAACATTTTGAATTCGATTAAATCAAACCAGAGAAAAGAGTGTA
CACATATGTATTATGTTTATAAAGTAGGCTTGTTAATTGTATCTGTTTTCATTAAGAATAACTTGAATAACTTGAATCGCTTTGAATAGATTCAA
GTCAACTTCTTTTTCTCAGTGCATAGCTGTCGAACATATATTTCAGCTGCCATTGGCATGCATCACACCATGGACATTTTTGGCTTTTTGTTTAG
CTTTCGGACTTTCCGCTTTCTCCCCCTCATTTAGTGGAAATTGAAATAGCAAAGAAAATGCGAAAATAGAAAAGCATTAAAATGACAATCACTTT
TACTCACCCACCCACGCAGAAACCAGCCCAAACCAAACCCCACAAATCAACAGAGGCGTCGTCAGTGGAGTTTTGGGGGTTAAGAAAAAAACGGG
AAATGGGAATCAGGAGTGGAGGAAGACCCACTAATTTTATGGTGGGAACAAACTTTCGATTTCTCCCCATGGACCATCTATTAGACCGTAATTGT
GCAGCCGGAGAAGCTGTGAACAAAGGGGGGGGGGGGGGTTGGAATGCCACGTCCATGGTTGTGGCCCCGATGGTCTTGATATATGACCCGGGGA
GTGCCGCTGTCGGGAATGTGTGCTAAATCATGTTAATATGACTTTTGATTTCTAAACTGCCTGTGCTTTTGCCTCTGCTCTTCCATTTACAGTGG

FIGURE SHEET 400

CCCGCTGGTCGGCGTGGAGTGACTGGAGCATCTGCTCCGCGGAGTGCATTCAAGTGCGTCGCCGGAAGTGCCTGACTCAGGGCCAGACTCAGATT
TCCTCCGAGGCGGAGGAAGCCGGTGATCTGCTCCTGGGAGCTCCCGGAGTGGGCATGGCCGCCCTCATCGCCGCTGCAGGAGTGGGCGCAGTAGG
AAGCCCCAGCGAAGCGACTGGCTCCAGTTCCGACATTATCCCGGGATATGGCAAATCATTGTGCGCCGGAAAAGACATACAAACGGCCGAATGCC
GCGGCGAACAGTGCCAGATTGGCAAGGATGGTAAGTCTGTGCTCATGACTAGGATGAATGCCTGGCAGGATCAACAAAGTAGACAGTTAGACAAC
AATAACAGCAAAGCCGGAGTGCAGCATCCACAAAACCAGAATCCCAGAATCCCTCGCACAAAAGATGAGCACTCAACGCTGATTGTCACAATGGG
AAATTAACCAAGTGCATTTGTTTGTGCACGACCACGGGCTTATTTATATATATATAATGGAAGTATAGATGGTATAGAAAGCATGGCCAGGACAT
TTCACTTTTCACCCCAAAGGACCCCCAGCTGTAAGCTCTCAACTTGCGACTTTCAATCGCCCCAAATGAATCCCGGACCCAATCGAAGAAGGGTC
GCAAATCAATCGCAGCAGCACCACTTGGAATTGAGATTTAAGTGGGGGTCCCACACAAGTCTTCCGAGGGTTTATGTGCTTTGCCAGATAATTAG
GCGTGCGGCAAAGACAGCAGCATCAGCATCAGCATCCACACACCCATTTGCCACCCCAATCCGGGGCTTTTCCCGTGTCATTGTTGCTGTTTGCG
ATTCGATTTTCATCGGCAGGGCGGCTAGAGGGGAAAATTGTGCGATTGACCCAACTCAAACATAGTTTTGTGCGGTCCATGGGGATCAATTAGAT
GGCTGTCACAGTGTGTAATTGAAAGGATCAGGATACACAGGGAGTACCAGGAGTTGTTCGGCTTTTTTGGCAGGTTTGTCCTTTATTTGATTGCC
TGCTGAAAAGTTTTCGAAGAGCTGTGACACTCTGCAGCTTATTTTCGATTTTATTACGATTCGCTAAAGCTCGAGCAATCCGGGCAAATCCCTGG
GGCCACCGATACCTGCGGCTTCATCATGGCCCATTGTCAGCATCTCGTACTCAACCATCTGATATTAAAAGCGTATTTGTCAGACCAAGGAGACG
AATCCCCTTTTGATGTCCCTTGCAGGAGGCA
(SEQ ID NO: 733)

Exon: 1001..1434
Exon: 7661..7873
Exon: 7950..8335
Exon: 8423..8552
Exon: 8849..9130
Exon: 9419..9589
Exon: 11255..11308
Exon: 12823..13307
Start ATG: 7705

Transcript No. : CT20824
GACGCAGTCGCTCGTCGCAGTGGTTGTTAAACTCGAGTTTCGTACTTTCGAGCGCGCGTATTGAAACATAAGTGAGCGATCGTGTGAACAGTGAT
ATAAAGTGCACCGTGTATGCGGGATAGAGATACCTAACCTAGTGCCACACGAAAGTTGAAGTAATACCAGCAGGATATCTACTCAGTTGGCAGTG
AAAAGCGTGGTGAAGTGTTCGGTCATAATGAGTGTGTGAGCGGGGACAAGCTGACAAACTGAATGCGATAAGGTTACAGATGTCCTAAACACACA
GGCACTGGCACACAAGGATTCCCGGGGTCCTGGTGACATGTAACTGGATCCGGATCTGGATACATGTTGGCTCCTAAGACAACAGCCCGCTCCTT
TGCCTATCGTCTGGCCGCACTGCAGAAACGGGAGCAACAAAAGCGAGACACCGGATCGTATTCACCACGTGAACAAAGCGAGTGTGCGGCTAATG
CTAATGCCAGCTCCTTCAGCTAGCTCGCCACATCGCCAGCAGCAGCAACAACAATTGCAGGTGCCCCTGCAGGTGCATCAGTTGCACAGGAAGCG
CCGGACAAAGGGACACCTACACCACCTTCACCATCTCAACCACGAAACGACAGGTCAACTGACAGCGAAGCATGGCGTTTCCGGAGAGTTGCCGC
AGCTGGACTACGGCAGCTTGTCCGCATCCCTGGAGGAGGATGCTATTGACCCACTCACGGCGATGGCACCCTTCGCCAACTCCCTGGTCACCGAA
GAATCGGCGCAGCACAAGAACAACGCCGAGCTGCTTGGCAATAGCAGTGAGGATGAGAATGTGAGACCGCAGCAAGGGTCCTCTTCCTCGGGACT
AGGATCATCGGGAGCAGCAGGTGGATCAGGCATACTGCTCGAGGAGTTTAACAGCGGCAAACTGAGTCCCGGAGAGGCGAGTAATACGCTGCCCA
TATTCCTCATCGAGCCGGAGAGCGTGTTCGTGGTCAAGAACCGGCCGGCGGTGCTTAAGTGCAAGGCCTCCCACTCGCTGCAGGAGGTCACCGCC
ACCATCCACCGCGACCTGGTCGACGAGTTCTTCGGCGACGGACCCTTCAAGTGCGAGTGCCACGCGTGGTCGTCGCGTGGCGTGGTCAAGAGTCA
GGCGGCCACCGTGCACATTGCTTATATTCGCAAGTCCTTCAACCAGTCGCCCACCTCGCTGCGCCTGGAGCTGGGCAGTCGGGCGGAACTGCGCT
GCGAACCACCCGGCGGTTTCCCCGAACCGAAGCTCACCTGGCACAAAAACAACGCGGTCATCACGGCGGACAGCGAGCCGGGGATCACCGTTTCG
GCCGGCACACTCATCTTCCGCCAGGTGGCCCTGCAGCATATGGCCAACTATAGCTGCAGTGCGGAGAATATCGCTGGCAGACGCGTCTCCGATTC
CGCCGTGCTCATCGTTTATGTCAACGGTGGCTGGAGCACCTGGAGTCCATGGCGCGAATGCAAGTGTGCGGGCAAGCCCAGCCAGGGAAGGAAGC
GTTCGCGCACCTGCAACAATCCGATGCCATTGAATGGGGGCGCCCAGTGTCCGGGCCCCCAGATCCAGAAGTCCGCCGACTGCGCCGCATGTCCA
GAGGACACTCAAATCGTGAGCCCTGATGGATTTGACATTTCGTCGAGTAAGCGCATGGCCCGCTGGTCGGCGTGGAGTGACTGGAGCATCTGCTC
CGCGGAGTGCATTCAAGTGCGTCGCCGGAAGTGCCTGACTCAGGGCCAGACTCAGATTTCCTCCGAGGCGGAGGAAGCCGGTGATCTGCTCCTGG
GAGCTCCCGGAGTGGGCATGGCCGCCCTCATCGCCGCTGCAGGAGTGGGCGCAGTAGGAAGCCCCAGCGAAGCGACTGGCTCCAGTTCCGACATT
ATCCCGGGATATGGCAAATCATTGTGCGCCGGAAAAGACATACAAACGGCCGAATGCCGCGGCGAACAGTGCCAGATTGGCAAGGATGGTAAGTC
TGTGCTCATGACTAGGATGAATGCCTGGCAGGATCAACAAAGTAGACAGTTAGACAACAATAACAGCAAAGCCGGAGTGCAGCATCCACAAAACC
AGAATCCCAGAATCCCTCGCACAAAAGATGAGCACTCAACGCTGATTGTCACAATGGGAAATTAA
(SEQ ID NO: 734)

Start ATG: 479

MPAPSASSPHRQQQQQQLQVPLQVHQLHRKRRTKGHLHHLHHLNHETTGQLTAKHGVSGELPQLDYGSLSASLEEDAIDPLTAMAPFANSLVTEE
SAQHKNNAELLGNSSEDENVRPQQGSSSSGLGSSGAAGGSGILLEEFNSGKLSPGEASNTLPIFLIEPESVFVVKNRPAVLKCKASHSLQEVTAT
IHRDLVDEFFGDGPFKCECHAWSSRGVVKSQAATVHIAYIRKSFNQSPTSLRLELGSRAELRCEPPGGFPEPKLTWHKNNAVITADSEPGITVSA
GTLIFRQVALQHMANYSCSAENIAGRRVSDSAVLIVYVNGGWSTWSPWRECKCAGKPSQGRKRSRTCNNPMPLNGGAQCPGPQIQKSADCAACPE
DTQIVSPDGFDISSSKRMARWSAWSDWSICSAECIQVRRRKCLTQGQTQISSEAEEAGDLLLGAPGVGMAALIAAAGVGAVGSPSEATGSSSDII
PGYGKSLCAGKDIQTAECRGEQCQIGKDGKSVLMTRMNAWQDQQSRQLDNNNSKAGVQHPQNQNPRIPRTKDEHSTLIVTMGN*
(SEQ ID NO: 735)

Name: UNC-5 like protein
Classification: cell_adhesion

Celera Sequence No. : 142000013384585
TATATATTTACGATTAATTGTGTAATGAAAAACGTATTTTATATAAACAAAGATATATCAAATAAAACTAAAACTTAAACATAGCGATCGCCTTA
CCTGTGGACCGATTAATGAGTCGAAAAGTAATTTTATAATATTTTTTATTTAAGTTCCTTTCCATTTGCGATTTCAGTTTTGTTTTGGTTACGAA
AAAAACTTACAATTACTTTGTTACGAAATCTTGTTCTCAGTTTTTTTTTCAATGAAGTGACGACGATGACTGGTTTAGTCATTAAAACTACAAAA
TAGTAGGAAGTTGGTTTTTATTTATATTCTTTTTTTCTTTTCTTTTCCTTTATATATCAGCACTATACTCGTAATTGCCTTTCTTTAAAATAACA

AATTTCGCTGTGGTGGAGCCTTTTTAATGTTCAAGTCTAAAATCATTATTAGTGAAAGGTAGTATTTGACCAAAAAAACAAATTTCGAACGCTTA
AAAATATCACATTAAAAAATCAAACCGAATCCGATTTCATATATAAATAACACAAATTTATTTAATTTTGTTTTGGAATTTGGAATAGGTTGTCT
TAAGTTTTGTATACATAGATTTATTTCGTTTTTCGTTTACCACTTCATTTTTAGTCTTTTGTTGTTGAGAATTTTCCTTGCTGTGGCCAGTTTTT
TTTTTTTTTTTTGAATGAAAATCATCTTTTACGAAGTTTACTGCCCTGACATTGGTTGCATTAATATTACGCATTACGCATTAAAATAGGCTTTT
CTCTTTACTCGTTTAGCTCCATTTTCACTTAACACTGTACACATATAATGTAAACTAATTGTATTTATATTTATTATGCAGTTGAATAGTTTATA
GTTTAATATGTCAATGTGCAATTCATGATGCAGTTTTTCATCGAATGTGACTCGTTACAATGTTTTCGGTTGCTAAGCGAATTAAAAACAAAACT
AGTTTCCGAAAAATACAACTCAAGAAATCTCCAAATGTTTTTTTTTTTTTACAACTTCTGTATTAACGTGATATAAATATAGACTGAATTTAGAT
TGGATTGGATCGACTGGCTGTTGGCGGTTGCTTTTCGTGTTACGGTAGTTGTTACTGTTAATTTAGTAGTTATCGTACTTTAATATATATTTATA
AAATAGACTTTCTCCGTTGCAAGATGCGAATTTTCGTTTCTGTTGTTGCAGTTTTCGGTTTGTGGTACATGCACGTTGCCAAAACTTACGCATCA
TGTTGCGTACCTAAAAGACAAGCACACAGATTACTAAGTTTGTTTACTCGCTTTTCCAGCGACAACTCACCTTTTTGTCCAGAGACGCGCAATTC
GATCGTGCTCCTCACGATTCTGCAAATATTGCGTGGCAATGCTGCCCACCAGCGGATCGGCTGTAAAGACACATGATATAAACATGAGATCATAT
TTACTACAGTCCTAGGAAAAGTTAAATCAAAGTGGAGAACACGACACTGTATATCAAAGTCTAAAAAAAATAAGTCTCACCTGGATTACAGTCTG
TGAGCAGGGAGCAAATTGACAGCAAGACCTTTGATATGGTCAGCGCCGGCGACCAGTTGTCCTTGAGTATGTCCAGGCAAATGACGCCCTGGCTG
TTGATGTTGCAGTGATAGATGCGCGTGCGGAACGTGACTTTGGGTGGCTTGAAGGGATACTCCGGCGAGAAGTGTATGTCGAGGAAGAAGACGCC
GCCCTCGTAGACGGATCCGGGTGGTCCCAGTATGGTGGATACCCACTCGTACAGGTTGTCGCCCTTGGGCCCGGCACTGCAGTTGGGCGGTGGGT
CCAGTGTGATCTCAGCCAGCTCCTTCTGTATGCGCTTGGCCGAGGTGCCCAGCGCCCTGGATATCCTGGGCGTTGTTTTGGCTTCCTTTCGCGGC
TCATCTCCGCCACCGGCATTGCTCCCGGAGGCACCACCGTTGGCGTTGCTGCCCCTGCCGCCACGTGCCTGCGGAGTTCCGGCAGTCGTCGGCTG
GCTGGTATTGCTCACGTTGCTGGCCGTTGTGCTGGGTGCACTGGGCGCATTTGAGGTGGCACTGGAGGTGGCCACCTCGGCGGCACTGCCCGCTG
CTGGGGTTGAAGACATTTTTGGTCTCGTTTCTTCGAACTGAAATGAGTATTTTGATGTTTGGTTAGATAATGGTTTATGTAAACGATCCACTATG
TTCAGCAGGGAATTTCCATAGAAAACTGGTGAAATATGAAGCCAAAGCCTACTTGGGATTCACATTTATTTTTAAAGGGAAATCCCTTCTTGCCT
GCACTTTGTGCGTACGAATGTAGTTGATGTGAAAAGTATGGCCAGTGGAGTCGGCAATTATACGCGAATCTTGGACGGGGCTTCCCCAGGGTCCT
TGACCTGGTTTTCCACCCAGTTTGTGCCCCTTTATGATGACAGGGGTTTGCTTTTTTTCGCACAAACGCACGCATTTCTATTGAGCAGCGGCCAT
TTTGGCAAACCCCCGACAGTAAAAAGTGGGTTTTGCATGGGATTCGTTGTCAGGCCAGTGGATGCTGGACAGGATTAGGTGATAGCTGGACAAGC
ATTTGCCCCCAAAGTTTCGAGAGCATGTGCTGGATGCCGCAAAAAATCAATCAGCAGACATTTGCAAAATGCCGCCGCCGACGGCGGAGGATGAT
GATGACGGTGCTGACTCCGCCGCCTGCAGCTCGATTGCACAATTTCGCGGAATTTGGACGCTGATTAGGTGGGGTCTATCTTGGGACCAGCCCGT
GAAGCACTATACACACCTCACTATTGCAGTTTCTTTCACTTTTTTCTATCACAACACTTGCGAAAATGATTCTCCCTGTGTCGCCTGCTGCCCTC
TCGCTCGCACTCTCGCGCACACGGCCTTCGCAGTGGATGCACGGCTGTTCCGCTGGCGTCCTTGGTGGGTGGCAGTGTCGGCGCTCCAAACTCCT
CGGCGGCTCACGGTCGCGATCGTTGTTATTTCGCTAAATTACAGTTGGCAAATTACGAGGCGACGCAGAGCCGACTTTATCTTTGTTAGAAACTC
GATAATTTGTATGTTTGTAGCCAGCTATCGGTCCGGGTCCGTCTCTAGGTGCTCGCGCTGTCCGCTCATCCTTAGCGAACTATCGATGTTCGGCT
TCTGGCAACCGTTTTTTGCCTTTTCTAGCACTGTGGCAACTCGGAAGCGGATACCATAAAAATAATATTCAAGTATTGAAATCTAACTATTTCGT
AAATGAAATAAAAAACAAGAATATTTACACCATGTATAATACACTTTGAATACCTCTCTGCTTCACCCACTTCGATAATTTAAGTGTAACACCCC
AGATGTAAAATCTTTCAATATTTACTTTAAAGTTTAAACTAGTTTTGTATTTATAAAAAGTTTACAAGTTTTGGGATTACTTCGTCTCCGCTTCT
TCCGCTAGCGCCTTGCGAGATTTGAATACGCGCACCGTGTTGTCGACACCACCAGATACAATGTACTTGGGATTGGACCAGTCGATGTCCAGGAC
CTTTTCACCGTGACCCAGAAGATCGTACAGTGGGGCCTTGGGACTCCTGCAGTCCCACAGCTTGTTCTGGTTGTCATAAGCGCCGGAGACAAATA
GGAACTCCTCCGTGGTGGACCACATGACGGTCTGCACCCAGGCATTGTGTCCCAGATAGGTATTCCTTACCACTGATCCCTCTGAAAGATCCGAA
TTATATTGGTTAGGTGGAAGTTCCATTGTTGATATTGGAGTATTAGATCTTACGGTTTGTCCTAGGATCATAGAGCCGCAGATTCTTGTCCGCCG
AAGCAGTCAGTATCAGCCGATTCAGCTTTGAGTAGCTCGCATCGAATATGGACTTGTTGGTGGATATTTCGGTCTTGATGCCCTCAAGACTCAGA
TCCCACACCTTGAGTGTGTGATCCCAGCTGCCAGTTAGCAGAGTGGTAGCATCCATCCACTGCACGGCTGATACGCTCTCACGATGTCCCTGCAG
CGTAATTTTGGGGGTCTGAAAGGAATTGTAAAGCTGATTACAAGTCTAATTATAAATGGCAAGACTACT
(SEQ ID NO: 736)

Exon: 3059..2772
Exon: 2127..1506
Exon: 1390..1306
Exon: 1245..1001
Start ATG: 2106 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT20873
TACAAACATACAAATTATCGAGTTTCTAACAAAGATAAAGTCGGCTCTGCGTCGCCTCGTAATTTGCCAACTGTAATTTAGCGAAATAACAACGA
TCGCGACCGTGAGCCGCCGAGGAGTTTGGAGCGCCGACACTGCCACCCACCAAGGACGCCAGCGGAACAGCCGTGCATCCACTGCGAAGGCCGTG
TGCGCGAGAGTGCGAGCGAGAGGGCAGCAGGCGACACAGGGAGAATCATTTTCGCAAGTGTTGTGATAGAAAAAAGTGAAAGAAACTGCAATAGT
GAGTTCGAAGAAACGAGACCAAAAATGTCTTCAACCCCAGCAGCGGGCAGTGCCGCCGAGGTGGCCACCTCCAGTGCCACCTCAAATGCGCCCAG
TGCACCCAGCACAACGGCCAGCAACGTGAGCAATACCAGCCAGCCGACGACTGCCGGAACTCCGCAGGCACGTGGCGGCAGGGGCAGCAACGCCA
ACGGTGGTGCCTCCGGGAGCAATGCCGGTGGCGGAGATGAGCCGCGAAAGGAAGCCAAAACAACGCCCAGGATATCCAGGGCGCTGGGCACCTCG
GCCAAGCGCATACAGAAGGAGCTGGCTGAGATCACACTGGACCCACCGCCCAACTGCAGTGCCGGGCCCAAGGGCGACAACCTGTACGAGTGGGT
ATCCACCATACTGGGACCACCCGGATCCGTCTACGAGGGCGGCGTCTTCTTCCTCGACATACACTTCTCGCCGGAGTATCCCTTCAAGCCACCCA
AAGTCACGTTCCGCACGCGCATCTATCACTGCAACATCAACAGCCAGGGCGTCATTTGCCTGGACATACTCAAGGACAACTGGTCGCCGGCGCTG
ACCATATCAAAGGTCTTGCTGTCAATTTGCTCCCTGCTCACAGACTGTAATCCAGCCGATCCGCTGGTGGGCAGCATTGCCACGCAATATTTGCA
GAATCGTGAGGAGCACGATCGAATTGCGCGTCTCTGGACAAAAAGGTACGCAACATGATGCGTAAGTTTTGGCAACGTGCATGTACCACAAACCG
AAAACTGCAACAACAGAAACGAAAATTCGCATCTTGCAACGGAGAAAGTCTATTTTATAAATATATATTAAAGTACGATAACTACTAAATTAACA
GTAACAACTACCGTAACACGAAAAGCAACCGCCAACAGCCAGTCGATCCAATCCAATCTAAATTCAGTCTATATTTATATCACGTTAATACAGAA
GTTGT
(SEQ ID NO: 737)

Start ATG: 310 (Reverse strand: CAT)

MSSTPAAGSAAEVATSSATSNAPSAPSTTASNVSNTSQPTTAGTPQARGGRGSNANGGASGSNAGGGDEPRKEAKTTPRISRALGTSAKRIQKEL
AEITLDPPPNCSAGPKGDNLYEWVSTILGPPGSVYEGGVFFLDIHFSPEYPFKPPKVTFRTRIYHCNINSQGVICLDILKDNWSPALTISKVLLS
ICSLLTDCNPADPLVGSIATQYLQNREEHDRIARLWTKRYAT*
(SEQ ID NO: 738)

Name: Ubiquitin conjugating enzyme 2
Classification: enzyme
Gene Symbol: UbcD2
FlyBase ID: FBgn0015320

Celera Sequence No. : 142000013384588
AGCGACACGTGATCACCACCCAGACGGAGCACAAGTGCGTGCTGGACTCTTGTCGTGCTTTAGAGAACGAGGGCTTTAAAGTCACGTACCTGCCA
GTGCTGGCCAACGGACTCATCGACCTCCAGCAACTGGAGGAAACCATCACATCGGAGACCTCGCTGGTGTCCATTATGACGGTGAATAACGAAAT
CGGCGTACGGCAACCCGTCGATGAGATTGGCAAACTGTGCCGGTCTCGCCGAGTATTCTTTCACACGGATGCCGCTCAGGCGGTGGGAAAGGTCC
CGCTGGACGTTAACGCCATGAACATTGACCTGATGTCTATATCCGGCCACAAAATCTACGGCCCAAAGGGTGTAGGCGCCCTGTATGTCCGACGA
AGGCCGAGGGTTCGCCTCGAGCCCATCCAAAGTGGCGGCGGCCAGGAGCGTGGCCTAAGGAGCGGAACGGTTCCAGCCCCGCTCGCCGTGGGATT
GGGAGCTGCTGCGGAACTTTCTTTGCGTGAGATGGACTACGACAAGAAATGGGTGGACTTTCTATCCAATCGCCTGCTGGACAGGATTTCAAGTG
CCTTGCCGCATGTCATCAGGAATGGTGATGCCAAAGCCACATACAATGGTTGCCTGAATTTGTCGTTTGCCTATGTCGAGGGCGAGTCACTACTG
ATGGCTCTTAAGGACGTGGCCCTGAGCAGTGGGTCCGCCTGCACCTCCGCCTCCCTGGAGCCCTCCTATGTTCTGCGTGCCATCGGCACCGACGA
GGATCTTGCCCACAGCTCCATACGCTTTGGCATCGGGCGCTTTACCACCGTCGAGGAGGTGGACTACACCGCCGATAAGTGCATCAAGCATGTGG
AGCGACTGCGCGAGATGTCGCCGCTGTGGGAGATGGTCCAAGAGGGCATCGACCTAAAGACCATCCAATGGTCGCAGCATTAATGTACTAATATT
TAAGCCGTTACTGTTACACCACACTTTGAAAGCGAAGGGAAAATAAATTTGTTGGAAGAGTATCTAGGTTTATTTGTACACAAAACCACTTATAA
CTAAGCTTAGTCCGAACGAATGTGCTTGTGTAAGAGGTGAGGCAAGAGAGACCCCAAAAAGCGAAAACGGCTCAAAGTGCGACGGCCAATGATAT
GCAAATGATGCAATAATTTGCATTCGCCGCTGGTCAAGGTTCAGTTGGCCTTCTTCTGGGGTGAGCCGCTGGATCCACCGCCCAGGATCTTACGG
CGCTGGGCGAACATGTGCAAGTACAACTGCGGGAAGATGGGGATGTAGCCGAGCATGACGATCCACAGGAATCCAAAATACGAGAAGGTGGCGTT
CCACTTGTTGGGCATCACCACACTCCACACGCTGTTCTCACGGGCATAGCTCTGGGCCCACCAGAAGCACAGCAGCTCCCCAGTCACGCCGATGG
GATACAGGACAATGAATGTGGTGTAGCGCAGGAACACCACAAAATGCGGCACCACCTTGACGATGTTCAGAGCGTAATATCCATATCGGATGATC
TCAGTGATGGCCCAGGCCAGCAGGGCGATGGGCAGACCGGGTGAAACCTTTCCAGTAGGCGTGGCCATCACCACGCCGACGACCACCATCATGCG
GCTGAACACCTGGAAGCCAGTGACCACCGGGTTCGACTTGACCAATCCAAAAGAAGCATTGAGTATCTCCACGAACGCGGCATTCTGGAAGATGA
TCACGGCCAGCCGAGTATACTCCCACAACGTCACCTGGGCACGGAACTCCGGACCCTGCAATATGTAGTAGTTGACCAGCTGCCACAGGATGTAG
CTCCATCCGACCACCTGGCCGGCGTTGTACGCAAACAGGTACAATTTAGTGACCGCCGACGGCTCCTTGGAAGCGCCTGGTTTGCTGGACTTGGA
CACTGCCTTTGCTGACATGTTGGAGCGGAGATGTGTGAACTTTCACCTTGCCGATCGCCGCTGGTTAACTAATCAGTCGTCACAGTCTTATCGCC
CTGTAGCGCGATAATTCCGAAGTCGCTTTCACCTGATTGGGTCAGTATGACCGCACGGCGACCACACAAAAAATACCAAAAAAAAGGGCTAAGAA
ATATATATAACTATTAAATACCCTTCCATATAATATCTTTTATAAATAAAAACGCTTTGATATCGAAAATTGTTCATTTAATCATTTGTAAATTA
ATAATCATTTAATTAAAATTTCTTGATATAAAATTTCATTCGCCTTTATTTTCTCTGAATTTTGTTTTTTGCTATTCACAATTTTTCCAACGAGT
ATAAATAAAAGATGAACTTCATTCTTTCAAAGTCAACGGGTACAAAGTGCATAGCCTTATAACCTTTCCTCTATTCACAGATCGCAAATCTAAGT
TAACAATGCCACAACCATTAGGCATGCTTAGCAATTAAGTCGTTTTTATGTGCAAAGTTATTTCACTTAAGTTAAGTTAAGTCTCAAAACGTTAA
AATTCTTTGAAAACTATGATTTTAAATCCTATCAACTTACTTTAAAGCTGAATTACCGTTTCTTATGTTAGTACAAATTAAAGTAAATAAACTAA
ATAATAACACAATTTATATTTCTTCGAAAATATTCTTAGTATCATTAGTAAAACTATAATAATTTTTAATTATAGTAAAAATTAATACCTATCAT
ATATATTCTTTCTTTAATGTATAGTAAAGCATGGTTAAGAACAATGGATAATGGGTGGTTATGAGCCGACATATAAAAATTTATCGCTAACGACA
AGGTGGAGAAATCAATTTTTTTGATAAGAACTAGCCCATTGTACGCTTTGCATTTCTAACCACATTTCGCTTAAAGCAGCCCACTGTAGGCGGCA
GCTGACGTTTCCCAGCGAACGACGGCTGGTTTGCGCGATGAGCCAGCAAGGCAGCTAAACTTTCTGGTCGCCTGGTGGAAACCGAACCGAAAACC
GAACGTGTCTGAAAAAGTCCGCCACCACCACGGACCGGTGCACGTCCCCACCTGCCAAGTCGCGTGTGTGTGGTGTTGCCTGTGGACCGACCCCA
G
(SEQ ID NO: 739)

Exon: 2041..1001
Start ATG: 1918 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT20927
ACTGACCCAATCAGGTGAAAGCGACTTCGGAATTATCGCGCTACAGGGCGATAAGACTGTGACGACTGATTAGTTAACCAGCGGCGATCGGCAAG
GTGAAAGTTCACACATCTCCGCTCCAACATGTCAGCAAAGGCAGTGTCCAAGTCCAGCAAACCAGGCGCTTCCAAGGAGCCGTCGGCGGTCACTA
AATTGTACCTGTTTGCGTACAACGCCGGCCAGGTGGTCGGATGGAGCTACATCCTGTGGCAGCTGGTCAACTACTACATATTGCAGGGTCCGGAG
TTCCGTGCCCAGGTGACGTTGTGGGAGTATACTCGGCTGGCCGTGATCATCTTCCAGAATGCCGCGTTCGTGGAGATACTCAATGCTTCTTTTGG
ATTGGTCAAGTCGAACCCGGTGGTCACTGGCTTCCAGGTGTTCAGCCGCATGATGGTGGTCGTCGGCGTGGTGATGGCCACGCCTACTGGAAAGG
TTTCACCCGGTCTGCCCATCGCCCTGCTGGCCTGGGCCATCACTGAGATCATCCGATATGGATATTACGCTCTGAACATCGTCAAGGTGGTGCCG
CATTTTGTGGTGTTCCTGCGCTACACCACATTCATTGTCCTGTATCCCATCGGCGTGACTGGGGAGCTGCTGTGCTTCTGGTGGGCCCAGAGCTA
TGCCCGTGAGAACAGCGTGTGGAGTGTGGTGATGCCCAACAAGTGGAACGCCACCTTCTCGTATTTTGGATTCCTGTGGATCGTCATGCTCGGCT
ACATCCCCATCTTCCCGCAGTTGTACTTGCACATGTTCGCCCAGCGCCGTAAGATCCTGGGCGGTGGATCCAGCGGCTCACCCCAGAAGAAGGCC
AACTGAACCTTGACCAGCGGCGAATGCAAATTATTGCATCATTTGCATATCATTGGCCGTCGCACTTTGAGCCGTTTTCGCTTTTTGGGGTCTCT
CTTGCCTCACCTCTTACACAAGCACATTCGTTCGGACTAAGCTTAGTTATAAGTGGTTTTGTGTACAAATAAACCTAGATACTCTTCCAAC
(SEQ ID NO: 740)

Start ATG: 124 (Reverse strand: CAT)

MSAKAVSKSSKPGASKEPSAVTKLYLFAYNAGQVVGWSYILWQLVNYYILQGPEFRAQVTLWEYTRLAVIIFQNAAFVEILNASFGLVKSNPVVT
GFQVFSRMMVVVGVVMATPTGKVSPGLPIALLAWAITEIIRYGYYALNIVKVVPHFVVFLRYTTFIVLYPIGVTGELLCFWWAQSYARENSVWSV
VMPNKWNATFSYFGFLWIVMLGYIPIFPQLYLHMFAQRRKILGGGSSGSPQKKAN*
(SEQ ID NO: 741)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384588

GCGTACTCAGTGGCGGTGAGATCGGCATCACGATGGTCCAGTTGGTCAGCGGGTTGCTTATTGCGGAGCAGGATTGGCCCGTGTTCTTCTATCTG
GTTGGTGGAGGAGCCGTGGCCTGGTTCTTGGGATTTGTAAGTCTATACGAAGTCTAAAGTCATGATAATCATAGTTTAAACCAATTTGTTCCCAA
GACCTTAGTTTGCTATAGCACTCCGGATCATTGTCCGTTTATTCAGAGCGAAGAAAGGGAATACATAAGGTGCAATACTAGCAACTCCTTTTTGT
TGACCACTGGCAGAGAAAGAGAGGAGATGGACGGGGAAGATGGATATGAAGGTGAGGATAGGGAGCACCGCAGAGAAGTGGAAGCAACGTGCAAC
ACTGCACCTTGGCGGAGCATGCTTAACAGCACGCCACTCTGGGCCCTGGTTTCCACCTCCATGCAGCAGGAATTCCAACAGAAATTGCCCCAGGA
GCTGCAAATTGCGCTAGAGGAAGTAAGAGCCCGTGGCACCAGTTTCTCAGAACTAACCACCATCATCGAAACGATAGCACCGTCCGTTGGAAACT
GGATAGCTTCACTGACAACAGGGCGGCTGAGCGACGTGCTAATCGAGCAGCAGATTCTCACGCGCACTCAGACACGCCGCCTCATGTCCTGGTTG
GTCTTCCTATGCGGATCCATGTACATGCTACAGATCAAGATGAGCGGAGCACGAATCTGGAGCGTTCTTGGCATGGGAGCCTACTATGCGAGCAT
TAAGCTGCTACCGCTGGATATGAGTCCCAACTATGCTGGCACTTTGATGGGCATTTCGGGCGGCATGGGCGCGCTTCCAGCACTTCTGATGCCCT
ATCTGGAACAACTGGAGACCGACTACAAGCTGGTGAGCAGTGTGAGGGCCGCCATGTGGGTAATCGGCGCCAGCTACATATCCGGCGATGTCCAG
GCGTTTAACCAACCGGAACGGGAGCCACAATGAGGAGACTTGCTTGTTTTAAGTTTAATCTTACGCTTAAACATAAGCTACTGGATTTGTCTTAG
TGGATTCCTTAGGCAACAGATTCTAGTTTACATATGTACCATAATACATGACAATTTCTATGCTAAAGCTAGGAGCATAAACGTAAACAAGCTTT
ATATATATATATATAAATAACAGGTATGGTCGATATTAACTTAATTAGAGTAGGACTGCTGGCTAAATGCTCCGCGCTGGCTCTTATTTTCTCGG
GATATCAATCCCAACACACACCGGTTTCATACTCTATGCAACGCCCTGGGCCATCAATCCGGATTGGGCCATTGCCGACACTGAGTTCATGTCGA
TACCCAGCTTTTTGGTGACGTTGATTTGGGCCACTGCCGCGTTGCGCAGCGAGTAAACGTGCACCAACTCCGCCTGACTCTTGGCATAAAGCAGT
GCCTTTTCAAAAAGCTCGACGGCCCGTGTGAGTTGCGCCCGCTGAACTTCGACTGTTCCGAGTGTCTCGTAGGCCAGCTCGCATTTGGGATCTAC
TTCGATCGCCTTGTTGAGCAGCTGGACAGCCAAATTAATGTCTCCGCGCCACTGAAGCACCATGATGGCCTGGTGAACGATAAGTGCAGGATTTG
TTGGCGCCAATACCATGGCCTTTTTGTAGTATTCCTCCGCCTGGGTAAACTGTTGCTGGTCGGCCAACACCTGAGCCGTTAGACTATAGCACTCA
ACGCAGCTCGGGAAACGCTCGATGGCATTTTGGAAGGTGTGCATTACGCTCTCCAAGCGCCGCTGGTCGCCGGCCAGGAGGGATAGTCGGTACTC
GGCATAGCACTTCTGGACGAAGGCGATGGCGTGGTTGGGTGCAATGCTCACCGCCTTTTCGAACTCGGCCAAGGCGGGCTCTATCTGCTCCAGCA
GCAGAAGTATCTGGGCGCGCTGGTGGTACACATCTGGGTTCTCTGGGTTCAGGCGTTCCGCCTCAGCAAAATCGGCTATACCCTTTTCGCGCTGA
TCCAGCTGGATGTAGAGAGCTGCCCGCTTTATGTAGGCATACGCACGCAAGTTGGGATCAGCATAGTCTGTAGTGAAATAAAGTTAATAGAATAG
AAATCAAAAAACAACTGAAGAAAACCGACTAATTAATGAATTAAACTTAAACAAATTCTTACCATTAGCTATAATAGCATCAAAGTCCTGCTGGC
TTTCTACATAGGAGCCGCACAGCAGATGGAAAGTTCCCCGCATAAGCAGAGCCTCCACTTTGTACTGTGCTTCGGCCTCGGAGGATTCGATCTCT
TCGGTGCAGGCGGGAATAATTTCCTCGTACTTCTCCTCGAGGAAAGCGAGGTGGGCGCGCAGGAAACCCTTTGGGGGTGCATCGGATTTAGGGGC
TGGGACTTTCATGGTCTGCAGCGGATCCGCGATGAAGGAACGCGTGTAGGTGTTTACGAAGCAAGCCGACGGCACGACTGGCACCCGATTGCGCA
TACCCTTCTCGGCGTCCAGTCGGCCGGTCTCCTTGAGCACACGGTCAGCGAACATGATAGTTTGATTATTTTGGAACATCTCCAGGATACAGGTG
GCTGTGACATCGTCCAAGCACTCGTTCATATCCTTGGTGGCTTCGTGAGCACGGGCACGACGATAATATGCCTTGGCGTAACGAGGATTGAACTC
CAGCGAGGCTGTGCAGTCCTCCTTGACGTTGGACCACTTCTTGAGCATCTCGTAAGAGGCGGCGCGGTTCTGGTAGAAGATGGCCATGTCAGTGC
GGTGCTCCTTGGGACACTTGTCGATGGCCTTGTCATAGAATTTAATGGCCTCATCGTACTTCCCATTCCTGTAGCAGTTGTTACCCTCCGTCTTG
TAGTTGTTGGCCTCCTTAAGAGGCGACAGCTTCTCGCCCAGCTCAGCGGACTTTTGATTGCGCTCTAGCTCCTGGTCCGGTGCGGTCCGTCCAG
GGAGATGGCCTGCTTCTCGATCTTGGCCTTTGGTCTCTTCTTCTCCCCGTCCAACTCCTTGGACGCAGCCGTCCAGCTCTTCACCGCATAGGTGC
CCAGTCCAATGGCCAGGGGAGTTCCAAGGATGAGCGCCAGCTGCCACTTTGTCAGCTTCATCGAGCCAATGTTCAGAGTCATCGCCATTGAGCCG
GTCTTTTTATGGATGTGTGTTATGTGTGATGAACTGCAAGAAAAGAGCTGAATCAGTTTGGGTGCCGCCACAAATTGTGTAATACTCCGCTGGCT
TATCGCTCAGCGCCTTTTGAGCTTGCTAAATGCCGGGCGGGGGGCACGTTTCTGCAGTACCTAACCCCCAACCCAATTGATTTTTCACACCCCCA
ACTGGCCGGGATGTGAATCAGTGCAGTCAGCGAACGGAACTTACACTTTTTTAAAACTTTACACTGCTGTGAATTTGGCAATTGTTAAACGTCGA
TTGTTCTATTTTCAGTTAGAACTCGGGAAACTTAGATTCTATTGTATATCAGCCTGCTGAGCACACGACATCGAAAAACGATAGACATCGATAGG
TATGGAGTAATAACGGCACTGCGAATGCTTATTATGGAAGAAGAAGATCAGTGAGAGAATAAATTGTGTGAATAGTTTAAAAAAAAACTAAGGAG
TTCGAATATGATGTATTTGTAATAAAGCCTGAATTTATACTTTACGAATACTGTACGAATAAATATTTTAGATCTCTATATTACATTCTATCAGA
CCGAAACAGAGTTCTTAAATTTTAAAATCGGTTTCATCCACTTTACAAATTGAAATACAAATGCATTGTAATATTACAATCAATGTATTTATAGG
AATTCACTAGAATACACGGACAGCCTATGGGTGATTCTCCTCATCTGTGCTGGAAGTTGGAGCTGGAGCAGGAGCAGAAGCGGAACTGGTAGTCG
ACTTATCGGTTTCCGTAACCAAGATCTTGTCCAGATTCTCCAGTTTAACTAGGCCCTGGGAATCGGCGTTGTGGATGAGATCACATATTGTGGGC
GACTCCACGACCAGGATATACTGGCACGTCTTCGGCTCAAGCAGGTACATGGATACAGCGGTGCCGCTGTTCGTTACAGGTGTGCAGGTTAACTT
CACGTCCACTTCGCGGGGCACTCCAATCTGTTCGCAGTGGGTTCCCTTGCCATAATGGTGCCAGATGGATGTCGTGAAGCCGGAACGGCGTGCAC
CCTTGTCCGGGTTGGCGTTGGACCAAGCACGATGCGCTTCCTCTGAGAAGTAGCCAAGAAAGAGCTCCACTTCGCTGGTCTTATCTTTGTGGAAC
TGACGCACATGTCGGCCATAGCAGAACTCGTACTTCCACCAGCCATTGCCCTAAAAAAAAGAGTATTATTGAAGCAAATGCATGGGTCAGCTGCA
TGTTATTCCTACCCCAGTTAGGCAGTTCTTGCCCGATATAAAGTCCTTAAGGGGCGTCAGATCAGTGATGGGTGTTGGTCCAGTTTCAGAGGCTG
CTATAGACAGCAGGA
(SEQ ID NO: 742)

Exon: 3480..3370
Exon: 3122..2153
Exon: 2062..1001
Start ATG: 3122 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT20965
TCAGCAGGCTGATATACAATAGAATCTAAGTTTCCCGAGTTCTAACTGAAAATAGAACAATCGACGTTTAACAATTGCCAAATTCACAGCAGTGT
AAAGTTTTAAAAAAGTATGACTCTGAACATTGGCTCGATGAAGCTGACAAAGTGGCAGCTGGCGCTCATCCTTGGAACTCCCCTGGCCATTGGAC
TGGGCACCTATGCGGTGAAGAGCTGGACGGCTGCGTCCAAGGAGTTGGACGGGGAGAAGAAGAGACCAAAGGCCAAGATCGAGAAGCAGGCCATC
TCCCTGGACGGCACCGCACCGGACCAGGAGCTAGAGCGCAATCAAAAGTCCGCTGAGCTGGGCGAGAAGCTGTCGCCTCTTAAGGAGGCCAACAA
CTACAAGACGGAGGGTAACAACTGCTACAGGAATGGGAAGTACGATGAGGCCATTAAATTCTATGACAAGGCCATCGACAAGTGTCCCAAGGAGC
ACCGCACTGACATGGCCATCTTCTACCAGAACCGCGCCGCCTCTTACGAGATGCTCAAGAAGTGGTCCAACGTCAAGGAGGACTGCACAGCCTCG
CTGGAGTTCAATCCTCGTTACGCCAAGGCATATTATCGTCGTGCCCGTGCTCACGAAGCCACCAAGGATATGAACGAGTGCTTGGACGATGTCAC
AGCCACCTGTATCCTGGAGATGTTCCAAAATAATCAAACTATCATGTTCGCTGACCGTGTGCTCAAGGAGACCGGCCGACTGGACGCCGAGAAGG
GTATGCGCAATCGGGTGCCAGTCGTGCCGTCGGCTTGCTTCGTAAACACCTACACGCGTTCCTTCATCGCGGATCCGCTGCAGACCATGAAAGTC
CCAGCCCCTAAATCCGATGCACCCCCAAAGGGTTTCCTGCGCGCCCACCTCGCTTTCCTCGAGGAGAAGTACGAGGAAATTATTCCCGCCTGCAC
CGAAGAGATCGAATCCTCCGAGGCCGAAGCACAGTACAAAGTGGAGGCTCTGCTTATGCGGGGAACTTTCCATCTGCTGTGCGGCTCCTATGTAG
AAAGCCAGCAGGACTTTGATGCTATTATAGCTAATGACTATGCTGATCCCAACTTGCGTGCGTATGCCTACATAAAGCGGGCAGCTCTCTACATC
CAGCTGGATCAGCGCGAAAAGGGTATAGCCGATTTTGCTGAGGCGGAACGCCTGAACCCAGAGAACCCAGATGTGTACCACCAGCGCGCCCAGAT
ACTTCTGCTGCTGGAGCAGATAGAGCCCGCCTTGGCCGAGTTCGAAAAGGCGGTGAGCATTGCACCCAACCACGCCATCGCCTTCGTCCAGAAGT
GCTATGCCGAGTACCGACTATCCCTCCTGGCCGGCGACCAGCGGCGCTTGGAGAGCGTAATGCACACCTTCCAAAATGCCATCGAGCGTTTCCCG

AGCTGCGTTGAGTGCTATAGTCTAACGGCTCAGGTGTTGGCCGACCAGCAACAGTTTACCCAGGCGGAGGAATACTACAAAAAGGCCATGGTATT
GGCGCCAACAAATCCTGCACTTATCGTTCACCAGGCCATCATGGTGCTTCAGTGGCGCGGAGACATTAATTTGGCTGTCCAGCTGCTCAACAAGG
CGATCGAAGTAGATCCCAAATGCGAGCTGGCCTACGAGACACTCGGAACAGTCGAAGTTCAGCGGGCGCAACTCACACGGGCCGTCGAGCTTTTT
GAAAAGGCACTGCTTTATGCCAAGAGTCAGGCGGAGTTGGTGCACGTTTACTCGCTGCGCAACGCGGCAGTGGCCCAAATCAACGTCACCAAAAA
GCTGGGTATCGACATGAACTCAGTGTCGGCAATGGCCCAATCCGGATTGATGGCCCAGGGCGTTGCATAGAGTATGAAACCGGTGTGTGTTGGGA
TTGATATCCCGAGAAAATAAGAGCCAGCGCGGAGCATTTAGCCAGCAGTCCTACTCTAATTAAGTTAATATCGACCATACCTGTTATTTATATAT
ATATATATAAAGCTTGTTTACGTTTATGCTCCTAGCTTTAGCATAGAAATTGTCATGTATTATGGTACATATGTAAACTAGAATCTGTTGCCTAA
GGAATCCACTAAGACAAATCCAGTAGCTTATGTTTAAGCGTAAGATTAAACTT
(SEQ ID NO: 743)

Start ATG: 112 (Reverse strand: CAT)

MTLNIGSMKLTKWQLALILGTPLAIGLGTYAVKSWTAASKELDGEKKRPKAKIEKQAISLDGTAPDQELERNQKSAELGEKLSPLKEANNYKTEG
NNCYRNGKYDEAIKFYDKAIDKCPKEHRTDMAIFYQNRAASYEMLKKWSNVKEDCTASLEFNPRYAKAYYRRARAHEATKDMNECLDDVTATCIL
EMFQNNQTIMFADRVLKETGRLDAEKGMRNRVPVVPSACFVNTYTRSFIADPLQTMKVPAPKSDAPPKGFLRAHLAFLEEKYEEIIPACTEEIES
SEAEAQYKVEALLMRGTFHLLCGSYVESQQDFDAIIANDYADPNLRAYAYIKRAALYIQLDQREKGIADFAEAERLNPENPDVYHQRAQILLLLE
QIEPALAEFEKAVSIAPNHAIAFVQKCYAEYRLSLLAGDQRRLESVMHTFQNAIERFPSCVECYSLTAQVLADQQQFTQAEEYYKKAMVLAPTNP
ALIVHQAIMVLQWRGDINLAVQLLNKAIEVDPKCELAYETLGTVEVQRAQLTRAVELFEKALLYAKSQAELVHVYSLRNAAVAQINVTKKLGIDM
NSVSAMAQSGLMAQGVA*
(SEQ ID NO: 744)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384588
ACTTTTGTAATGCGAGTTTAACGAATCTTTAATTTAGAAATACATTTAATAAAAATAAAAAACCGATTCTAAGGCACTTTTAACACGCAATATAT
TGCAATGTTTAATTTTATAAAAAAACAGGTTTTTCATCACCTTCTATTTGTTTGAAGTTTGGAACACCACATTTTTAGATAGATCAATGATTCAG
ACGAAATGCTATTTAATGAAGATAAGGAATATTTATGACTAACCAAAATGCGAATTTAAACATACATAAGAGTCTTGGAATTTTAATTGTCAATA
TGTTCGAACAATTTCATTAATATGCATTATAGCAAAACCACCTGATCGAGAGTCTGTTTTATTGTTTACCAAATATCAACAACGCAATTCAAAAA
GCCGGCAAATGGCGTTTATAGAGAGAGAGAGAGCGAGAGAGAGGAGAGAATTCCATTAGAGTGGACCTTTCTGGAAAAGTTTGTTCGGTTTATTT
TTGTACGTGTGCTTGTTTGTTTGTGAGTGGAAAATAACATAGCTTTTGTAATTTTGGACACCTAATGTAAAAATATCGTTTAGTATTGAAAGTCA
ATAAAAGCGGCGCAATATTCATAAATGCAACCTTACACGCAAATTTAAACCGGAAGAAATGATGCAGGAATATGTGTGTGCAAGTTTAATTACCT
GTGTAACTGGTGAACTTTCAATGGAAGGTCTCGGGAATATTTCCGTTTGCAAACTAACATACATACATTACATACACAAATAAATATGTTCATAC
ATGTTCTCTTTTTGGTCGATCGCTGTAAACAAAGAAAAAAGTCGACTGCAACTGCTTTTGCGATAATCGAGGAGCTGAGTGCAAATGAGTTCAAC
TAAAAGGCTATAAATATGCACAACAGCACACCAACGGCATTCAAAAAGCTCTCTCGCTTGGAAAGGTGCGCTGCAAATGCAAATGAAAATAAGAC
GACCAGGCTATTCAGTTTTGGTTTTCTCTTTATTTTATATGTATTACCTAAGTCAAACTTCATTATTTGAAACGCTCTAAGGCTTAGCAACTAAA
ACTTGCAAGTCTGAATTAGTTTAGGAATATATTAGAAGCTAAGAGTAGTATGTGCCTTTCTTTTTTTGTGTTTGTGAAATTATAAGCGAAATAAA
ATTATTATAATGTTCACAAAGTTTAGCGCCGCATGAAAAGCCAATGCACAATACAAATGCAATGTGTATTTCCAGCTGGCTTTTGTTTTTCTTTC
TTTCCTTCCAGCAAAACTGCTGCTTGTTCTTCTTTTTCTTCTCTCCTTTGCTTTTGCTTTCCTTTTAAATTCGAAGATTTCTTTTCTCCTTTCAG
CGCGGCCCCGTTACTTCTTTCTCTCCTGTTCCACCGCCTCCGTCGATGCCCTGCATCAGTTCTTGCAGGCGGCGGCTTTCTTGTTGTTGTTGTTG
GTGTTCATCAGCTTGGTCAGAATCTTGCGGGAATGACCGGAGGGATCGAAGTGGTTGGTGTGCTCATTGGCCTCCCTCTTGTTGCGCTGCTTGCC
GCTGTGTCCAGAGAAGATGTGCTTGTCATGGTCGAAGTTGTAGTGCTCGTACTCATCGAAGTGGGCCTCGGACATAATGGCGATTTAAGGTTGCA
AAACTAACTGCGTTCTTGGTTGGTGTCTGCTTTTTGTTTCTCTGCAAACTTGCAGGCTGCTTTCCAAATTTCTCTTCTGCTTTTTTTTGTTCACT
TTTCGCTGAGCTGCGAACGGAATTGAATTTTTTCGGTCGAGCAGCGGCTTTTATAGGCGCGCAAGCTTTCTGTTCCGTAACCAAAGCTCTCTCTC
CGTCAGAGTTGCCGGATTTAGCTAAAGAAACTACTAGAAGGGCATTTAATTGTTGCTTACGTGTAGTTACTAAAAATATTTAATTTTTCTATAAC
TTTCTACTGAACTTTTACAAAATATATTTGCTCTTTTTTATGTAAAAGAATTTTTAGTTATTAAAATTCATAGTTATTGGGCCTGACAACCCTTT
TGCGCTCAAGAGAGTGCCTCCTTGACAATTTTTGCTGCGCAATTTAATTTTTTGCTGTTTACAAAGTGCGCGGTAAACAAAAAAACTGAAATCGC
CAAACATATTATTTCGCCTTGTTCATTTATTTTAATAATTTAAGAACTTTTAAGCATACACACGTTCCTGAGTGGTTACATAACACACACCCACC
TTGGCCCTCCGCAAACGACCATCAAAGTGCATTTACCCTGCATTTGTTTCTCCACCCAATAAATATAGAATTAAATGCATCATATGTTCTGGATA
CACTGCTCAAAATTTGTTTATTTTTTTACACTCAACAATATTTGAATGTTAGGGCACAAGAAACAATTTAGCAATAATTATAATTCGAATAACAT
TTTTGATTTACAAAAGATATACTCATAATGGATATTTATTTTGGTGCATTAGAACCTGATCGGTTGACCCACTTCCCTCCCACCAGGCAACGCAT
TTGTTTATTTCTGAATAGCGAAAAGCTTTCAGTTTGTTTTGGTTTAATGGATTTTATATAAACAAATGTTACGTACATACATATATACATAGCCT
TCTGGCGTTGATAAGGTGCTAACTATCGCTCTAGTTAGTCATTTGGCAGGTATTCGTTCTGAAAGTTCGTCTTCAAACGACGCAATAGATCGTAG
TCACCATCTTAGATAAGATAGAACGGCCTCAACAATGTTGTTTCAAGAACCTGCCACAAT
(SEQ ID NO: 745)

Exon: 1720..1001
Start ATG: 1595 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT21019
CTCAGCGAAAAGTGAACAAAAAAAAGCAGAAGAGAAATTTGGAAAGCAGCCTGCAAGTTTGCAGAGAAACAAAAAGCAGACACCAACCAAGAACG
CAGTTAGTTTTGCAACCTTAAATCGCCATTATGTCCGAGGCCCACTTCGATGAGTACGAGCACTACAACTTCGACCATGACAAGCACATCTTCTC
TGGACACAGCGGCAAGCAGCGCAACAAGAGGGAGGCCAATGAGCACACCAACCACTTCGATCCCTCCGGTCATTCCCGCAAGATTCTGACCAAGC
TGATGAACACCAACAACAACAACAAGAAAGCCGCCGCCTGCAAGAACTGATGCAGGGCATCGACGGAGGCGGTGGAACAGGAGAGAAAGAAGTAA
CGGGGCCGCGCTGAAAGGAGAAAAGAAATCTTCGAATTTAAAAGGAAAGCAAAAGCAAAGGAGAGAAGAAAAAGAAGAACAAGCAGCAGTTTTGC
TGGAAGGAAAGAAAGAAAAACAAAAGCCAGCTGGAAATACACATTGCATTTGTATTGTGCATTGGCTTTTCATGCGGCGCTAAACTTTGTGAACA
TTATAATAATTTTATTTCGCTTATAATTTCACAAACACAAAAAAAGAAAGGCACATACTACTCTTAGCTTCTAATATATTCCTAAACTAATTCAG
ACTTGCAAGTTTTAGTTGCTAAGCCTTAGAGCGTTTCAAATAATGAAGTTTGACT
(SEQ ID NO: 746)

Start ATG: 126 (Reverse strand: CAT)

MSEAHFDEYEHYNFDHDKHIFSGHSGKQRNKREANEHTNHFDPSGHSRKILTKLMNTNNNNKKAAACKN*
(SEQ ID NO: 747)

Name: p8-like

Celera Sequence No. : 142000013384588
TGGTGGCCATGGCAGATTTCGTACGACCAGTAGGCCTCGATGCGGTACGTGCAAGTCAGGGCGGAGAAAATGGGCTGCAGCAGAGTAATTGGAGC
TGCGGAATTCGGAAATTATGTATAATCCAATGGGATGTTAGTTGCAATGCCAATTTCTTACACAACTCTGGCTTGTCGGACTTTTCCTCCTCTTT
TTGGTGTTCCAAAGTGGGAATCAGGCAGTCGTACTTCTCCTTATCCGGCGTGTAGAATGTTCGCAGCTGATTGCCCAAGCTCTAAACAGCATTAC
TTAAGGAAATTTGTTTATGTCTGCATTAATAAATTTGTACTCACTGGCTGCACATCTAAATCCGGCACTTCGAAATCAATTTTATACAAAATTGA
ATCGTCAAAATCTTTGGCTTCGTGGGAAACCGCTGCAATTATTAAATTCAGCAGCAATGCTATTCTCGCAATTATCACGTAGGACTTGCCCATTT
TCGTGTTTAAGGCAGCGATTTCTTTACATGAGTATTTTCGTGACAATATACAAATAGTTGCAAATGCTACGTGTTGTTTTTCTCAAAAAAATAAG
GAACATATGTTGATTGTGTGTGCGGCACTGTGAATGGTTACTGCGAAAGAAGAAGAAAATCTGCTGGCCTGCATGGGCATTTTAGCTTGGAAATA
GCTAAATATCAAAAAATAACAGTCGCAGTCGACGGCACATACAAATTTTTTGAATTCAAATTCTTTAAAATCTAAGTTTTGCATTTAAATCTAGT
CATTGAATATTTCTCATTAACAAAATACAAAATTTTATCTCTTAAACTTAACTGAATGTTTTCGTATTTATTGCAGATTTAATGGTCATTCATCA
TAAAATCTTTTAAGAATCTGTATGAAAATCCAAAATAAGTCGAGAAACTAAAGCCACGTCCTCCAACAAATTAAACTCAGTTCCCAGTTTATCTT
CAACATAATTATATTTTCCTTAACAAATATCGCATATGGTAGTCAGTTCCCTATCTCATTCCCAGCGCCGGCGTGTCCTTTTGCGCCGTGGACCA
GCCGAGCTCCTTGTCCTTATCATGATCCACTGGCACCTTGTCGATGGCATCCAGTATAAACTGGATGGAATGCGCCGTCCGTGGCAGCCACTCCA
TGATACGAGAGGTGGTCGAGACGGGCGGTGTCGCTGCATCGCCGTCATCCACGAAATCCGCATCTCCGCCGGACAACGAACGAACTCCACCCAGG
TAATCCGTGTAGTCGTAATCACTGGTCAGCGGATTCACCTTGGAGTAGTAAATGGCAGCGAACGTCGAGTAGATAATCAGCAGTGCTGTGCCCAC
CTATAAGTTTTATATACATATTTAAAACGATTATATTACACATTGCACTCATATACTTTATGTATTTTCACTCACCTGAAAGACGGCCCAGAACT
TGTAGGAGCCCTCCGTGATGACGAAATCGTAGTATCCTTTGAGAGGATCACCCTTGATATAGCGACCCTCGCCCACATCCGTGTCGGCCTTGTCC
TCCGCCTCGGCATCGCGTCTTTGGCGCAGTCCACGCACCGATCTCAGATTTCCCTTTTCCCCCTTTAGTGCCGAGACTTTGGTGGCGGGTGCCGA
TGGTGTGACTGTCTCAACTTTCTCCACTGTCTTCTGCGACTGTTCCTCCTCCTCCGCTTCCTCCTCCTCCTCATCAGAGACATCTGGAGCAGCTG
TCGTCGTCGTCGTCGTGGTTGCCTTAGTTGTCGTTGTAGCCGGCCTCTTGTTCTGGTTCTTTTTGTTTCCCTCGATGCGCGGCGGTTTTTTGGAG
TTTATCCTGTTCTTCTGCTGCTGCTGCTGACGCAGTTGCTCCTTCTCGGCTTTCTTCGCCGCCTGCTCTTGGCGGAACTTCTCAGTGCTCTGCTG
ATGGCGTTCGCTGACCGCGTTCCAGGCACTCATCAGTGCCTGATACAGATCCCAGATCTGCTTGAGGCTCTTCAGCACGGTGACCAGTGTGGATT
CACTTTGGATTTGGACTACTGCATTGTCGGACGTGGGCTGAGATTGTTTGGCCATCGCTGTTTCCGGATGTGGGCGCGGCTGGAAGCCCATGGGA
TAGTCGTACATCTCATCGTAGGCGGGATAAGGCGATCTGTAGAAAAATACATACGTTTCGTTTATGTTGTTGTAATAATTTCATCCAACACCCAT
GACCCAGATCTAGTTGGATTAAGCATTTCTCACCTGCTAGGAGCTAAAGACGCCTGAAGCTTTCTATTATTGCCCTCGGCAGCGGGATGAGTAGC
GACTGGAGCTGGCTGCTGTTTATATGACCACGGAGCGTAGAAGGAATCGTAGGGACGTGCCTGCTGTGACCTGCCCTCACCGGTGTATTCCTTAT
CATAGAAACGCTCATCCTCTTCCGACTCCTGCTTGGACTCTGCACTGGGATATCGTTCAGGTCCGTAGTCATCGGCCACATCGTAGTACGGATCC
TGCTCGTAGGAATCCTCGCGACTCTGCGGCGGACCGTAGGCATCCTGGCGTTGTCCCAACACGGGAGAATCCATGCTCTCTGCATTCACCACCAC
CGCCTGCTGCTCCTCGTAGAAGTTTCTGCCCTGCTGCGATGCGGATGCACTCGGATTGCTTGCATTTCCGGCATCCCTAGCAATTCGCTCCACCG
TGGCAATTTCTGTATCATTATCGGCACCGGACTTGAAATGATTCCACATGCGCGTAAGGATTAGGAGATCGCTTTCTCCGCCCGCGTTGCTCTGT
GCCCGTCCAGCTTCGATCACGGCCAGCGCCGTTAAGGTGGTGGCAAAGAGAAGCAAACGTGACCACCAGAAACCATATGGGTGAGAGGCGTCGTGG
CGCCTTCGCCGGCATTTTCTCGTAGGCAGACATTATCCGTTTGTCACTATTGATTCTATTGTTTCGAATCCTGGTTCAGCACACACCGCACGGCC
AGTTGGCTCGGAGTTAAGTCGACAACTAACCGAAGATGTCCCAATGCTGAGCCAGAAAAACTCCGCCCGGCAATGGTGCTAATGGCGGGTTTTTG
GGTATCTAGAACATCCATCCGTAGTGGCTCGTTGAAAGGTGCTAATCCGCGGGCCGCGTGCATCATCGTTATTGGGCCAGTGCTCCAGTTTCGAT
TTAACGGTTCATCCAAGCCACCAAGTGCCGCGGCAATTAGCACCATCCATATCACCAATGTAGCCAGTACTACGATCCCATCCCATCCGATGCTA
ACTTCCATTCTCCATTCAGTTATGCATAATTCCCGATTTTGTTGTTCGCCACAAATTCGTTTTTTTTTTTCGCGGTGAAAGTGTGCAATATGATT
CTCTTTCCAGAAGATGGACTATGGAATTTAGGAAATCGTAATTGGAATGGCTTTGTGCCGTTGGAGCACAAAGATCCACGCCTGTGGAGTGGCCG
CCATCGAGGTCCGTCGTCGGTCGTGTGCCAGGCGAAGATCACGATCTAGGAAGCTGCATACATGCCCATATTTAGACACAAATCGTGGCAAGCGT
GCGACTTTCATTAATGGGGTTGAAAAGAAATCTATTTCTACAATTAAGATACGTTAAGTCAACATCAATGGGGTGTTTGTACATTGGTGAGATCG
CCTTAACGATTCGAAATTTGAAGACAACACCATTTTAAAAATGCTAATACACAGTTTTTTTTGGGAAATTGGTATACTACACAAAGTAACCAAAA
AGAAAGGATATCGTATTAGAATATTGTATACACATATGAGCTTATCATAGTTTATTATATAGATACATATAGGTAGCCACCTATTAAAACTCATA
TCTTAGAAAAGAAAGCGATGTTAACAATTTTATTCTTTAATGCGAATTGAAATGAAATGAAAATTGCTCATGTTATGAAGTTA
(SEQ ID NO: 748)

Exon: 2883..2219
Exon: 2126..1406
Exon: 1330..1001
Start ATG: 2883 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT21031
ATGTCTGCCTACGAGAAAATGCCGGCGAAGGCGCCACGACGCCTCTCACCCATATGGTTTCTGGTGGTCACGTTTCTTCTCTTTGCCACCACCTT
AACGGCGCTGGCCGTGATCGAAGCTGGACGGGCACAGAGCAACGCGGGCGGAGAAAGCGATCTCCTAATCCTTACGCGCATGTGGAATCATTTCA
AGTCCGGTGCCGATAATGATACAGAAATTGCCACGGTGGAGCGAATTGCTAGGGATGCCGGAAATGCAAGCAATCCGAGTGCATCCGCATCGCAG
CAGGGCAGAAACTTCTACGAGGAGCAGCAGGCGGTGGTGGTGAATGCAGAGAGCATGGATTCTCCCGTGTTGGGACAACGCCAGGATGCCTACGG
TCCGCCGCAGAGTCGCGAGGATTCCTACGAGCAGGATCCGTACTACGATGTGGCCGATGACTACGGACCTGAACGATATCCCAGTGCAGAGTCCA
AGCAGGAGTCGGAAGAGGATGAGCGTTTCTATGATAAGGAATACACCGGTGAGGGCAGGTCACAGCAGGCACGTCCCTACGATTCCTTCTACGCT
CCGTGGTCATATAAACAGCAGCCAGCTCCAGTCGCTACTCATCCCGCTGCCGAGGGCAATAATAGAAAGCTTCAGGCGTCTTTAGCTCCTAGCAG
ATCGCCTTATCCCGCCTACGATGAGATGTACGACTATCCCATGGGCTTCCAGCCGCGCCCACATCCGGAAACAGCGATGGCCAAACAATCTCAGC
CCACGTCCGACAATGCAGTAGTCCAAATCCAAAGTGAATCCACACTGGTCACCGTGCTGAAGAGCCTCAAGCAGATCTGGGATCTGTATCAGGCA
CTGATGAGTGCCTGGAACGCGGTCAGCGAACGCCATCAGCAGAGCACTGAGAAGTTCCGCCAAGAGCAGGCGGCGAAGAAAGCCGAGAAGGAGCA
ACTGCGTCAGCAGCAGCAGCAGAAGAACAGGATAAACTCCAAAAAACCGCCGCGCATCGAGGGAAACAAAAAGAACCAGAACAAGAGGCCGGCTA
CAACGACAACTAAGGCAACCACGACGACGACGACGACAGCTGCTCCAGATGTCTCTGATGAGGAGGAGGAGGAAGCGGAGGAGGAGGAACAGTCG
CAGAAGACAGTGGAGAAAGTTGAGACAGTCACACCATCGGCACCCGCCACCAAAGTCTCGGCACTAAAGGGGGAAAAGGGAAATCTGAGATCGGT
GCGTGGACTGCGCCAAAGACGCGATGCCGAGGCGGAGGACAAGGCCGACACGGATGTGGGCGAGGGTCGCTATATCAAGGGTGATCCTCTCAAAG

GATACTACGATTTCGTCATCACGGAGGGCTCCTACAAGTTCTGGGCCGTCTTTCAGGTGGGCACAGCACTGCTGATTATCTACTCGACGTTCGCT
GCCATTTACTACTCCAAGGTGAATCCGCTGACCAGTGATTACGACTACACGGATTACCTGGGTGGAGTTCGTTCGTTGTCCGGCGGAGATGCGGA
TTTCGTGGATGACGGCGATGCAGCGACACCGCCCGTCTCGACCACCTCTCGTATCATGGAGTGGCTGCCACGGACGGCGCATTCCATCCAGTTTA
TACTGGATGCCATCGACAAGGTGCCAGTGGATCATGATAAGGACAAGGAGCTCGGCTGGTCCACGGCGCAAAAGGACACGCCGGCGCTGGGAATG
AGATAG
(SEQ ID NO: 749)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MSAYEKMPAKAPRRLSPIWFLVVTFLLFATTLTALAVIEAGRAQSNAGGESDLLILTRMWNHFKSGADNDTEIATVERIARDAGNASNPSASASQ
QGRNFYEEQQAVVVNAESMDSPVLGQRQDAYGPPQSREDSYEQDPYYDVADDYGPERYPSAESKQESEEDERFYDKEYTGEGRSQQARPYDSFYA
PWSYKQQPAPVATHPAAEGNNRKLQASLAPSRSPYPAYDEMYDYPMGFQPRPHPETAMAKQSQPTSDNAVVQIQSESTLVTVLKSLKQIWDLYQA
LMSAWNAVSERHQQSTEKFRQEQAAKKAEKEQLRQQQQQKNRINSKKPPRIEGNKKNQNKRPATTTTKATTTTTTTAAPDVSDEEEEEAEEEEQS
QKTVEKVETVTPSAPATKVSALKGEKGNLRSVRGLRQRRDAEAEDKADTDVGEGRYIKGDPLKGYYDFVITEGSYKFWAVFQVGTALLIIYSTFA
AIYYSKVNPLTSDYDYTDYLGGVRSLSGGDADFVDDGDAATPPVSTTSRIMEWLPRTAHSIQFILDAIDKVPVDHDKDKELGWSTAQKDTPALGM
R*
(SEQ ID NO: 750)

Celera Sequence No. : 142000013384638
CTTCATCTCGCCCGTCATTTTCCAGATAACCTGGACCCGCTTGCGTGAGTCTCGCAAATCGACGCAGTGCCTTGCCCAAAGCTCGAGCAGCAGTT
CGACCGCGTGGAATGACCACTCGGACGGCTGAAAGGAGTTCCAGCTCAGGCGGCGCTCCAACGAATCCTGCAAGTGAGACATGGTAATTTGGACT
ACTATTGACTTCTAATGGCGTCGTTGTACGTACGTCTAGTTTAGGGGGATGGATTTCCGCGATCCCCTCCTCGCACAGTTCCTCGGTACGCAGGT
AGTCCACATGGCACTTGTGGGTGCGCAGATTGGACGTGTTGAAGGATCGCATGACGCGCTTGCAGCCCGTGCAGAAGTAGAGTCCATTGATTATG
GCACCATCGGTGCGCACGATTTCCCGATACACCTTCCACACGGAGCCGCGCTGCTTGCGTCGTAGTAGCCGGTACTCGCCGCGGAGCACCTTCGC
CGAGATCACCTGGTTGGATTCGAATTTTGATACGTCCTGCATCGTGCGGGCCTCAATCATGTCGTCCTTACGCTCGAAAAGTATAAACAAAATGT
GCCTAGAGATGGGCAGCAGCTCGATATCGATTTTTCTAGAAATGGTCGGTATTGGCTTCATATATCTATCGATAGTTCTATGATATCGATTTAAA
TTATATCTAAAATACAAATAAAAAAACATTTTACGAATTGAGAAACTAAATGTAACAAATACGATTTAAAACAAATTTATAATATTAAAGTAAAG
TAAGTAATTAAAGTTTTGCTAAAAAAAGTAAAATATAATTTCATTGCATTTATTTTTACTTAAGAAACTAATTTGTAAGATCATAACAATGCAAA
ATCTAGCTTTTTACAATATATATATATATTTAGATTAATTTGAAGTTGAAGCAATATTACATTAAATATTCACTGTTTTAGTTGTATATTTTG
CTGAAAAAGTAACACCACGCTACTTCTACGTATAACACTTAATATTTACACTACTGATTGTTATGCTTAAGCAAATAAACAATATCTTTGTGAAA
TGCGTTTAGCTCCAGCAGTGCATCCTTCATAACCTGCAGCTTTTCTCGCTCGATCGCCAGTTTTTCCTCCTCTATTTCAAGGAGTCTGTCCGAAT
GGTTGTTCGATGCTTTCCGTTTTGTCTGACATTTTGAAATTGGCGATGGGGAGAGATCCTTCATGTGGTCATCATCCTCCTCCTCCTCCTCCTCC
TCCTCGTCTTCTTCCGGGATTTCCGGAATACTGGGAGAGGGAGTTCGCGTTCTTTTCATGGCTTTGCTAGCAACCATATCACTTTCGAATACGTT
CCCATCGTCCCCGGCCATAGGCTCGTCTTTTAATGAAGACAATTCCTCAGGCTCATAATCCTCATCGCTGAACAAAGCTTGAGCTGTAAAATTAG
CGTATTTTTAAGACATAATGACATAACTAGCATTTATTGCACTACGACTTTACCTGGATTTTCGGCGGTAATATCTTCGAAGACATCAACTGATT
TCGTGCCAATCAGAAGTGCTTGAAGCTTATGAAAGTGCTCCCACTTGGATGGCACTCCAGTTTCCCGAACTCTCTCAGCTTCTATTCTGTAAATA
CCAATATAAAAGTTAATATACTATAAAAATAAAAACTTTTGGTATGCAAAATATAAGAGCGCACCTATACTTTCGCGACAAATTGTCCATTTTGG
TTTTAAGCTCCGTGTGGCTGGGCCCAAACTGACTCATCTCCCTAGCCATTTGCCGGTAGATGATCACATTCTTGGACTCTCCACGAAAATCCTTC
AAATGCTGTGCCCACAGTTGCAGCAACATCTTCTCCGCATCCTTTTTCCAAACGTGTCGCTCCGTTTTCGTATAGTAGTCCTCAAACTTTCCTC
CTTGCCAACATTCTTGGGCAATGGCGAGATGCCATTGGCTCGGATCGCTGGCTCAACGACCATTTTCTGTGCAACGTTTATCTTGGCGGTTCGCT
GTGGTCCCGTCGGTGATCCTTCATCGCTCAACAGGGCTTGGAGTGAGCTCTTCATGCGCGGTCCTGGCTTACGACGTTCTGGTGTTATATTCTAG
AAGAGTTAGTTGGTTTAGAAGCATGGTTACTGAGTGATTAATTAGAATTTTAGTATGTTCGCTAGTGGTCCATGTTGGACTATGTAACTGAAGTG
GACTTTCATACAGAAATTAGGTCAAATTTGATATCCTATCACATGTTTTAACGAATCTCGCTTTGTAGTGCCAAAACACATTATGAAAAGGTAAA
CAGGTCTATTGCCACCCATGTGGGATAGGTAAACAAGATATTTGGTGTGTGGCTGTACTCGGTAAAACCGGGTAAGTACCCCAACAACCCATGTG
GGGCGATGGACTCACTTCCTCCGGCTGCAAATCCTCCGCCAGGAAGACGGTCTCGTAGAACTTCTCGTACTCCGATTTTGGCGGGAATGACAGCT
GCGACTGAGTTTTCTTTTCGGCGGCAGCAAGACTGCGATTGCGACTGTTTAGGGCGATTCGCTTGCTCTTCGGGCCGATCAGTGAATTCCTTGTA
CTTCGGTGAACCTCCTTGGCGCCGGCGGCATCGTCAATATTTCTGGACGGCATTACGTTGCGGTCTTTTGTGTCCAGCGCTAGATAGCGTGAATT
GTTGTGTTTTTATTTTGATAATTGGTGGAAAAATATCTTTTGTAATTCCTGTTCCTGTTGTCCTAGAGATGCAACAAGAGTCGATAGATGTGCAG
TAATATCGATTGTTGCAGTTAGTGAAGTTTTTGAACACTGTTTATTGGTTTGGCTTATCGATAATTTAACATTAATACGCAGCCCTGGTTAAAAT
GGCGGGCAATTTAAAAGTTTTTATTAGTTAAGACTTCAAATGTTCGTAATTTGGATATTGTTAAAGTAAACGTTATCAGTAAATCAAACGCGATT
TAAGTTAAATGTATCAAAGTCCTCTTGTTTGGCTTATAGCTCAATAATAAAACTAAGTGTTCCAACAAAAATATCTCTCTTCAATACATATTTTC
TTGCATCAATTATTTTATTTACTTTACCAATTCAAATGAAGTGCATTTCATTTGCTTTAGCATTTATATTTGTTAGGCACTGCCTCCTAATACAA
TAAAGATCATTTAATTGAAATGAATTGATGTAAGGACAATTACCACAGATGTCATTCTATGTGGATTTCGCACGCACTTTTAGCTAATCAAGATG
GGTCAGCAGGCATTTGCCGCAGCAAATGTATCTGCATCTGCGAACAGCATCTGCATCTGCATCTGTATCTGGAAAAAGCACAAGGCACAACGGAC
GACGGCAATCAGCGACAATTGCCCAAAGATTGCGACTAATGGTTATAGTTGGACCGACGCACGTCGTCGCATCAGACAGAAGGTGCCTGTGGGAG
ACTTGCAACCGGTTTCGAATGATTCTCTTGTCTTCCGACTCTTGCCGTTCTCACATGGAGAAAAAGTGAACAAATCCGGCCAACAATAGGGTTAC
AATATCAGTCTGTCCATATATTAATATGTTACATTCTTTAAAACAATACAATTCATTTGGGAAAAAATTCAGACATTGTTTCACAGATTAATACA
TTGAAAACTGCTCCATTTAATTTGTAATTCTCAGTGTAGTCTCCTGGCTCCTGCATTTCGGCCGGCTGCAAAAGTTTGTGGCTCGTGCTCGGTGA
TTGCCAGCT
(SEQ ID NO: 751)

Exon: 2714..2391
Exon: 2086..1680
Exon: 1606..1479
Exon: 1413..1001
Start ATG: 2618 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT21095

GAACAGGAATTACAAAAGATATTTTTCCACCAATTATCAAAATAAAAACACAACAATTCACGCTATCTAGCGCTGGACACAAAAGACCGCAACGT
AATGCCGTCCAGAAATATTGACGATGCCGCCGGCGCCAAGGAGGTTCACCGAAGTACAAGGAATTCACTGATCGGCCCGAAGAGCAAGCGAATCG
CCCTAAACAGTCGCAATCGCAGTCTTGCTGCCGCCGAAAAGAAAACTCAGTCGCAGCTGTCATTCCCGCCAAAATCGGAGTACGAGAAGTTCTAC
GAGACCGTCTTCCTGGCGGAGGATTTGCAGCCGGAGGAAAATATAACACCAGAACGTCGTAAGCCAGGACCGCGCATGAAGAGCTCACTCCAAGC
CCTGTTGAGCGATGAAGGATCACCGACGGGACCACAGCGAACCGCCAAGATAAACGTTGCACAGAAAATGGTCGTTGAGCCAGCGATCCGAGCCA
ATGGCATCTCGCCATTGCCCAAGAATGTTGGCAAGGAGGAAAAGTTTGAGGACTACTATACGAAAACGGAGCGACACGTTTGGAAAAAGGATGCG
GAGAAGATGTTGCTGCAACTGTGGGCACAGCATTTGAAGGATTTTCGTGGAGAGTCCAAGAATGTGATCATCTACCGGCAAATGGCTAGGGAGAT
GAGTCAGTTTGGGCCCAGCCACACGGAGCTTAAAACCAAAATGGACAATTTGTCGCGAAAGTATAGAATAGAAGCTGAGAGAGTTCGGGAAACTG
GAGTGCCATCCAAGTGGGAGCACTTTCATAAGCTTCAAGCACTTCTGATTGGCACGAAATCAGTTGATGTCTTCGAAGATATTACCGCCGAAAAT
CCAGCTCAAGCTTTGTTCAGCGATGAGGATTATGAGCCTGAGGAATTGTCTTCATTAAAAGACGAGCCTATGGCCGGGGACGATGGGAACGTATT
CGAAAGTGATATGGTTGCTAGCAAAGCCATGAAAAGAACGCGAACTCCCTCTCCCAGTATTCCGGAAATCCCGGAAGAAGACGAGGAGGAGGAGG
AGGAGGAGGAGGATGATGACCACATGAAGGATCTCTCCCCATCGCCAATTTCAAAATGTCAGACAAAACGGAAAGCATCGAACAACCATTCGGAC
AGACTCCTTGAAATAGAGGAGGAAAAACTGGCGATCGAGCGAGAAAAGCTGCAGGTTATGAAGGATGCACTGCTGGAGCTAAACGCATTTCACAA
AGATATTGTTTATTTGCTTAAGCATAACAATCAGTAG
(SEQ ID NO: 752)

Start ATG: 97 (Reverse strand: CAT)

MPSRNIDDAAGAKEVHRSTRNSLIGPKSKRIALNSRNRSLAAAEKKTQSQLSFPPKSEYEKFYETVFLAEDLQPEENITPERRKPGPRMKSSLQA
LLSDEGSPTGPQRTAKINVAQKMVVEPAIRANGISPLPKNVGKEEKFEDYYTKTERHVWKKDAEKMLLQLWAQHLKDFRGESKNVIIYRQMAREM
SQFGPSHTELKTKMDNLSRKYRIEAERVRETGVPSKWEHFHKLQALLIGTKSVDVFEDITAENPAQALFSDEDYEPEELSSLKDEPMAGDDGNVF
ESDMVASKAMKRTRTPSPSIPEIPEEDEEEEEEEDDDHMKDLSPSPISKCQTKRKASNNHSDRLLEIEEEKLAIEREKLQVMKDALLELNAFHK
DIVYLLKHNNQ*
(SEQ ID NO: 753)

Celera Sequence No. : 142000013384638
GTGTTGATGCTGTGCCTGGTGTCGCTGCTCTTTGTCATCTGCACGGTTTTGTGAGAAAGGATCATGCTGGAGGTGTACGAGGAACGATACGGAAA
GGTAGTGCCCATGCAGGATGCGGCTGTTCAGCTGCTGAATCGCTACCGGATGCTGGCCAGTGGAAATGTGCACAATTGAAGGTGATTGCTTTTTG
GCACTGAACGGATTGTGGGTGGACAATAGCGGCACTTGCCACAGCAGTAAGTGTGGAATATCCTGTATTCCTGTAGAATTTCGTATTTTCATTTA
ACGTTTGTGATAGTTTTTATATTCTGTTGAAACAAAGTGAGCGGACGACGACCATATCGATAAGCTTAATTATCAACCTACGATGGTACATAATC
AATACAACAAACTGTAATCTTCCATTTAGAACCGTTGACCGATACCGATGTTAAGTGCATTATCATTATTAATCCCATAGTTGAACTTAGGTATG
ATGTAGTGAAATCCATTCCTGGAAATACCGGGAACTTACGAGTAGAAGGGTATAGCCCCCATAGTCACAACGATATACAATTATTACAAGGCATG
AACACATGTGTAGATTAGTTATGGAACAACGATGCGGATACTTAATATTGATAATGGATTGTGGAAGAGGAAGCCCACCCAGTGTTATTCTACCT
TAACAAGTTACATGTGACTTAGACTGTTGTTAGATAATAACAATATTATACATGTTCATCATGACAAACCAAAATATTCCAGTACATCTAGTAGA
TAAACCACAAACGAATAACAAATAACACAAAACCAAAATCGTAGTAATCAAAATTAGCGTTATACTATATTGTTACGATTGACTTGACACCAAGT
AAATCAAAAACATGCAGATATTAATATTTGGAATAGCCTATACTTATACACATATATATATTTTAGTATACAAAATTATATTGAAATAAACT
TTAAGAGACTGAATATCCAGTAGTTTCCTTAGAGTGTCAAAAACGGTGAGTCCAACACAACCAATTTCATTTATTTGTAGTTCTCTTTTATTGAA
AGATAAAAATTTTAATTTTTTCATTGTCTCTTTTTTGTAATTATATATATTTTTTTATTGCTATATATATCTATATACACATGCTAATGTATATT
TGAAAATTTCAAGTCAAGACGTTCAAAATGCATTTTCCAAAAATACAATTTGTTTTTAATGCTTTGTGTTACTAAAGTAGCCGATTTTGTTTAGC
CACAAAATGATTTTCATGTTCTTTTGTGTGTAAAGTAGAAGACATTTTTAAATTAAACGTAAAGCGAGAAAACATATTAAAAATAATGGAATGTT
CGTTCTTACATACTCGCGCAATAGAAATACATAAAATAGGTGGCTTTTGTTGAGCTACTCGGGCAGCTCCCTTAAATAAGTTTTTAACTCAATTT
TGCAAACAAAAAGTTCATAAAATTAACTAAAAATGGACGGTATTCTGTGATAGAAGAAATTTCAATAATGCCGTCAGACAGAACCAAAGACTAAA
AAAAAAAACATAAGTGCAAAATGTAGCCAACCAATTATAAATCAAATCTTAGCATTTACTTGCGCAAAACAATTGGCAGTGCATGGAAAAGTATT
TTCTGTCTGTTATGCGTGGTGAGCCTTTTCCGTGTCTATTTGATTTTCACTTCGTTCTCATCTATTTTTTTTTTATCTTTTGGTGTGTCTGAGTG
GTCGCTGTTGCGTGCCTAAGGCGATTTAAAAACGATTTATGTGCATATTCTTGCGACCGGTTTAGATAAAGATCTCTGTTCGCTTCCTGACTTGA
TGGCCAGTAGTTGAGTGCAGGACAGCATCGTCTGGATCGTCAGCTCCATCGGCACCCTGATCCTCGTGCGTCAGGTAGTCGCCTTTGTGTCGGTG
CAAATAGCGACCGATAAGGAAGAACATAAGGATCAGCAGCAGGAAGAGAATCACAAGCAGACCTGAAAGAAAGTTTTGTATCACTAATATGTTTC
AGTGCCAGAAAATGATTTTACTTACATGCCAACAGCACAGAGTCAACTTCATTGTATGCCTTGCGCAACTTCTCCTCATCCACCAAGGGTGGTGG
CCTAGTCTCGATTTCAATGGGCGGATGCGTAACTGGCTCCACTCCGCAGAAATCTTCAGTCAATTGAGCTATAACAACATACGATTAGGTTTAGA
TTGTACTACTAACTATTCTGTAATTGAAAATACTTACTGCCCAATGATTTGACATTCTTGGGAGGATTCTGCTGGAACATCAGCTTCAGTGGATA
GATATCATCGAATTGAACTCGCGACACACAACCCACAAAGCCATCTGTCATAGATTCATTTTTGCCAATGTACATGTACTGGATATTGTTGAATT
GAGCATCCGCTGAGGCCTTAATATCAAAATTATACTCGACCGGCTCGTAGTTGTCAACCTTCAAAACCACTGTGGATCCACCATTCTTGCGCATA
AAGTGCATATCGTGGTACTGACCCAGGCCAAAATGTTTTTTGGGGAATATGATTTCCTGCCTCTCGAAACCGAAATCAAATACACAACGCAAATG
ACCTGAAAGAAAACGATTTGAATATGAAGTGGTTCTCACTAAAAAATGTATGCCAATCAATTTACCAGAATTCGATATTTGAATAGTTAAATATT
CGCCAGTTAGGTTGGAAGAGAAGCCAAGCAGGAATCCCTTCGGAATGGTGGTGGTGAAACCGACGCGAATGTTCTCGGCAATTGTGGAGCGGAAG
GAACCCTCGAACTCGTAGCGAATAATCGAACTGGAGCGTAGGTTGACACCAATCTCTGCAATAAGTAAATAGAAATTGAATAAGATGCAATTACT
GCACTATCCAATTACCCACCATCTGCGCAAATAGGTCCTTTGAATGCGCTCCAACGGCAATCGCAGCTGTAGCCATCGTATCGCTCGATACAAGT
ACCATTGTTTAGGCATGGATTTGATTCACAGCGACCCACGCAACCGGTGCTGATGCCGTATAATCCACGCTTGGAGTATTCCTTCAAGTCAACCA
TCTTTCCGTTCAGCAGCAGTGCACGAATGCATCCTACGTAACCATCGCGGTACTCAGTAGTGGCGCCAATCACCAGATCCGATGTTAAGTGAAGT
GCACGCACTGGACCCGGCGGCTCTCGAACCTCAGCCTTGATAGAACCATCAACCACCAGACGAGCCTCCTTCCTGTTGCGCTCGACACTAACCGT
GTGCCAGTTGTTGTCGTTCAGGTGATAGCTTGTGCCCACATTAACGCCCAGTGGACCACTTCCCGCCTGATACTGGAATTGCAATTTGTTGCCGC
CATTGAGACTTAGCTTAATGTAATCTGTAGGTCCGGTAGCATGGAAGATCACAGAGTTCTCTTGTGTGGTACGGAATTCCAGATAAATATCTCCA
GAGTGACCCATATCGAATGGTGGTAAGTTAATAGAAGCATCGGCAATGCGGAAGGTCACCACATTACTGAACAGATCATCGCCCTCACAGCGCAG
CGGTCCCAGAGTATAGCGACCCATTTTCTCGTCCAACGGAGTTCCAGTGTCGCCAAACTTCACAGCTCGCACGGGAAGGTATTCCTTCTCCCGGA
TATCACCACCATCCTCCATCCATTCCAGACTGTTCGAATCGCAGTTGCACCACTTTGTGGGATCGTGACACTTGCCCAGAATTCCACATTCGCAC
TTACGAGAGCCAGGTAGAGCTCCAGCCCAATAGTCCATCGGTTGATTGTGGCGAGATATCCACCAAGAGAAGGGACGGAAATTTCCGGCCTCAGC
TGGATACAAAATTCTATTATAACTCTGAATCAATTCAAGGAATCGCATTACTACTCACATGGCGAGTTGAAGAGTCGGGAGGAGCGGCAGGAGTA
GCTCAGGCGCTGCCAGCAGCTATGAGACCGATTCAACAGAGCTTCAATTTGCAGTTGGTTGGCATCGTACATGATGGACTGCTCAAAGGAGCCAG
GCTCCTGAAAACCATCTACTGTTGTGGTGTGCTCTTGACTGTGACTGAGGGTGGTAATCACGCGTCCATCCGCTGCAAAAACATCAATCAATGTC

ATAAGTTTTATAAAATTACACAATTTAGGGTGTATCTACACATGTTTTAAACCATATAATATGTATGACATATTACAGAGGATATAATAATTTGA
TTGATGGTAATTTTTCCATTTTCAATTTAAGGAGTAAACAAAGAAATGTAGGAGTTCTATACAATTCAAGTGATATCCACTTACAGTAGAACTCG
CAGGTCACTGGGAAAGGTTCTAGGGGACCACTGCCATCCACATCGAGATTCAAGTTCACACGCTGCTGCACATGCTGGACATTCTTGAGAGCCAA
GCAGGACAATGGATTGTTTGCTAAATAAGAAAAAACAAATAATATGTAAAAACAAGATCGAGTTGAAAACATGTGAGAACTCACATGTATGGCAA
ACAGCTCCGGCGTAGCCAGTATGTCCGCAATCACAGAAGAACTCCCTGGAGTTTTGGTGACAAAGTCCCTTATGCTGGCAAGGATTCGGGTTGCA
GCGATCAATCATCTGGCAGGCATCGACGACGACATCATCGCCACAGCAAACCTCCTCGCCCTTCACCCAGTCCTGCGGTAATTTGTAATTTCCAT
CCACCGAAATTAAGCGCATGCAACCGACAAATCCATTTTTGTCCTTTCCACCAGCAATATAGTACTGTGCTCCAGTGGCAACCTGCATGCTCTTT
GTTGTGGTCATCGGTCTCTGATCAATATTTAAAATCAAGCGATTCTTTTCGATGGATATAACGAACGAATGCCATTTGCCATCATTGAACTGATC
ATCGTAGTTGTCCAGAATGATTCGCGCTTTGTCCTTGACTTTAAGATCAATTTTCACTTTGCCAAACTCCAAAAAGACCTTTAGATAACCACCCG
AATAGAAGTCGTGATGCAGCATTACTCCAGTTTCCTCGTAAGTACGGAAATAGAAGGAGACGTTAAGACGCTGCGAATTTTCATAACCCTTCAAA
CGGACGAACGACGAACGGGTAGTGAAGGTCACCGGATAAATCGGAGGCGAAGGACACGCGTAGATCGTGTTTACCCTAGTGAAGAGATATCCCTC
TCCCAGTTCAGTGCTGTCTTTCATCACTCGAATAAAGTTGGTCGAATTAAAGTAGATGTTTTCTAAGCAGCCGGAGAAATTTTGTTGGACAATCA
AGCCCTCTTGTACGTTGGGCACACCACCTAGATACAGCTCCCTATTAAGATTCAGTCGTGTGAACTCGCCTTGGATGCGTCCTCTTACGATGACA
CGATCCACTGAGAAGATTATGTCCCTTTGATTCCTTGAGATCACAACGTCATGCCACACATTATCATCCAGCAGGCTGCCCACCGATAAGGAGGT
CATCACCCGCGATCCCAAATCCAAATTCAGCACCATTTTGTTGTCCTTAAGCTGCAGGGCATAGTAATCCCCTTGTGTGCCACGCGAATACATCA
TCACTCCGTTGGCAAAGGCCGTCTTGAAGCGGAAGCGGATGGACTCTTTGGTGGAGGTAATGGGTTCCCGCCTCAGATCATAGCGCACCAAGCCA
GTGCCATTAAAGTATAGGTTTTCAGAGACTGAAAGAAAAGGTTTGGGATTAGAAACAACACAATATCAATGAATCCATTCAAAATTTACTGTAAT
CGCAGCCGTAGAGCTCCACACGCATGGAAATACGATCGTGCCACCTGGTGGGATTGATCCTCACCCATTGGGCAATAATGGGCACCTCGAAGACG
TTGTAATGGATAGAGTTGCCATCGGAGTTGCCCTTGAACATCTGTGATGGATATCATACATATACATTAATATTAAAACAATTAATAAACAAAAA
AGGGTAGTTCAAAGCCAGATTCTAAAGCATTAATCCATCGCCATCCTTTAAGCCGGGATTAGTTGTGTTTTAAGTGTAGTCTTAGTTCTAGGATT
AGTCACAGTACCTGCGGCTCGCTCGTAGGATTCACGTAGGAGCGCCAGAACTCGCCATCATCCGAATATTGGACAATGTACTCCGTCACGAACTC
ATCCGTATGCATGCGTCCCATGGTGGCGATCTTGCGCACCATGCGCGGATCTCCCAGGTCGAGTGTTAGAAAGTGGTTATAGGTATTCTCGACCG
GTGTCCAAGCAGCGTTACCTGCACAAGGTGCATTTACCAATCTAGTTAGTCGCAGTGTCAGAGTGTGGAGAAGGGTGTGGTTTTTTTTGTAACAG
AAGTAATCTACAGAACCATTAGCCAAATGAGTAACAAACGCATGCGGGACGAATTAAATCATAAAATAAAAACCAAGCACAAAAGCAAGCAAAAG
TGTTAATGAATTTATGTAAGGATAATCCGCTTTCGCAGATTCAGGGTTCACCCAACCACCATTGGTTTTCACAGAGAAAAAAATTAATATGTATC
CTCATCGAAATGAAATATGAACGGGAATGCTTAATGGAAACATACTAGTTTCTTTTCTGTGCAATAAACCACCACCAAAAGCGATCCATTTTCTC
TAGGATTAGCGATACACATTTCCAATTGTATGTGGTGATCAATTGTTTACCTTGACATTGCCGCCCGGCTCTTTATAGTCGGCAAACTCTAGATC
GGTTATGCCATAGCTAATGGTGTACTCGGTGACGTACTCATTGCTATGTGGTCGTCCTTGCAGGGCGATGTGCGTCACGTTCCGCACCACGCCCA
GGTCAATAATCAGACGCTGGTCGAAATCCGAGTTCTTCGCGGACCACGAGGTGCCAGCTGGGGTTCGCAAATGGTCATGGGATGATGGGCAATAA
AATAAAAATGATACAATTTAAACCAAAACAAAGGCAACATAAAATAAACCTAAAGTGGGGGGGGGGGGGGGCAAACAAACAGCAAATGGGAGTTC
TACGCTCTATAATTGCCTAAAACTAAGGGGTTTAAAATTACGCTAAATCTGCAGCAGGGGGTGTTTTCAATTAATAAACCATAATTTAGGGGCGA
TCGCGATTGACAGCTGCAAGTGGTCGAAGTCCTTCAGCACAAGGATCAACCCCTGCCCAAAAAGTGAAAAAGGATTTGGGTAGCCCGAGGGTTGA
GTTGATGGTGTCAACACAAAATGGGAGAGTTCGCAAATGGTTAGGCATAAACAATTGCAGTCGTGTGCTTTTGTTTTAATTGCTCAGCGCGCCAA
ATTGCAAGCCGGTGTGACAAAATAGTGTGAGAAAGTCCAAACTGCACAGATTTCTGAGCGCACAATCCATTCCCCAATATTTTTATAAGCCGCAT
TCAAGTTGTCTTTGTCCGACGTTGGCAACGTGGCATATCAGCCAGCCATCGTGTTCCCATCGATAAAACTTTCGGCAATTCCAAAAATAATTCAA
ATAAACGAGCCATTCAGTGCTACCCTTGCGGATGGTTATCCTGTTGGCGCATAAATTCAACCAAAACCAATGTCTGGCCCCTGTCTGAGTTCCTT
CCCGTTTACGGGTTCCTAAATTTTGGTTTATGGCCTTTTAAGCATATTTCCGGCTTCGTTTCGTAGCGTTTGTTTATCCAGTGCCAGGCAAACAA
ACGATTTTTGTTGGGGTGTGAGCGCTGCGCAACATGACAACACAAGGATTACAAACTATTCCAAATTTGGCACACAACCATTGAGAAAATATAA
ATGCATGTTTATTCTAGGGATAACGCTATTTTTAGGAGCTACGTTTGCTTGGCTTAGATTCCTTATAGTTCCTATACATCATGATCGCTTGTAGG
GCTTAAGAAGAGCCTTTTGGCAGTAGCTGATCACTTCCTCAAGTTCCGAATCTTCACTCTTCACGAGAAGTTCCTCAACTTGCAGAAACTTGAAC
TTTCCACGCTCCTGTGGCAAGCAATTCCGGAATGCAATGGCCGCACAGTAGTCCTCCTGCAGTAAATGCTCCTCGAAATGCCAATTGTCCATGGG
TTGGTCGTGGCAACGCAGACTAGTACCGATCAGAGGGGAAACATCTGTCTCCAAACTGCGAGTAGTGTCCACTGAGAAGCTGATCTTTTGCAGAT
CTACAGTGATGCCAACACCCAGCTCCTTGACGTACGCCTCCTTGAGACACCAGTGACGCATAAAGGCCTTCACCTGCTCCCGTTCATCATGATGC
GGTCTTCCAATATAACTCCATTCCTCCGCCGAAAATTTGCTCTTCATCAGGCCAAAGAATTCCGACAGAGGCTTGCCACCATTGTACTCGATCTT
CATGACATCTGTGCCGATTCCAAAGTCGGGATCACTGCTCTCTCCTGCAATGCCCGCTAGAAGTACCAGGCTTCCCTGATGGGAGACATTGAAGC
TGAGAGGTGGCCCATCGTAGTCCTCCCCTTTCACCCAGTAAGGTTTACCCCTCACATCCCGGGCGAACTTCACTTCGGCCGACGGCAATCCGCTG
CACGTGCTCACATATTTTCGCATGAAAAGACGACCAATTAGCGAGGACAGAAAGTCATCGATAAAGTGGAACTTCATAAGCCGAGCTCGTTCCTC
CGGTTGAATTGAGGCCACCGCCTGGCTCAGTTGAGGTAGTGTGGGCCTCCAGCTGCCCAGGTCAAAGGCCCAGCGGGTGCAGATGTGTTTGCTCA
TTTCAATGCGTTTTGTAACTATCTAATTGCTTTTATAATCATTGTTTTCAGGGCGTTTTCGCTTTGCAATGTTGTTTTTAATTCGCTATTGTGAT
GCAGTATGGCCAGAACTGGAGAGGGTAAAAATCCCCCAGCGATTACGCCTTATAAATATACTGCAAATATACTGCTCCACCAAATGCGGGGTGTA
CCCATTTTCATTTTAAAAAATTAAGAAATAATGACTATCTTTAATTTAAAAAAAAAAATGGGATAGCTATATGTAGCATTTAAAAAAAGCAATCT
AATAACCTGTATATATATAAAAATGTGTACTTAAAAAGGTTCTATTAAAATAAAAACATATTATCCTATGAATTTTTGGCGCAGCATTTCGAAAT
AATAATTGCTAATAAAACAACTGAAAGGCAACTAAACTTTCGAACGAATAACTTTCAACAAAAAATCAATATTACTCACCGTTTAGTCGTGCTTT
GTCGGGTCCTCTTTCCGTCAAGGATGATGTGGCCGTGAGGACGGCTCTTTCCATCAGCGGCTGGTTGCAATCGTAGTCGGAGAAATAGTCCGTGA
AGGCGTCTGAAAGAGTGCAATATCGATTTATAAATATCCGGAATTCCATGACCCATATATGTACGAGTGTACATTGTTGGGCGAAAAAATGAAAC
GCAAACTGTCACGGACGCAATTAAAATTGAGATATGAAGAATCTGTTTGGATGGCGGCCAATAAGCTGAAGTACTCCAGCCGGGACATAATCATT
GGCCTCCTTTTTATGGGCCCATAAAGAAAGCCACATCTATAAGGCAGCAAGAAGTAAACAAATTGACTGAGGAGTAAATATTTGCTATTTATTTT
AAGAGTTCTTAGTTCTCTGTTTTCCGGGTAATTTAAGTCGTACAAGATATATTGAATTTGCTTGTAATGAATAAATATCATATAAATAGAATCTA
TACAATTGAATCTTTAAATTTCACATGAAGTCCAAGGAAAATTCCTATGAATTAAGACAATCAGCATTAAATTGGACATAAACTGATGTAATTAG
TTGCTTTATTTAGAATATTTTACTCTTAAACATGTATTAAGAGTACTAGGTACTAGTTAGAAATATTTCTTATTAAGATGGTTCCACTGTTTTAA
GAGGCAGATTCTTGTCTCATATTTGCACCATAATATTTTCCGTTGACGAGAGTCTTTTAGCCCCTAGGATCCGTGACAAAAGCATGCGGATGTGG
GGGCCAGGTCGTGTCGGAAATCCAGACAGTTGCCCCTGTCTGCCGCAACCCCCAAGAAATTGTTTACAATGGGTGCAGCAGTAGCTCCTCCTAGG
CAAACAGCACACTGGCATTTTCTTAGCGGAGTGGGGGAAAACAACCCTTGCGAGGTCATTCGGAGTTCGTGGGCACTTTAAGCTGACTTTGAGTC
TTGGGTGGAGTGGTACAAATCAACCTGATAAGCTCGAAAGGAAACCGAGGAAACACGCATGACAATCTTCTGGTAAATAACACAGGAACATATGT
ACATACATATATAGCCAGTTTGAACTACTTTTTGCTACATAATTGCCCAATGGTGATTAGAAAGAAAACGAAATACATAGAATTTGGCTAATGTT
CTAAATGAAACAAATATGACGAGGTCTGAAAGGCCATTTCCGTCCATCTGGGGGAAACTCGAAGTGCGAATGATGCTATTTTCGAGGCAATAAGA
ACCGAAATAAATTATGGAAATCGACCAAAGTCTGGGAGGATATATGTCGGCTGTCTGCTTCGACGCTTCAAGGCAAATTAATTGCGCGGCATTG
TTTATTTTTAGTCATAAAAATGTTTGCATATCATCGATAGATTGTTTATTTTTCAAGATATGTGGAAATTTGTGGGGAAAAGCGCTTAAGTCTGT
TGACATATGGAAGGATAATGATAAAATCACCTGTTTCACACAGCATCATCAATCAGCAGATGCTTCTTATTTGCCGCATGCGCATTTGAAAAGCC
GGAAAAGAAGGCAAGCACAACTGGGGATGCAACCGGCAAAATTTTCGAATTGCTCCCCCGGGAAGCTTCATAAAAGTCCGGAAATCAAGAATCTA
AAACCCCAATGCCTTTGCTCAAAACGAACGAGTAAAAACGGGCGTTGTTAAGCGGCATTTTTGTTTTGCCACCGCTATTCGTAAGCAACCGTTTG

Date Recue/Date Received 2020-12-23

ATCGCTCTCCCGTTCTCACCAAAACTCTCGCGATCGCTAAGAGCGAGTTAAAAAGCGAACAACGGGCCAAAGGAAAATGGAAGAGCGAGTCTTCA
GCTTTGGGGAACACGCCCAAAAAGTTGGCTTACAAACAATCGACGTTTTATGTCACATATTGCTGGGAAAATCGAGCCGAAAGGATCTGAATTCC
TGGGTTAGTCAATGGGTATCACTGGTTTTTACCTGCTTGCACCGATTTAATGCCATTATTGACCAGCAATAGGAGGCATAACAATCCAAACTGAA
GCGAGGAAAATGCTGCTTTCGTATTGCTCCTGGGCGGCCTCATCTTGGAGGCTGTTAATTAAACACTATCGCTTGGTAGATTTATAAACACATCT
ATATTCGATTTCCGAAGAAGTTTAACACCAAAATGCACTTTTCCGCTGGAAAAACCACCGTGAAAAGCTGATGATTTGTGGCAACGCGTCCGCGG
TGTTAAAAACGTTGGACTGCACTTTACGCTCCGCTTTAAATCGATTTTGAATTTATGTAATTTATCCACTGGGTGTACGGCTCCAGCAGATCACG
CCCACTTCGGAAGAGTTTCGTTTGAATTAAGAAAATAATTATCGCAACGCGGATGACACACGAACAGAATGTCTCGCTGCCAGTGTGACCGTGAC
TCAAACGTGGCAAGATACCGAGGGAGTCACCAACTGGGTGCTTGTCGCGTGAGCTAAGCTATCGTGTGATTAAGTATATGAAGTATTTACAAATT
ATTTCAACTGCTACTATGAAATTAAATTTGGTCACTAATAATAGCTTTCCGTTAACATTTATATTAATTCGTGATAGAAATTTTTTTGCATAGTT
TTAAAGCCATGTAATATCATTGCAAAATGAATGATATAAGCAAAGTATACAAATGTAATGGCAAATAAGTCAAATCCCCTCTAAAATATTTTTTA
AAAATCTAGTTTTCTTATCTATCCAGAAATTTGAAATAAAATACATATTTTACAAAAAATTATTTCGAATACCAAATCGATAGGGGCGTAAAACA
TCGATAGTCGTAGTAGTATCATTATCGATAGTTGGTCACACTGTTTATCCCTCTTTTCGCCAAAAATTTGTTGGCGTGTTGTCAATTTCCTAAGC
ATTTGATCGGTTTTTTCGTTTTGTGTGTAACCCGGAGAGGATAAAACAGCGACAATGTACGGTGGAGACGAATACGCAACCAACTCGGTGAGTGC
AGCCAGCGAGGAATGATTCATTCTCGGGAAACCAATCCCCGGACTCCGCCGACAACATAACCCATCTTTTGTTGCCCTCGCACAAATACAAAACT
CACTGGGATGATTTTAAAGCCGTTTTACGACTTGGCATAGTTGGTGTTTAGATCATCATAGGTCATTAAGCACTGATAATCCGTGGGCCACTCCT
TTGACACGTTCCTTTGCTATTTGGAAACGAATCCTGTAGTCCGGGGGACACCCCGGCGCCATGTGGTATATTATTGGTATCGGTGTACATTATTA
ATAAGTCATAATACCTTCTACATTTTTGATTTGCGTGCAATTTTAGATGGTGTGTACACACCTTTAAAGAACACATGAATATATTCTA
(SEQ ID NO: 754)

Exon: 11438..11053
Exon: 9221..9105
Exon: 6193..5997
Exon: 5836..5695
Exon: 5633..4455
Exon: 4390..4265
Exon: 4062..3859
Exon: 3799..2870
Exon: 2810..2631
Exon: 2567..2223
Exon: 2158..2021
Exon: 1962..1001
Start ATG: 11158 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT21123
TTATTTTCTTAATTCAAACGAAACTCTTCCGAAGTGGGCGTGATCTGCTGGAGCCGTACACCCAGTGGATAAATTACATAAATTCAAAATCGATT
TAAAGCGGAGCGTAAAGTGCAGTCCAACGTTTTTAACACCGCGGACGCGTTGCCACAAATCATCAGCTTTTCACGGTGGTTTTTCCAGCGGAAAA
GTGCATTTTGGTGTTAAACTTCTTCGGAAATCGAATATAGATGTGTTTATAAATCTACCAAGCGATAGTGTTTAATTAACAGCCTCCAAGATGAG
GCCGCCCAGGAGCAATACGAAAGCAGCATTTTCCTCGCTTCAGTTTGGATTGTTATGCCTCCTATTGCTGGTCAATAATGGCATTAAATCGGTGC
AAGCAGACGCCTTCACGGACTATTTCTCCGACTACGATTGCAACCAGCCGCTGATGGAAAGAGCCGTCCTCACGGCCACATCATCCTTGACGGAA
AGAGGACCCGACAAAGCACGACTAAACGGTAACGCTGCTTGGACACCGGTCGAGAATACCTATAACCACTTTCTAACACTCGACCTGGGAGATCC
GCGCATGGTGCGCAAGATCGCCACCATGGGACGCATGCATACGGATGAGTTCGTGACGGAGTACATTGTCCAATATTCGGATGATGGCGAGTTCT
GGCGCTCCTACGTGAATCCTACGAGCGAGCCGCAGATGTTCAAGGGCAACTCCGATGGCAACTCTATCCATTACAACGTCTTCGAGGTGCCCATT
ATTGCCCAATGGGTGAGGATCAATCCCACCAGGTGGCACGATCGTATTTCCATGCGTGTGGAGCTCTACGGCTGCGATTACATCTCTGAAAACCT
ATACTTTAATGGCACTGGCTTGGTGCGCTATGATCTGAGGCGGGAACCCATTACCTCCACCAAAGAGTCCATCCGCTTCCGCTTCAAGACGGCCT
TTGCCAACGGAGTGATGATGTATTCGCGTGGCACACAAGGGGATTACTATGCCCTGCAGCTTAAGGACAACAAAATGGTGCTGAATTTGGATTTG
GGATCGCGGGTGATGACCTCCTTATCGGTGGGCAGCCTGCTGGATGATAATGTGTGGCATGACGTTGTGATCTCAAGGAATCAAAGGGACATAAT
CTTCTCAGTGGATCGTGTCATCGTAAGAGGACGCATCCAAGGCGAGTTCACACGACTGAATCTTAATAGGGAGCTGTATCTAGGTGGTGTGCCCA
ACGTACAAGAGGGCTTGATTGTCCAACAAAATTTCTCCGGCTGCTTAGAAAACATCTACTTTAATTCGACCAACTTTATTCGAGTGATGAAAGAC
AGCACTGAACTGGGAGAGGGATATCTCTTCACTAGGGTAAACACGATCTACGCGTGTCCTTCGCCTCCGATTTATCCGGTGACCTTCACTACCCG
TTCGTCGTTCGTCCGTTTGAAGGGTTATGAAAATTCGCAGCGTCTTAACGTCTCCTTCTATTTCCGTACTTACGAGGAAACTGGAGTAATGCTGC
ATCACGACTTCTATTCGGGTGGTTATCTAAAGGTCTTTTTGGAGTTTGGCAAAGTGAAAATTGATCTTAAAGTCAAGGACAAAGCGCGAATCATT
CTGGACAACTACGATGATGATCAGTTCAATGATGGCAAATGGCATTCGTTCGTTATATCCATCGAAAAGAATCGCTTGATTTTAAATATTGATCAGAG
ACCGATGACCACAACAAAGAGCATGCAGGTTGCCACTGGAGCACAGTACTATATTGCTGGTGGAAAGGACAAAAATGGATTTGTCGGTTGCATGC
GCTTAATTTCGGTGGATGGAAATTACAAATTACCGCAGGACTGGGTGAAGGGCGAGGAGGTTTGCTGTGGCGATGATGTCGTCGTCGATGCCTGC
CAGATGATTGATCGCTGCAACCCGAATCCTTGCCAGCATAAGGGACTTTGTCACCAAAACTCCAGGGAGTTCTTCTGTGATTGCGGACATACTGG
CTACGCCGGAGCTGTTTGCCATACATCAAACAATCCATTGTCCTGCTTGGCTCTCAAGAATGTCCAGCATGTGCAGCAGCGTGTGAACTTGAATC
TCGATGTGGATGGCAGTGGTCCCCTAGAACCTTTCCCAGTGACCTGCGAGTTCTACTCGGATGGACGCGTGATTACCACCCTCAGTCACAGTCAA
GAGCACACCACAACAGTAGATGGTTTTCAGGAGCCTGGCTCCTTTGAGCAGTCCATCATGTACGATGCCAACCAACTGCAAATTGAAGCTCTGTT
GAATCGGTCTCATAGCTGCTGGCAGCGCCTGAGCTACTCCTGCCGCTCCTCCCGACTCTTCAACTCGCCATCTGAGGCCGGAAATTTCCGTCCCT
TCTCTTGGTGGATATCTCGCCACAATCAACCGATGGACTATTGGGCTGGAGCTCTACCTGGCTCTCGTAAGTGCGAATGTGGAATTCTGGGCAAG
TGTCACGATCCCACAAAGTGGTGCAACTGCGATTCGAACAGTCTGGAATGGATGGAGGATGGTGGTGATATCCGGGAGAAGGAATACCTTCCCGT
GCGAGCTGTGAAGTTTGGCGACACTGGAACTCCGTTGGACGAGAAAATGGGTCGCTATACTCTGGGACCGCTGCGCTGTGAGGGCGATGATCTGT
TCAGTAATGTGGTGACCTTCCGCATTGCCGATGCTTCTATTAACTTACCACCATTCGATATGGGTCACTCTGGAGATATTTATCTGGAATTCCGT
ACCACACAAGAGAACTCTGTGATCTTCCATGCTACCGGACCTACAGATTACATTAAGCTAAGTCTCAATGGCGGCAACAAATTGCAATTCCAGTA
TCAGGCGGGAAGTGGTCCACTGGGCGTTAATGTGGGCACAAGCTATCACCTGAACGACAACAACTGGCACACGGTTAGTGTCGAGCGCAACAGGA
AGGAGGCTCGTCTGGTGGTTGATGGTTCTATCAAGGCTGAGGTTCGAGAGCCGCCGGGTCCAGTGCGTGCACTTCACTTAACATCGGATCTGGTG
ATTGGCGCCACTACTGAGTACCGCGATGGTTACGTAGGATGCATTCGTGCACTGCTGCTGAACGGAAAGATGGTTGACTTGAAGGAATACTCCAA
GCGTGGATTATACGGCATCAGCACCGGTTGCGTGGGTCGCTGTGAATCAAATCCATGCCTAAACAATGGTACTTGTATCGAGCGATACGATGGCT
ACAGCTGCGATTGCCGTTGGAGCGCATTCAAAGGACCTATTTGCGCAGATGAGATTGGTGTCAACCTACGCTCCAGTTCGATTATTCGCTACGAG
TTCGAGGGTTCCTTCCGCTCCACAATTGCCGAGAACATTCGCGTCGGTTTCACCACCACCATTCCGAAGGGATTCCTGCTTGGCTTCTCTTCCAA
CCTAACTGGCGAATATTTAACTATTCAAATATCGAATTCTGGTCATTTGCGTTGTGTATTTGATTTCGGTTTCGAGAGGCAGGAAATCATATTCC

Date Recue/Date Received 2020-12-23

CCAAAAAACATTTTGGCCTGGGTCAGTACCACGATATGCACTTTATGCGCAAGAATGGTGGATCCACAGTGGTTTTGAAGGTTGACAACTACGAG
CCGGTCGAGTATAATTTTGATATTAAGGCCTCAGCGGATGCTCAATTCAACAATATCCAGTACATGTACATTGGCAAAAATGAATCTATGACAGA
TGGCTTTGTGGGTTGTGTGTCGCGAGTTCAATTCGATGATATCTATCCACTGAAGCTGATGTTCCAGCAGAATCCTCCCAAGAATGTCAAATCAT
TGGGCACTCAATTGACTGAAGATTTCTGCGGAGTGGAGCCAGTTACGCATCCGCCCATTGAAATCGAGACTAGGCCACCACCCTTGGTGGATGAG
GAGAAGTTGCGCAAGGCATACAATGAAGTTGACTCTGTGCTGTTGGCATGTCTGCTTGTGATTCTCTTCCTGCTGCTGATCCTTATGTTCTTCCT
TATCGGTCGCTATTTGCACCGACACAAAGGCGACTACCTGACGCACGAGGATCAGGGTGCCGATGGAGCTGACGATCCAGACGATGCTGTCCTGC
ACTCAACTACTGGCCATCAAGTCAGGAAGCGAACAGAGATCTTTATCTAAACCGGTCGCAAGAATATGCACATAAATCGTTTTTAAATCGCCTTA
GGCACGCAACAGCGACCACTCAGACACACCAAAAGATAAAAAAAAAAATAGATGAGAACGAAGTGAAAATCAAATAGACACGGAAAAGGCTCACCA
CGCATAACAGACAGAAAATACTTTTCCATGCACTGCCAATTGTTTTGCGCAAGTAAATGCTAAGATTTGATTTATAATTGGTTGGCTACATTTTG
CACTTATGTTTTTTTTTTTAGTCTTTGGTTCTGTCTGACGGCATTATTGAAATTTCTTCTATCACAGAATACCGTCCATTTTTAGTTAATTTTAT
GAACTTTTTGTTTGCAAAATTGAGTTAAAAACTTATTTAAGGGAGCTGCCCGAGTAGCTCAACAAAAGCCACCTATTTTATGTATTTCTATTGCG
CGAGTATGTAAGAACGAACATTCCATTATTTTTAATATGTTTTCTCGCTTTACGTTTAATTTAAAAATGTCTTCTACTTTACACACAAAAGAACA
TGAAAATCATTTTGTGGCTAAACAAAATCGGCTACTTTAGTAACACAAAGCATTAAAAACAAATTGTATTTTTGGAAAATGCATTTTGAACGTCT
TGACTTGAAATTTTCAAATATACATTAGCATGTGTATATAGATATATATAGCAATAAAAAAATATATATAATTACAAAAAAGAGACAATGAAAAA
ATTAAAATTTTTATCTTTCAATAAAAGAGAACTACAAATAAATGAAATTGGTTGTGTTGGA
(SEQ ID NO: 755)

Start ATG: 281 (Reverse strand: CAT)

MRPPRSNTKAAFSSLQFGLLCLLLLVNNGIKSVQADAFTDYFSDYDCNQPLMERAVLTATSSLTERGPDKARLNGNAAWTPVENTYNHFLTLDLG
DPRMVRKIATMGRMHTDEFVTEYIVQYSDDGEFWRSYVNPTSEPQMFKGNSDGNSIHYNVFEVPIIAQWVRINPTRWHDRISMRVELYGCDYISE
NLYFNGTGLVRYDLRREPITSTKESIRFRFKTAFANGVMMYSRGTQGDYYALQLKDNKMVLNLDLGSRVMTSLSVGSLLDDNVWHDVVISRNQRD
IIFSVDRVIVRGRIQGEFTRLNLNRELYLGGVPNVQEGLIVQQNFSGCLENIYFNSTNFIRVMKDSTELGEGYLFTRVNTIYACPSPPIYPVTFT
TRSSFVRLKGYENSQRLNVSFYFRTYEETGVMLHHDFYSGGYLKVFLEFGKVKIDLKVKDKARIILDNYDDQFNDGKWHSFVISIEKNRLILNID
QRPMTTTKSMQVATGAQYYIAGGKDKNGFVGCMRLISVDGNYKLPQDWVKGEEVCCGDDVVVDACQMIDRCNPNPCQHKGLCHQNSREFFCDCGH
TGYAGAVCHTSNNPLSCLALKNVQHVQQRVNLNLDVDGSGPLEPFPVTCEFYSDGRVITTLSHSQEHTTTVDGFQEPGSFEQSIMYDANQLQIEA
LLNRSHSCWQRLSYSCRSSRLFNSPSEAGNFRPFSWWISRHNQPMDYWAGALPGSRKCECGILGKCHDPTKWCNCDSNSLEWMEDGGDIREKEYL
PVRAVKFGDTGTPLDEKMGRYTLGPLRCEGDDLFSNVVTFRIADASINLPPFDMGHSGDIYLEFRTTQENSVIFHATGPTDYIKLSLNGGNKLQF
QYQAGSGPLGVNVGTSYHLNDNNWHTVSVERNRKEARLVVDGSIKAEVREPPGPVRALHLTSDLVIGATTEYRDGYVGCIRALLLNGKMVDLKEY
SKRGLYGISTGCVGRCESNPCLNNGTCIERYDGYSCDCRWSAFKGPICADEIGVNLRSSSIIRYEFEGSFRSTIAENIRVGFTTTIPKGFLLGFS
SNLTGEYLTIQISNSGHLRCVFDFGFERQEIIFPKKHFGLGQYHDMHFMRKNGGSTVVLKVDNYEPVEYNFDIKASADAQFNNIQYMYIGKNESM
TDGFVGCVSRVQFDDIYPLKLMFQQNPPKNVKSLGTQLTEDFCGVEPVTHPPIEIETRPPPLVDEEKLRKAYNEVDSVLLACLLVILFLLLILMF
FLIGRYLHRHKGDYLTHEDQGADGADDPDDAVLHSTTGHQVRKRTEIFI*
(SEQ ID NO: 756)

Name: Neurexin IV
Classification: cell_adhesion
Gene Symbol: Nrx
FlyBase ID: FBgn0013997

Celera Sequence No. : 142000013384650
TGGCTGTTATAAAAAGTTAATAGCCGTTCAAGTCCCCCTTCCAAACCACTTGGAAACTGGTCCTGCTCCTGCGCAGTGAAAGTATATAGGAAACG
GAGCACATAGGCGAAGCTACCATCCAACCGCACACCAGAACTGTGTAACCCATTCCCCGATCCCGTAGAGAATTTATTGCATGGGCCGCGACTGC
CGTTGGCTTCTGTCCATCTATCTTTGGCTGTGCTTTTCCTGGGATTTTCCCCAATGCGATGGAATGGGTACTCAGACCACAGAGGACCTGCCCAC
AATGCCACCATTGGCAGTTACATTTTATGGCCAAAGTTCACCAGAACCCAACTCGTTCCCCAGCCCCACGCATTCTGGCGACCAAGTGGCGCCAT
TTTTGCCGCATTGTCATCGATGGGAGGATGAAGATGGGGATGGGCAACTGACAGGGATTCTAGTTTATGCTTGCGAGGACTTTTCAAGAAATAAA
CTTTTTCCTCTGTCGACATCAGCGAAAATAATATCGCATTCGGAAAAGTATAAAAATAAAATGAGGACGCAGATTAAAACTATCAAGTTGAACAG
TTGGAGATAGATTTTTCTATAAATTGATTTTTATTTTCACTTTAAACATTTCTATCGAGACTGGAATGGACAACATATATAAAAACACACTTCAC
TTCAATTGTTTTATAATTTATCAGTATGTATATTAAGATTATTCAGTAGAAAACTTCCTTACATCGCACCAGTGACGATGCGAACCGAACAAAAA
CTTAGTGAGACAGTTCATCATAATTATTAAATTAATTCACTTTCTGGCGTAATAACAAAAATGCTGGCTAACTAGCTTTGTTGACCATTTGGCGC
ATGAAAATGGGAAAAAAGATTTATGTTGCCAATTCAGTTTCAAGAGCCGAGCCTGATGGATTCATCTCAACTCTAAAGTATACAAGATATTACAA
AAATTTGCTACGTTTACGGAATTTTCGTACTTATATAGATTTTGCCATTTTTATTTTTATTTTTTTTTAGATAGATTTTCTTGTGCTTCTTATAA
ATGCCTGCACACATGATATGCAGAGTTGAGAATGGAGTGAAACTTTCGACTTGACTTGCTAAAACAAATATGAAACATCTTCTGTTGGCTATTAC
TAAGGGAAGTTTGTCTTGTGGCTTCTTCGACGGTTTCTTCGTTTTGTATTGCGTGGCATTGTCATGAGGCATACATCATTGATCAAATTTCTTGT
TCTTGCTTTGATTAAGTAACGACTTGAGTTTGTATTCGTGACCTGACTTCTTAAACAGACTTCTATTTAAAAAACAAACAGTTACACATAATGGT
AGAGCATGCTACGCTGAAGTCTTAAATCTTTCATTTTAACTAAATTTAGTTGCTGCCTAGTCAGGTGTGCGAATCTGTTTCCTCGTGATTTCTGT
GGGTGTATGCTTGTGTGTTTGTTATTCGTTACGATCCCAATAAGTCGCGAATTCGCCTAATAGAACTTTTTCGCCTGTGCTTCGCTGCGGTTTCT
GCAAGGAATAATAAGTTAGATTGTTTAGTTTCGAATCCACGCTTAAAGATTCCATGAACTCACTTGAAGACGTTGTAGATGAAGACTAGCAGCAG
TTGCACAACAGTTACGCTTAGGAACAATGTGACTCCAACGCAATTGCCCGTGGGACAATTGGCCACCTGCGCTGCTCCCTGTGGCGCTGCCAATC
TGCAAGGTAAGGGAATGCATATTGAGTATCAAGGAGGTACTTAAAAGATGACAATAAAGTATAATAGTCTAAAACTCATAAACATGTTCCTCTGA
ATCAAACTTGTTAAAACTCTAATTTCATAATGTGGAATACGAAAAATTAGTATAAATATGGCTGAAAAGGTTAAAATTAATTCGAGCTCAGAATA
ACTTCGATGACAACAGCTTTAGGAAACTTAAAATAGACTTTGAGCGTATTCCTCACCTTTGGCCCACGTGGGTGATGCCCTGCTTGACCTGATTC
ATGCCATCGCGCATCTCGGCGATGAGCGTTTGTACATCATAGCCGGTGGATTGGATTTGTGCTGTGGGCGCATGCTTCTGATTCGTTTGAATGTT
ATCAGTGCGCACATTGATATCGCCAACCAGTTGACGAATCTCGCGGATGGAACTGAGCAGCATGTTCTGATTAGTGAGCAGAAGATCTACATCGC
TCCTGCTGACTGCGCCAACGGGCAGCTGTTGCTGTGGCACTCCGCCGGCGGCGGGCGGAGGCAGAGCCTGTCCAGCATTACGTGAGACCAGCGAC
AGCGTGGTCTCCTGGCGGCCAATAATCTCATCCACTTTGCGGGAAAGTTCGCGTAGGTGATCGGCAATTTGGCTCTGACCCTGCCAGATCTGACG
CAGCTCACGCTGGTTCTCCGACTCGTAGAACTCCTCCCAGTCCTCCTCGTCTTTGTGCTGTGGGATTATACGAAAGTTGATTATCAAAACTAGCG
ATAAGACATCTTTATCAGCTGGCTGCGTGGCAATTACCTCGTCGGGATGGTCCTTCTTGTACTCCTGCTTCTGTTTCTCCAGTTTATCTTGGTAT
TCCTTGTACTCTTGCGTAAGCTTCTCCTGGTTTTCCACCTTGGGCTGCTCCTGAACTTGTCCAGCGGCATGCAACGACGTGGTCAGGAAATGGAA
CACATCGTGGTCATCGGCCAGACCGCCCGTGGCGGCGGAAATGCCAAAGTAGCCGTTCTTGGGCAGATTGACGCCATCCGCTCTCAGACACAGCT

CGTAGTCATCGTTGTTGTTGGACATTCCGTTGTGGATCATGACGGTAAGCACGTTGTTGTAGTACTCGATTCGCGCCCGTGTAGGGAAGGGCTTG
TTACGGAAATCCCTGAGGCAACCGCTCAGGAGCTGAGTGGTTCCATCTTCGGCATGGTCATACAGCTTGGTGCCATCATTGAGCACGGCACTGAT
GTAAGGATTGTTGTGCTTGTTGTCATTATCGAAGGAATCGAACATGATGGCCAGACCATTCCAGCGGTCCGAGGATCCGAACACAGGCCCATTGT
AGTCACCCTTTTCCGTGGTGTACCAGAAGGCCAATCCATCGGCTCCGATCCTGCCACGTCCCGTCACCCGGAACACGATCTCCACGTCCCACCAG
TCGAAGTTCGTCTGTGACTTTGTCCAGATGGCACCCTTCTGTGAGCGCAGCGATGGCGCCACGCGCACACTTTCCGAACTGGCGATGGCATCTGA
AATGAGGAGCAACAAGTTGTGGCTATAGAAACACCCGAAACCGTGGTCAAAACGACATCCAAACAAAGTGCCTGCGTGTACACTTGGCCGCCTCG
CGCCATCTCGCTCGCACCCATGGCCGCAGACCAGCAGCGAGTGGGCCAAAACAACTGACGTGGAGCTGCGTCTTCCACTCGTACTCACTTCCCCC
GTACTCCCAAAACGGCACGGTGCCGTCTTTCTGTGCCAAATACGGCGGCTTGAACGAGTACTTGTACTCGAAGCGACGGTGCACGCCCACGGCTC
CAGGACTCAGATTGCCGGTCGCCTCGGAGCTGGGATTCCACGCCAGGAAGCACAAAATGGCCAGGAATGTGGGCCGCATCTTTGCAATTATATGT
TGACAACTAGTGGTGGGTGGGCGACGATGGTGCAAACTGATGATATCGATAACCAGCCGGCACCGATAGGCGGTGGTATCGCACTGGATGTTCTA
AAAGCATTGTATAATTTAAAATCAAATATTATTTTATGTATTGTCTACCATTAACAATTAAGGTAATATAATATAAATTGATTAGAACATTTATT
TAGGCCATCCTTCGTATATAAATGTTGAACTTAAATAAAACCAGCCATCCTATAACAATTAACTTCAGCTTAGATCACAATTTAAAATTCTATAA
GATAAAAGTTTTTCCATGCATTCTAAGAAACAAGAACCAAGTGATCTAAAAAATATTCAGGCAGCGACAATACAATCGCTATCGATTTCGGTAGA
TTTTATATCGATATCGCAAATGCCCACCAAATTCAAAAGATCTTGTTATCACTTTATGATGTTGAGGTGGAAAAACATTTATTTTGAAAATTTAA
AGTGTTTACGTCCCGTTAGAAAATAAACATAAATATAGCAAAATACGCGCCATTCGCATGTGCTTACATAGATACATGTTTATCAATACGTTATT
GTAAAATTATTTCGTTAGTTGTTTCAATTGCCTTTTGCGTGATATCACCAAAGTAGTATTACATCCATATCTCCAAAATTCCTTTAGCACAGTTA
GCACAGTGTGTGTATATATGTTTACATCTTTATTCTTTGTTTCTGATTTCCTACCGTTTGTAGTTTTCGTAGAGCTTACAGCTAGAATTATTATA
GGTTTTAATGCCTCGGTAGCACATAGTGTGGGCTTCATAAAATATTGTTAGTTGCTCAGTTTACACAAGTGATAGCTTTGTGTGCAGATCGGTGT
GTGGGGGATAGTCATTAGGGGCGATCGTGCCGCAAGTTTCGCCATTTTACAAATGTTAGTTACTTATTTTGAATCACAATCACTTTCGTGTTAGT
TCTGTGCGCGATCAAAAGAAAAACTCAAATCGATTAAAACAAAATCAAAGTCT
(SEQ ID NO: 757)

Exon: 3613..3414
Exon: 3226..2508
Exon: 2432..1957
Exon: 1709..1584
Exon: 1518..1001
Start ATG: 3594 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT21141
TCAACATATAATTGCAAAGATGCGGCCCACATTCCTGGCCATTTTGTGCTTCCTGGCGTGGAATCCCAGCTCCGAGGCGACCGGCAATCTGAGTC
CTGGAGCCGTGGGCGTGCACCGTCGCTTCGAGTACAAGTACTCGTTCAAGCCGCCGTATTTGGCACAGAAAGACGGCACCGTGCCGTTTTGGGAG
TACGGGGGAAATGCCATCGCCAGTTCGGAAAGTGTGCGCGTGGCGCCATCGCTGCGCTCACAGAAGGGTGCCATCTGGACAAAGTCACAGACGAA
CTTCGACTGGTGGGACGTGGAGATCGTGTTCCGGGTGACGGGACGTGGCAGGATCGGAGCCGATGGATTGGCCTTCTGGTACACCACGGAAAAGG
GTGACTACAATGGGCCTGTGTTCGGATCCTCGGACCGCTGGAATGGTCTGGCCATCATGTTCGATTCCTTCGATAATGACAACAAGCACAACAAT
CCTTACATCAGTGCCGTGCTCAATGATGGCACCAAGCTGTATGACCATGCCGAAGATGGAACCACTCAGCTCCTGAGCGGTTGCCTCAGGGATTT
CCGTAACAAGCCCTTCCCTACACGGGCGCGAATCGAGTACTACAACAACGTGCTTACCGTCATGATCCACAACGGAATGTCCAACAACAACGATG
ACTACGAGCTGTGTCTGAGAGCGGATGGCGTCAATCTGCCCAAGAACGGCTACTTTGGCATTTCCGCCGCCACGGGCGGTCTGGCCGATGACCAC
GATGTGTTCCATTTCCTGACCACGTCGTTGCATGCCGCTGGACAAGTTCAGGAGCAGCCCAAGGTGGAAAACCAGGAGAAGCTTACGCAAGAGTA
CAAGGAATACCAAGATAAACTGGAGAAACAGAAGCAGGAGTACAAGAAGGACCATCCCGACGAGCACAAAGACGAGGAGGACTGGGAGGAGTTCT
ACGAGTCGGAGAACCAGCGTGAGCTGCGTCAGATCTGGCAGGGTCAGAGCCAAATTGCCGATCACCTACGCGAACTTTCCCGCAAAGTGGATGAG
ATTATTGGCCGCCAGGAGACCACGCTGTCGCTGGTCTCACGTAATGCTGGACAGGCTCTGCCTCCGCCCGCCGCCGGCGGAGTGCCACAGCAACA
GCTGCCCGTTGGCGCAGTCAGCAGGAGCGATGTAGATCTTCTGCTCACTAATCAGAACATGCTGCTCAGTTCCATCCGCGAGATTCGTCAACTGG
TTGGCGATATCAATGTGCGCACTGATAACATTCAAACGAATCAGAAGCATGCGCCCACAGCACAAATCCAATCCACCGGCTATGATGTACAAACG
CTCATCGCCGAGATGCGCGATGGCATGAATCAGGTCAAGCAGGGCATCACCCACGTGGGCCAAAGATTGGCAGCGCCACAGGGAGCAGCGCAGGT
GGCCAATTGTCCCACGGGCAATTGCGTTGGAGTCACATTGTTCCTAAGCGTAACTGTTGTGCAACTGCTGCTAGTCTTCATCTACAACGTCTTCA
AAAACCGCAGCGAAGCACAGGCGAAAAAGTTCTATTAGGCGAATTCGCGACTTATTGGGATCGTAACGAATAACAAACACACAAGCATACACCCA
CAGAAATCACGAGGAAACAGATTCGCACACCTGACTAGGCAGCAACTAAATTTAGTTAAAATGAAAGATTTAAGACTTCAGCGTAGCATGCTCTA
CCATTATGTGTAACTGTTTGTTTTTTAAATAGAAGTCTGTTTAAGAAGTCAGGTCACGAATACAAACTCAAGTCGTTACTTAATCAAAGCAAGAA
CAAGAAATTTGATCAATGATGTATGCCTCATGACAATGCCACGCAATACAAAACGAAGAAACCGTCGAAGAAGCCACAAGACAAACTTCCCTTAG
TAATAGCCAACAGAAGATGTTTCATATTTGTTTTAGCAAGTCAAGTCGAAAGTTTCACTCCATTCTCAACTCTGCATATCATGTGTGCAGGCATT
TATAAGAAGCACAAGAAAATCTATCTAAAAAAAAATAAAAATAA
(SEQ ID NO: 758)

Start ATG: 20 (Reverse strand: CAT)

MRPTFLAILCFLAWNPSSEATGNLSPGAVGVHRRFEYKYSFKPPYLAQKDGTVPFWEYGGNAIASSESVRVAPSLRSQKGAIWTKSQTNFDWWDV
EIVFRVTGRGRIGADGLAFWYTTEKGDYNGPVFGSSDRWNGLAIMFDSFDNDNKHNNPYISAVLNDGTKLYDHAEDGTTQLLSGCLRDFRNKPFP
TRARIEYYNNVLTVMIHNGMSNNNDDYELCLRADGVNLPKNGYFGISAATGGLADDHDVFHFLTTSLHAAGQVQEQPKVENQEKLTQEYKEYQDK
LEKQKQEYKKDHPDEHKDEEDWEEFYESENQRELRQIWQGQSQIADHLRELSRKVDEIIGRQETTLSLVSRNAGQALPPPAAGGVPQQQLPVGAV
SRSDVDLLLTNQNMLLSSIREIRQLVGDINVRTDNIQTNQKHAPTAQIQSTGYDVQTLIAEMRDGMNQVKQGITHVGQRLAAPQGAAQVANCPTG
NCVGVTLFLSVTVVQLLLVFIYNVFKNRSEAQAKKFY*
(SEQ ID NO: 759)

Name: mannose-specific lectin
Classification: chaperone

Celera Sequence No. : 142000013384670
GAGACCACGGATCCTGGAGATAACTCGCAAACGAAGGAAAGAACAAACACGCATCTTGAGGAGACGCAAAACCAAGGAAATACTACACTCTGGGA
TTCTGCACACAGAAAAGATTGACTCGGCTATTGATCCTGACTAATAATATATATATTAACAATATATACACTTTATTAAGTCGGAATCGTTTAAT

TCTACATACAAATTTCATAGGATGTGTCACTTCATGTGAGAATATTAACAAGATTATCTTGGCAATAAGCGCTTCGTCACTTCGTGGATCGCTAG
ATGACGTTTATTTGGGAACTCGTCATCTTCATCACAACCTTTTCATCTGTAAAACGTGACTCTACTAATTATTATATATTTTTATTATTATAATA
CAATAATAATACAAAAACATATTTACAGAAAATAACTTTGAAACCTATGATTTGTTTCATAACTTAAAATTTATAATTATAATTCAGCAACAAAA
ATCTTAGATACTGAGATATTACGGGGTATTATGAATAGGTTGGTTTTGATAAAAACGGTAAAGGTATAAAACAAGACATACACCCACAAAAAATA
AATTATATTATTCATGCAAGGATGTACCAAGGAGTTTTTCGGACAATTCGGGGATGATTGCAAAACAAAGGTAAATTATTGAACGCCGTGTTGAA
CAAATCATGCTCAGGTATACCCAGGCTCATTTACCCTGCAAATTATGGCACTGAATGTGGCATGTTTACCTTTCAAATTGAGCGCACAATACAAA
CCAAATGCGTTTGACACTGAAGTCAGAATATGCCTTTCTCGCAAATCCAGGGACCTTCTTCGTCTCGAAGGATATCAGATTGAGAAAATTAGCTG
TTGGAGTGGGGAAAATAATGAGGGATCATAGACACACATTGAGGAAGGCACAGTTACTATTTCATTATATTTTGAAGACTCAGTTTTAATCTAAA
TAGCAATCTATAGGTTTGTTCAATTGTTTGTTCGGTGTTTTCTTTTATTTCGTTTGTTGTTGTATATGGGCTTTAATTTGAATATTTATTTACAA
TTTATTTAAGACTCGTTACACCCTTGCTCAAGTCAAATATAGTAACAGTTGCAATAAACAAGCTTTCAACTTATTGCTTACGTGTCTCATCAATA
TAATTTACAAGAAAAACTTACTTAAGGCTAATCTCCGTTGATGTTTTGCTTTATGTCTCTGTGCTTCACGCATAATTTACTTTACGGATATTTAC
CGGCTGCTTATTTTGATGCTTCTTTTATTTTGTAGGTATGTGTATTTTTACTAGTGAGAATATTGGTTGGTTAATTGAGAGTATATATAATTACT
ATATATATCTGACTTCTATATACCATTTTTAACATTTGTAATTTATGTACGTTCGTTTTTACGAATTGAGTTTTTACTATGCGCTTGCGGTTGGT
TTTCTTTGTATAAATAAAATAGAATATTTTCGCTTTTGCTTCGCTTCGAATAATACATGCCATATACATACATATAAGAAAATGCTCGATTACGA
TTCTCATAACTTATGGTTCGACGTTAACCAAATGAGGCCCTCGGACAGGCCATCGCCGGATGTGGCACATGATGGTTGTACATACCAATTGCGAT
CTCTTATTCTAGTTAAACCTAGTTTTTCCTGGATTTCATGGGGTTTCATTGCTGCAAGAGAGAACAATAAGCGGATGGAAACAATTGGCTGAGCA
CTATACTAACCATCAGGCAGATCCTGCTTGTTAGCAAATATCAGTATGATGGCGTCGCGCATCTCCCTATCGTTAATTATCCTATGCAGCTCCGT
GCGCGCCTCGTCTATCCGATCCCGATCCGCACAATCCACGACGAAGATCAGACCCTGTGTACCCGTGTAATAGTGTCGCCATAGCGGTCGAATCT
TATCCTGCCCACCGACGTCCCACACATTGAACTTGACATTCTTATAGGTGACGGTTTCCACATTAAAGCCCACAGTGGGTATCGTTGTAACAGAT
TGGCCAAGTTTCAGTTTGTACAGAATCGCTGTGGGTGGACAAAAACAATATTACTTTAGACACGCAAAGGATGTATAAACAAAATAGCTCGAATT
CGATTAGTGATAGTACTGGTGTACGTATTGAAAGGTCTTTATATTGTACATTTTTTCAAAGTACAATAAGAATAAAAACAAAACAATAATTGCCT
CGCCTCAAGAGTATTTTTTAAATGGGATTGGTTTCCACTTAGGAAACTGATGAAACTAATGGGTACTAATCAGGCCCACAATCGAATTCGAGAAC
CCTTTATTGTTTATGTGCTTACTTGTTTTTCCAGCCGCGTCCAGTCCGAGCATGAGAATTCGCATTTCCTTGTTGCCGAAAATTTTTGATAGTAA
CTTTCCCATGGTGCTGATGTGTCATCCATTAAACCTTAGCCAATCTGAAAAACAGTTCGAGTAGAGTTGGCGAGGTCTTCCAAATAAGCATATCG
ATAAGAATAGCTGGGCGAGATTCAGGGCAGGGTCAGTGAATTTCCAGATAATAGGGCCATTGTAATACAGTTTGCAGTTAACATATCAATTTATG
ATATAAGAACGCCGTCGCGCGAAGGCGCGTAAGTGATATATGAACATACAAATGTAGCTACATATGTACACATACGGCGGGCACAGGCAATTTGG
TGGCCATATAGAGCTTGTACGACGGCGGAAGCTAAGACCATTATTTTGCATAATAATTTCACTTACATTGTCATCAGCTCGTTGCTAAAAAGCGA
GAAAAAAGTGGAGAGGCAGAATTTATCAGTGAAGAGCTTGCAGCACACAGTCGCACACACAAACACACGCACACATGCTTACACATAGGAAGTAC
AATTGGACAGATAAACACACTATAGTGTCTCGCAAATTGAGGCAGAGTTATCTCAATTGCGGGCTTATCGCTGGCTCCACTGAATGGGCGGGTGG
ATCCGACCGCTCCACCCCCGCCCCCTGAACAGCCACCGCACCCCTCGACGACCCAGTAAAGCCGGCTTGGGAGCAACGATATCGGATGGTTTTCG
GATTCTACGGAATTTCGCTCGCTCTCTCGCTGCTGCTTGCCTACGTCACAAACACGCCCGTAACACACATACACATGTATACACACCCAAGTCTC
CGACGACCGCCGTTACGCACCGCTTTCCAGCCCAATTCGTTCCACGCCAGCCTGAAATCCGTTAACATGTAGTGCCAAAGTGCGCGGGCCGGGGC
ATAAAATGCATTTGCTAGCACACGGCGGCCAAAAAACTATAACTAACAACAACAATTTTGCACTAATCTTCTTGTATTTATATACACATACACGA
AGCAATGTGCCCGTTAGCGCAGAGCGGAACAAGATCTTCGGGAATTCCAGAAAATACGCTAAAAAATGCAAAGAATGCGGAGGATAAATACCAAA
AATACTGAATTTATCAGATGAAAAACGGTGACTGGCGGGGATATCGTGATTTTTTGGCCAATAAGTTATTACTTTTGCAATTCAAAATTGAAAAA
GATTTATTTTCTTATATTCATTTATTATTCATATTAATTTAGCAAACAATGTAGCTGATATATTCTCCTCGTACGTTCAACAATTTGTTAATTTT
TTTTAATTTTAAAAATTTTTGTTTTGTGTATTTAGTGATTTGGTATTTTAATGTAGCCCTGGTGAACTTACAAAGCCCTAGGGCGGCCACACTGA
AACCGATGATTGAAATCAAGTCGATTGATTTCAGTTTCCTTCTTTTGTATTGTTTTATATTTGAGCAATACTTACGATACTGACATCGCTCAGAG
GTACAATGGAACTTAGTTAGTCGTCGACCAGAACAGACTCGGAAAACATGGCTGGCATTTGCCCCCGGGAGGCGGTTCGGGTGAAAGTGAAGGCA
AGTGAAAGGTGGCCAGAAGGCGAGACAACAAAAGGGCTGCTTAGTTTGTGTTCCTCAATCTAATTTTTTTGAAATCGCCCACAGAAATGCGAACC
CACTGCTCGGCCGGAGTGGCGAAAGTTTTCAGTGGACCCGCAGATCACCACGCTGGAGGTGTTGTACTCCCTGCTGGCCAAGGCCTTCGATGTCA
AGTCGGACTTCTCCATTAAGTACAAGGCCTTTGATCCGGCGGGCAACGAGATCTACCTGGCCGTGCGCTCCGACTGGGATCTGGATGCCGCCTTT
CTGAGGATTCACAACATTTCCATTCAGACGGCCTCAGAACCCTGCCTCACCCTGCAGATCGATGTGAAGCCATTTACGGTGGTCAGGGAGTGTGA
GACCGAGGCCTCCCCGGGTAGATCCATAACGGGAGCGCCTGCTCCCGCAACTCCTGCACCT
(SEQ ID NO: 760)

Exon: 3336..3127
Exon: 2419..2303
Exon: 2023..1721
Exon: 1666..1001
Start ATG: 2384 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT21197
GGCACATTGCTTCGTGTATGTGTATATAAATACAAGAAGATTAGTGCAAAATTGTTGTTGTTAGTTATAGTTTTTTGGCCGCCGTGTGCTAGCAA
ATGCATTTTATGCCCCGGCCCGCGCACTTTGGCACTACATGTTAACGGATTTCAGGCTGGCGTGGAACGAATTGGGCTGGAAAGCGGTGCGTAAC
GGCGGTCGTCGGAGACTTGGATTGGCTAAGGTTTAATGGATGACACATCAGCACCATGGGAAAGTTACTATCAAAAATTTTCGGCAACAAGGAAA
TGCGAATTCTCATGCTCGGACTGGACGCGGCTGGAAAAACAACGATTCTGTACAAACTGAAACTTGGCCAATCTGTTACAACGATACCCACTGTG
GGCTTTAATGTGGAAACCGTCACCTATAAGAATGTCAAGTTCAATGTGTGGGACGTCGGTGGGCAGGATAAGATTCGACCGCTATGGCGACACTA
TTACACGGGTACACAGGGTCTGATCTTCGTCGTGGATTGTGCGGATCGGGATCGGATAGACGAGGCGCGCACGGAGCTGCATAGGATAATTAACG
ATAGGGAGATGCGCGACGCCATCATACTGATATTTGCTAACAAGCAGGATCTGCCTGATGCAATGAAACCCCATGAAATCCAGGAAAAACTAGGT
TTAACTAGAATAAGAGATCGCAATTGGTATGTACAACCATCATGTGCCACATCCGGCGATGGCCTGTCCGAGGGCCTCATTTGGTTAACGTCGAA
CCATAAGTTATGAGAATCGTAATCGAGCATTTTCTTATATGTATGTATATGGCATGTATTATTCGAAGCGAAGCAAAAGCGAAAATATTCTATTT
TATTTATACAAAGAAAACCAACCGCAAGCGCATAGTAAAAACTCAATTCGTAAAAACGAACGTACATAAATTACAAATGTTAAAAATGGTATATA
GAAGTCAGATATATATAGTAATTATATATACTCTCAATTAACCAACCAATATTCTCACTAGTAAAAATACACATACCTACAAAATAAAAGAAGCA
TCAAAATAAGCAGCCGGTAAATATCCGTAAAGTAAATTATGCGTGAAGCACAGAGACATAAAGCAAAACATCAACGGAGATTAGCCTTAAGTAAG
TTTTTCTTGTAAATTATATTGATGAGACACGTAAGCAATAAGTTGAAAGCTTGTTTATTGCAACTGTTACTATATTTGACTTGAGCAAGGGTGTA
ACGAGTCTTAAATAAATTGTAAATAAATATTCAAATTAAAGCCCATATACAACAACAAACG
(SEQ ID NO: 761)

Start ATG: 246 (Reverse strand: CAT)

MGKLLSKIFGNKEMRILMLGLDAAGKTTILYKLKLGQSVTTIPTVGFNVETVTYKNVKFNVWDVGGQDKIRPLWRHYYTGTQGLIFVVDCADRDR
IDEARTELHRIINDREMRDAIILIFANKQDLPDAMKPHEIQEKLGLTRIRDRNWYVQPSCATSGDGLSEGLIWLTSNHKL*
(SEQ ID NO: 762)

Name: ADP ribosylation factor 51F
Classification: ligand_binding_or_carrier
Gene Symbol: Arf51F
FlyBase ID: FBgn0013750

Celera Sequence No. : 142000013384809
GGACCATACAAAAGAAGTGCAAGAAAGGTGCGCGCGGTAACTTCTATATGTATCATAATCCTACACAGCGCCTCCCCAAAAGGGGAACGTAGTAG
AATCGGGCATTCCCATAAAAGAGCAAGGCGGTGTCATTGCCGGCTTAATGGGTCCAAAGGTCACAAAATGCAAAAATCACTCTTGTTGACCCATA
TACAAGAATGCTTCCTTCTGGGGAGGATTGTGCTCTCTTCGACCCACTTCGAGGTTCTCCCCGCCACAGCTTCGTTTCGTTTCCTAGGAAATACT
GCAGTTCCTGTTCCTAACAATGCAGCGAGTGCATCCTTCATAATAGCAAATACTTTCCAAAATTAATTTGAAATTTTGCGTACTTCCTTCGGTAG
GCTGCCGCTATGAAAAGGGTGAATGGTCTCAATGCGTCGGAGGACAAATAACCAGAGAGGATAAGTTGGAACCAGAGGCAACTGGCGGTAGTGAT
CAAAACTGCAATCCTGTGCGTACCGTCAGCAAGAAGTGTAAAGCAAATGGCAATTCCAGTGGAGGAAAACAACACGGCCAGAGTCGTCGAACAAA
AGAGCAAAAGCAAAAGGATAAGGGTAAAAGTGGTGAATTTGACCCCTTTGTGAAAAGTTTGATCCAAATTCTCTGTTTACAGGAGCCAGTCACAT
TTCGTCTTGATAATGAAAATTATTTATTTTATACGTATACGGAAGCAACATTTTTAATATTAAATAAGCGATTTTTAAATGCTAGCCCGTACGGA
CTACTTGAACAACAATAAAGAATTGGCCTTCTTAGGGCTAAATGAAAGCACTCTTTTAGAAATTCTTGAAACAAGGCTTTCACAAACCCCAATAC
CGCGAAAACCTGCACAAAATGAGACCTGTTATTGAGTAATCAAAGAGCATTGATAGAACTGTTAGTTGGCTCTGAGTTTTTATTTAATATTAGAC
GCGACAGTAAAATAACCGTCTGCGACAAAATTTAATTAACATTACACAAAAGAAAACGTTACCTCTAACTCGGCTTGGTAATATAAAGATGTTAA
ATTTAATAGTGTTTCTTTACTTAACTGCAAGCCCCCTTTAAATTGATCGATCTTTCGAGGCAAATCTTCAAGTTACCAATGTCTTTAATAGCCAT
TGAAAGGGTGTTATGTGGCTGGCCCAAGATTTGCCGCAAACTTATTGTAACGTCGCGGTCGCTGACCTCCGGCTTGCGGCGGGCACTGGTCAAGC
AGCCCCGTAAAGGCGGAGATGTTGGAAAACCCGGAATGGAGCTTGGGCGCTGTTCGTGCTTTGGACTCCGTGTGAACCTCAGCAATGCATCCGTC
GTATACGTTGGCCACCGACGCTACTCGACGTACGAGAAGACGTCTACGCAAATTTTAACGAAGCTCTTTCCACAAACCTCTGAGGAGTCCAACGA
CGAGGAAAGTCGTGAGCGGCGGAAACTTGAGGAGGAGGAGGAGCAGAAGGAATTGGAGCGGGCATTTAGGCGGATGAAACTGGGCTTTGGGCTTT
TCGGCATAGGTAGCATGTTGTTCTCGTTTTGGGCTATATATTTCTATGGAAGGCCGTCCTTGGATGAGCACGGAAATGAAGTAATCGACGAATTT
AGTTGTCTGCCACAGATGCAGCAGCTTATGTGGCGGACATGGAAGTCGGTGAACCGCTTTCAACGGTTTTTCAAAGAGCCGTCGAGAAAAAAGCT
GCTTCCTGATCCCCTTCAGCCCCCCTACGTGCAGCCGCCGTATACTTTGGTACTTGAGATTAAGGATGTGCTGGTACATCCCGATTGGACCTACG
AAACAGGATGGCGCTTCAAGAAGCGCCCTGGCGTTGACGTGTTTTTGAAAGAATGTGCCAAGTATTTTGAGATTGTTGTTTACACGGCGGAGCAA
GGAGTTACTGTGTTCCCGCTGGTCGACGCGCTTGATCCGAACGGCTGTATTATGTATCGCCTGGTTCGCGACTCTACGCACTTTGATGGAGGGCA
CCACGTGAAGAACCTTGACAACCTCAACCGAGACCTAAAGCGAGTGGTTGTCGTGGACTGGGATAGAAATTCCACCAAGTTTCACCCTTCGAATT
CATTCTCGATCCCGCGGTGGTCTGGAAACGACAATGACACTACCCTCTTTGAACTCACGTCGTTTCTTAGTGTTCTAGGAACGAGTGAGATCGAC
GATGTCCGAGAAGTGCTGCAATACTACAATCAGTTTAGTGACTCGTTATCCCAGTTCAGAGAAAACCAGCGAAAGCTGGGTGAGCTAATGCACGC
CGAGGAGGTAGAAAAAACTAGCAAGTCTAGGCCCGTTGTCAAGAACTGGACCCGTGGCTTCATAAATCATTAAAAAGATTGTGCGTTTGATGTGT
CCCTTAAATACTGTTAATTCACCCAAAAAATTACATTAAAACTTTCCTAGCATTCTTCAATGTCTACCTACTAACAGCAGTTACTTTTGCAGTTT
TTTGCGTATTCTGATTGAAAAAGTCTGAAAACATATGATTTCTGATTTGGCATTTAAAGCAGACTGCCCTGCGGAACGTCAATGCTTCCTTGAAG
GTAACAGTGCAGCCACTAGGCGGATACATAGCCGTAATGTTGTGAAAAATGTTGTGTTACGGTTTTATATGAATGCAGGCTTCCAGAAATCCTCA
GTCCAGCACGAGCACGCAAGCTCAGCAACATGTTGCTGCCATGTGATGGTGTGCGTGAGCACGTGCCAAAATAACTACGACACATGTGTACTCTT
GAGGGAATGTTTCCACAATCAACAACTACGCACTTCACACCACTAGGTGAGTCATGCGCAGTATCGTCCCTGCGAACATTCATCCGAATGTTGGC
ATAAGTAAGTAAAGGGATCAGGTGTACTGTAAGCCTTCCGTCTAGTTACTTTCGATGCAGATTTTGATTCTGGCTGAGGGTTCGTGGCTGGCTGG
GCCTCTTCTCCTTATGTTGAAAACACACAACAATTCGGTGGTGGAAGTATACTGCGGACGTCAAACTGGCGAGCCAGGGCGCAGGCGTTGGTTCA
TTTGGCACTTTGTCTGGTACTCTCCCACATCGGCATCCTGCAATCTCTTTGGCTCAGCATCCTTGTAAGCTGTTGTCGGAGCAATCTGGGCATGG
GGCAACTGAAAGGAAAGCAACTTTCCCATTCAGGAGCGCACAAGCCGCAGGAATCGCGAGCGCAGACAATTCAGTTCGGCTTTAACGTAATGGAC
GGAAGGTTTGAATATCGCTTCTCGCCCCAGTTGTACAGATAAAGTCCCACTGCACGCAATAGGGCACTTGGAAGATACAATAGAACGCCGAGCAG
TGTGTGTATATAGGTTTGAATGCTTACG
(SEQ ID NO: 763)

Exon: 1001..2353
Start ATG: 1124

Transcript No. : CT21286
AGAAAACGTTACCTCTAACTCGGCTTGGTAATATAAAGATGTTAAATTTAATAGTGTTTCTTTACTTAACTGCAAGCCCCCTTTAAATTGATCGA
TCTTTCGAGGCAAATCTTCAAGTTACCAATGTCTTTAATAGCCATTGAAAGGGTGTTATGTGGCTGGCCCAAGATTTGCCGCAAACTTATTGTAA
CGTCGCGGTCGCTGACCTCCGGCTTGCGGCGGGCACTGGTCAAGCAGCCCCGTAAAGGCGGAGATGTTGGAAAACCCGGAATGGAGCTTGGGCGC
TGTTCGTGCTTTGGACTCCGTGTGAACCTCAGCAATGCATCCGTCGTATACGTTGGCCACCGACGCTACTCGACGTACGAGAAGACGTCTACGCA
AATTTTAACGAAGCTCTTTCCACAAACCTCTGAGGAGTCCAACGACGAGGAAAGTCGTGAGCGGCGGAAACTTGAGGAGGAGGAGGAGCAGAAGG
AATTGGAGCGGGCATTTAGGCGGATGAAACTGGGCTTTGGGCTTTTCGGCATAGGTAGCATGTTGTTCTCGTTTTGGGCTATATATTTCTATGGA
AGGCCGTCCTTGGATGAGCACGGAAATGAAGTAATCGACGAATTTAGTTGTCTGCCACAGATGCAGCAGCTTATGTGGCGGACATGGAAGTCGGT
GAACCGCTTTCAACGGTTTTTCAAAGAGCCGTCGAGAAAAAAGCTGCTTCCTGATCCCCTTCAGCCCCCCTACGTGCAGCCGCCGTATACTTTGG
TACTTGAGATTAAGGATGTGCTGGTACATCCCGATTGGACCTACGAAACAGGATGGCGCTTCAAGAAGCGCCCTGGCGTTGACGTGTTTTTGAAA
GAATGTGCCAAGTATTTTGAGATTGTTGTTTACACGGCGGAGCAAGGAGTTACTGTGTTCCCGCTGGTCGACGCGCTTGATCCGAACGGCTGTAT
TATGTATCGCCTGGTTCGCGACTCTACGCACTTTGATGGAGGGCACCACGTGAAGAACCTTGACAACCTCAACCGAGACCTAAAGCGAGTGGTTG
TCGTGGACTGGGATAGAAATTCCACCAAGTTTCACCCTTCGAATTCATTCTCGATCCCGCGGTGGTCTGGAAACGACAATGACACTACCCTCTTT
GAACTCACGTCGTTTCTTAGTGTTCTAGGAACGAGTGAGATCGACGATGTCCGAGAAGTGCTGCAATACTACAATCAGTTTAGTGACTCGTTATC
CCAGTTCAGAGAAAACCAGCGAAAGCTGGGTGAGCTAATGCACGCCGAGGAGGTAGAAAAAACTAGCAAGTCTAGGCCCGTTGTCAAGAACTGGA
CCCGTGGCTTCATAAATCATTAA
(SEQ ID NO: 764)

Start ATG: 124

MSLIAIERVLCGWPKICRKLIVTSRSLTSGLRRALVKQPRKGGDVGKPGMELGRCSCFGLRVNLSNASVVYVGHRRYSTYEKTSTQILTKLFPQT
SEESNDEESRERRKLEEEEEQKELERAFRRMKLGFGLFGIGSMLFSFWAIYFYGRPSLDEHGNEVIDEFSCLPQMQQLMWRTWKSVNRFQRFFKE
PSRKKLLPDPLQPPYVQPPYTLVLEIKDVLVHPDWTYETGWRFKKRPGVDVFLKECAKYFEIVVYTAEQGVTVFPLVDALDPNGCIMYRLVRDST
HFDGGHHVKNLDNLNRDLKRVVVVDWDRNSTKFHPSNSFSIPRWSGNDNDTTLFELTSFLSVLGTSEIDDVREVLQYYNQFSDSLSQFRENQRKL
GELMHAEEVEKTSKSRPVVKNWTRGFINH*
(SEQ ID NO: 765)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384615
CATTTCGTACAATGCTTCTCCCTTCTCTTTTTGTCTTTTTTGCCTTTCTTGTTTTCTTATTTTCCTGCCGGCACACACACGCACACACATGCAGT
TGCGCTCTCTCGCGCTCGCACACCAACACACTCACCGTTTGGGAGTTTTTGTAGTCAATCAACTGATTGGAAGCCGCATCGCGTCCAGCCATTTT
GCTTAAAATTTAGGATATTTGCTCAACGGGATAACCAGAATTTAGAAACACTCGAACTGGAAAGTTGTTGATTTCTAGCCGCCTTCGGTTTTTTG
CTGTGACTGCGTCGAGAATTCTGTCAACTAAAGCAACTGCAGCGCAGTTCCATTTGTTTTTATAGCCCAGCACCACGTACTTGTTGTTGCTCAGG
GTTGTCGAGTGGGCCGAAGATATCGATATTTCGATTATAGTTGGAAATATATCGCTTAAATATTACATAATATCCATTATTATTCATATTTGTAT
TTAAATAGTATGAAATTCATTTTCAAAGTTTTTTTTTTGCACTGTCCATTTAAAAACGTGTCCCAACACCATTAAGATTTATTATTGATAATTTA
TAGTACCTTCGCTCCATTTGCTGCCCAGAAAGGTGAATAAATTTAAACTGTTTGTTAAGTTATTTATTTTTTTAATTTCATGAAAATGTCGGCAT
CATTAAGTTATAAACTAAGTCGGCTATCTATTGGTGCTCCTGCCAAATAAATATCTATGGCCTCTTTTTTTCTTAAGTTGTGAACCTCTTCCAGT
GGTGCCTTTAAAATAAATGTACTTCATTCATATAATATATGTAAATATCATTAAACATGTTAAAATTATAAACTTCAAGGAAATCTCCAAATGGC
GGCTATCTTTCTGTGGCTCCTGCCAAGCTAACATCTCTGTCTTTCTTTATTTTAGCGTACAAAAATATCTAATTAAATGAAACTTAGAAACTAGC
ATCAACTAGCATATGTATCTTGTTCTCTAGTCACAACTTAAAAAAATCACCTAACCACCTGTGGTTCCCATCAAGTAAATATCCATGGACTGCTT
GTCCAGGACGGTCGGGCGCCTCTTTGGAATCGGCTGAATGTGCGGCAGTCGCGTGCCATTCACGGCGTTCAAACTGAGATTCGAGTTGGGGTCGT
AGTCGTCGCAATCCGGAGTAGTCTGGGCCAAGCTCAGCCTCTGCGATGGTTTCACCATTAGGTTTGCCCTCGCAAGCTGGCGTTTTTGGATCGCT
GCAGCGCTGGTAGTGGGCACATTGTCTGAATCTTGACTTAAGCTTCTGTGGGAGCACAGCTCTTCATCGGGAGTCACAATGCCCCCCTCACTGTA
TGAGGCACCGAATTCGGAACTTTGGCCAGAGACATGCAAAGAGGGCGCACTTTGGTGCGACGATGACTGACTGCCGCTGACGTCCGTAATGCTCG
CGGCAGTCTCCCTGGCCATCTTGTGCCGTTTGGCATTGTCGTTCTTCTTCCGGTAGAGTCGCACCAGGTCCGTGTAGCACTTGCAGCAGATGAGG
TTGCCCGCCCGAATTTCGCTGTTCAGCAAACAGGCGAAGCGCACCAAATATTTGTTGTTCAGTTGGCGATACGGCTTCCGCAGCGTGTGGTTGCC
GACTGCGCAGAATCTCCGCTCAACGCGCGAGCCCTCGTCAATGGAGGCCATCTGGAATAGATCATGCACCTAGTTCTCCACAACTCGGGCTTACA
AAACAATGCTTACACTGGCATTTTAACTTCCAAACGCAACAAAACGAAACATGAAGCCAATTGTCCCGCCACTTTGGAAACATATAGTGTGACCA
CATATGGATTGCTGAAATATACCAAAATTAGGCGTAAAATAAAATGCATTTAACTAATAAACAAATTCAATTTTTTTAAATGTTATAAAATCTAA
AAACATACTGACATGGTCACAGTTTCTCACAATTTAAATGTGGCTTATTGTAATGCCAGTTAAGTAATTAATATGAAGAAACTATTCGTTTAAAA
TTGACAATAATCTAATTATTGGCGTGTTCGATGTTCATGAAATACTTATGTTATATCAGTTAGTTTGAAAATTGACTGTATTTCTTCTGTTGGTT
GTATCAATTAAAATGAGTTTAAAAACACATTTTTTAAAACCCTAAAACCACATTCAAATCAAACTGTAATTATACCAACTAATACTGAAAATACC
GAAAACTGCAAAATCAGCTGCTCGCCGAACAGCACTCAGCGTGCTGTTGGACGCGAAATGTTAGCCCATTAAACCCAGGTTATTTTTTGTCATTC
ATTGTTCATACGTTCGTCTCGTCTGATTTTCTTTTTATAAAAACACAATTAAAATTTCAAACGAATACACATAATTTTTATAAATATAATGTAGT
GCAACACGTATATGTATAATATAGCTTAATACCAAGTGCAATCCCTCGAAAGATAACTTCAAATGGCAATCTAATTTACGTAAAGAGAAGAGACA
AAAAAAGAAACGGCGCGTGTGAAATTTTTTCAAGCAAAGCAAAGGAGAGAAGTTGGAGCAACAAAAAAAAAGAGGAGAGAAAAAATACAGCAACAA
CACACAAAGTAGGCCAACAACAACAGCAAGAAAAAAGCAAGCAAGCGGCAACAACCACAGCAACAACAATAACAACGTCGAGCGAAAGAAGCAAA
AACCTTGTAATTGTGTCAATAAATGTTTTAAATAATATTTCCTTTGG
(SEQ ID NO: 766)

Exon: 1707..1001
Start ATG: 1666 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT21292
AAGCCCGAGTTGTGGAGAACTAGGTGCATGATCTATTCCAGATGGCCTCCATTGACGAGGGCTCGCGCGTTGAGCGGAGATTCTGCGCAGTCGGC
AACCACACGCTGCGGAAGCCGTATCGCCAACTGAACAACAAATATTTGGTGCGCTTCGCCTGTTTGCTGAACAGCGAAATTCGGGCGGGCAACCT
CATCTGCTGCAAGTGCTACACGGACCTGGTGCGACTCTACCGGAAGAAGAACGACAATGCCAAACGGCACAAGATGGCCAGGGAGACTGCCGCGA
GCATTACGGACGTCAGCGGCAGTCAGTCATCGTCGCACCAAAGTGCGCCCTCTTTGCATGTCTCTGGCCAAAGTTCCGAATTCGGTGCCTCATAC
AGTGAGGGGGGCATTGTGACTCCCGATGAAGAGCTGTGCTCCCACAGAAGCTTAAGTCAAGATTCAGACAATGTGCCCACTACCAGCGCTGCAGC
GATCCAAAAACGCCAGCTTGCGAGGGCAAACCTAATGGTGAAACCATCGCAGAGGCTGAGCTTGGCCCAGACTACTCCGGATTGCGACGACTACG
ACCCCAACTCGAATCTCAGTTTGAACGCCGTGAATGGCACGCGACTGCCGCACATTCAGCCGATTCCAAAGAGGCGCCCGACCGTCCTGGACAAG
CAGTCCATGGATATTTACTTGATGGGAACCACAGGTGGTTAG
(SEQ ID NO: 767)

Start ATG: 42 (Reverse strand: CAT)

MASIDEGSRVERRFCAVGNHTLRKPYRQLNNKYLVRFACLLNSEIRAGNLICCKCYTDLVRLYRKKNDNAKRHKMARETAASITDVSGSQSSSHQ
SAPSLHVSGQSSEFGASYSEGGIVTPDEELCSHRSLSQDSDNVPTTSAAAIQKRQLARANLMVKPSQRLSLAQTTPDCDDYDPNSNLSLNAVNGT
RLPHIQPIPKRRPTVLDKQSMDIYLMGTTGG*
(SEQ ID NO: 768)

Celera Sequence No. : 142000013384546
ACAACATTTGACAACAGCGTGCTTGGCCATCGGATTCCGGAAGTGCCGGTGCCCTTATTCAGCGTTTATCCGGCCACGAAGCATGCAATTACGGC
CCTCTGCCAAACGGTGCGCCAGGAAATACATTTTCTCAAATTAAATATTAAATTAACGGTAAGTTAAATGCAGTGCATACATGGCGCGCCTCATC
CTCCATCTTAATCCTCGGGAAATGCGGCAAACATGACGCGTCTGCTCATTGGTTACCCTCTCCATTTTTATCCCTCCATTGCAGAGCATTTGCCC
GGGCATGGTAGACACGGATTTCCTTAGTGTTTACTCGCAGGCGGTAGCCGAGCTGCCCAAACTGCAGGCAAGGGATGTGGCCAAGGCCGTGTTGT

ATGCGCTGAACACTCCCGATGGCGTCCAGGTGGAGGACATCATCCTGCAGCAGATGCGGAAGGTCGATTGAATTTTAGTTTGAATTTCAAGAGAA
TTACATTTTACCCAAAACGATATTATTTGTACATTTTGTATATGTTCTTCTATGTAATAAGAGAACAAATGTACATATTTTTAAATATAAAAAAT
TACATTATTGCATTTCAAGCAACTGTTTCGACACTTTATATTCTTTAAGATGTTATCTGTAGATAACATCTGTATTAACATCTTATTACAAATAA
CATAAAAATGCAATAAAACGATAATTAAACATTTATAATATTTTGCATATTCTCTAATCGATATAACATTAAATGCGTGTAAATAGTTTGGCAAC
ATTATGAATGCATTTATACATTCATTCATTTGAATTGGAATTGCCCGCGCATGTAGTGGAGTTGCCACCTTGCGGTAGGGCTGCCAGATTGAGTC
AAAAGACCAGGGCTGTACAGCTATCGCTAGCGAGTACAACAACCACTCTTGATTTGGCTCGCTTCGCTCTAGCAGAGTTATCCACCAAAACATCG
ATTACTCGTGCTACCCCCAAAATCGATGGTACGAAACAAACATCGATATTTCACAGCTTTCGCTTATTGGTCACACTGGGGCTTATGATTAAAAA
AAACTGAACTGACTCCAATAAAAACGTGAGGTAGAAAAAGCGAATTAGGTTGACAATTAATACACACAGCAGACGCACGGTAACCAGCCGCCAAT
ACCGATACGAACGCGCGGCGGCAACAGCAAGTGCGCAAGTAAAAGTCCATATCAAACGCAAGCTACCCGCAGCCGCGGGCAGTTAAATTCCGAAA
TGCGTCCACGTAGTGCAAAATCCGAATCTCAATTCGAATTCGAATCGGAAGTCCGGATGTCTGCGCCCTTTTTATGCTTTTTTCGAGGGTGCGGC
TTAGATCGGCGTGCACCTGCCGTCCAAAGTGTGATTACGAAATGTGCTCCAACGTGAAATGATATTATAAAGTATAATATAATGCATGTTACCAC
GTAGTTGCACACAGACAGGCAGCACACGCACACACACGCGCACACCCAGTGCCACTCACACACACACACAGACAGTGAGCGAGCGAGAGGGCAGG
AGGCAGAGAAAGAATGAAATAAAGAAAGTGCTGCCCAGTTGACAAAGAACAGGTTTTAACCTAATTAACTAAATAATGGGCCCAAGTGAATGTTT
CGCCGCCAGGAGGAATTTGCTTCCTTATATCCGCAAGGTCCCCGCCGCTCGAGTGTGCGTGTTGTTGTATGTGTGTCAAGGTTCCGGAAGTTGAG
CCGCCGTAAAATTGATTTCCTATACACCAAGCCGCTGTTGCTGCCGCTGCTGTTGTTCTTATTGTGTTTCTGTGGCTGGACATTGAACTTGAGTC
GAAATGCGCACTAACCCATTATCCATGCCATATCTCTTTTCGATCCGGCAGCCGTCTAGCCCAGCAGCTCTCTTCCCCCCACAATAAACACACAC
AAGCTGCTCTTGGAGCCAATCACCCGCAACCGATAGCCACACGAAACCATCAGGATGTTCATCTGGGACTGGTTCACCGGAGTGCTGGGATACCT
GGGTAAGCAACGTCGCCATTGCCGACCTTGTGCCTTGGGGCGGCGTTTCTTGAACGAGTGCCAACAAGGCAGCCGCACAAAAGAAACCCAAATTC
GACGGCTGTACAGCGGAGGTCGTGGTGATAGCTCTAAACGTGCGATTATCTCGAAATCTAGAGGTTAAACTGTGTCTATAAGGTGTCGAAAGCTT
ATAACTTTCCATTAGGTCTCTCTATCACAACAAATGCGCGTTGAATATGCATTACTCTAGGGTGCATATACAATATACACTTCTGTAAAAGGTAT
TTTGATTGCATAGCCATGTACTCTTCAGCCACAATTATTTAAGCAGACATTTTTGATAGGGTTTTCCTCGCTTCCAGATGGCTGCTACACTTTTA
TTTGCTTTGTAATGCTAAAAGTTAAAATTATTCCATACGAAAAGTACTGTTCTACAGTGCAGGCCAAACTGATAGCAGTTGTTATAAGCGCATTT
TTGTTATAGCTTGATCTTTAATCAGGTTAATGATAGCCGAACATTTTGGGTAGCAAAGGTAATAATTAGCCCGAAGTCCAAGAGCTATTGTCTCG
ACCTCAAATGTATATTCGGCTGTCTGTGGCTGGGCAAACACAAGTGAGCCGCCACTAGTGTTAGTTTAGCTGCGTATATTAATTGATGACGCGTA
AGTCAAAAGGCTATTCAACACACTTTCTCGTTTTCAGGTCTGTGGAAAAAGTCTGGCAAATTATTGTTCCTGGGCCTGGATAATGCTGGCAAAAC
CACACTCTTGCATATGCTCAAAGATGATAAGCTGGCGCAGCATGTGCCCACACTGCATCCAAGTGAGTTTCCTTCATGGACTAAATAGTGGTTAT
GTGTGTGACTTTAATTAACTAATATGATTGACTTGCAGCATCCGAGGAGCTGTCCATCGGCAACATGCGCTTCACTACATTCGACTTGGGTGGCC
ACACTCAGGGTAAGTGCCTAATCTTGACCAGAGCTCAGGGGAATGTGAATGTGCATCCAAATCGTTGCTATTTTCCGTACGTGCCCACGACTAAA
TATAGACCAGTATGCAAATATCGCAGGGCTAAGCAAGCGCAGCCGCCAGATCCACGACAATCAGCATGAAATATAGCGCATCAGGTCACCCATAC
AGCCAGTGCGTCTTACACTCGTAGCATTTGTTGCGATCAATCAGCGCCACACACTCGAAGCAATGCCACCACAGTGGTCACAAGCAGCTCATCCA
GAGATCTCAATTATCATCTTATCTCAACTGTGATTATGAAGACCTCAGAATACTAGAATATTTAACCCATTGCATACAATCAATATGTTCATTTA
TGTTTAGAAAGCAATTAGTGTCTTGTTGATTTTCGCAAATACTATCTTCCTTACCACTGTGCACATATAGGCGACGTATTTATTATTAATATTAT
GAAGGCAAACATTCTCTATGTAGATAACAAACAGAAACGAAAAACTCGCATACATGCAGTTGATATATGTATATAAATATGAACATTATGAAAAG
TGATCAAACATCGTGAAATCCAGTTGTTTTGATAACGAAGCTCTAGCACTCATTTTAAGGCAGCTCGTCATCGTGACGATCGTTTTCGCTTCGGA
ACTACTAGGTACACTAAAGTAGAAAGGTTCTTAGCGGCGGAAAGATATCAGATTTGTGCCTGATATCAGTGACTTGCGCTTTGTTATTCTAGCGA
TGTTATATAAATTACAGATTGTTGGTCAACAGCAGCGACTACTAAGGTGCCCTTGCAAATCTTGATTCAAAAATCGGAAGACTAACCCATCTAAA
GACTAACTGCTGCTTTTGTATTTATGAGACATATCTACTTATTTCTGCAGCACGACGCGTCTGGAAGGACTACTTCCCTGCTGTGGACGCCATCG
TTTTCTTAATAGACGCCTGGGACCGTGGCCGCTTCCAGGAGAGCAAAAACGAGCTGGATTCGCTGCTCACGGATGAGGCGCTGTCCAACTGCCCC
GTGCTCATATTGGGCAACAAAATCGATAAGCCCGGCGCGGCTAGCGAGGATGAGCTGAGAAACGTGTTCGGACTGTATCAGCTAACAACCGGCAA
GGTGAGCACCAAAACCACCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCTTACTCCTGCTACATAATTGATATCCATTTGACTTGCAGGGCAAAGTTGCACGCGCC
GATTTGCCCGGCCGTCCTCTGGAATTGTTCATGTGCTCCGTGCTGAAGCGACAGGGCTACGGCGAGGGTTTCCGTTGGCTGGCGCAGTATATCGA
TTAAGTCAGCATTAGCAACCACCACCAGCACCATATTTTCAAGAACACCACTCAACACTCAAAACCGAAAACTTGGCTACAAAATTTCCAAAAAT
GATTAGAGACCGCAGAAAGAACAGAACCCAAGGGATGTGAACCCAGCCCAATTCAAACCGTCAGACCTTAAGCAAAACGAAGCTGCGTGCGCAAT
TTCTAATTTATACAAAACAATTACAAATATTTCATAATAATAAAAAAAAAAAAAACAGAAAACCATACAATGTACATCTGTAACACACAAGAAATC
GCGGGAAAAACAGAACACAACATCAAAGTGAAGACAACTTTTCTATCTGGAACATCGGGATACATTGTAAGGAGCTGAAGGATGCGCGGAGTGCG
CAAGGGAAACTTTTAATAATAATTATGAGTAACAAATTATAGCAAATTAAAGGTGATTTATTTAAGAGCATGTGCTTTCAACGAACGCTGTTTCG
CCAATAAAATGTAGCCACCTACCTTTATTTCAAGTTTATGAATTGTAAATGTCGCTATTGATTTCCTAAATAGTTTACTTTGGCCGCAAAACATT
ATGTACATCCCTATAAGGATTCGACCTCCGATAAATGGTACACCTTAGTTTAGCTAAAAATTTTAAGTTGCATGTCATCGATGTACTTTGTTTCT
TTTATACAATACGAAAGGGAAAGCAATTTATATAAAAAAGCATTTTTGTTTGCAGACAGAATTCTAAATAAAACGGAGAAAAGTAATTTTGTAAA
ATACATAAATTGGTGACTATTGTTGTTTTGCATTGGATTTATGTGCCGAGCTTGAATGAAACCCAGCGATGTACAAACATATTGGATTCATTTAT
TTATTTGCATTTAGGGTTTACGCTAATGAGTCACGTCCGGAGCATCTATTGAAATCAGGGAGCAGGCATTCGATGAGGGCGAGCACGGGATCCAG
GAGCTGCAAACATGCTGGTCCAAGTAGAAAAATACACAAAACTCTGCAGAGTATGATCGCGACCTCAGTGCTAACTGAGCCGGCAGCGGCGGGGC
AGTCCTCTCAGCAGCATCAGTTGGCGTTGAAAGAGGCGCATGAGCAAGCCCTTGCGCTTGGCCCGCTCCCTGGATCAGGAACGCGATGATCCGCC
CATGGAGCCGGACCCGGAGCCGCCGCCAGCCATGCGCCGCTTCTTTTTCTTCTTGGCCGTCAGACTCTCCTGGCCGCTGTCCGTGTTGGAATCGC
CGCCAT
(SEQ ID NO: 769)

Exon: 1001..1075
Exon: 1857..1997
Exon: 2698..2817
Exon: 2889..2954
Exon: 3851..4086
Exon: 4163..4516
Start ATG: 1955

Transcript No. : CT21873
TCACAGCTTTCGCTTATTGGTCACACTGGGGCTTATGATTAAAAAAAACTGAACTGACTCCAATAAAAACGTGAGCCGTCTAGCCCAGCAGCTCT
CTTCCCCCCACAATAAACACACACAAGCTGCTCTTGGAGCCAATCACCCGCAACCGATAGCCACACGAAACCATCAGGATGTTCATCTGGGACTG
GTTCACCGGAGTGCTGGGATACCTGGGTCTGTGGAAAAAGTCTGGCAAATTATTGTTCCTGGGCCTGGATAATGCTGGCAAAACCACACTCTTGC
ATATGCTCAAAGATGATAAGCTGGCGCAGCATGTGCCCACACTGCATCCAACATCCGAGGAGCTGTCCATCGGCAACATGCGCTTCACTACATTC
GACTTGGGTGGCCACACTCAGGCACGACGCGTCTGGAAGGACTACTTCCCTGCTGTGGACGCCATCGTTTTCTTAATAGACGCCTGGGACCGTGG

CCGCTTCCAGGAGAGCAAAAACGAGCTGGATTCGCTGCTCACGGATGAGGCGCTGTCCAACTGCCCCGTGCTCATATTGGGCAACAAAATCGATA
AGCCCGGCGCGGCTAGCGAGGATGAGCTGAGAAACGTGTTCGGACTGTATCAGCTAACAACCGGCAAGGGCAAAGTTGCACGCGCCGATTTGCCC
GGCCGTCCTCTGGAATTGTTCATGTGCTCCGTGCTGAAGCGACAGGGCTACGGCGAGGGTTTCCGTTGGCTGGCGCAGTATATCGATTAAGTCAG
CATTAGCAACCACCACCAGCACCATATTTTCAAGAACACCACTCAACACTCAAAACCGAAAACTTGGCTACAAAATTTCCAAAAATGATTAGAGA
CCGCAGAAAGAACAGAACCCAAGGGATGTGAACCCAGCCCAATTCAAACCGTCAGACCTTAAGCAAAACGAAGCTGCGTGCGCAATTTCTAATTT
ATACAAAACAATTACAAATATTTCATAATAATAAAAAAAAAA
(SEQ ID NO: 770)

Start ATG: 174

MFIWDWFTGVLGYLGLWKKSGKLLFLGLDNAGKTTLLHMLKDDKLAQHVPTLHPTSEELSIGNMRFTTFDLGGHTQARRVWKDYFPAVDAIVFLI
DAWDRGRFQESKNELDSLLTDEALSNCPVLILGNKIDKPGAASEDELRNVFGLYQLTTGKGKVARADLPGRPLELFMCSVLKRQGYGEGFRWLAQ
YID*
(SEQ ID NO: 771)

Name: GTP-BINDING RELATED PROTEIN SARA
Classification: ligand_binding_or_carrier

Celera Sequence No. : 142000013384669
AATGGCCAAAACGCGGCGGTTGACGTCAGCCTTGTTCATTTCGCTGCTGCTGGTCGCTTCTATTTTCCTATATTACCCTTTATTTCCGCCAGGTG
TAACAGCTGTTGTGTGTGGCAAATGGGAAGAGAAGAGGAGAGAAGACGAGTGGTTACGGGAGGGTTGATAAAAAAGGAAGTAACGCGACAGAGAA
GTAGAGAACTGACAACGTGCACAAATCTCAATAAGGCAATGTTCGAGGTTCGGTTCACGCTTCTCGTTTTTTTTTTTTCCTGCTTTTGTTGTTTTC
TCTGCCCTGTTTTTTGGCATTCACTTCTATGGTCTGTTATTTTGTAGTACAAAAAGCAACACTGAGCTGCTGGAACATCTAGAAATTTCAGATAA
TAATCTACTTGCCTCGGGCTCCCACTTGTTCCCAATTAACACGGCTGCTGTGTCGATTTCTGCACAAAATTAGCACAAAAAATCTTCGCTAAACG
GCAATCCCAAAAACTCGATTCCAGTGTGACCACAGCGATAAAGTCACAAAATACCATCGGGCTCTGGCAAAGAATGGGGAAAAAAAAAATGAAATT
AGTGATGGAATTATATTTTATACGATACAAAAAACAATAGGTGTATGACATTTGTATACTAGCTTAATTATTTGTAGGTTTGTAGGGAACAGCCT
ACCTTGATAATACATACATTTTCTTATTACATTTTTTTTTATCAAATCCAAAGCAAAACCCATACTTTTAGAAAAAAAATTTTTTTTAACATTTT
TTGGAAACATAAAATATGTATCGTACACATTAAAGACCAGCTTCACTTTATTATTTATATAATAAATAAAACTTCTGCTACAAGCCAGAAAAAGC
TAAAATGTAGCCAAATATAGCATGGACCCAAACCAGCGGGAGCACTAACAACTCGTAACGTAAGCGCAGCACGTAACATTTCCGCTATCTCACTC
GCACGTTCAGCTACATAGTGCGGACTCACTTGCACCTAGTAGTATTCGATCCGCTTGGAAATTTTGCTCGCCGTTTGCTTTCTCAAAGGCTCAAA
AAAATGCAGCTACCACCGACTTACCTGGCTTCGCAAGTGAACGCGAACTAAGCCAATAGCATCTCGATTCGCCGGCGTTGCGCAGCGTTCGCAAA
TGCAGCTGAAACGAGCAAAAAACACGCGCACAACGAAAAATCCGCAAGTGGAAAAAACTGCTACGGAAAAATCAACTCTGCCAGCAAACAGTGTT
GCAAATCGATGGAGTTAAACAGCTGAGTGGTTAGTGTTGACTGACAGCCGAGTACGGCAACTTACAACACTGTAGGCGTTTTGGCGCGATTTTAG
GTTTTGGAGGGAAACTGCATCTAGTGAAAAATCGTGGCCAGTTGTAATTCGAGCAGTGCGCTGGCACGACGTGGTGATAAAAAAGGAAAACTAAT
AGAATTATACTGACTAGTGATAATTAACCGGACGTGCCCATCTGTTAATTCAGCCAAGTGGTATCTTTACAACCGTTTAGCCAACAACCAAATTG
CTATCAGAAATATATATTATACACACTTACTATGGCCCAGCCATCGGTAGCTGCATTTTTCACAAACCGCAAACGCGCCGCCTTGGATGATGCTA
TCAGTATCAAGAACAGGGTAAGACTTCCGTCCCAGCAACGTGACTCCAGATACAAAAGTATCTGCAAGGACGTTCTGCCAATACAGGCATTTTAA
AAATGGATTTGTTTTGCAGCGTTTGGTGGAACCCGCTGAAACCGTCTCTCCTGCCTCCGCCCCTTCCCAGTTGCCAGCCGGCGACCAGGATGCGG
ATCTAGACACCCTGAAGGCGGCGGCCACGGGCATGCGTACCCGATCCGGACGCACTGCCCGACTAATTGTCACCGCCGCTCAAGAGAGCAAAAAG
AAGACACCGGCTGCCGCCAAGATGGAGCCACACATCAAGCAGCCCAAGCTGGTGCAATTCATTAAAAAGGGCACTCTGTCGCCCAGGAAACAGGC
TCAGTCCAGTAAGCTGGACGAGGAGGAGCTGCAGCAGTCGTCGGCCATAAGCGAGCACACGCCCAAGGTTAACTTCACCATCACAAGCCAGCAGA
ATGCGGACAATGTGCAGCGTGGCCTGCGCACACCCACCAAGCAGATCCTCAAGGATGCCTCGCCGATCAAGGCGGATCTCCGCCGTCAGCTCACT
TTCGACGAGGTAAAAACGAAGGTATCGCGGAGTGCCAAGCTGCAGGAACTCAAGGCAGTGCTGGCCCTTAAGGCGGCGCTCGAGCAGAAGCGCAA
GGAGCAGGAGGAGCGCAACAGGAAACTCCGCGACGCTGGCCCCTCCCCATCGAAGTCCAAGATGAGCGTGCAGCTCAAGGAATTCGACACAATCG
AACTGGAGGTGCTTATAAGGTGAGCTTTATGCTTATATAAGAAGTTTTATGGGTACTGAACCAAATTCGGCTTCAAATACTTAAAAGAGATTGAA
GCTATATTGAACATCATGTTGTGTCCTATAGTTTCAAGTCCTCTCGAATCAACAATTTCTTTTTAAATTTCTTTGAGGTTGTTTGATACTCGCTT
TATCATTCGAAGAGGCATCCTTAGGGTATTAAACCTTGATTGAATGATATAATTTGACATGCCTTTCGCATCCTCTTCAAATCGAGTAATCATGG
GTGTCGAAGAAAATCAGCCATGTAAGAAGCTCAAGATATGTGCCTGCCGCAACAATTTTGATTGAGCTGGCTGGTGGCCTAGAATCGGCATAAAC
AAACCACGGACTGTGGAGTGTGGTCTATGAAAAAACCGGGTAACATCATTTAGCGAAAGGCCAGCAGTTGCTGCCGTGCAGTTCTGCTGCAATCG
AGGTCGTTCTCCGGGTCTCCAGCTTATTCAAGCTCTCGACTGCTGAAGTTGCATATTTTCCGCCCAAGAGTCGTCAAGTCACCGATGGCTTGGCT
TTGGTTCGGCAATATGGCTATTTTTGTACGAGCAATTGCTGCTGATTCGTGACGTCTGTACAACATGCATAAATACCCAACTGGCTGACTGACCC
TCCCCATGCGGCGACGCTGTGTGTGTGTATCGCTATGCGCAGCATGTTTACCCTTCGCAGACGTTACAATCTAGCCTGACCTTCCCTTTGAAAAT
GCTTATTTTCCGCCCGCATTCGGTGGTTGCTTTCCCTTCGGCACTCGGAAAACAAGGATCTTAACTGCTGTACTGCATGGGAATGTGCATGTGTA
TATCTGTGTATATGTATTTTGGGTCTGACGCTCAGGTAGCAACCTTTTTTTGTAACGGTCGTCTTGAAGAAAAGTCCCAAGCAGCAAGCAGGATA
AATTTTCAAATAGGACATGCCTGTTTGTATTTCGTATTAATTTCATGAAATAAATAAGTGCATTAGCAACCCTAATGTTTAGAAGATTTTTTTTC
TTCTATTTTTATATAATGAAATTATTGTTTCGCGCAAACTTAAGCACCGAATTTTAAAATGTTGATATAGATAACTTATAATTTTCGTTTTTTTT
TTTTTCACAATCAGCCCTTTGAAGACCTTCAAGACTCCCACAAAAATACCGCCACCCACCCCGGACAAACATGAGCTTATGTCGCCGCGTCACAC
TGACGTCTCCAAGCGCCTTCTCTTCAGTCCGGCCAAAAATGGATCTCCTGTCAAATTGGTGGAGGTGCCGGCTTATAAGCGCTACGCCAGTCTGG
TGGAAAGCAGCCGCGCCGGCCAACTTCCATTGCCTTATAAGTACCGACACCTGTTGGACGTGTTCAAGGGTCTCGATTCCGTGGTGGCCATGTTT
CACAACCGCAAGGAGACCATCACATTCAAGAAGCTTAAGCCGGCAGTGCAGCGCATGCTCCGGAAGAACTTCACTGAGACCCATTTGGCCCAGAT
CAAGCACATCTATCCAGACGCATTTATCTTCAGTCAGGTGAAGACGCGCAATTTCGGTTCTGTCTCCAAAGCGGACTATTTCCAGCTGATCATCG
CTCCCAATGTGGAGCCACTGCCCGAGCAACAGCAATCGGAGAAGCCACAACATTTCACCAAGATCAACGAAGACGATGTGCTCGCGTCGGCCCAG
TCGACGTCCATGAATCCACACGTTATGACGGCGCGCATGCAGCGCTTTCAGAGCCTTCTGCTCGATCGGGCAATGCGGGCGCACGACCAGTTCCT
TCGCTCCCAGGATCCGCCGATCATCATCGAAAAGGCGCTGACTCGCTGGCATCCGCAGTTTGATTTGGAGAGTTGTCCGGAAGTGGAGCTGTCCC
CTTTGCCGCAGCCGCCCAATGTCGAGAAATACTCGTCAGCTAAGGATATTCTGTCTACCGCTCGAAATCTCTTCAATTGCGCCACGCCCATGGAG
AGAGCAATGGATCGCTATGAGGCCAAGTTGGAGTCGGAAAAACAGCAAGCAGCTGAAAGCAATAAAAAGACGGAGGAACAGCAGGCAGGAGAAGT
TACCAGGACAAGTACAGCGATTCAAACCAGTCAGGAGGTGCCTGGAATATCTGGATCATCGAAAAACCCAACTGTCCCTGAAACAACAAACCAAA
CAGAAACTGCCAAGCCCACCGTGAAGGATTGCACAGTGCCAGATGCCAGCTCCAATCTACTGAAGGGACTGCCAAAATCACTGATCGAGAAAATT
CGAGCCAAACAGGCAGCAAAGGCTTTGGAGGCGATGACTCGACGTCCTTCGCAGGACCAGGAGGCCACGAAGTACTCACGTTTGCCCGAATTGGC
CAGACACCTGCGCAATGTCTTCGTTACCGAGCGTAAAGGAGTGCTCACCCTGGAAGTAATCATCAAGAAGATCCAGAACAGCTTCCGGGCGAACC

TCACACCGCAGGAAATTGAGGCGCATCTGAAACTACTTGCCAAGGAGCTACCCAGCTGGGCTTCCTTTCATGAAGTGCGCAAGACCATGTACCTC
AAGGTTGCCAAGGACATGGACATGAACAAGATCATCGAGAAGCTGGAGAGCGTGGCTAACGCCAAGAGCAATTAGACCGGAAACACGGAAACGCA
ACCAGGACGCGGGACTCCGTCGAGCAATGACCCTGTGGCTATATCCAGATATATGTTTAAGTACTTGTCAAACTCGCTGGCCATTACTTGATTAA
ACAACCGGATTAGGCTAACCATCTTGACATTTCCACATTCAACAAGCACCTTGACAACCAGGATTGGATTCATCACATTTACCCAAGCAATCATT
ATCATTATATGTGTAATTTTTGGACCAAACGTTTATACATTCATATTTATTAGTTTTAAGACCATTTTCATGTTGTACCACGTTGAATAAATAAA
TATTTTTCCTGGAAATAATAAACGTACTCATTCAATTGTGTAGACAGGAAATATAAAATTTATAGCCTGGCTCACAAGCATTAAATTCATCTCTT
ATCTTCCAAGTCTATCTATGTATATATAAGCTATTTAAATCAAAATCATTTTCAGTTCCAAAATGCAGCTCATCGTGAAATTACTGGTGAGTAAG
CTAATCAGTGAAAAGGTATCTTTCGCTAACATTCCATCTCCCTCAGATTGTCCTTTTGGCATTATTTGAATTGCTGTCTGGCAATTCAAATAATC
GACAAGAGACCTGGGGCCACCCTCCATGGGGGTAAATTAAATGGCGTGAAAATTAGATACAAAAGATTCAACTGTAGTTGTTCTTGATGTCTTAT
TAAAAAGTGAAATACTTTTGACTTGTGCATTGGCTTTTATTTATAAAAATTAATGGTGATGCGTCTAAAAAACTCGAACTTAATAGTTTTTTTGC
GCAATATAATACTTATATACAAAGGCGACAGCGCCCTCTAGCGCTTTTTATTTTACAATAATGCGGGACTATAGCTAATCCCATTGTCCCAGCTG
CCAAGTACCATATTCAAAAGATCTGGAAATTCGGGACCCGGCTGAGAGTGGAAACTTTTGGATGCCGTGGAGAGGCCCTGATACGGAATGTGTCA
TCCAAGTCTACTGACGTGGCGTATTTATTC
(SEQ ID NO: 772)

Exon: 1001..1632
Exon: 1730..2394
Exon: 3530..4106
Exon: 4191..5015
Start ATG: 1552

Transcript No. : CT21945
CCGCTTGGAAATTTTGCTCGCCGTTTGCTTTCTCAAAGGCTCAAAAAAATGCAGCTACCACCGACTTACCTGGCTTCGCAAGTGAACGCGAACTA
AGCCAATAGCATCTCGATTCGCCGGCGTTGCGCAGCGTTCGCAAATGCAGCTGAAACGAGCAAAAAACACGCGCACAACGAAAAATCCGCAAGTG
GAAAAAACTGCTACGGAAAAATCAACTCTGCCAGCAAACAGTGTTGCAAATCGATGGAGTTAAACAGCTGAGTGGTTAGTGTTGACTGACAGCCG
AGTACGGCAACTTACAACACTGTAGGCGTTTTGGCGCGATTTTAGGTTTTGGAGGGAAACTGCATCTAGTGAAAAATCGTGGCCAGTTGTAATTC
GAGCAGTGCGCTGGCACGACGTGGTGATAAAAAAGGAAAACTAATAGAATTATACTGACTAGTGATAATTAACCGGACGTGCCCATCTGTTAATT
CAGCCAAGTGGTATCTTTACAACCGTTTAGCCAACAACCAAATTGCTATCAGAAATATATATTATACACACTTACTATGGCCCAGCCATCGGTAG
CTGCATTTTTCACAAACCGCAAACGCGCCGCCTTGGATGATGCTATCAGTATCAAGAACAGGCGTTTGGTGGAACCCGCTGAAACCGTCTCTCCT
GCCTCCGCCCCTTCCCAGTTGCCAGCCGGCGACCAGGATGCGGATCTAGACACCCTGAAGGCGGCGGCCACGGGCATGCGTACCCGATCCGGACG
CACTGCCCGACTAATTGTCACCGCCGCTCAAGAGAGCAAAAAGAAGACACCGGCTGCCGCCAAGATGGAGCCACACATCAAGCAGCCCAAGCTGG
TGCAATTCATTAAAAAGGGCACTCTGTCGCCCAGGAAACAGGCTCAGTCCAGTAAGCTGGACGAGGAGGAGCTGCAGCAGTCGTCGGCCATAAGC
GAGCACACGCCCAAGGTTAACTTCACCATCACAAGCCAGCAGAATGCGGACAATGTGCAGCGTGGCCTGCGCACACCCACCAAGCAGATCCTCAA
GGATGCCTCGCCGATCAAGGCGGATCTCCGCCGTCAGCTCACTTTCGACGAGGTAAAAACGAAGGTATCGCGGAGTGCCAAGCTGCAGGAACTCA
AGGCAGTGCTGGCCCTTAAGGCGGCGCTCGAGCAGAAGCGCAAGGAGCAGGAGGAGCGCAACAGGAAACTCCGCGACGCTGGCCCCTCCCCATCG
AAGTCCAAGATGAGCGTGCAGCTCAAGGAATTCGACACAATCGAACTGGAGGTGCTTATAAGCCCTTTGAAGACCTTCAAGACTCCCACAAAAAT
ACCGCCACCCACCCCGGACAAACATGAGCTTATGTCGCCGCGTCACACTGACGTCTCCAAGCGCCTTCTCTTCAGTCCGGCCAAAAATGGATCTC
CTGTCAAATTGGTGGAGGTGCCGGCTTATAAGCGCTACGCCAGTCTGGTGGAAAGCAGCCGCGCCGGCCAACTTCCATTGCCTTATAAGTACCGA
CACCTGTTGGACGTGTTCAAGGGTCTCGATTCCGTGGTGGCCATGTTTCACAACCGCAAGGAGACCATCACATTCAAGAAGCTTAAGCCGGCAGT
GCAGCGCATGCTCCGGAAGAACTTCACTGAGACCCATTTGGCCCAGATCAAGCACATCTATCCAGACGCATTTATCTTCAGTCAGGTGAAGACGC
GCAATTTCGGTTCTGTCTCCAAAGCGGACTATTTCCAGCTGATCATCGCTCCCAATGTGGAGCCACTGCCCGAGCAACAGCAATCGGAGAAGCCA
CAACATTTCACCAAGATCAACGAAGACGATGTGCTCGCGTCGGCCCAGTCGACGTCCATGAATCCACACGATCCGCCGATCATCATCGAAAAGGC
GCTGACTCGCTGGCATCCGCAGTTTGATTTGGAGAGTTGTCCGGAAGTGGAGCTGTCCCCTTTGCCGCAGCCGCCCAATGTCGAGAAATACTCGT
CAGCTAAGGATATTCTGTCTACCGCTCGAAATCTCTTCAATTGCGCCACGCCCATGGAGAGAGCAATGGATCGCTATGAGGCCAAGTTGGAGTCG
GAAAAACAGCAAGCAGCTGAAAGCAATAAAAAGACGGAGGAACAGCAGGCAGGAGAAGTTACCAGGACAAGTACAGCGATTCAAACCAGTCAGGA
GGTGCCTGGAATATCTGGATCATCGAAAAACCCAACTGTCCCTGAAACAACAAACCAAACAGAAACTGCCAAGCCCACCGTGAAGGATTGCACAG
TGCCAGATGCCAGCTCCAATCTACTGAAGGGACTGCCAAAATCACTGATCGAGAAAATTCGAGCCAAACAGGCAGCAAAGGCTTTGGAGGCGATG
ACTCGACGTCCTTCGCAGGACCAGGAGGCCACGAAGTACTCACGTTTGCCCGAATTGGCCAGACACCTGCGCAATGTCTTCGTTACCGAGCGTAA
AGGAGTGCTCACCCTGGAAGTAATCATCAAGAAGATCCAGAACAGCTTCCGGGCGAACCTCACACCGCAGGAAATTGAGGCGCATCTGAAACTAC
TTGCCAAGGAGCTACCCAGCTGGGCTTCCTTTCATGAAGTGCGCAAGACCATGTACCTCAAGGTTGCCAAGGACATGGACATGAACAAGATCATC
GAGAAGCTGGAGAGCGTGGCTAACGCCAAGAGCAATTAG
(SEQ ID NO: 773)

Start ATG: 552

MAQPSVAAFFTNRKRAALDDAISIKNRRLVEPAETVSPASAPSQLPAGDQDADLDTLKAAATGMRTRSGRTARLIVTAAQESKKKTPAAAKMEPH
IKQPKLVQFIKKGTLSPRKQAQSSKLDEEELQQSSAISEHTPKVNFTITSQQNADNVQRGLRTPTKQILKDASPIKADLRRQLTFDEVKTKVSRS
AKLQELKAVLALKAALEQKRKEQEERNRKLRDAGPSPSKSKMSVQLKEFDTIELEVLISPLKTFKTPTKIPPPTPDKHELMSPRHTDVSKRLLFS
PAKNGSPVKLVEVPAYKRYASLVESSRAGQLPLPYKYRHLLDVFKGLDSVVAMFHNRKETITFKKLKPAVQRMLRKNFTETHLAQIKHIYPDAFI
FSQVKTRNFGSVSKADYFQLIIAPNVEPLPEQQQSEKPQHFTKINEDDVLASAQSTSMNPHDPPIIIEKALTRWHPQFDLESCPEVELSPLPQPP
NVEKYSSAKDILSTARNLFNCATPMERAMDRYEAKLESEKQQAAESNKKTEEQQAGEVTRTSTAIQTSQEVPGISGSSKNPTVPETTNQTETAKP
TVKDCTVPDASSNLLKGLPKSLIEKIRAKQAAKALEAMTRRPSQDQEATKYSRLPELARHLRNVFVTERKGVLTLEVIIKKIQNSFRANLTPQEI
EAHLKLLAKELPSWASFHEVRKTMYLKVAKDMDMNKIIEKLESVANAKSN*
(SEQ ID NO: 774)

Celera Sequence No. : 142000013384581
AAGCGAGCTTTTTGCACTTGTCTTGGATTTAAATATTGTAACGAAAAACGTATAAACACAATCAGGCAGCGAAGAAAAGCTCTCTTCTGAGATAG
TTAAAAAAAATAACATTATAATTGCACTAATTTTTCACACCAAACTATGATCGCATTTTCCCCGGCGATTTATGTATTTTTGGATATTTCGAGTGC
GAATGGGGAGCCCAGCGACCCGAGCAGTTGGAGATTCCGGAAAGTTGTGAGTTAATTGTTCATCTCGGTTCATTTTGCTAGACCAGGGCTTGAGA

AACACACGAAAGTATCGATTAAATGCTCGATATTTTTTTTTGAAATGCGTTCCGTTACTTTTACATTCACCTGGAGTGGAAAATGTATACATTTT
TTGGACCAGAAACAAACTGGTAATTTTTATGACAAGCGAATTTTAAGCATTAAAAAGGAATTTAATCGCATTACTATTTTTATTTCAAACAGCTA
TGATAGTAAGTGTAATAGTAATTTAAATTAATATAATTTGTTTTAGCTTGATATCTTAAGAACAATCAGAGTGCAATTCCAAAATGTAAATAAAA
TTTTTGCTTTATTTGAAAAAATATTATAATTCTTATTTTTTAACGGTACAAAAATACACAGCTTAGCGGTGACACGAACCGCGATGTATTTGAAT
ATAAAAGTAAATTGGATTCATAGTCTTTTTTTCTCTAAAATTTCTTAAAATCTTTTATCTGAGACAAATAAATCATTTCGGAAGTCCAATTGGTTT
CGTTATTACTAGCTTCTATTTCTGTATTGCATTTTCGTAAGAAAAGGAAATTTCGAAACAAATTTAAAGAAAGAGCTCTATTAAATTGTAATATG
TTTTTGAAATGTGTTCTCTTTACATTCGATTTAAAAAGTCTTCGTCTTTCGACGACTATCGATCCTCTGTTATCGAAGCATCGCAAAGTATCGAG
TACGGATTCCCCACTGAAGTTTGAAATCATTCTCGCGAGTGGATCTCTCGAGAGCGGACGTTTTTCGAGTCGGAGCCGGGTCGAGTCGAGGGCCC
CAACTTGGAATTTTCTTTCCGATTGACTTGGAAAATAGCTTCTTCGTCGCGTGCGAGTGTGTGTGTGTGTATGTGTGTGCGCGCGGTGTGGAGTT
TATAAAAAGAAGTCGAAAAGTGTTTGCCGCATCAACGAAAATAAAAACACCCAAGAAGAGTGTTTGTTGTTTTGTCTGTATAACAGAAAACTGAT
TTTCTCAACTTCACCTCTGCACATCGATCAAGGACTAGATATAGATGCATCATATGTAGCCGAATTAAAGTATCTGGTAAAGTAGCTGTTGATGA
ATCTTAAGAAACCGATTTACAGTTAGTTTTTGGATCCACGCGTAGTTTTTACGCAGGTTTCAACAGCTGCAGTCCCCCCGTCTCGCTCACTCCTT
CTCCCTGCCTATTCTGTTTCTGTCTTGAGGTTTATCTTGTGGCCTGTTTTTGTTGTTACTTCACTTGCGTACTTCTATTTCCACTCCTTCGCATC
CGCTGCCGTTGTTGTTTTTGTTGTGGCACACTGCCTCTTTTTATCGCCTCTCTGTTACGAACAGAAAACTCAAGATAACTCCAAAAAACTCGAAG
GGGGCAAGGGCTTCAAATGCCTTTTAAGATCCCCAAATCATTTAAGGGATTTCGGGATAATTCTAAAAAATGAATATATTATTATCTATTAAAAA
TTAATATTTTATATTAAGGTAACCTCTTTTTTAGTTTTGAAAAAATAAATAATTTTTACAGTTCTTTTTAGAGATTTTCCGGTTAGATTTTTTTC
AAATGTTAAAAGTTTTTTGGTCGTACTATTTTAAAATGTAGAGGGGTTACTATTGTTAGATAGTTTTAATACTTAAGTTATATTTCATTTTCGTT
ATCTTTCTATAATTCATTTGTTATAGAAAGCGTGCAAGTGAGCATCGATGTCGATCTCTAGATTTTAGCAATATATTTCTGTTTCTTCTAGATAT
TCTTATTTCAGTATCTCATAAATATCTCATGTACTGTGGGACTTTTGTTAAGTTCCTGATAAGCTTGTTTAAAATATTTTCCATCTTGTGTCTCC
ATTTTCTAATCTTTTCAAAAGTTACTCTACTATGTCACAGAGCAGTGCTAAGAAGCATTTGAATGCACATCTACTTTGGCTAGGGAATTTTTGTA
GATTAAGCATACAAACCCGAACATATAGAAACATGATGCCATAACGGCAAGCCAAGTGAATGACTGCATGTGGACTAAAAAAGTGCATTGCCAAG
CTGATTTTCTTTATTTCAGCGACCATGGAGAACGGGCTAATTAAAATGTGAGCCGGGCCTGTCGCCTTGATGCAGATGTGCAGCCGACGAATTAA
TTTATCTAGATTGGATTGCGGACTGTGGGCAGAAAGGATTTAGTATTTAGTCGGTGTCTTCTAATTATAGCCGCTCTATCGCGGTCTGATCTCAT
ATTTAGACGGTAGACTTCCACAACATGTGTGCTCCAGACCGAGAATTGAAATTCGGTGCTGGGGTTGGAATGGTGCATATGTGTACAGTGTAAAC
ATACAGTGGTCAGTCGCGAGGAAAGTTTTACTATGCGAAGATATTAGCTTTTGAACATCAAAGTTTCAGAACATTTCTAGTGCCGGATACACATA
TCATTTAAGGGTTTTGGATTGATTAAAGTCATGTACTAACAGAGCCATGTGATTTTTTTTTCTAAATAAAAGCATATGTTTGAATTAAATCATTG
GCATCAGTGATGACAATTGAATTTGAATTCCCACTGTCCACTGAGTGACTGCATGAAATCATATTTTTTATTTGTATGGTCAAATAAGCTCTGTG
CCTTGATGAAATTGGAAATATAAACAACGTCGCCCGGCAAAACTAAGAAAACATGAGCCACGGCAATTGTTCGCGCAAATTTTTATGAACTGGCT
ATACACAGATATGCACGAATATAAAATGTATATACAGACCGACCCCTACACTTAGATACAGATATGTACACATCCAGCGAAGTCGAGAATCGTGG
AGCGCTCCAGTGCTCCATTATTTACCCACATACACATATGTACATTGTATGAACCCATATTCTTATAGTGTATTTGGCTTGTATGTCTGGTAAAT
TTACGTTTTGTTTCTTTACTTATTTGTTTATTTGCCAGTTTTCTCGGCGGCAAAACGAACGAAAATGAAATTAACCAACGCACAAATAGCAAACA
AAAAAAATTTAAACACACTCCAAGTAATTAAGTTTGGAGCGGAGTCAAAAACTTCCCATGTGCCACAGAGCTCCATGGAAAAAGTGTATCTGTGA
ATGAACTCTTATCGGGGCAGTTGAAATTATGAAATATGTATTATTAGACTAGGGAGAGCAGCTAGCTCCATGTTTGGGTCTAGAAAATGTGTTAG
TCTTAAAAACTTGGGTTCTTATCTCACCGGCTCGTAGCTCAATATTTGATTCTCGATTTTGGTGGCCGATTTTTCCCTGCCCCGTCGAAATCTTC
ATGATAAGAACATAAAGGTCATCGAAACATTGTGTCTAATTTCTAATATTTAATCCTTACATATAGTTAAAAAATATTTATTTATATAGATATTT
ATATAGGTCTTAAGTCTGATTCTGCTCATCTTTTTTGGTAGAGAGATTCTGATTCCATTTCTACAGCTTAAAAACGAAATTATACACAAATCACA
ATTCTTCAATTGTATTCTGTGCGAGAATCCCTCGTACTACAAATGAATACTGATAAAAACAGCGATCCAACGCACCAGGCAACAACGGATTATGA
TTATGCTATACCATTATCGGGACCTTATATTGAGAGTAGTCGGATTGATAATAGGATCCATTCAGTTTCAGTTCAAGATTCGGTTTGCGTCTCAG
TTTGTGCGTAAGATTCGTTGGACGCGGATGCCTTTTTTTTAATGGTACGAGACGAAAATAAATCGGTTTTTTTTATTCTGATTTTGCTGTGTAGA
AAATTAGAGCATCTCTGTTGATAAGCGGTTTACAGTGATGATAGAAGCGTGAAGTTTGTTTAGAGAGTAAAATTGAAATCAAAGGAATATTATTA
ATTAATAAGGCAATCTGTTAATTTTTCAGCTACAGGACTAGTTGGAAAATGCCACAATGAATAAATAAATATTTTGATCAAAATAAGGAAGAGAG
CCGTGGTTAAGTAAGTAGCAAAGCACTGTTTTTAATTCATGATCTAATAATAGTTGGTGGAATTCACAAATGTTAATCACTGTTAATTTGGAGAA
GTGATGAAAACTGATACTTGAATCACCAACCTTTTTTTTGATAACTTTTACAAACTAAAATGAATTTTTTTTAGATTTTCATACTGAGGATCACG
TGGACAAGTGTAAGAGATCCCCTTAAAAAACGAACGAAAAGAAAAGCAACTGATTAAAGTCCCGGCCGGAAGTGCCCCAGTGGAACGCGACCCCA
ACAACTGAGAGCCACATCGAGATGTTGGAGCTGCGGCTTATCGTGGTCATTGTGCTCGCCCTGCTCAGCTGGCAGTGGGACCCAGTGGACTCCCA
AAGACCGCCCCAGCATGGCCGACGTGATCGTCCGAAATATCCACCGAACAAGTTTATCAAGACTCATCCATGCGAGAGATCCTCCTGCTACCCGG
CAACGGGTAATCTTCTGATCGGCCGAGAAAACCGCCTGACTGCCAGTTCCACGTGTGGTCTGCACTCGCCGGAGAGATTCTGCATCCTGTCCCAT
TTGCAGGATAAGAAGTGTTTCCTCTGCGACACGCGTGAGGAGACCAAGCATGATCCGTACAAAAATCATCGCATCGGACAGATTATATATAAAAC
TAAGCCAGGCACCAACATACCCACCTGGTGGCAGTCCGAGAATGGCAAGGAAAATGCTACCATTCAACTGGATCTGGAGGCGGAGTTTCACTTTA
CCCATTTGATCATAACCTTCACCACCTTCCGACCAGCGGCCATGTACATCGAGAGATCCTTTGATTTCGGACAGACGTGGCACATCTACAGATAT
TTCGCCTACGACTGCAAGGAATCCTTTCCGGGAGTGCCCACTGTCTTGGAAAACATCACCGATGTCATGTGCACCTCGAGGTATTCCAACGTGGA
GCCCTCGAGGAATGGTGAAGTGATATTTAGGGTGCTGCCACCGAACATCAACGTTACCGATCCCTATGCGGAGCACGTGCAGAATCAGCTGAAGA
TGACCAATCTGAGGATCCAGATGACGAAGCTGCACAAGCTGGGAGACAATCTTTTGGATAGCAGGCTGGAGAACGAGGAGAAGTACTATTATGGC
ATCTCCAACATGGTGGTTCGCGGATCCTGCTCCTGCTATGGCCACGCCTCTCAGTGTCTACCGTTGGATCCCGCATTTTCCCAGGCGGACAACGA
AGATGGCATGGTGCATGGCCGATGTGAGTGTACCCACAACACCAAGGGAATGAATTGTGAAGAGTGCGAGGATTTCTTCAACGATCTCCCATGGA
AACCCGCTTTTGGAAAGAAAACGAATGCCTGTAAGAAATGTGAGTGCAACGATCACGCCGTTAGTTGTCACTTCGATGAGGCTGTCTTCACTGCA
TCCGGTTTCGTTTCCGGCGGAGTGTGCGACAATTGCTTGCACAATACTCGGGGTCAGCATTGCGAGGAGTGCATGCCGTACTTCTACCGCGATCC
AGAGCAGGATATAACGTCCGAAAGGGTTTGCCAGCCCTGTGACTGCGATCCTCAAGGTTCGTCGGACGACGGCATCTGTGACTCCCTAAATGAAC
TGGAGGAGGGAGCAGTAGCAGGTGCCTGCCATTGCAAGGCCTTTGTCACGGGACGTCGTTGTAATCAGTGCAAGGATGGTTACTGGAATCTGCAG
TCGGATAACCCCGAGGGCTGCGAGCCGTGCACCTGCAACCCCCTGGGTACACTGAACAACTCCGGATGCGTTATGCGCACCGGCGAGTGCAAGTG
TAAGAAATATGTGACGGGCAAGGACTGTAACCAGTGTATGCCGGAGACCTATGGTCTTTCGGAATCTCCGGAGGGTTGCTCTCTGTGTAACTGCG
ATGCTGGTGGATCCTACGATAATTACTGCGATGTCATAAGTGGTCAGTGTCGCTGCAGGCCCCACATGACGGGTAGGTCATGTTCGCAGCCGAAG
CAGAATTACTTCATTCCCCTGCTGCCCGAGGTTCATGAAGCAGAGGTGGTGGACGAGTGCATCTCGTATGGCGCCAACGGTAACTGCAGCCTGGT
GGCCGAAACTCCTGATGGCAGTTTCACGGGCATTGGTTTTACCAGGGTTCCTGAGAACTCGGAACTGGTTTTCACTGTCGGAGATATTCCTCGAT
CCATGCCATACGATGCGGTTATACGTTACCAGAGCACTTCACGAGGAGATTGGGAGAACGCCTTTATCACTCTTGTCAGACCCGATCAAGTGGAT
CCTGAAGGAGGATGCGGTGAACTAGCTGCAGCAACTTCTTCGGAAACCAGGATTCCGTTCTCCCTTCCTGATCGCAGCCGTCAGGTGGTTGCTTT
GAATGAAGTATGCTTGGAAGCTGGAAAGGTTTATAAATTCCGGATTTACTTTGAGCGAAAGCGACACGATGTGGACAGTCCCACAGCGACGATCT
TGGTGGATTCTCTTACGCTCATTCCCCGCATCGATGTAACGCCCATCTTCCAAGGATCCGTTCTGGCTGATATTCGCAAAAAGGATTACGAAAAA
TACAATTGCAAATCCTCTTTGTACGATATGAACTACAAGTCGGATCCTAAATGTCAAAATCTGGACAATATCCTCAGTGTGTTTGTCCACGATGG
AGCCAGTATGTGTAATTGCAATCCAACCGGATCGCTGAGCAAGGTGTGCGAATCCAATGGAGGTTACTGCCAATGTAAGCCCAATGTGGTGGGCA
GGCAGTGCGATCAGTGTGCTCCGGGCACCTATGGTTTTGGTCCCGAAGGTTGCAAGGCTTGCGATTGCAACAGCATCGGATCGAAGGATAAATAC

TGCGACCTGATAACCGGCCAGTGCCAGTGTGTGCCGAATACATACGGCAGGGAGTGTAATCAGTGCCAGCCGGGCTATTGGAATTTCCCCGAGTG
CAGAGTGTGCCAGTGCAATGGTCATGCGGCCACGTGTGATCCCATTCAAGGAACCTGTATAGATTGTCAGGTATGATGATATATAATATAGACAA
TATCTTGCTTGTACTTAATGAACTTTTTAAACTTGCTTCTCTTATCACCAGGACTCGACCACGGGCTATAGCTGTGACAGCTGTTTAGATGGATA
TTATGGAAACCCACTTTTCGGCAGTGAGATCGGATGCCGACCATGCCGCTGCCCGGAGACGGTAGCCAGTGGCCTGGCGCACGCAGATGGCTGCT
CCCTGGACACACGGAACAATAACATGTTGTGCCACTGCCAGGAGGGATATTCCGGCTCCCGTTGCGAGATCTGTGCGGACAACTTCTTTGGCAAT
CCGGACAACGGTGGTACCTGCTCCAAGTGCGAGTGCAGCAACAATGTCGATCTTTATGACACTGGAAACTGTGATCGGCAGACGGGAGCTTGTCT
AAAGTGCTTGTATCAGACGACTGGCGATCACTGCGAGCTCTGCAAGGATGGATTCTTTGGGGATGCACTGCAGCAGAATTGCCAGCAGTGCGAAT
GCGATTTCCTCGGAACGAATAATACCATAGCTCATTGCGATCGTTTTACGGGTCAGTGCCCCTGCTTGCCGAATGTCCAGGGTGTGCGTTGTGAT
CAGTGTGCCGAGAACCACTGGAAGATTGCCTCTGGCGAGGGTTGTGAAAGCTGCAACTGCGATCCAATTGGAGCACTCCATGAACAGTGTAATTC
CTACACGGGGCAATGCCAATGCAAGCCAGGATTTGGCGGCAGAGCGTGTAATCAGTGCCAGGCTCATTACTGGGGCAATCCCAACGAGAAGTGCC
AGCCGTGCGAGTGCGATCAGTTTGGAGCTGCTGACTTCCAGTGCGACCGGGAGACGGGTAATTGCGTCTGTCACGAGGGAATTGGGGGCTACAAG
TGCAACGAGTGCGCCAGGGGCTATATTGGGCAGTTTCCACACTGCTCACCTTGTGGCGAATGCTTCAACAACTGGGATTTGATTTTGAGTGCTCT
GGAGGATGCCACAACTGCCACTATCCTACGAGCCAAGGAAATCAAGCAAGTGGGAGCGACAGGAGCCTACACGTCCGAGTTCAGTGAACTGGATA
AGAAATTGCAGCACATTAGGAATCTGCTGCAGAACACCTCGGTCAGTCTGGTTGATATAGAGAAACTGGACTATGAAACCCAATCACTTAGGGAC
CAACTTCAGGCGTCCCATGGCCGATTAAGTGAAACCGAGCAAAACCTGGATGACATTTACAATTCGCTAAGTTTGTCGGGCGTTGAGCTAGAGAG
CCTACAAAATCACTCCAGATTGGTGCAACAACTGTCCAAGGAACTGAAGGAAACGGCATACAACTGCAGGAGTCAAATATCGAGGGAGCTTTGA
ACCTCACACGTCACGCCTACGAAAGAGTCAGCAATTTGTCGACCCTTAAAGACGAGGCCAATGAACTTGCATCGAACACCGATAGGAATTGCAAG
AGAGTGGAAAATCTGTCTAATAAGATTCAGGCCGAAGCCGATGACCTGGCAAACAATAACAAGCTCATTGAAGACTACCGAGCAGAGTTGACTTC
GCTAACCTCCCAAATTCCCGAGCTGAACAATCAGGTTTGCGGCAAGCCAGGTGATCCCTGTGATAGTTTGTGCGGAGGTGCTGGCTGCGGTCATT
GTGGCGGTTTCCTGTCCTGCGAACATGGCGCCAAAACCCATTCGGAGGAAGCCCTTAAGGTGGCCAAGGATGCTGAGACGGCCATTACCAGCAAG
AAGGATCAGGCGGACCAAACCATCAGGGCTCTGACCCAGGCCAAACTGAATGCCTCCGAGGCATATGAGAAGGCCAAGAGGGGTTTCGAACAATC
CGAGCGTTATCTGAACCAAACCAATGCCAATATCAAGCTGGCCGAAAACCTATTCATAGCCCTCAACAATTTCCAGGAGAACAAGACAGCTTCTC
CTTCGGAGAGCAAAGAACTGGCACAGAAAACTCTCGACTTGGACCTGAAACTGGAACCCGAAGAGATTGAGACCCTCGGCGACCAAATCAACAGG
GCTGTCTCATCGCTAAAGAATGTTGAAGCCATAATCTACAGGACCAAACCCGATTTGGACAGGGTCAATAATCTGCAGAGCATTGCCAATGCCAC
CAAGGAGAAGGCCGATAAGATCCTGGACTCTGCCAATTCGGTCGTGGAGAGCCTGGCGGCGGCAGATGAATCCCAGGGTAAAGCCAAGGATGCCA
TTCAGCAGGCGAACAGTAACATTGAGTTGGCCGGTCAGGATCTGGAGAAGATCGATGAGGAAACGTATTCCGCCGAAGCTCCGGCCAATAACACA
GCACAGCAGGTTGAGAAATTGGCCAAGAAAGTGCAGAAACTGCAGAATAACATAATGAAGAACGATCGGGATGCCAAGGAGATAACCAAGGAAGC
GGGTAGCGTCAAACTGGAGGCCATGAGGGCTCGCGGAGAGGCCAATAATCTTCAGTCTGCCACAAGTGCCACCAATCAGACCCTCACCGATCGCG
CCAGTCGCTCCGAAAATGCCAGGGAAAGGGCCAAGCAGCTGCTCCAGAGGGCCTCCAAACTAACAGTCGATACGAACGCCAAGCTAAAGGATCTG
AACGATCTGCAGACCGTCTATCTGAACAAGAACCAACAACTACTGCGATTGCAGGCCGAGATCGGCCCCTTGAACAAGGAGCTCAACGAGCACCT
GATTCACATCAAGGAGCGGGGGTCGCACTACAGGCAGTGCTATACGTAGATTGGGAAACGTAAGTAATGCAGTTTTAATACTATTACAAGCAAAT
AACTAAAATCAGTAATATTTTTTAGATCCATTTGCGTGGCCATCTAAATTGCCATATTCATGAACAAATAAGCAAATTGCGAAATACGAGAATCA
AGTAAAGAACTACAAGAACAACTAGGAAGGCGACAGTTATTATGTAACCACTGTTAAGTTACCGTTACGTTTTGTACTCTAAGCGAAAACCAACA
CTGCAATGTTAATTTTAAAAATTGAGCGAAAGAAATCGATGCCTTCACTTTTAATGTGTACACACTGAGCTAAGTTTTTCTTATACTATCCCTAT
ACCATTTTGTAATGCAATTAATGTAATTAAATAAAACTACTTAAATGTGGAAATGTCTAGCATTTGTTTGGGCTCGATCGGGAGAGGAATGAGAT
AATGGTCATTTAAATGGAGAGCGACAGGTGAGAGTATTTTTGCAACACAGTTCTATTTCCCAACAATAAATCTTTTTCGCTGAACAAATGCAACT
ACTTTTAAGTATAATAACAGAAATATATTATTTACAAACGTTGAATAAAACAATATTAATAACGTTGGAAATGAAGCCTAAAAGCTTAATATAGA
TAAAAAGTATTTAAACAGAAGTTTGTTGGAGTTCAAATATATACAAAAATTCGGCTTATGCTATTTTCACTGTACTTCGATTTCTATACTATTGT
ATACTTATGCTGCCATAAACATTGCCAATTTATTCCATTTTCCGTTTTGTTTTAGTTCTTCTGCGCGTCGCGTGCGGCTTGTTTTTGTTTTTAAT
TTTCGTCCAAATAATTTTCCACATTTTTTTTTCGGGGGCCAGAGGTTCTTTTAAAACCGGAAGTTGTTACGAATGGATCACCGTTACAGAAGATC
GTTAAGGAGCTCAGCAGGTATTTAATAACAATTAAAAAATTAATAATGCAGTTGGCACAGTTGCAGAGAAGCCCACTTCAAGCACAAAGGTCAAG
GTAATGCAAAAAATGCAAAAGTGCTTGAAATCATGCAATTTCTAGTTATCCCTGCCTGCTCGAAAATCACTAAAGTTTTGCATGAAAAGAGTACC
CCTGCTGGCTATCGATAAGAGTTATCGCTTCGGCCCCTATCGATATTTCAAAAGTTCATCAATTTCAGCTGAAATCTCAACAAGTGCAAGTTTCG
AGCTCTGTTTTAATTAAACACAGACGTGTCGCCGAACAAGTCGGCATTGTTTGGATCGGTTTTCAGGTTGCAGTGCGTGAAAATATATATATATT
TTTTATTTATTTATTGCGACATCCGTGCGGCCACTCACACACACAGGCGCGATTGACAGATGTGCGACGTGCATACGTATAAAGAGCACACACTC
GCACACAC
(SEQ ID NO: 775)

Exon: 1001..1311
Exon: 4115..4190
Exon: 4350..7195
Exon: 7272..9939
Exon: 10001..10313
Start ATG: 4487

Transcript No. : CT22015
AGAGCGGACGTTTTTCGAGTCGGAGCCGGGTCGAGTCGAGGGCCCCAACTTGGAATTTTCTTTCCGATTGACTTGGAAAATAGCTTCTTCGTCGC
GTGCGAGTGTGTGTGTGTGTATGTGTGTGCGCGCGGTGTGGAGTTTATAAAAAGAAGTCGAAAAGTGTTTGCCGCATCAACGAAAATAAAAACAC
CCAAGAAGAGTGTTTGTTGTTTTGTCTGTATAACAGAAAACTGATTTTCTCAACTTCACCTCTGCACATCGATCAAGGACTAGATATAGATGCAT
CATATGTAGCCGAATTAAAGTATCTGCTACAGGACTAGTTGGAAAATGCCACAATGAATAAATAAATATTTTGATCAAAATAAGGAAGAGAGCCG
TGGTTAAATTTTCATACTGAGGATCACGTGGACAAGTGTAAGAGATCCCCTTAAAAAACGAACGAAAAGAAAAGCAACTGATTAAAGTCCCGGCC
GGAAGTGCCCCAGTGGAACGCGACCCCAACAACTGAGAGCCACATCGAGATGTTGGAGCTGCGGCTTATCGTGGTCATTGTGCTCGCCCTGCTCA
GCTGGCAGTGGGACCCAGTGGACTCCCAAAGACCGCCCCAGCATGGCCGACGTGATCGTCCGAAATATCCACCGAACAAGTTTATCAAGACTCAT
CCATGCGAGAGATCCTCCTGCTACCCGGCAACGGGTAATCTTCTGATCGGCCGAGAAAACCGCCTGACTGCCAGTTCCACGTGTGGTCTGCACTC
GCCGGAGAGATTCTGCATCCTGTCCCATTTGCAGGATAAGAAGTGTTTCCTCTGCGACACGCGTGAGGAGACCAAGCATGATCCGTACAAAAATC
ATCGCATCGGACAGATTATATATAAAACTAAGCCAGGCACCAACATACCCACCTGGTGGCAGTCCGAGAATGGCAAGGAAAATGCTACCATTCAA
CTGGATCTGGAGGCGGAGTTTCACTTTACCCATTTGATCATAACCTTCACCACCTTCCGACCAGCGGCCATGTACATCGAGAGATCCTTTGATTT
CGGACAGACGTGGCACATCTACAGATATTTCGCCTACGACTGCAAGGAATCCTTTCCGGGAGTGCCCACTGTCTTGGAAAACATCACCGATGTCA
TGTGCACCTCGAGGTATTCCAACGTGGAGCCCTCGAGGAATGGTGAAGTGATATTTAGGGTGCTGCCACCGAACATCAACGTTACCGATCCCTAT
GCGGAGCACGTGCAGAATCAGCTGAAGATGACCAATCTGAGGATCCAGATGACGAAGCTGCACAAGCTGGGAGACAATCTTTTGGATAGCAGGCT
GGAGAACGAGGAGAAGTACTATTATGGCATCTCCAACATGGTGGTTCGCGGATCCTGCTCCTGCTATGGCCACGCCTCTCAGTGTCTACCGTTGG

Filed on 2001-12-20 by the EPO Publication Date: 2003-06-26

ATCCCGCATTTTCCCAGGCGGACAACGAAGATGGCATGGTGCATGGCCGATGTGAGTGTACCCACAACACCAAGGGAATGAATTGTGAAGAGTGC
GAGGATTTCTTCAACGATCTCCCATGGAAACCCGCTTTTGGAAAGAAAACGAATGCCTGTAAGAAATGTGAGTGCAACGATCACGCCGTTAGTTG
TCACTTCGATGAGGCTGTCTTCACTGCATCCGGTTTCGTTTCCGGCGGAGTGTGCGACAATTGCTTGCACAATACTCGGGGTCAGCATTGCGAGG
AGTGCATGCCGTACTTCTACCGCGATCCAGAGCAGGATATAACGTCCGAAAGGGTTTGCCAGCCCTGTGACTGCGATCCTCAAGGTTCGTCGGAC
GACGGCATCTGTGACTCCCTAAATGAACTGGAGGAGGGAGCAGTAGCAGGTGCCTGCCATTGCAAGGCCTTTGTCACGGGACGTCGTTGTAATCA
GTGCAAGGATGGTTACTGGAATCTGCAGTCGGATAACCCCGAGGGCTGCGAGCCGTGCACCTGCAACCCCCTGGGTACACTGAACAACTCCGGAT
GCGTTATGCGCACCGGCGAGTGCAAGTGTAAGAAATATGTGACGGGCAAGGACTGTAACCAGTGTATGCCGGAGACCTATGGTCTTTCGGAATCT
CCGGAGGGTTGCTCTCTGTGTAACTGCGATGCTGGTGGATCCTACGATAATTACTGCGATGTCATAAGTGGTCAGTGTCGCTGCAGGCCCCACAT
GACGGGTAGGTCATGTTCGCAGCCGAAGCAGAATTACTTCATTCCCCTGCTGCCCGAGGTTCATGAAGCAGAGGTGGTGGACGAGTGCATCTCGT
ATGGCGCCAACGGTAACTGCAGCCTGGTGGCCGAAACTCCTGATGGCAGTTTCACGGGCATTGGTTTTACCAGGGTTCCTGAGAACTCGGAACTG
GTTTTCACTGTCGGAGATATTCCTCGATCCATGCCATACGATGCGGTTATACGTTACCAGAGCACTTCACGAGGAGATTGGGAGAACGCCTTTAT
CACTCTTGTCAGACCCGATCAAGTGGATCCTGAAGGAGGATGCGGTGAACTAGCTGCAGCAACTTCTTCGGAAACCAGGATTCCGTTCTCCCTTC
CTGATCGCAGCCGTCAGGTGGTTGCTTTGAATGAAGTATGCTTGGAAGCTGGAAAGGTTTATAAATTCCGGATTTACTTTGAGCGAAAGCGACAC
GATGTGGACAGTCCCACAGCGACGATCTTGGTGGATTCTCTTACGCTCATTCCCCGCATCGATGTAACGCCCATCTTCCAAGGATCCGTTCTGGC
TGATATTCGCAAAAAGGATTACGAAAAATACAATTGCAAATCCTCTTTGTACGATATGAACTACAAGTCGGATCCTAAATGTCAAAATCTGGACA
ATATCCTCAGTGTGTTTGTCCACGATGGAGCCAGTATGTGTAATTGCAATCCAACCGGATCGCTGAGCAAGGTGTGCGAATCCAATGGAGGTTAC
TGCCAATGTAAGCCCAATGTGGTGGGCAGGCAGTGCGATCAGTGTGCTCCGGGCACCTATGGTTTTGGTCCCGAAGGTTGCAAGGCTTGCGATTG
CAACAGCATCGGATCGAAGGATAAATACTGCGACCTGATAACCGGCCAGTGCCAGTGTGTGCCGAATACATACGGCAGGGAGTGTAATCAGTGCC
AGCCGGGCTATTGGAATTTCCCCGAGTGCAGAGTGTGCCAGTGCAATGGTCATGCGGCCACGTGTGATCCCATTCAAGGAACCTGTATAGATTGT
CAGGACTCGACCACGGGCTATAGCTGTGACAGCTGTTTAGATGGATATTATGGAAACCCACTTTTCGGCAGTGAGATCGGATGCCGACCATGCCG
CTGCCCGGAGACGGTAGCCAGTGGCCTGGCGCACGCAGATGGCTGCTCCCTGGACACACGGAACAATAACATGTTGTGCCACTGCCAGGAGGGAT
ATTCCGGCTCCCGTTGCGAGATCTGTGCGGACAACTTCTTTGGCAATCCGGACAACGGTGGTACCTGCTCCAAGTGCGAGTGCAGCAACAATGTC
GATCTTTATGACACTGGAAACTGTGATCGGCAGACGGGAGCTTGTCTAAAGTGCTTGTATCAGACGACTGGCGATCACTGCGAGCTCTGCAAGGA
TGGATTCTTTGGGGATGCACTGCAGCAGAATTGCCAGCAGTGCGAATGCGATTTCCTCGGAACGAATAATACCATAGCTCATTGCGATCGTTTTA
CGGGTCAGTGCCCCTGCTTGCCGAATGTCCAGGGTGTGCGTTGTGATCAGTGTGCCGAGAACCACTGGAAGATTGCCTCTGGCGAGGGTTGTGAA
AGCTGCAACTGCGATCCAATTGGAGCACTCCATGAACAGTGTAATTCCTACACGGGGCAATGCCAATGCAAGCCAGGATTTGGCGGCAGAGCGTG
TAATCAGTGCCAGGCTCATTACTGGGGCAATCCCAACGAGAAGTGCCAGCCGTGCGAGTGCGATCAGTTTGGAGCTGCTGACTTCCAGTGCGACC
GGGAGACGGGTAATTGCGTCTGTCACGAGGGAATTGGGGGCTACAAGTGCAACGAGTGCGCCAGGGGCTATATTGGGCAGTTTCCACACTGCTCA
CCTTGTGGCGAATGCTTCAACAACTGGGATTTGATTTTGAGTGCTCTGGAGGATGCCACAACTGCCACTATCCTACGAGCCAAGGAAATCAAGCA
AGTGGGAGCGACAGGAGCCTACACGTCCGAGTTCAGTGAACTGGATAAGAAATTGCAGCACATTAGGAATCTGCTGCAGAACACCTCGGTCAGTC
TGGTTGATATAGAGAAACTGGACTATGAAACCCAATCACTTAGGGACCAACTTCAGGCGTCCCATGGCCGATTAAGTGAAACCGAGCAAAACCTG
GATGACATTTACAATTCGCTAAGTTTGTCGGGCGTTGAGCTAGAGAGCCTACAAAATCACTCCAGATTGGTGCAACAACTGTCCAAGGAACTGAA
GGAAAACGGCATACAACTGCAGGAGTCAAATATCGAGGGAGCTTTGAACCTCACACGTCACGCCTACGAAAGAGTCAGCAATTTGTCGACCCTTA
AAGACGAGGCCAATGAACTTGCATCGAACACCGATAGGAATTGCAAGAGAGTGGAAAATCTGTCTAATAAGATTCAGGCCGAAGCCGATGACCTG
GCAAACAATAACAAGCTCATTGAAGACTACCGAGCAGAGTTGACTTCGCTAACCTCCCAAATTCCCGAGCTGAACAATCAGGTTTGCGGCAAGCC
AGGTGATCCCTGTGATAGTTTGTGCGGAGGTGCTGGCTGCGGTCATTGTGGCGGTTTCCTGTCCTGCGAACATGGCGCCAAAACCCATTCGGAGG
AAGCCCTTAAGGTGGCCAAGGATGCTGAGACGGCCATTACCAGCAAGAAGGATCAGGCGGACCAAACCATCAGGGCTCTGACCCAGGCCAAACTG
AATGCCTCCGAGGCATATGAGAAGGCCAAGAGGGGTTTCGAACAATCCGAGCGTTATCTGAACCAAACCAATGCCAATATCAAGCTGGCCGAAAA
CCTATTCATAGCCCTCAACAATTTCCAGGAGAACAAGACAGCTTCTCCTTCGGAGAGCAAAGAACTGGCACAGAAAACTCTCGACTTGGACCTGA
AACTGGAACCCGAAGAGATTGAGACCCTCGGCGACCAAATCAACAGGGCTGTCTCATCGCTAAAGAATGTTGAAGCCATAATCTACAGGACCAAA
CCCGATTTGGACAGGGTCAATAATCTGCAGAGCATTGCCAATGCCACCAAGGAGAAGGCCGATAAGATCCTGGACTCTGCCAATTCGGTCGTGGA
GAGCCTGGCGGCGGCAGATGAATCCCAGGGTAAAGCCAAGGATGCCATTCAGCAGGCGAACAGTAACATTGAGTTGGCCGGTCAGGATCTGGAGA
AGATCGATGAGGAAACGTATTCCGCCGAAGCTCCGGCCAATAACACAGCACAGCAGGTTGAGAAATTGGCCAAGAAAGTGCAGAAACTGCAGAAT
AACATAATGAAGAACGATCGGGATGCCAAGGAGATAACCAAGGAAGCGGGTAGCGTCAAACTGGAGGCCATGAGGGCTCGCGGAGAGGCCAATAA
TCTTCAGTCTGCCACAAGTGCCACCAATCAGACCCTCACCGATCGCGCCAGTCGCTCCGAAAATGCCAGGGAAAGGGCCAAGCAGCTGCTCCAGA
GGGCCTCCAAACTAACAGTCGATACGAACGCCAAGCTAAAGGATCTGAACGATCTGCAGACCGTCTATCTGAACAAGAACCAACAACTACTGCGA
TTGCAGGCCGAGATCGGCCCCTTGAACAAGGAGCTCAACGAGCACCTGATTCACATCAAGGAGCGGGGGTCGCACTACAGGCAGTGCTATACGTA
GATTGGGAAACATCCATTTGCGTGGCCATCTAAATTGCCATATTCATGAACAAATAAGCAAATTGCGAAATACGAGAATCAAGTAAAGAACTACA
AGAACAACTAGGAAGGCGACAGTTATTATGTAACCACTGTTAAGTTACCGTTACGTTTTGTACTCTAAGCGAAAACCAACACTGCAATGTTAATT
TTAAAAATTGAGCGAAAGAAATCGATGCCTTCACTTTTAATGTGTACACACTGAGCTAAGTTTTTCTTATACTATCCCTATACCATTTTGTAATG
CAATTAATGTAATTAAATAAAACTACTTAAATGTGGAAA
(SEQ ID NO: 776)

Start ATG: 525

MLELRLIVVIVLALLSWQWDPVDSQRPPQHGRRDRPKYPPNKFIKTHPCERSSCYPATGNLLIGRENRLTASSTCGLHSPERFCILSHLQDKKCF
LCDTREETKHDPYKNHRIGQIIYKTKPGTNIPTWWQSENGKENATIQLDLEAEFHFTHLIITFTTFRPAAMYIERSFDFGQTWHIYRYFAYDCKE
SFPGVPTVLENITDVMCTSRYSNVEPSRNGEVIFRVLPPNINVTDPYAEHVQNQLKMTNLRIQMTKLHKLGDNLLDSRLENEEKYYYGISNMVVR
GSCSCYGHASQCLPLDPAFSQADNEDGMVHGRCECTHNTKGMNCEECEDFFNDLPWKPAFGKKTNACKKCECNDHAVSCHFDEAVFTASGFVSGG
VCDNCLHNTRGQHCEECMPYFYRDPEQDITSERVCQPCDCDPQGSSDDGICDSLNELEEGAVAGACHCKAFVTGRRCNQCKDGYWNLQSDNPEGC
EPCTCNPLGTLNNSGCVMRTGECKCKKYVTGKDCNQCMPETYGLSESPEGCSLCNCDAGGSYDNYCDVISGQCRCRPHMTGRSCSQPKQNYFIPL
LPEVHEAEVVDECISYGANGNCSLVAETPDGSFTGIGFTRVPENSELVFTVGDIPRSMPYDAVIRYQSTSRGDWENAFITLVRPDQVDPEGGCGE
LAAATSSETRIPFSLPDRSRQVVALNEVCLEAGKVYKFRIYFERKRHDVDSPTATILVDSLTLIPRIDVTPIFQGSVLADIRKKDYEKYNCKSSL
YDMNYKSDPKCQNLDNILSVFVHDGASMCNCNPTGSLSKVCESNGGYCQCKPNVVGRQCDQCAPGTYGFGPEGCKACDCNSIGSKDKYCDLITGQ
CQCVPNTYGRECNQCQPGYWNFPECRVCQCNGHAATCDPIQGTCIDCQDSTTGYSCDSCLDGYYGNPLFGSEIGCRPCRCPETVASGLAHADGCS
LDTRNNNMLCHCQEGYSGSRCEICADNFFGNPDNGGTCSKCECSNNVDLYDTGNCDRQTGACLKCLYQTTGDHCELCKDGFFGDALQQNCQCEC
DFLGTNNTIAHCDRFTGQCPCLPNVQGVRCDQCAENHWKIASGEGCESCNCDPIGALHEQCNSYTGQCQCKPGFGGRACNQCQAHYWGNPNEKCQ
PCECDQFGAADFQCDRETGNCVCHEGIGGYKCNECARGYIGQFPHCSPCGECFNNWDLILSALEDATTATILRAKEIKQVGATGAYTSEFSELDK
KLQHIRNLLQNTSVSLVDIEKLDYETQSLRDQLQASHGRLSETEQNLDDIYNSLSLSGVELESLQNHSRLVQQLSKELKENGIQLQESNIEGALN
LTRHAYERVSNLSTLKDEANELASNTDRNCKRVENLSNKIQAEADDLANNNKLIEDYRAELTSLTSQIPELNNQVCGKPGDPCDSLCGGAGCGHC
GGFLSCEHGAKTHSEEALKVAKDAETAITSKKDQADQTIRALTQAKLNASEAYEKAKRGFEQSERYLNQTNANIKLAENLFIALNNFQENKTASP

SESKELAQKTLDLDLKLEPEEIETLGDQINRAVSSLKNVEAIIYRTKPDLDRVNNLQSIANATKEKADKILDSANSVVESLAAADESQGKAKDAI
QQANSNIELAGQDLEKIDEETYSAEAPANNTAQQVEKLAKKVQKLQNNIMKNDRDAKEITKEAGSVKLEAMRARGEANNLQSATSATNQTLTDRA
SRSENARERAKQLLQRASKLTVDTNAKLKDLNDLQTVYLNKNQQLLRLQAEIGPLNKELNEHLIHIKERGSHYRQCYT*
(SEQ ID NO: 777)

Name: lamininB1
Classification: cell_adhesion
Gene Symbol: LanB1
FlyBase ID: FBgn0002527

Celera Sequence No. : 142000013384840
AGCCGCCGAAAAGCATCCTTAATCTCACTGTCGGTGGCATTTCTCGGTAAGCCCAGAACCTGGTAGTGATCTTCGTAGACATCGCTCATTTTGGC
CAATTGGTCTATTTGATGGGAGAATAATTAGATGATTTTATCGATAGTAGCACGATGGTCAGTGGTTTTTGGTGCAGAAGTCGGTATTTATTGAT
GTTTATGTTGCGGGATGTAAGGCACTGGGAAAACCTGAGAAAACACTAAAGCTGATTCTTTCATTACAAATAGAGATGCACATCTGAAATGTGTG
TTATCTTTGTATGGAAACAACATCGATAAATACATCGTGTCATTTGTCGTGTCATCGTGTCAGCGAAATAATATTCGCGACAAGAACATATTGTT
TAAGGAAAATAAATGCGTCTTTCGTTTCTTCATTTGCCATCATATTTTATTGAGAATACGAGTCATTAGGTGGCCAACAGAAACAAAATCTAGAA
AAATATGTCTTTTTTTTCAGAACAAACCATTATATTTCCGTCTTATCTGGTACATACCAAAGACACTAGAATATTCTAGTGTTATTCTATTCTAT
TCTATTATTATTATTCTAGTGTCTTTGTACATACTATATGTAGTAGCAGACTGGCTCTGCTTAGCAACAATTTGTAATAAGCAAGTGCATTTAAT
TTTCTCTACTATGGCATTGTTATATTTTTTACTATTTGTATCGCATAAACGTTTTTTAAATTAAAAAAAAACAAAACTATTAGTTCGTCTTACAG
TATTTATCCGTTTTATCATTCGATTTGGCTAAAGGTATTAGCTATTTTCGAGCAACAGTCGGACGAATTCCATAATTTTTATTTATCTTACTAAA
TAAATAAATAAATTAATCAATAAGTAACGCAGGATTCATTAGATAAACAGTCAATAATTAAGTTCCTATAAATTAATCTTAAAGACTATTCAGCG
AAGAACGCTAGGTACCCGAGATTGCTTCATCAAGCCCTTGGATCCTTAGCTCAGTCCGAGGAGGATCCATCGCCGTGGGTAGCCTCTTTTTTCCG
GTTGAAGAACTGGAATGTCTTGTAGGCGGCGAACGCAAAGAGCACGGTTCCTCCGACGGCGCACATGAAGGGGAGCATGTCTGGCGTGGGCTGGG
CGAAGGTCGCAGCAGGCTCGTCATCACATTTGAGACCCTCCTCGCCGTGCTGGTCGTATATCTCGCGCTTTTCCTTATCAAAGAGCACTTCGAAG
GCGGCCACCACCTCCCTAAACTGCTCCTCGGCCTGCGGATGGTCGTTCTTGTCCGGATGGTAGCGGAGAGCCATCCGGCGGTATCCCTTCTTGAC
GTCTTCGCTGGACGCATTCCTCTCGATGCCCAGAATCTTGTAGTAATCCTTACCCATTGTGGTGAAATGGTATTCTCCTTGTTCTGGCTGAGATG
GTCGTCTAGCGGTGTTGCGCCGTGTATGGAATGTGAGGCAGCGTCTCGACTTGTTGGTGCTTATGTGGTAATGCGAGTATATATTGCTGATTCGA
TTCGCTGATTTAAAACATTATTACAAATAAACAGTCAATCGATAAATTATCGGCCGCCAGTGGCCAGAGTGACCCTACCTTACCACCAGAAGCAC
TGTTAGTTAACAGAAGAGATTCTGACGATCGTAGCAGCTGTATAGGAGCACTATTAGCCTATTAGTAATTAATGATCTGTTAAATCTATCTTTTT
TGAGTACTTTAAAAGGAATTACACATTTCGAAAATAGAAAATATTCATATCGCTTACCGGTTTTGGTATTTTTTCAGACCGTGCGGTATCTTATT
CGCCATCGAAGCGGTCACACTGGGTGCCGCCGCCAACTTCACTCTTTCCGTTCTGTGAGCGAAAACCGAAAAGTCTGTGCTTTGGTAAGTGTTGC
TAAAAGTTCGGAATAATGTTGCATCCCGAGCATTTTCGGGTACATAACTGTTCCACGGCGGTGGTCCAGCAAAGACTAATCGTTATCACGCCTTT
CGCAGTTCTTAAATTCACCCGACGAGTCCCTAATACACAATTAAAATGGTTAGGGAGAACAAGGCAGCGTGGAAGGCTCAGTACTTCATCAAGGT
TGTGGTAAGTATAGAACCTTATAGAATTCGCTCACTAGCTGGCGCCTGGCTTATGCTGTTAACTGATCCCTCCTCCAGGAACTGTTCGATGAGTT
CCCAAAGTGCTTCATCGTGGGCGCCGACAACGTGGGCTCCAAGCAGATGCAGAACATCCGTACCAGCCTGCGTGGACTGGCCGTCGTGCTTATGG
GCAAGAACACCATGATGCGCAAGGCCATCCGCGGTCATCTGGAGAACAACCCGCAGCTGGAGAAGCTGCTACCCCACATCAAGGGCAACGTGGGA
TTCGTGTTCACCAAGGGCGATCTCGCCGAGGTGCGCGACAAGCTGCTGGAGTCCAAGGTGCGCGCCCCCGCCCGT
(SEQ ID NO: 778)

Exon: 1450..1001
Start ATG: 1387 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT22047
ACACGGCGCAACACCGCTAGACGACCATCTCAGCCAGAACAAGGAGAATACCATTTCACCACAATGGGTAAGGATTACTACAAGATTCTGGGCAT
CGAGAGGAATGCGTCCAGCGAAGACGTCAAGAAGGGATACCGCCGGATGGCTCTCCGCTACCATCCGGACAAGAACGACCATCCGCAGGCCGAGG
AGCAGTTTAGGGAGGTGGTGGCCGCCTTCGAAGTGCTCTTTGATAAGGAAAAGCGCGAGATATACGACCAGCACGGCGAGGAGGGTCTCAAATGT
GATGACGAGCCTGCTGCGACCTTCGCCCAGCCCACGCCAGACATGCTCCCCTTCATGTGCGCCGTCGGAGGAACCGTGCTCTTTGCGTTCGCCGC
CTACAAGACATTCCAGTTCTTCAACCGGAAAAAAGAGGCTACCCACGGCGATGGATCCTCCTCGGACTGA
(SEQ ID NO: 779)

Start ATG: 64 (Reverse strand: CAT)

MGKDYYKILGIERNASSEDVKKGYRRMALRYHPDKNDHPQAEEQFREVVAAFEVLFDKEKREIYDQHGEEGLKCDDEPAATFAQPTPDMLPFMCA
VGGTVLFAFAAYKTFQFFNRKKEATHGDGSSSD*
(SEQ ID NO: 780)

Classification: chaperone

Celera Sequence No. : 142000013384534
AACAACAAGTGCTACACGAGCAACCCCAACAACAACAACAACAACAACAATAACGGCGGCAGCAACAGTGGCAACAACAACAGCAGCCCGAGTGT
AAACAACTTCAATTGTGATAGTGTCGCCGGTAATGGACGTTACCTGCACGGCGGACACCAGCATCCGCATCCGCACCAGGCGGGATTTGCAGCGG
TTGCCGCCGCCGTCGGAGCAGCTCCCTCCGCCCTGCAGAGCCTGCAGCAGCTCCACCAGCAACACCACGCTCAGCAGCAGGCCACCCTGAGCTTT
CAGCGGGAAAAACTCAAGTCGGGTAAGCAGGTGTTTCAGTCGATGAATAACCCATGATTTGATCATAAGTGGGTATTAAGTAAACATAGTGTGTG
CACATCTAATACCTCCATTTGATCATCATTTTGTGATTCGGCAGATTCTCACAAGAAGAGCGCACTGAAGAACAAGCGCGTCCGGACAATCTTCA
CGCCGGAGCAGTTGGAGTGCCTGGAGGCGGAGTTCGAGCGCCAGCAGTACATGGTCGGCCCGGAGCGGCTCTACTTGGCACACACCCTAAAGTTA
ACGGAGGCTCAGGTGAAGGTGTGGTTCCAGAATAGGCGGATCAAGTGGCGCAAGCACCACTTGGAACTGACACAACAACGGCTGGCATTGATAAG
GCAAACTCAACTGCCAGGTACATCGTTATTGGGCAATCAAGTATCCGTGTCGGCCAATGCGGCCCATTCTGTGTCCACGGAACGCACAAACGGAT
GCAGTGCAGCCTCGCCCAGCCTGCAGGAGGAGGACAACGAGGATAGCAAGCACTCGCTGTCGCTTTCGGGCGCATTACCGCCGTTGAGTCGAGCG
CAGTCCGAGTCGGATTTGTCCATCTGTAACGATTCCCTGGACGGCGACAGCCTCATGGACGGCAGCGAGGAGGCCTAAAAACCACGCCAGTGCAA

AGCAAGTTTCCTGTAAATATAGTCAAATAAATATGTACAATATCGGTTTTCTATACTTCTGCTTGTCTTTAATTGTTGATGATTAGCTGCAAGTT
GATTGTTACAATCAATCAATGCAAACTATATTATATTGTATAAGCATTGCAGTATATCCATTACATACGAGTACTGAAAAAGCTTATTTAAAAAC
AGAATAATACAGACATTTACACTCAATTCGCACTTTATACCTTGATCAGTTATCACATTGGAGTATTTCACTTATTGCTGAGCAGCCGCCCTGGC
GAGCCGATCGTGGCAGGATAGGTGCACGATGTGCCCATTTGGATAGCGCACGAAGGCGGACTGGGTTTGAAAACGCTTCTTGCACTCGGAACACA
CACTAGACTCGTTTAACTCGAAGCTAATGTTTCGCTGCTCCTCCAAGGCATTCTCCAGGCGCGTGGACTCTGCCTCCAGGAAGCCGCACATCATC
TGCATCTCGTGCTTGTCGGCCATCATTTTACGTATAGATTTCTCCAAGTATTTCTCCAGCTGGGGCATGGGCATGTCATCGGGAAGGTGCTGCAA
AATCCAAAATGGTTGAGAAATATTTCTAATAAGTCATGCATTCAATGCATTCTTCACCTCGAAGATCTCGAATGGATCGATTCTGGTGGCGTGGG
TGTTAAGTATTTCCAGGGCCACCTCTCGATTCACTTGCGAGAAATCCGGATGCAAGGGCACACCATCATAGAGCGGTTGAGTTGGTGGTATTAAT
ATGCACTTAATGAGCGTGTGAAATATGTGCTTGTCCTCTTTGTAATGGGCTTCCGCATAGGCCGTTGCCTTGGCCACATCTCCGAGAACATGAAT
ATAGATGGACAGGACGTTGTCGTGCTTTTTGAGCCTGCCCAGGATTAGGGCACGCTCCTCCAAGAGTATATTGGTTGGAAATTCCTCTAGGAGGC
GATCCGGCGAATAGTCGTTGGACTCCTCCAACATCTTGTAGAGCTTGGCTCGCATCGGAATGAGTTCGGGAACTTCCTCTCTAGAAAACAGGTGA
GTATAAGCATTTTGATCCAGTACAATGACAGACTCTCACCCTTTTTCCTGCTGAGCAAGAAGCCGTTGCACCTTTTCGCGATACTGCTTGAGGAG
CACATTGTGGAGCAGGGTGTTGCCGTCCTTCCATTCAGTGATTACGTGCTCCAAATAGGGAATGACAAGTGCTTTGTGCTTGCTAATAAAAAAAT
CAAGAACTTTGGCGCGCGGCAGGGATTCCACTTCAATAAGTTCGTCGGTGAAAATGGTTAGGCCTTCCTCGGGATTATCGTTTAAGACCCAGTCA
GCGAACTCAAAGATCAGCGGCAGATGATCACCACCCAGCTCCTGAAGATAGCGTATGGTACGCTTGCGACCCTGCAGCACAGATCCTTCGATGCT
CGCCTGCTCTCGAAGCAGTTTAAGGGCCTCCTTGTGCTTGCCCTTCATCTGGTAGAGGATGATAAGTTCAGAGATCTTGTTGTGCTTCTTCAACG
TCTTTTCCGACTCCTCTAAGTGGCACTGGTTTAGGCGTAGCAGTGGTGCCACCAGAGAGTCGTTTGTCTGCAGGTAACACTTCAGCAACGTTGTA
TCGATGATCTCCAGCAGGGACTTTGAACTACTTTTAGTGTCGCGCAGCTTGACCACCTCCCGCTGTCGGGCCCATGCCAGATACTCGATCAGTGC
CAAGTAGGCGTTCTCCAGGTCGCTATCCTCAAGCGCCGGAGTACTGGACGTAGGCACGGTGACATCTTCGGTGCCGGGCTTTGGTTCTGGCACCA
AGTTTGGGAACAGTCTTATCACATCGTAGGGATCTATAGCCGCCTTTTCAAACTCCTTCATGGCCGCCGAGAACTCCTTATTGGTAAACAGCTCT
TTCGCATAGAGCATGTGTATCTGGCGAATGGTTTGGGCTCGGTCCGCGGCAGGTTCATCGGAGATTTGCTGAACATAAAGTTTGTTGTAGTCGTC
GTATTTTGATTTCGTTTATCGGACTCACCGTCAGCTCAATAGCCAGTTGGAATTTCTTTTGCTGTAGCAACTGCTGACGCTGGATAGGGATTTCC
ACCATTCGAATGCACCAAAGCTCGGAGGTGGCGGCGGCAAAGATGGTTCCCTTGTCGGCGTGAACCAGGAATTTCGTCTTCTGTAGCTCGGGAAT
GGTCTGGACCAGGGTGTCCTTGCCCACTAGGCTGCGCACCTCGATGGCGTTGTTGACACGACCCACAGCGAATGGCTCATCCCAGACTGTAATGA
AGATAATGTGATTTAGAAATTGGCTTGAAGTGAATAGTGAGTATCGTACCCAGATCTAAAAGCGGACTTGACCAGAGCAGAGGAGTTAGGGAACT
ATTGCTGTCCATGGCAGCTGGCCGGACATCTGTTGAGTTATTGATTCCATCCGATTCTTTGTACTGACTCGGATCTACTACGACGAGGTAGCTGT
CCTTAGAGATGCCCAACATGTTGTTCCGGATAAGGCAAATGCAGGGATCTCTGCTGATACTAGAGGAGGTAAGGAAGAGGTTGTGCTTCTTTGGT
GCTTTTCCTGATATCTAGAATTGGATATGCAGACCTTTAAAATACGAAGTAAATCGACTTTAAAGCATTTCTCACATCGTAAACAACATATTCGT
CTTTGAAGCCCACGCAGACAGCATGGCCCACCCAGCACAGTGTCCTGGGCACATCGCTGAGCTCGATGATCAATTCCAGGGAATTAAGCTTGTCC
TCCTTCCAAAAGAAGAACACAAGACGCCGCCGGATAGCGCAGCACACCCGTATGACGGTGGCCACACGTCCGGTTGTGGACTTCGGCGTGTCCAC
GTCCATGGTGAACAGGGTGCATCCCTTCGTGTCGGGCGCACTGTGCATGAAAGCGAAGTTGCTCTCAATCCGCCGAATGTCGCACACCTGCACCT
GTAAGTCGGTGAGTACGAAGAGCAGGTTCTCCGAGGCAATCACTTCCATTTGGGTGATCGGTTTCCGGCTGAAGTTCTTGTTGAACATCCGCATG
TCCACGCCCGTCTCCTCGTCCACAGAGTACATGATCAGCTGTCCGCTGCGGGTGCCCAAGATGACATGGTTGCCTGAAAAAATGCGTCCGGTGAG
TAATAGCTGTGCACCGAAAATTCCACTCACCATATGCCGCAATTGACTCTATCTGCACGCCCTGTTTCAGGATCGAGTGAACACTGTAGGCCTGG
TGCATCTTGGCCAAGTGGAAAAACTTCGGTCTCCTCCGCCTCAATTTATTTTCGTAAAAAAGCTTATAAACAAACCAGATGGGAGTACCACTAAT
GATAGCTGATGATGATAGATATCGATAGCTTTAGCGGTGGTAAATCGATTTCTTCCTCTTATGGTGATAGCGAAATAACTTAAATATACAAAGTA
GAAAATAAAATTTGTACATGTTATAATTTAAGATTCAATCGCTAATGACTAAAAAGTTGAGTGAAATTTTAAATTACGATACTTTAAACGAATGC
TGCCAGACTCTGCATTGCTGTCGATAGCACCAGTTCGATATACTGGTTCCCCGCGAAACCGTCCACCTCTAGTCCTTTTCACTTTAGCGAGGCGA
AATTGTCACATTTACATTTGACAAAATTGTAAGTTTTGAAACAACTCTGTCGCTTTATTTCGGGTTGAATGTTTTCATTGCATTACTACCCACCC
AGTGAAGTCGTTGAGTAACAGTTTTACCCCGTTCCCGCTCCAGGGTCGCCAACAAGCCCGCAGACAGCAACAACATCGAAAGTAGCTGCACAGCA
ACAACAGCAAACAGCCAAAATGCCCAAGAATAAAGGAAAAGGAGGCAAGAATCGTCGTCGTGGTAAGAACGAGAACGAGTTCGAGAAGCGTGAGC
TGATCTTCAAGGAGGACCAACAGGAGTACGCGCAGGTGACCAAGATGCTGGGCAACGGTCGTCTGGAGGCAATGTGCTTTGATGGCGTCAAACGC
CTGTGTCACATTCGGGGGAAACTTCGCAAGAAGGTGAGTGCTGCTCTGACTACGCTCTTTGTTTCGCCTGTGCTCTCTTCGCTTGCGTTGAGTGG
GTGCCCCTCTCTAAGGTGGCTCTCTTAAGCCATTTTGGCATTGATTGCCAGCGAATGCTACGTATTTACGTTATTGTTTTTGTTGAAATGCAGGC
AGTTTTTGTGATTTTGGGGGATTTTGCATTACCCTGCTAACTTTCGACCTTTCTATACCTAATTTTCAACTCTCTTTTTCTGCAATTCTCTTTTA
CTGGTCCATTATTGAGTGGGTGTCATCGTCCTTGTGC
(SEQ ID NO: 781)

Exon: 4262..4116
Exon: 4063..3591
Exon: 3529..3280
Exon: 3221..2974
Exon: 2918..2035
Exon: 1980..1578
Exon: 1514..1001
Start ATG: 4185 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT22081
CCATCTGGTTTGTTTATAAGCTTTTTTACGAAAATAAATTGAGGCGGAGGAGACCGAAGTTTTTCCACTTGGCCAAGATGCACCAGGCCTACAGT
GTTCACTCGATCCTGAAACAGGGCGTGCAGATAGAGTCAATTGCGGCATATGGCAACCATGTCATCTTGGGCACCCGCAGCGGACAGCTGATCAT
GTACTCTGTGGACGAGGAGACGGGCGTGGACATGCGGATGTTCAACAAGAACTTCAGCCGGAAACCGATCACCCAAATGGAAGTGATTGCCTCGG
AGAACCTGCTCTTCGTACTCACCGACTTACAGGTGCAGGTGTGCGACATTCGGCGGATTGAGAGCAACTTCGCTTTCATGCACAGTGCGCCCGAC
ACGAAGGGATGCACCCTGTTCACCATGGACGTGGACACGCCGAAGTCCACAACCGGACGTGTGGCCACCGTCATACGGGTGTGCTGCGCTATCCG
GCGGCGTCTTGTGTTCTTCTTTTGGAAGGAGGACAAGCTTAATTCCCTGGAATTGATCATCGAGCTCAGCGATGTGCCCAGGACACTGTGCTGGG
TGGGCCATGCTGTCTGCGTGGGCTTCAAAGACGAATATGTTGTTTACGATATATCAGGAAAAGCACCAAAGAAGCACAACCTCTTCCTTACCTCC
TCTAGTATCAGCAGAGATCCCTGCATTTGCCTTATCCGGAACAACATGTTGGGCATCTCTAAGGACAGCTACCTCGTCGTAGTAGATCCGAGTCA
GTACAAAGAATCGGATGGAATCAATAACTCAACAGATGTCCGGCCAGCTGCCATGGACAGCAATAGTTCCCTAACTCCTCTGCTCTGGTCAAGTC
CGCTTTTAGATCTGGTCTGGGATGAGCCATTCGCTGTGGGTCGTGTCAACAACGCCATCGAGGTGCGCAGCCTAGTGGGCAAGGACACCCTGGTC
CAGACCATTCCCGAGCTACAGAAGACGAAATTCCTGGTTCACGCCGACAAGGGAACCATCTTTGCCGCCGCCACCTCCGAGCTTTGGTGCATTCG
AATGGTGGAAATCCCTATCCAGCGTCAGCAGTTGCTACAGCAAAAGAAATTCCAACTGGCTATTGAGCTGACGCAAATCTCCGATGAACCTGCCG
CGGACCGAGCCCAAACCATTCGCCAGATACACATGCTCTATGCGAAAGAGCTGTTTACCAATAAGGAGTTCTCGGCGGCCATGAAGGAGTTTGAA

AAGGCGGCTATAGATCCCTACGATGTGATAAGACTGTTCCCAAACTTGGTGCCAGAACCAAAGCCCGGCACCGAAGATGTCACCGTGCCTACGTC
CAGTACTCCGGCGCTTGAGGATAGCGACCTGGAGAACGCCTACTTGGCACTGATCGAGTATCTGGCATGGGCCCGACAGCGGGAGGTGGTCAAGC
TGCGCGACACTAAAAGTAGTTCAAAGTCCCTGCTGGAGATCATCGATACAACGTTGCTGAAGTGTTACCTGCAGACAAACGACTCTCTGGTGGCA
CCACTGCTACGCCTAAACCAGTGCCACTTAGAGGAGTCGGAAAAGACGTTGAAGAAGCACAACAAGATCTCTGAACTTATCATCCTCTACCAGAT
GAAGGGCAAGCACAAGGAGGCCCTTAAACTGCTTCGAGAGCAGGCGAGCATCGAAGGATCTGTGCTGCAGGGTCGCAAGCGTACCATACGCTATC
TTCAGGAGCTGGGTGGTGATCATCTGCCGCTGATCTTTGAGTTCGCTGACTGGGTCTTAAACGATAATCCCGAGGAAGGCCTAACCATTTTCACC
GACGAACTTATTGAAGTGGAATCCCTGCCGCGCGCCAAAGTTCTTGATTTTTTTATTAGCAAGCACAAAGCACTTGTCATTCCCTATTTGGAGCA
CGTAATCACTGAATGGAAGGACGGCAACACCCTGCTCCACAATGTGCTCCTCAAGCAGTATCGCGAAAAGGTGCAACGGCTTCTTGCTCAGCAGG
AAAAAGGAGAGGAAGTTCCCGAACTCATTCCGATGCGAGCCAAGCTCTACAAGATGTTGGAGGAGTCCAACGACTATTCGCCGGATCGCCTCCTA
GAGGAATTTCCAACCAATATACTCTTGGAGGAGCGTGCCCTAATCCTGGGCAGGCTCAAAAAGCACGACAACGTCCTGTCCATCTATATTCATGT
TCTCGGAGATGTGGCCAAGGCAACGGCCTATGCGGAAGCCCATTACAAAGAGGACAAGCACATATTTCACACGCTCATTAAGTGCATATTAATAC
CACCAACTCAACCGCTCTATGATGGTGTGCCCTTGCATCCGGATTTCTCGCAAGTGAATCGAGAGGTGGCCCTGGAAATACTTAACACCCACGCC
ACCAGAATCGATCCATTCGAGATCTTCGAGCACCTTCCCGATGACATGCCCATGCCCCAGCTGGAGAAATACTTGGAGAAATCTATACGTAAAAT
GATGGCCGACAAGCACGAGATGCAGATGATGTGCGGCTTCCTGGAGGCAGAGTCCACGCGCCTGGAGAATGCCTTGGAGGAGCAGCGAAACATTA
GCTTCGAGTTAAACGAGTCTAGTGTGTGTTCCGAGTGCAAGAAGCGTTTTCAAACCCAGTCCGCCTTCGTGCGCTATCCAAATGGGCACATCGTG
CACCTATCCTGCCACGATCGGCTCGCCAGGGCGGCTGCTCAGCAATAAGTGAAATACTCCAATGTGATAACTGATCAAGGTATAAAGTGCGAATT
GAGTGTAAATGTCTGTATTATTCTGTTTTTAAATAAGCTTTTTCAGTACTCGTATGTAATGGATATACTGCAATGCTTATACAATATAATATAGT
TTGCATTGATTGATTGTAACAATCAACTTGCAGCTAATCATCAACAATTAAAGACAAGCAGAAGTATAG
(SEQ ID NO: 782)

Start ATG: 78 (Reverse strand: CAT)

MHQAYSVHSILKQGVQIESIAAYGNHVILGTRSGQLIMYSVDEETGVDMRMFNKNFSRKPITQMEVIASENLLFVLTDLQVQVCDIRRIESNFAF
MHSAPDTKGCTLFTMDVDTPKSTTGRVATVIRVCCAIRRRLVFFFWKEDKLNSLELIIELSDVPRTLCWVGHAVCVGFKDEYVVYDISGKAPKKH
NLFLTSSSISRDPCICLIRNNMLGISKDSYLVVVDPSQYKESDGINNSTDVRPAAMDSNSSLTPLLWSSPLLDLVWDEPFAVGRVNNAIEVRSLV
GKDTLVQTIPELQKTKFLVHADKGTIFAAATSELWCIRMVEIPIQRQQLLQQKKFQLAIELTQISDEPAADRAQTIRQIHMLYAKELFTNKEFSA
AMKEFEKAAIDPYDVIRLFPNLVPEPKPGTEDVTVPTSSTPALEDSDLENAYLALIEYLAWARQREVVKLRDTKSSSKSLLEIIDTTLLKCYLQT
NDSLVAPLLRLNQCHLEESEKTLKKHNKISELIILYQMKGKHKEALKLLREQASIEGSVLQGRKRTIRYLQELGGDHLPLIFEFADWVLNDNPEE
GLTIFTDELIEVESLPRAKVLDFFISKHKALVIPYLEHVITEWKDGNTLLHNVLLKQYREKVQRLLAQQEKGEEVPELIPMRAKLYKMLEESNDY
SPDRLLEEFPTNILLEERALILGRLKKHDNVLSIYIHVLGDVAKATAYAEAHYKEDKHIFHTLIKCILIPPTQPLYDGVPLHPDFSQVNREVALE
ILNTHATRIDPFEIFEHLPDDMPMPQLEKYLEKSIRKMMADKHEMQMMCGFLEAESTRLENALEEQRNISFELNESSVCSECKKRFQTQSAFVRY
PNGHIVHLSCHDRLARAAAQQ*
(SEQ ID NO: 783)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384235
CATGTTGTTGGTTCGGTTTGCTCCTGGTCGCCATTTTCCTGCAGCCATCCGCGAGCCAATACTACGGTTATCCCTATTACGGCGGCGCTAATGCG
GGAGCGGGATCGGGATACGGGAACATATACGGCAGCGGCATGTACGGATACCCCTACAGCTACGGCGGATATCCGTACTACTCGTATCCCGGCTA
CAACCCGTACTCGATGTACGGTGGATACGGGCAGTACGGATACCCCTATGGAGGATATCCCTACGGCGGCAATGGCATGAGTGAGTTTCCCGACT
GATAGCACCTCGGTGCCTAGCACACAAGTAATCTACAAGTGTTTTGGACCTGTTTCTTCCTCTAGACGTGGCCTACGCCAGCAGCAGTGGAGGAT
TCGCAACAGCCAGTGCGGGTGGAAGCGGATACTACGGCTAGGAAGCGCGAAACCTGATATAGTTTAGTGATAGGTATACGGTTAAGTCATCCTAC
CCCATAAGTGTGTTAGTGCTAATAAATATGATATTTATGTTCTATAAGTCAAGACTTATTCTTATGACGTGTCCAAAACTAGTGTACCTGGTAAA
AAATTGTACACCTAACTAGTGCCTTCATGTATACCACCATAATTTTATTAGCTCCCGGAACTGATGTGATAATTTGTATGTCTTTTAGCACATTT
GACCCTATGTATGTTCCGCCAAGTTTATGCTGCCATGACTCTTTGTGGGATCATTAGATCCTTTTCTCAGCTTTTAGCTTTGAGTCAATAACTAC
GTACGCATATCTGGTCGTTTTAATAGTTATAAAAAAGCCTTGAGGCTGTGATCCCATATATAACCATATACCGAAAAATATTTTTTGCTTCGTGA
TAACAAATCGACAAAGTTTGATCCATGTGCATTCTTGGCGCCTTATCGATAGCTATGGACAGTGTTGTAAGGTGCACGATAGTAAGGGGGGCAAA
ATTGTATCGGTCTGCCGATAGTTCCCGGCCGTTAGCCAAGTCCAAATTCGACCGACCGACCAATAGTCTCGCAAAACACAAAACAAAGGCACACC
ACACTTCGTGCTCTCGCCGAATTCCGCCGCCGTCGCCTGAAACTCACACAAAGTAAGCCCGAAATCAGTGGAAAAGCGCCGAATAGTCGAATTGC
AGGTTCAAATGGGATGGACGGCGACTTAAAAGGCGGAGGCCAATAGGCGGCATAAAAACATTGTATTGCGTAATTGGGGCCAATAAGAAAAGCAA
AAAAACAAAGCCAACCGACTGCATTCTATTGCGCCTGTGTGTGTGCTTGTGTATCTACAGCTGAGCAGTAAATAAATTTGTTTTACATTTGGCCT
CCAAAGGCAATTTCTCGGTGTTCCCGCTCCCTGCGTTTCCATAAACTTCCTCTCCTTTCGCATTAATATCAATGTCTTTAGTTCATCGTTACATA
TTATTAAGCACTTAACAAGCAGTGAGTGGAAAGAGGAAGACAAATAGCCAAAGTATGCTTACGTTAAAAGAGCTTGTTCCACATATTCGCCACCT
TTCTCCCGCACTCTTCCTCTCCCACTCTATCAGCCATCTCTATCCCTCTCACAGGGGCTGCTCACGCGCACCGTGGGGTGTTTTTTCGATTCTCT
ACCATTTTCGCTGCTATTGCACCCCTTCCCCAGCATTTGTGCCGCTTAATTTCATAAATCAAGGCAGCGTCAGTTAAAAAACACAAGAACTACAT
ACGTATGTACTTCTGCCCACATCCCCTTCAGCCACCTTCTCTTCATCTTTCTGGTTTCGGCAATGGGAAATTTCCGTAGCCACCGCACAGTGGAA
AGAGACAACAGCACGCAATTTAAATTACAAGATTGCAATCTCGCTTTTTGGGCAGTTGGTTAAATTTTCATCGAGACACAAGCTGAGCCAAATAA
ACATTCACTTTTTAAACGAACAGTGCACACGAATTGGGTAGCAATGCCTTGTTCTAAACATAGTGTAAAATGTTTTTAAGATAATTTTTATTTTT
TAGTCCAGCGTTCAAGGCACTCGACAAATAAAACAGCATTCATAAATTTACTAATTTGCGATTAACTAGATTGTGCCAGCTTTGACACGCTCTCA
TCCCACTGTGCGCTTCGTAGACAGAACAGCTGATGCTCGTCAAATTTTAGCTTCTGCTTGTGCAAAAAGCGCTCTGAGTGCGCTTGTGTGTGAGT
GCGTGTGTGAGCATGGGAAAGGGAACGTGGTTATCGATAATAAAGTAAACTGAAAATAAATCAGTCATCCGCTCGGTTGACCAACTGCCCAAGTT
AGTGCACCTTCTAGAATTTCTTGCAAGTGCACATTCTTTTGGTTCGCAGTGTTTCTGTTTTGCGCCTTATCTGGGGGGTGTGTCGTCGTCGGGAG
CTTCACGTTTGGCTGGTTATCAAAATCACGCGACTTGACGCGGACCCCCAGTGAATTGCCAAGGTTGCTGATAAATGAATACTAATCAAACGTTT
GCTCTTTTCGCGGGCCTATCGCTCAGATAGCAAAATTCTAGGTGGTACGAGCCGACGACGACGAAGAATCTGAGAGACCGCTTATATAATCCGGC
AGCGAACGAGACAGGCCCCAAATCCCGACAAGATGTTGCGAATGATGCGAAGTTCCTCCTCCAGATGCTCTAGTCTTCAGCAGAGCTTGTTGAAA
AGGTATGCCTGAGGTTATATCCTTATATTTCATAATTTACAACTGACACAATATGTATAAGTAACCATATTATGCATACACTAGCTAGTAGTTTA
TTAGTTTTATTACATTGAACGCGCTTCATTTTTATCAGTTCGACACGCTGTCTGGGTTCCGTTATACCGGACCTTAAACTGAAGGACTTCCCGAT
CGCCAATGAGCCAATCCTGGGATATCTCAAGGACTCTAAGGAGCGTAAGGCCCTCGAGCAGGCTCTAAAGGGCACGGCCTCGAGTTGCGAAGACA
TCCCCATCGTGATCGGCGGCAAGGAGTACAAGACGCCGGAGGTTCGATACCAGGTCATGCCCCATGACCACCAACACAAGCTGGCCAGCTTCTAC
TACGCCGACAAGAAGCTTATCGAGAAGGCCATCAAAACGGCGGTGGAAACACAGCCCAAGTGGGACCGTGTGTCGATTGCAGACCGTCTGAAGAT

CTGGGAGAAGGCAGCGGACCTAATGGCAACGACGTACCGCCAGGATCTCAACGCCGCCACCATGCTGGGTCAGTCAAAGACGGCGATTCAGGCGG
AAATCGATTCAGCAGCGGAGCTTATCGACTTTATACGGTGAGTGTCCCCATAATTTATTACAAGGAACATGCAGAACCAGAACACAATCTGTTCC
AATCGATTTTTTTTAAAGGATTTTCCCAATGGAAGAAGCAATCATTTCCTCATTATGATATTCAATATAAATACAAATTCTATTTCGCAGAATGA
ATGCCTATTTTCTGAAGGAGGTCACTAAATACCAGCCCATCAGCGAGAACATAAAGGTCACGAAGAACTCCTTGCGCTATCGTGGCATTGATGGC
TTCATCGCCGCTGTCAGCCCCTTTAACTTTACGGCCATCGGCGGCAACTTGTCCTACACGCCAGCTCTGATGGTAAGACTAGCCAATGGCTGGAA
ATACCAATTAACTAAGCAACCGCCTTCGATTTTCGCAGGGAAACGGCGTGCTGTGGAAGCCCTCGGACACTGCCATGCTGTCCAACTGGATTATT
TTCAAGATTATGCGCGAAGCGGGAGTGCCCGATGGAGTCGTTAACTTTGTGCCCGCCGATGGGCCCGTGTTTGGAGACACGATTACGGCCAGTCC
CCACCTGGCAGGCATCAATTTCACCGGCTCTGTGCCGTAAGTAATTGTCGGTCTATTGATTTTCCCGTTCAATACCATTTCCTCCGACGACAGAA
CCTTTAACCGCCTGTGGAAGCAGGTGGGCAACAACATTGACAACTACGTGAACTTTCCTCGCTTGACTGGTGAGTGTGGCGGCAAGAATTTCCAC
TTTATACATGCATCAGCCGACGTTGAGTCAGTGGTGACCTCCACGATACGCTCAGCATTTGAGTACTGCGGCCAGAAGTGTTCCGCCTGCTCGCG
AATGTATGTGCCGGAATCCCTTTGGCCACAGGTAAGTTTAAAAAGCATCAGATTGCGATGTTTTCGCAACGCTGACCTGTTTAACCCCTAACCCG
CAGATCAAGGAGGGCCTGGTATGCGAGGCAGCAAAGCTGAAGATCGGTGACGTTCAAGACTTCAGCAGCTTCACGTCGGCTGTGATTGATGACAA
AGCATTTAAACGCATTACGGGCTACATTGAGCATGCCAAAAAATCCCCGAACCTCGAGATTCTCGCCGGAGGCACTTACTCAGACAGCAAGGGCT
ACTTCGTTAATCCGACCATTGTACTCAGCAAGGATCCCAAGGACCGGATCATGACCGAAGAGATTTTCGGTCCCGTGCTATCTATTTATGTGTAC
AAGGAGTCGGACCTCCTTGAGACCATGAAACTGGTGCACACCTCTACCAAGTTTGCTTTAACCGGAGCAGTATTCGGGCAGGACGAGTAAGAGAC
TTCTATACAAAGGGTTATCTTTAGTTCATAACGTATGCTTCCAGGGATTTCGTCAAGTGCGCTCTGCAGGAGTTTAAAATGGCCGCTGGAAACTT
CTACATCAACGACAAGTCCACTGGATCCGTGGTGGGCCAGCAGCCATTCGGAGGCGGCCGGATGTCCGGCACCAATGACAAGGCCGGAGGACCAC
ATTATATTCTGCGCTGGACCTCTCCGCAGTCCATCAAGGAGACCTTTGTGCCGCTGCGGGACGTCAACTATCCATACATGTGCGAGTAAGCTGGC
CGACAGAAGATGCGCAAGGGGAATGGGATGAGCAAAAGTAGTGAAAACCAGACAGGAATCTCATATAACTACTAACTATATAAACATACTTAAAT
GTATTTTGTTGAAATACTTTTAAACATCTCCAACACCCAAAGACCTGCCCCGTAACCCTACATACCTAGTTCAGATAGCTTCGATTTGTATACAC
ACACACTCTAAGAATCTCAAAACAACCCATGAGAATGCCTCGAAAGTTTGTAAATTGATATGCTGATACCTTCGAACTACAAACACACCATGACA
TGGATATTTTAAATGAATACTATGTAATATCATTATTTTACGATTTAAACGCAATGTGATTATTTAATTATATATGATTTATAATTAAATGGCCC
GCCTTATGTTTTATTCGTTATCGAAATTGCTTGAATTGGTTGAACCGTTTTCAATTATAAAATACTTAATGTACACACCTATGTATGTGAAATCA
AACGACAATACATTCTGAATACTAAATGTGAAAGATCATGAAGAGATAAAGTGAAACCTAGTTACATGTAACGTAAGCATCAAATTCATATTAAT
AAATATAACAAAGAATTAAAAAGAATTATTTGGGTTCCGTTTTCAACATTTCGTTTAACCCAAAATGCTATCCGCATCGATTGGGGCAGTTCCTT
TACCCGAAATAAGATGAGTTCTTAGAGATTAGAAACCCGTAGAATTTAAACTTCAAAACTTGATGGTCTGAAGAGAACATGCAAAGGTTTAGTTT
CATTTGATTCAAATTTGTAATCAAACTACAAACAATTCTGTTATTAAAAAATACATGTATTTCTTTCCGTGTTTTCTTAGTTCAATTAAATACAT
TGTCCAATGTGACAAAACAAATTAATCTTTTACATATTGAAGTTGTCATAAGCATTCATAAACCGGCTATCACCACAAGTTAGCGGAAAATTCAA
CCCTTCATTTAACCCAAGCGTCTGAAAAATACCTTGGCTTACTC
(SEQ ID NO: 784)

Exon: 1001..1097
Exon: 2497..2662
Exon: 2794..3267
Exon: 3416..3587
Exon: 3649..3836
Exon: 3894..4116
Exon: 4184..4551
Exon: 4605..4839
Start ATG: 2598

Transcript No. : CT22083
ACCGACCGACCAATAGTCTCGCAAAACACAAAACAAAGGCACACCACACTTCGTGCTCTCGCCGAATTCCGCCGCCGTCGCCTGAAACTCACACA
AAATAGCAAAATTCTAGGTGGTACGAGCCGACGACGACGAAGAATCTGAGAGACCGCTTATATAATCCGGCAGCGAACGAGACAGGCCCCAAATC
CCGACAAGATGTTGCGAATGATGCGAAGTTCCTCCTCCAGATGCTCTAGTCTTCAGCAGAGCTTGTTGAAAAGTTCGACACGCTGTCTGGGTTCC
GTTATACCGGACCTTAAACTGAAGGACTTCCCGATCGCCAATGAGCCAATCCTGGGATATCTCAAGGACTCTAAGGAGCGTAAGGCCCTCGAGCA
GGCTCTAAAGGGCACGGCCTCGAGTTGCGAAGACATCCCCATCGTGATCGGCGGCAAGGAGTACAAGACGCCGGAGGTTCGATACCAGGTCATGC
CCCATGACCACCAACACAAGCTGGCCAGCTTCTACTACGCCGACAAGAAGCTTATCGAGAAGGCCATCAAAACGGCGGTGGAAACACAGCCCAAG
TGGGACCGTGTGTCGATTGCAGACCGTCTGAAGATCTGGGAGAAGGCAGCGGACCTAATGGCAACGACGTACCGCCAGGATCTCAACGCCGCCAC
CATGCTGGGTCAGTCAAAGACGGCGATTCAGGCGGAAATCGATTCAGCAGCGGAGCTTATCGACTTTATACGAATGAATGCCTATTTTCTGAAGG
AGGTCACTAAATACCAGCCCATCAGCGAGAACATAAAGGTCACGAAGAACTCCTTGCGCTATCGTGGCATTGATGGCTTCATCGCCGCTGTCAGC
CCCTTTAACTTTACGGCCATCGGCGGCAACTTGTCCTACACGCCAGCTCTGATGGGAAACGGCGTGCTGTGGAAGCCCTCGGACACTGCCATGCT
GTCCAACTGGATTATTTTCAAGATTATGCGCGAAGCGGGAGTGCCCGATGGAGTCGTTAACTTTGTGCCCGCCGATGGGCCCGTGTTTGGAGACA
CGATTACGGCCAGTCCCCACCTGGCAGGCATCAATTTCACCGGCTCTGTGCCAACCTTTAACCGCCTGTGGAAGCAGGTGGGCAACAACATTGAC
AACTACGTGAACTTTCCTCGCTTGACTGGTGAGTGTGGCGGCAAGAATTTCCACTTTATACATGCATCAGCCGACGTTGAGTCAGTGGTGACCTC
CACGATACGCTCAGCATTTGAGTACTGCGGCCAGAAGTGTTCCGCCTGCTCGCGAATGTATGTGCCGGAATCCCTTTGGCCACAGATCAAGGAGG
GCCTGGTATGCGAGGCAGCAAAGCTGAAGATCGGTGACGTTCAAGACTTCAGCAGCTTCACGTCGGCTGTGATTGATGACAAAGCATTTAAACGC
ATTACGGGCTACATTGAGCATGCCAAAAAATCCCCGAACCTCGAGATTCTCGCCGGAGGCACTTACTCAGACAGCAAGGGCTACTTCGTTAATCC
GACCATTGTACTCAGCAAGGATCCCAAGGACCGGATCATGACCGAAGAGATTTTCGGTCCCGTGCTATCTATTTATGTGTACAAGGAGTCGGACC
TCCTTGAGACCATGAAACTGGTGCACACCTCTACCAAGTTTGCTTTAACCGGAGCAGTATTCGGGCAGGACGAGGATTTCGTCAAGTGCGCTCTG
CAGGAGTTTAAAATGGCCGCTGGAAACTTCTACATCAACGACAAGTCCACTGGATCCGTGGTGGGCCAGCAGCCATTCGGAGGCGGCCGGATGTC
CGGCACCAATGACAAGGCCGGAGGACCACATTATATTCTGCGCTGGACCTCTCCGCAGTCCATCAAGGAGACCTTTGTGCCGCTGCGGGACGTCA
ACTATCCATACATGTGCGAGTAA
(SEQ ID NO: 785)

Start ATG: 199

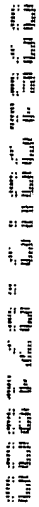
MLRMMRSSSSRCSSLQQSLLKSSTRCLGSVIPDLKLKDFPIANEPILGYLKDSKERKALEQALKGTASSCEDIPIVIGGKEYKTPEVRYQVMPHD
HQHKLASFYYADKKLIEKAIKTAVETQPKWDRVSIADRLKIWEKAADLMATTYRQDLNAATMLGQSKTAIQAEIDSAAELIDFIRMNAYFLKEVT
KYQPISENIKVTKNSLRYRGIDGFIAAVSPFNFTAIGGNLSYTPALMGNGVLWKPSDTAMLSNWIIFKIMREAGVPDGVVNFVPADGPVFGDTIT
ASPHLAGINFTGSVPTFNRLWKQVGNNIDNYVNFPRLTGECGGKNFHFIHASADVESVVTSTIRSAFEYCGQKCSACSRMYVPESLWPQIKEGLV

CEAAKLKIGDVQDFSSFTSAVIDDKAFKRITGYIEHAKKSPNLEILAGGTYSDSKGYFVNPTIVLSKDPKDRIMTEEIFGPVLSIYVYKESDLLE
TMKLVHTSTKFALTGAVFGQDEDFVKCALQEFKMAAGNFYINDKSTGSVVGQQPFGGGRMSGTNDKAGGPHYILRWTSPQSIKETFVPLRDVNYP
YMCE*
(SEQ ID NO: 786)

Name: DELTA-1-PYRROLINE-5-CARBOXYLATE DEHYDROGENASE-LIKE
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384663
CCAAAACTCTGCCTTCGACACGATTTCTTTTCTATTTCAACAGCGAGCTGACATTTTTTTGCATGTTGTTGTGGCTGCGAATTAAAAATTGCATA
CAAAAAATGGCAGCAAAAAACTAGTCGATCTTTACTCGACTTTGGAATACCAACTAATCGGTTTTCACTATATTTGCTTGATCAAAATAAAGCAA
GTTAGTTATTTATATATATTTATAATATATAGATCATTTCCAATGCAAATGTGAGAAAAACGATTATAATATTGGTAATTTTTAATGTAGTGATT
GCTTTGATCCTTTTGAATTATTTTAATAAGAATCGCAAAACTTGCTTTCAAGTTAATTAATTCAAAACTTCAAATCGCTAGCAGTAAACTTACTT
CAATAATTAAAGAAATTCGATATTGTTTTAACATACCCCTGTCCTTTAGAAACACAGGGTGCAAATAGCGAAATGAAATTCCTGGCACAGAACGT
AATATTATTAGCGGGGAAGCCTTGTCGACCGCCTCCACTTGACTGCGAGCAACTCGGGGCCATAAATATTGCATTACAATCGCTTTACCCCCTTT
TTTTTGGGTTGGCGAGTTGTCGTGCAGTCGGTGGTTCCACCTCCACGTGGTGGGTGGTGACCCCTCCAACCCCATCCCGTCGGGATATGCAATTG
CGAATTGGATTTCATGTTAATGCAGGGTCCTTATCGCCGGTCATGTGCTTGGACGGTCAGCAATGGGTTCATTTGTGTTCTATTTGGCCGGTAAT
TTCACTTAATTGCGATGACGTTGTGTGCAAAAAGCCATGGCAAGTGGGGGCGTTTTGGGGCGGGGGATGGAGACCCAGTGGATTGCTGATTTATA
TCGCCATCGAGCGAGGTAGCACGGTCCATCAAATATTCAGCGGTCCGTGGCTTATTGAAAAGCACAAATGGCAATTTCAGCAAGTGCGAATGCCC
AGGGAGCCGCCAGTTTGCCTTCCAGAAAAGCACTTAATCGGTGTTTTTTTGTGTGTGTACATTTAGGTTTTATTCTTGTATTTGAATGCAATCGT
GGTTTACAATATATAGAGTTTTCATTTCAACGTTGCCTTGCACATTCAATATATAATATACGTAATAAAAAGTAATTATAAACAACAGTTGTAAT
AAAAATAATAAACATGTAGATGCATTTTCTCGTAGACGGTTGCGGTAACGGATAATTGGGAATTTATCTTTTTATGTTTCTTAGTGTTATGTCAT
GTGGGTCATCAGCTCGAGCTCAAATATACACTCGTGTGTATATATATATATATTTGTTTAAATTATATTTAGATATAGGTTGTATAAAAGGTGTA
CTGCAAGTGCTGCGTATGCGTGGGCTGGTGTTCATGTGTGTGAGTGTGTGTGCGGGTTTACTTAGAAAATCATCCGAATGGTTTAAAAATAATTA
TAAAATCTACTGCGTTTGCTGCTGAATTTCAATCTTCTCGACTGTCATGTCCGGATTCATGGCCGTCGCTTCCTGTAATCGCGTAAAAAACAATT
GGTATCAGTTAATGTATCTACTAACGTTGAAGTTAATCCATTAGATACTCACTTGTATTGCCTCGGCCAAGGCTTTGTCATGATCGATCGGATCT
CCATCGGACTGAATGGTTATCTTCTGTTCCACTCGGGTCTCCACAATGCCATCGCGTTCGGTTTTGTACTGTTCATTTAGAGTAGAGTATTAATT
AATGTTATTTTATAAATGTGGTACAACCTGAACCCATTCGAACAAGGACTATGCATGGAATATACAGTGTGGTGCATACGTTCACAGGAAATATC
TTTTGGATAGATAGATAGAAAGCCTACCTCTGGCTACTTACGCAACCTAATCGAACGGGATCAGTTGGATTAGTTCCGGTTACTTACGGTAATGG
TTTCCACAGTGCGGGTTTTGCTGCTCACGGTTTGGGTGGAGATGATTTCGCCATGTCCGGAGAATCCGGGTGTGTCCTCACCGAGAACCACTCGG
GTGCTTTCCACATGGGGTCCAGTGGTGGCGGAGGTCGTAAACAGCGGAGATTTCTGTGCAAGATTCGAGATTATTAAGCTTTGAATGTAACTTTT
TTTTTTTGGAAGCGCAACTAATTTTAGAGGGCCTAATTATCGATTGCTTATTGGAAAGTAGCCATGCATGACCCACCTGGTTATCTGTGCGCACC
ACACTGGCACCATCGTAGGGTCCGTCGATGGGCGTGCCCGAATCGCCGGAACTGGTCGAGGAAACGCTATCCCTCCTCTGATACTACACAACACA
TAATATAACATAACATATCGAAATCATAATGACAACAATCAACTCATGCAATTGGGATGCAGCCATGCGATCTTACCTGATCCCCACTGGTGACC
GTCGCCGTCGTCTTCACCTCCTGGGTAACGACGCGCTGCTGCTGCTTGTTGGGATCGTGGGTGCGGGTGGTGGCCACCGTCTTCTCCTCCAGCTG
CTCCGTCTTGGCGTTCTTGCCCAGATCCTCGTGCGTGGTGGCGGTGCGGGTGGTGACTGCGGTGGCCGTGACATAGGCGCCACTCAGGTCGGTGG
GTGTAGCATCAGCCTAGGTGGATTGAGTGGCAAGTGGGTGGTTCAGTGGGTTAGTGCGTACGGCATAAAAATACAACAGCAATAATACAACAATT
TAAGCAACAACATCAAATACAGGCGGAAGTTAGGCAAAGGCAGAGATTAAGATTAATATAACTTTGGAAAGCGAAGCGCAAAGAGACAGAAAGAT
AGACGTTTCCGGTTTTCAGAGCCCTAGGTTTTGATCCAATTCGATTGCGATTTAATTAAGATTTTCTAAATATTATATTGTTTGCGATGATTGGA
AAAACCTCAATTGAATACCAATATCTTTTATGCCCCATTAATTAAAATCGAATTCGATCAAAGCCCTTAAGAAGTGAATTCCAGTTTATCCATAA
GGGACGCAGTCCCTCGCTAACCTTGTGTTCCTGCGTAGAGTAGGTGACCTCGCCGGTGCCCAGATTGCGCACCTCCTCTTCCACATTGTGGGTCA
CGCCATCGATGTTCTTGGTCAGCACCTGTTTGGTGGTGGTCTTCACCACCGTGGGCGTGCTCACTGGCTTGCCCAGCTTGCCACCCGCCTGTCCC
GCCGGACTGCCGATCAAGATCTCATTGACCTGGTCGGCGCCATACTGTGCGGTCATGTCGTCATCGGAGCTGCCCTCGGAATCCCGCCGCAGAGC
ACCCTTGCTTATGTGCTTGACTCCGTCGAAGAACTGCTGGCGGGTGATGGGTACCGTTTCCGTGGTGGTTTGCACCTGCGCCTGTTTGCCGAAGT
GGGAGGGATCGATCTGGGCATAGTTCAGGATCAGTTTTCCGGTCACGGGATCCGTGACAGCCGTGGCGGGATCAATATCTCCCGTGTTCGGATCA
ATGTCGCCATACTCGCTCTTAATCCTGCCGGTCACGGGATCAATCTCTCCTGTCAGCGTCATCGTGTGGGTGACCGTGGTGCGGGCGCCAGCGAA
ACGCGGGTCATTGGGGTCCACCTGAACAATTTCACCGGTCACAGGATCAATCATATTGTAAACATAAACGGTCTTATTGAAGAACTTAAGAACGC
GGCCGGAGACGGGATCGATTTCGCATGTGGAGGGATCGATCTCCTCCGGTCGACCACGTTCGTCGGTCTTCGAGATAAGCAGGATGCGCACGATC
ACGATCTTGCCCGTCTTGGGATCGACGCGGGCCAGCTTGGTGTAGACCTCGCCGGATTCGGGATCCACCTGGGTGGCCGCATACAACGGCTCCCC
GGTGGCCTGATCCACCTCCCCGGTGGCAGTGTATATCTTTCCGGACGTGGGTTCGATTTTGATTGTGTTGGGGTCGAGCTTGGTCTGTTTCTTGA
TCTCGTTGGTCTTGGGGTCCAGGTAGCCATAGATGGTGATGACGTATCCCGTCTTGGGGTCCACGCTGCTGGAGATGTACTGCTGCTCCTTGGTG
GCAGGATCGGTGGCTCCAGTGGGCACCCAAATCTGGTTGGACTTGGGATCCACCACGATGTCCTTGTCCTTGGAGGCACTTACTTCAGTGATGGG
CGCCTTAGTGGCCGGATCCACGCGCTGTTGCACGATCCTCAAAGAGATAATCCTGGCATAATCCTTGTCGGGCTTGTTGTTCTTCGGATTGACCT
GGTTCTTCAGCACAATCTGTCCGGTGGTTGGTTCAATCTTAATGTCCCTAGTAACCGTCTTACCTGATTTCGGGTCATTGAACGTGATCGTATGC
TTAACCAGATCAATCTGTCCATATTTGGTATCAATCTTGCCGGCCTTCGGATCGAACTGACCTCCAGAGGTCTCCACCTGCGCCGTCTTGGGATC
GATGATGTTCCTCTTGGAATCGAACTTGCCTGCCAAGGAAGTGACCTCCACAATTGGGTCAATCTGTTGGCCCACCTCAATGAGGCGACCTTGGT
TCGGATCGATCTTGTTCGTTTTGGGATCCACAATGCCCAGGATAGTGATCTGGCCAGTACCCGGATCCACTTTCACGTTCTTGCTGACTACAATC
TTGCCAGACTTGGGATCAATGGCCTTAAGTTCGCCGGTGCGTGTGTTAATCTCTCCATACTTGGTATCCAGCAGGCCGGTATCCAAGTTCAGGAC
GCCCAAGGAACGCTCAACATCTCCGTTAACTGTGTCAATCTTTCCGGTTGCAGGATCAATGCGACTGGTGATCACTGTTAGCTCCACCACAGGAT
TATCCTGGGGTGTGATGCAAACGATCTGACCAAGGGTGTCGTCAAGGCGTCCGGTCTTTGGATCCGCCACACCGGATACCAAATGAAGATTGCCG
GTCTTGCCATCAACATCGCCCTGGAACACTTCCTTCTTTCCGGTCTTGGTATTCAGAGCCTCCAATGTTCCCTTCTTGGGATCAATCACGCCATA
TTTGGTGTCAATGAGTCCGGTGGCGGGGTCTAGAATGCCGGTGGAGTGCTCAATACTTCCGTTCTCCGCATCAATGCGTTTGGTGGAAGGATCGA
ATTTGGAGGTGATGACCATGATCTTGACTCGCCTCTTTTTCGGCTTGGCCGCTGCTGCTGCAGCTCCTGCGGCTCCAGCTGCTGCCGCAGCAGCA
GCTCCTGGAGCTCCCTTTCCTGTCTTGGTGGGAGAACCAGGCTTCTTAGAGCCAGCAGCACCTGCAAGACCAGCAGCAACATCAGCTTTGGAGGG
ACCAACGTAACCGGGCTCTTTGTTGTAGCGCTGTGATTCCAGGAAATCAGCCGTGGGATCTGAGATGGGCTTGTAGCTTCCTGGAGCTCCAGAGG
AGTAGCCTTGGGGTCCCTTGGTGGGCGAGTAGGATCGCTTCTGGGAATCGCTCAGAGGAACAGCAGCCGCATCCACAGCGCTGCCCTGGAGCTTA
GCACGAGTGGTGGGCGAGAGGAGTGGATCCTGGAGTAGCTTAGCCCGCGACTTGGGCGACAATTGACCGCGGTTCAGCTTATCTTGGGTGCGTGG
AGACAGCTGTCCTGCCTTCAGCTTCTCAGCCGTTTCCTTCAAGGCGTTCTCGTTACCAGGAGCATAGTTAAAGGCCAAACCAATCTTTTTTTGCT
GCGAGGTAGGAGACAGCTGCTCCTGGCCATCGGCACCGGATTTCCTAGAGTTAGGATCCTGATCGTAACGGAAGCCACCAGGGGTGTATGATTTC
CTTGTGGGACTGGTATTGCCATCATTATCCACGGCATACTCATACTGCCTAGTGACACCGGGAGTGGTGGATCCTCGGTTCTTAGCCGCATTCCT

Celera Confidential



AGCCGCCTCGTCCAGGTTTTGATCCTGCTGATTATCGCCCAGACCAGACGTAACGACCAGACCAAGTCGACCCACCTCCTTGTCCTTATCCTTTC
CGGACTTATCCTTGCCATCCTTGGATGGGGAACCGCTCTTGCTCTTGCGACCCGAGGAGAATATGCCAACGCCCTGTGGATCGTCGTTGGATCGT
TTTTTTTTCGAGGATCAAATGAAAAGGTCAAACATAAAACGAAAAGAAATGGGAGGTAAAAATTAACAAAAGGAAACCATAATAATTATTACACA
ACCAATGAGTTCAACTTAAGATCAATTTTCGGGTTTCACTACAAACTATCATAACTTACGGGTGAAACTTAAGTGATTTGGTATGTGGATTTGGG
TGGGTTTTGGGTCGGGGGGGTTAAGAGTATTTACACGAGGGCGGGCGCATTCGGTGCGGGGATATCGCTTAGCTCAGTACACCTAGTCTTGTGTG
TTCCTATGATCTAGCTTAAGTTGGGGATAGTCAGATAGGATACTTACACGTCTGCCTGAGGACTTGTCAGACTTGTTGGAATCATTCAGCTCGTC
ATTGCCTAGATAATATTTTCAGGGAGGTTAGTAAGATTGCTTCTTTAGATACTTTATCCTGGGGATACTTACCATTAACAGCCGCTCCTGCAGCG
GCACCAGCGGCAAGTGCTGCCTTGGCAGCCTTTTCGGCCTTCTTCTTCTCCTCCAACTCCCGCTTCTCCCGCTCCTTTCGCTCCTTCTCCTCCTT
CTCCTTTTGTTTCTTCTCACGCAACTTAGCCTCCTTATCAGCATCCTGAGAAAACATCGATCATTAGTTAGTTATAGTTTTTAGCGTATAATTCA
GAGGAAACAGATATTTGGGGCGAAAAGGCGACATGCTACAAAATGGCTGAGATGTACAATATATATTTACAATACAAGCAACAAAATTATAATAT
TTCGTTAATTAGGCATTACAGATGAAACTTTTTTAATACAACTGCATGTTTTGTGTGGACTGTACTGGTGTGGCCCTAAATGGTATTTACAGCTC
GAGAAAGGACTCTTACAGACGTCACAAAATAATCAAATCAAAGTTAAATAAAACACGTAAAAAAAGTCAGATAGTTATGATGTAATGCACATTTA
ACAGACAATTGACGGCACTGATTTCTTTTTTTTTACAAAAATTACCATCAGATCAAGGTACAGCTCGTTCGGGTTCTATCACATTGGTTAGAGGA
TAGTCGGTTATGAAAACAAAAAATATAAATTAATAGGTTCAGAACATTCATAAATTACTGGGGTAAAGTAGCCCTAAGCTGAACAAATAAACGAA
TAACTGAGGGAGACTTCAAATCAAATCGTTTCATACGTAAGCTCACAACATTCGAAAAGCAGAGTTCAAAGCCGATAAAAAAGTTAGGAAGGATA
CATTGTAGAAGATTCGATTCGGAGGATACTTTTTTTTTGGTTTTTTTTTTTTCGATTTTTTTTTGAGTTGTAGGTAGTAAAGTGTTAACCTGAA
CGGGGGGCTCAGCCTCGATGGCCTCAATCTCTAGGTTGGTCTCGTAGTCACCCTCGAGGGAACTTTGCGAGGAGGCCGAAGCCGTGCCGGTGCTC
GACTGTCGCATCAACTGGTTAGTGTAATGGGGGGTTAAGGTGTGTTTTTTTTTTTTTTTAGGGGACGAAGGGTTAACATTACGAGCACATCATTT
CATATTCAGAATCACAGAGTGGATGTGTGTGTGGTTGTTTGGTTTGTGAGTGGTTGTGAGTTAGTAACAAACCGAGAAGAAAGTACAAAAAACTC
TGGTTAACTCCGAAATCATCGTTAAACATGTTCATCTCAATAGCTATGTTTCGTCAGGCATTAGTTGGTTAAAAACTGGATGGGTTACCTTCTCC
TTCTTGTTCTTGATGGGACTGCGGCTGTGGGCATCGCCATCGGCATTGCGATCTCCCCGATGATCCAGGGTGCTGCTCTTCCTAGCCACCTTTTC
CTTTTCGGCCAAGGCCAGAGCTGAAAGGATCAGGTAATTAGAAACAATTCAAACCACATAGATTCAAAACTATCAGGTTATATATAAGCAAGCTC
TACTCAAGACTAGGTGTAATTACCATCCATGCTCCTGGAAGTGAGACGAGCTCCGGACAGAGTCCTATTGAACTTCGGAGGAGTACGATCCACGG
GTGTGTTCGTGCTCTCGGCCTGAGTGCGACCCTTGTAGCGATAGGTGGACCCGAAGACTGGGAACATCTTGGACTTGCTGACCGGTTCGGGGGTC
ATCAGGCGGAAGAAGGTGTGGTGCTCCACGCAGGATTTCCACAGTTTCTTGGCGGCACGATGGTTGGCCAGCTTAAAGCCAATGGTGGATTCGTA
CTGCTCGAATTCACCCGGTCGGATCTTGATGTAGAAATGGTGGCGCTTGTAGGAGATCTTCAGAATCTTGGGCCAGGCAAAGCGGTTGATGCGCA
ATCTAGTTGGATAGTGGTTTAAATATATTAGCAATTGTTTAATTTAAATATAGTAAGAGCTGCTCACTTATCGCGGTAGACGAGCAAACCGGAGG
CACAAACGCCCAGCATGATGTCCACGCCCTCAGAATCCTTAGCGGGATGCAAGTCCACGCCGTACATGGCCAGCTTCTTGGCATTCTCCAGGTAG
TGTAGCTCAGCCTCGGCGGGCGATTGTCCCCTAGAATACAAAATATTAAAGTGAGTATAAATCCTTGATATAATAGTCCAAAACTTACTTGTGGG
TCTTGTGAAGATCCATGACCTTATCCTCCAACTCAGCCGTCTGATTTGGAGCGATCTTGAAGTCCTTCAGGTAGGCCCTGGTGGGCATTTCCTCT
GCATCGTAGTCGCCCATCTCCGACTGCACCAAGTAGGATCCGAGCAGAGCGTGGGTGACGAATGTGCAGGGCAGTCGACCCTCCAGGATGTCATT
GCGCACCTGCAGGCACAAATGGTAGCGCGTGATGTCCTCCTTCAGCTGCGATGGCTCCGGCGGATAGAACTTGACGGCGAAGGTGAGAGGCCAAG
TGTCCGTGCGGAAGAACTTGGATACCGGCTTCTCCAGATCCAGCCAAGTGCGCGGATCTGTGGGCGTCTCATAGGTCAGACCAAAGTAGTCCTTT
TCGATGAGGTTCAGACCGGCGCAGATTGAGTTGATCACATCACGGCCAATGGCTTTGCGCTGTGGAAATCAAATTGAACAATTCATCATTGTAAA
TGTTTTTAATCATAACCTTAAAGGGTTTGACTTGTTTAACACATCATCATCCCTGCTTACTCACATCAATGGACACGTCCAGAAGGGAGCCATCC
AGCAGGGTGACTCGTGCTAGGGCAGGCTTTCCGTGCGAGGATGAGCTGGACTTGGGTTTGCTCTTGGTCGGCGTTTCCGGCTCAGCGGGCGCGGA
TGGTTTAATTTCCGCCGGCATCTTGGATTGGGGGACTTGGCTACGCCAGCGACAGCTTGGAGTTGGCTGCAAGAATGTAAAGACTTTAGTAAATT
GCACTGGATCCCAGTTAAATGGCCGGAAGTGTCCACTCCGCGGGGTCATGTGTCCCAGTGTGTGTGTGTGTGGGCGCCTTTCGCTCA
TTAGAAGTCTGCAGTCTGGACATAAAACACGACATAAACTTTCTCAATTTGCCTGGCGCCACTGCGCAAATAAACTCAGCACACACACATTTAAG
CACAGGACCCTCAGCCAGGATGTGTACAACTCCTCCTTCTCCACTCGCTGATGACTATGATGTCACCAGTTGCAATTGCGTACTCACTTCCAAAG
AGCTCTAGAATTTCTCCGGCAATGATTTCCAGCGAGCTGTAAGAGAAATTTCGCCATTAAAAGCTGAACTGCAAATTGAATTACCATTTTACTAG
CGAAAGCAGATAGTAAAAAAAACTTTCAGGTCTGAGACCATTACAATGAGTTGACCATAAACCGCACAACAGTCAGATTTCGCAGATCTATTATT
AAGCAGAGTGAATACAGATAATGCCCCAGTAATTAAAGTCATTAAATATACAAAAGTACATGGGAATAAAAGTTGGGAACGTCCTTTGAGTAAGC
CGAAAAGTCAAGTGATCGGCGACAGCTCACGTTCCAGATCTGGATTCAAGTTCAGCAGTGACATAAGTCTTCCATATATACATATATATAAATAT
GTATATGTATGCTCCATATCGGTGTGGGTTATATAAGCCGGCAAGTCGAGGCAGCGTCATGTTCTCGCTTTATCCCCTTCCGTTTCCATTTGAT
TCCGTTTGCGGTCGGAATTTAGCGGGACTGCAAATTGCGCAAAATAATGTTGTTTTCTTCTGAAAAGAGACGATATCGGCATTTTGCCACGGATG
TGGACACACTGCCCCACCCAGAAAAGAGCCTTCAATCAACGCTGATTGGGAATGTACTTGGGTGTAGCCATAGTTATGGGTATGGTTAACGTGCG
AGGATCGAGAGTCAATTGAGCCCAGATGCGCTGACCGATTGCACAGTGAGTTCAATTTACAATCGGAGTGTTTAATTGGCTGGGAGTCATGAGCC
AAGAGATGTGTCCATCGATCCCGCAGAGGAAACTAGCTGAACCAGTTTGCCACAGACTTCGTGATAGAGGTCTTCTATGGCGCTATAATACTGTT
TCAGTTTCGGACACGACCCCCAAAGCGAATTAACTCTGGTGGCGTCATCGTGCGTTCAAAATTAAACAAAAACACACACATGAAATATGTATGCT
GAGAACCAGAACCCGAAAACCAAAAAAAAAAAAAGCAGACAAACATCTAATTTATATTATTTTATTTATTCTCGCGTCTTTGTAGCGCGCAGACC
ATGTGTATATGGACTCCATATAGCATTACTTTTGGCAGCGTGCTTGTTCTCATAGTTGAAGGTTGCGCATACGCAATGTTGACATCATCGACGGG
CGGTTGCAACCACCTCGTTATTTTCACTTGGCCAAATGCAGGGCCCCATGAGTAGTGGGAATGGGTATGGGAATACTTGACTAAGATCGGCGGTG
AATCAGCGGCATTATCTTGCCGTGCCGACTTACAAATTCGTTTGGCTGGCAAACCAAAACAAAGTAAATCGCTCGAATTGTCGATAGCGCATAGC
GATTTTACAATGCGGGGGCATTCGTACATGATTTATTTTCGATGACATCATCAGCTAAGCGATCAGCACCAGCTAAGGCATAATATCAAGAGCTA
TTTCTAGAGTTTATACAAATATATTTGCAGAAGATGCCGACACCCAAAAACATTTTCAGCACTTGGCGCATTCGCCTCAATTGAAGGAGGTCGAG
GTGAAATTCATCAAGTGGCGCGCGTCTAATCTTTAGGTTACAATATTGCTGGCCAGGCGAGAATAAATACGTCCAAATTGAGCAGAGAAGAAGCA
GCCTAACCAAGTGAGTAGAATATATACATATATATGTATATATATATCTGGTATTATTGTGAAAGTAACGAAGTTCTTGTGGCGGACAGAAGGCA
GAAGCACAAAAGATGGCAATCGCGTCGTTTCAATTGAGATTCGGAATGAGAACATGGGCACTCGTACTTTGGGTGCAGCCGGCTCCCCTTTAATT
AAGTTTCATTTAATACAACTTAAATCAAATTCAATTGGCGACGGGTCTGCGCCAGGTTTTTCATATCCGCGGGGATGGCTCATACATGTGTCATC
GAGTTATTACTCTGACATCAACATGGGTCACCTGGTGGGCGGTGGCGTCACTTCCCCGGGAACGGCGTGCCCCCCACACATTGAATTTCTCCCTT
GTATGTACATAATACATATATAGTACATTCCCTCTAGTCATTGTGACTAAACTTTCGCTTTTATGCCCATTAACATTAAAATTTCCCCCGGGGCT
GTGAAGTGCACAAAACTTTTCAAACTTGCCATTTTCTGAGCTCAACGAAGCGTTGCCAATAAATCGCATTTAAAATGTATTATATACTGACTTCA
CATCCGTTTATAAACATGGCCGCATTTCCGCAAGGGAAGCTGTTACATTTTCCGTTGTGGTGCATAAATTGAAATATGTACATTAATTTGACAGA
CATCTGAGTGTCATTTTAGCTAATTAGAGTTATATTATTATATCAATTTAAGCTTTTAAGAATACTTTCATTCTCTTTATCACTTTACCCCTTTG
AACCAATCATTCACTCGAATGAACAATGGATTTCATGCCTGGTGCGTCAGGTCTTCCAAGTTATTTTGTATATTTTTCGAGGAAATATGGAGTGG
GAAATACGTAAACATTCGCGCATTCTGGACTGTGTGCTAAAGTGGGAAAGTGGGTCAATCAATACAGAACGATTAGAGGAGGGTGTGTTTCGCTC
TTGCGAATCCATAGACTTATCGACGGAGTGGAACCGCCTGGCAGTCGAGGATGGCGACTCTATGGAACCCGTCAGTCGATAAGCCAGATCCGTTC
CCATTTCCCATCGCACTGGCAGCCCTGAGACAGAGATGACCACTAGCTAGTAACTCAGAAGTGGATCAGCCACTTGAGGGGAACTGGTTTCTGGT
CACCAGATGCCACTTTTCGACAGCTCAAGTGACGGCTCTGTGGAGCAGTGTGTCGCTTGACTAATTACCGCTATGATCGACGTTCGGATGACAAG
GCGACATAACCGCACTGGATCACACCCACACATAGCCATCTGCACCACCATCGCTCCACCACCCGGCACCATCAGTTCTCCACTGTCAATGGCTA

TTTAAAGCATTTGACTTCGCCTGGCCAACGAACTCTGAAATGCATCCACAGTTGCTGCTATTTCAACACCATAAAATATAAGCTGAACCAAAATC
ATTTTAGATGTTGTATCCGTATGCAAGTCTTTTTAAAATAATATATATAATATAGAAAAGGGTTGAAACAATTTTTTGGTTTAAGGAACATAACT
ATTTTATTTAGTAGAACAGAATAAGTGGTTTTAGGTTAATATTTTTCACTGTGTTGGTATGCCGCACCCACATGCACATCGCGTTTTGATTTCTG
CCCAGAAGGTGAGGGAAAAAGTGTCGCGAAGGGCGGAGAAAGTAAACAAACGAACCGCCCTCGAGGAGAATTTTGTCCACTTCAGCGCTTTGCAC
ATTAATCATAGACCTATAGACGCCCCATCCGCACAAGTAAAAATCGATGCGACAAGGAATAAAAATAGAAAACGGAAAATCGAATGGGCATTTAG
GAGGAGCGCAAGAGGGAAACTGATTGGCTAAAAAGGGGGCTGGAAAAGCTGCCTTCCATCCGATTAAGTTTGTTGAAAGATTAGATTGGTTTTTC
ACCTCGCTGAAGGAGGGTGGAAATCTTCCGGTGAACTAAGAATAGCTAGCGATTCTAAAGAGGATTCATAAAGATGAAGATATTAAGTGCTACAC
ATAGTAGGTGAGATCCCCAATCTTAACAACGATCTGGCCACGCTGGAAAATCGCTGGTTGGGGCTTAGTCTCCGTTTTCCGACGAGAGAATCCGA
GAGAATACGGAGAGACGCGCTCTGGGAGCTTCTAACGCTGGAAGACACACCTAGTTGGTAACGCTCGAATTCGGAGTCGTGTTCGAATTCAGGTT
TTCGAGGGGGCTCTGATTCCGACTCATTTTGTTTTTTTTTTAGCCATGTTCATTCGCGTGCTGCCAAGTCGTTAGCCCTCCGAAACTCTCTCACT
CTCCAGATTTTTGTAGTATAGTTTTCCACTCGCTGGTTGTACAGTTATTGGCATTCAGTTGGCTGGCACTCCTCGTTTGCTTTGCTCGGCTGCTT
TATCTGTTTGTCTGCTGTGCAGCCAACTTCTTGGCCAGCAACAACCGGTTTTTTTTATTTCTTTCTTTTCTAATGCAAGCTCAACCTCATGTTAG
CCAGTTCGTTTCCATTCCCACTTTGCATGGCCTGGCCAAGAAGACGAAGTCTACATGTTAATGTTTCTTACTATTTGGGTCAAAGCCCACACCTC
CCGGAAAAGGTGGAAGAAAAAAGACTTCACGTAAACAGCGGTTTTCGAAGAACGGTTTTTTGGTTGCCAAGTCAACGCCCCAGGTTTTCCGGGGA
TGGTGAAAATCGTGCCGTGACTCAGTGGATGGGGGATGAGGGGACACCTAAAATATCGCCACCAGTCACCTGCCATTCATAACTGGCCTTTGTTG
TGGTGGCCTTATCTTATCTTAGCCATGTTTCCTAGTGGCTGGGATAAAGACCGACGTTGTTTACCCCAGCCGATATCAAACATATGAAAAATGCC
AATGCAAAAAGCGCTCAATGTTGTGATAAGAAATGTGGAAACCTGCTCGCAAACCCAATGGATTCTATTTTGGGAACAGTGACGTCTTGATGCTT
GGGGAATTTAGCCGCCATATGAAACTATTATATATGCCATATGAATGCGACGAAATTCCAAAATTATATTTAAGCGAGAGAAGGAAATGAAAGGA
ATCGGTTTCATAAAGTGCGCAGTTCTAGGAATTTTGATTTTTCGGTTGGTAGTTGGCCTTCTTTAAAATATAAATTCAAAGTATAAATTCTACTC
AATTGATATTTACACTTAAGAAGTTTTCTATTCATAATCATCATTATGAATAACCTTTTCAATTTGCGTAGAATTCAAAAGTGATTGTATGCCTT
TCCACATGCGTATCTTTGAGATACATATACATACATACGTTGTAGTTTTACCGATACTGAGTAGGTTTTATAAAGATATAAAGTATTTGCCCCCT
TTTTTAAAGTTCACTGCTAAACGAAACTACCTTTGAGATACATTTGTATCCGATCGGTGTTGTGGAACGTTTCCTTGACTACCGCGGGCCCAATA
AGAATTTCCCACCCTGCGCCCCGAAATGCGAAGCAAACGAGGAAAACACAGAAGAAGGAAAATTGGAGTAAGGCAAAGACAGAGGCAAAATCAAA
AGAGAGCTGGCGACAACAACAATGTGGGCCGAGTTGACAAAAACAAGAAGTCGAAAGAATAAGAATATCGTGCCAAAAGATACACTCGAAAAGCT
TGACAGCTCACAGATACAGATACGCAGATACAAATGCCGCGTGAGTGAGTCGAGCTCTCTTTTCGCTCCCGCTCGCAAAGCTGCTCTCAATTAAC
TCTGCTTTCGGGTGTGTGTGTGTGTGTGTGGTGTGTGCTATGAAGTCATACTGCCCAAGTCATTCTGCGCTTGTGTTGGTATCGAAAACATAAGC
CACCAAAAACTCCCGACCACAGCCCAAAAGAAAAAAACTTGAATAAAAATGTAATTAACCTATGTCGCAATCCCCAAATTGTACTCACCCTTTTA
AGACGCCTCTAGAATCCTTTTTAATCCACAGCAAGGACACGCAGTTACCGTTAGTTTGGCGGTTGGCTGATTTTTACTCCTGTATTTGTGTTGTT
TTCACTTTTCTCCCGTGGGCACTGCACTCACTCGCTTTCACACTAGTAAACAAATTCTTTGCCACTTTTTTCTATTCGTTCGCGAAAAAAGACAA
TTTGTTGTTGTCGTCGTCGTCGTCGTTGAATACCTGTTGAAAATTTGACGTTGAGTTTCTTTGAGTGAGTAATAGAGAACGCAAGAGTGGGAGTT
GAAGGGGTGTGTGTGCTGTGAGGGGGGTTGGGCTCAGGGGTATAATAGAGAGCGGGGTGGGCGTGGGCGGAAAATGCGCGAATAGTGGTTGCTAA
TAAATTAATTTCCCATTTTATTTATAAACACACTGCTGCCGAATTGCGCGCTTTTCTTTTCTATCCGCTCGTCGCCGTTTTGCAATTACTTTGCT
GCTGGCCAAACAACAAATCTTCTCACAATTCTGGCAGCGCGATCACACAAAACGTACCGTCTTCACAAATATTCGATGTGCTGTGCACGAAGAGC
AAACTGGTACTGAAACCGAAAACTGAAACTGAGAGCCATCCGCTTGCCGCTGCTCGATTTGGATTTGAGTCGATTTCAGTTGAGACCACTGAGTT
TTGCTGAGAAACCACCACCGAGTGGTTGCAGTGCTGGCAAATGCCGTTGGTTCATCTGAGTGCTTCGGTTTGCTTTTCAAATGTTTATAGCAATA
GCGCTGTTTGATATCGCTACAAAATGTATATAAATCTATGTTTTCTTAATAAATGTATGGTCCGATTTCAATCGTTAAATTTTTTAAAAATTATA
TGACCTCTAATGGAAATTCGAGTGATTTTTTATCTTTTATACATTTTTGTCGCATATATCAAGGCGCTATGTATTCGACATACATTTTTAATCTG
TGCCCTTTTTTGTTGCTAAATTATCGCGCCTTATTATCAATTTGTATATTTTCGACCGAATAATAAGAGATCAAAACACATTTGTAAGAATTCCA
AATTTATTGCGGTTTCTCCTACATAAAATTAATGTAACTATCTATAATTGCATTCGCTGTCTTGGTTTCTTTAACAGTTCGCAAAGTCGGAAATC
TACTAATCTGAATAGGATAACATCCTATCGCTTGCGATATAAGCAAGGTTTGAGAGAGAAAGCTTTCATCTTGGTGTTCTTGGGCACATGACGCA
TCTTCTTGAATTGGAAGAAGTAGAAATAGTTAACAGCCACATCCTTCTTGTTAAGATCGAATCCACATGCATTGAGGCAACGCACAAACTCCCGC
ACATCCTGGAATCGCGACTGAATCTCCGCGATATAGACAGTGCCGTGCAGCTTGAGCACTCGATTGGCCTCCAGGAAGAACTCGTTCAGATCCGT
GCCCATTAGTGAGAGGCAGTATACGGCCACGTCCAGAGTTCGAGCTTGGAGTGGAGTATCCGTGATGTTGCAGGCAATGATGTCGCTACGAGCAG
CGACCAAGTCCATGGAGTACACCTTGTTGGGCACGGATTGTGCCAATTTGCCCTCGCCGCAA
(SEQ ID NO: 787)

Exon: 15687..15634
Exon: 15328..15099
Exon: 9631..9588
Exon: 9281..9090
Exon: 8989..8544
Exon: 8485..8333
Exon: 8267..7909
Exon: 7810..7689
Exon: 7424..7311
Exon: 6600..6438
Exon: 6370..6318
Exon: 2578..2357
Exon: 2048..1893
Exon: 1683..1573
Exon: 1497..1001
Start ATG: 9236 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT22161
CAGTACCAGTTTGCTCTTCGTGCACAGCACATCGAATATTTGTGAAGACGGTACGTATTCAACGACGACGACGACGACAACAACAAATTGTCTTT
TTTCGCGAACGAATAGAAAAAAGTGGCAAAGAATTTGTTTACTAGTGTGAAAGCGAGTGAGTGCAGTGCCCACGGGAGAAAAGTGAAAACAACAC
AAATACAGGAGTAAAAATCAGCCAACCGCCAAACTAACGGTAACTGCGTGTCCTTGCTGTGGATTAAAAAGGATTCTAGAGGCGTCTTAAAAGGC
TCGCTGGAAATCATTGCCGGAGAAATTCTAGAGCTCTTTGGAACCAACTCCAAGCTGTCGCTGGCGTAGCCAAGTCCCCCAATCCAAGATGCCGG
CGGAAATTAAACCATCCGCGCCCGCTGAGCCGGAAACGCCGACCAAGAGCAAACCCAAGTCCAGCTCATCCTCGCACGGAAAGCCTGCCCTAGCA
CGAGTCACCCTGCTGGATGGCTCCCTTCTGGACGTGTCCATTGATCGCAAAGCCATTGGCCGTGATGTGATCAACTCAATCTGCGCCGGTCTGAA
CCTCATCGAAAAGGACTACTTTGGTCTGACCTATGAGACGCCCACAGATCCGCGCACTTGGCTGGATCTGGAGAAGCCGGTATCCAAGTTCTTCC

GCACGGACACTTGGCCTCTCACCTTCGCCGTCAAGTTCTATCCGCCGGAGCCATCGCAGCTGAAGGAGGACATCACGCGCTACCATTTGTGCCTG
CAGGTGCGCAATGACATCCTGGAGGGTCGACTGCCCTGCACATTCGTCACCCACGCTCTGCTCGGATCCTACTTGGTGCAGTCGGAGATGGGCGA
CTACGATGCAGAGGAAATGCCCACCAGGGCCTACCTGAAGGACTTCAAGATCGCTCCAAATCAGACGGCTGAGTTGGAGGATAAGGTCATGGATC
TTCACAAGACCCACAAGGGACAATCGCCCGCCGAGGCTGAGCTACACTACCTGGAGAATGCCAAGAAGCTGGCCATGTACGGCGTGGACTTGCAT
CCCGCTAAGGATTCTGAGGGCGTGGACATCATGCTGGGCGTTTGTGCCTCCGGTTTGCTCGTCTACCGCGATAAATTGCGCATCAACCGCTTTGC
CTGGCCCAAGATTCTGAAGATCTCCTACAAGCGCCACCATTTCTACATCAAGATCCGACCGGGTGAATTCGAGCAGTACGAATCCACCATTGGCT
TTAAGCTGGCCAACCATCGTGCCGCCAAGAAACTGTGGAAATCCTGCGTGGAGCACCACACCTTCTTCCGCCTGATGACCCCCGAACCGGTCAGC
AAGTCCAAGATGTTCCCAGTCTTCGGGTCCACCTATCGCTACAAGGGTCGCACTCAGGCCGAGAGCACGAACACACCCGTGGATCGTACTCCTCC
GAAGTTCAATAGGACTCTGTCCGGAGCTCGTCTCACTTCCAGGAGCATGGATGCTCTGGCCTTGGCCGAAAAGGAAAAGGTGGCTAGGAAGAGCA
GCACCCTGGATCATCGGGGAGATCGCAATGCCGATGGCGATGCCCACAGCCGCAGTCCCATCAAGAACAAGAAGGAGAAGTTGATGCGACAGTCG
AGCACCGGCACGGCTTCGGCCTCCTCGCAAAGTTCCCTCGAGGGTGACTACGAGACCAACCTAGAGATTGAGGCCATCGAGGCTGAGCCCCCCGT
TCAGGATGCTGATAAGGAGGCTAAGTTGCGTGAGAAGAAACAAAAGGAGAAGGAGGAGAAGGAGCGAAAGGAGCGGGAGAAGCGGGAGTTGGAGG
AGAAGAAGAAGGCCGAAAAGGCTGCCAAGGCAGCACTTGCCGCTGGTGCCGCTGCAGGAGCGGCTGTTAATGGCAATGACGAGCTGAATGATTCC
AACAAGTCTGACAAGTCCTCAGGCAGACGTGCTGATGCTACACCCACCGACCTGAGTGGCGCCTATGTCACGGCCACCGCAGTCACCACCCGCAC
CGCCACCACGCACGAGGATCTGGGCAAGAACGCCAAGACGGAGCAGCTGGAGGAGAAGACGGTGGCCACCACCCGCACCCACGATCCCAACAAGC
AGCAGCAGCGCGTCGTTACCCAGGAGGTGAAGACGACGGCGACGGTCACCAGTGGGGATCAGAAATCTCCGCTGTTTACGACCTCCGCCACCACT
GGACCCCATGTGGAAAGCACCCGAGTGGTTCTCGGTGAGGACACACCCGGATTCTCCGGACATGGCGAAATCATCTCCACCCAAACCGTGAGCAG
CAAAACCCGCACTGTGGAAACCATTACCTACAAAACCGAACGCGATGGCATTGTGGAGACCCGAGTGGAACAGAAGATAACCATTCAGTCCGATG
GAGATCCGATCGATCATGACAAAGCCTTGGCCGAGGCAATACAAGAAGCGACGGCCATGAATCCGGACATGACAGTCGAGAAGATTGAAATTCAG
CAGCAAACGCAGTAGATTTTATAATTATTTTTAAACCATTCGGATGATTTTCTAAGTAAACCCGCACACACACTCACACACATGAACACCAGCCC
ACGCATACGCAGCACTTGCAGTACACCTTTTATACAACCTATATCTAAATATAATTTAAACAAATATATATATATATACACACGAGTGTATATTT
GAGCTCGAGCTGATGACCCACATGACATAACACTAAGAAACATAAAAAGATAAATTCCCAATTATCCGTTACCGCAACCGTCTACGAGAAAATGC
ATCTACATGTTTATTATTTTTATTACAACTGTTGTTTATAATTACTTTTTATTACGTATATTATATATTGAATGTGCAAGGCAACGTTGAAATGA
AAACTCTATATATTGTAAACCACGATTGCATTCAAATACAAGAATAAAACCTAAATGTACACACAC
(SEQ ID NO: 788)

Start ATG: 374 (Reverse strand: CAT)

MPAEIKPSAPAEPETPTKSKPKSSSSSHGKPALARVTLLDGSLLDVSIDRKAIGRDVINSICAGLNLIEKDYFGLTYETPTDPRTWLDLEKPVSK
FFRTDTWPLTFAVKFYPPEPSQLKEDITRYHLCLQVRNDILEGRLPCTFVTHALLGSYLVQSEMGDYDAEEMPTRAYLKDFKIAPNQTAELEDKV
MDLHKTHKGQSPAEAELHYLENAKKLAMYGVDLHPAKDSEGVDIMLGVCASGLLVYRDKLRINRFAWPKILKISYKRHHFYIKIRPGEFEQYEST
IGFKLANHRAAKKLWKSCVEHHTFFRLMTPEPVSKSKMFPVFGSTYRYKGRTQAESTNTPVDRTPPKFNRTLSGARLTSRSMDALALAEKEKVAR
KSSTLDHRGDRNADGDAHSRSPIKNKKEKLMRQSSTGTASASSQSSLEGDYETNLEIEAIEAEPPVQDADKEAKLREKKQKEKEEKERKEREKRE
LEEKKKAEKAAKAALAAGAAAGAAVNGNDELNDSNKSDKSSGRRADATPTDLSGAYVTATAVTTRTATTHEDLGKNAKTEQLEEKTVATTRTHDP
NKQQQRVVTQEVKTTATVTSGDQKSPLFTTSATTGPHVESTRVVLGEDTPGFSGHGEIISTQTVSSKTRTVETITYKTERDGIVETRVEQKITIQ
SDGDPIDHDKALAEAIQEATAMNPDMTVEKIEIQQQTQ*
(SEQ ID NO: 789)

Name: coracle
Classification: actin_binding
Gene Symbol: cora
FlyBase ID: FBgn0010434

Celera Sequence No. : 142000013384322
TCTGAATACAATTAATTACTATAATTAGATTATCGTAAACTTATATTTGATAAGGATAGATGGACTCTTTTATTAACTTGTCAGTCGAAAAATTA
AAACCATAATTTTATTAGGTTTTCTTTTTTATTTCTAGCGAATTTTGTATTAACAGTTTCATAAAGTTCAAGGGTCAAAAGTCATCATGCAATCT
TTTTATTTCAACAATAAATATTTCTGGGACTAGAAAAACACCAGATGAGAAAATATCAGATTAGATCTAGATAATTTATTCGCCCCGTCATTACC
AGCTTATTTACCAATCGCAAGTCTTATCAATATCGTACTATGTTCGAATTCTCCCAGTTGGACTAGAAAAAAAAACGCTTGTGAAATTCGTTTGG
TGAAAGCATAAATATTGTTATTATATATAATTGTGGGCGTGGCCTCAGCTTATGGCGTGTTCGGCGATCGCGCCACCTCAATATGTTAATTAGGT
ACACATGTACCTATAAAGACTTAGAGATATTTATATTAAAGTCAGACAATGGATCTATTAAATATGAGAAGAAAAATCCAAAAAAAACATCACGCA
ATTGCTATTTTAATTTGGAAGTAAATGGCATTGACTGAGTAGATAAGAATGGTAGACGTTTCAAGATAATCAGAGCGAGCCTCCTTCGCAACAAA
AAAAAAAAAAGATTGGCGCCCAAGTTCAAATATTATCTAAGCTTTAACATGTCAGTTCGACTATCGTTATCGATAGTACCGCACGTACCAGCTGA
TTTTGAATTCGGGTGAAGTTGAATAAATAAGCTTAATGCCACGCGCTTTTCTAATTTGTATTCCTTATCAAAACAAGTCGGCCGTGAACTTTAAA
TAAAAGTGGCTAGCCCGCAATAGTGGAAAAGTTTTTCGCCAGCTGATAAACGCAACAGTTGTCATTCGGAAGAGAGGGACAATGCCACCCGCAAT
GCGAAAGCGATTGACAAGTCAGCCGGCGATAACGATTACATGTTTACGCGTTCGCCGAGTGCTTATTGTTTTTTATACTCTCGTTACATTATTAA
TTAAAACACTTGCTTTTAAGTGTGCCGAGTGTTGTGAGAGCAGCTTATCAAAGTCCGAGGTTCTAAATCTTATCTGACTGGGCATTTAGAACGTT
GTGATTACGCCGATTGCGCAACAATTTGACGATTGTACGCCACCCAAGAGAGTCGGAAACTGTAGCGCTTAACGGCACTTTACAGTTATCAGTTA
CGGTTAGAGCGCGTCTGACGCCCACAGCATTTAATTTTGCTTTGTCCGAAAATTGTTCTCTTTCCCGGGACTCCAGTGTCATATTGTCTCGTATT
GTTTCACATTGGTGACAAACACTATCGTCTCTCGTTTCCAGTCGTCGGTTCATTCATAATAATAATACCCACATCCACACCAATCCGGTTG
TAAAATGTTCGCCCTGCGCCGCACAGCCGCAATGATGACGTCGGTCCACCGGCAGCCGCATCTCAGCCAGGCCGTTTTTCGGGCCAATTTCGCCA
TCAGCGCCGCGGTAGGTCCTCCTTGTATCCTCGCCCTCTGTCGCTCTAAATCTCTTTGCTTACTAAATTTCGGAATAGGGTGGGTCGATGAGCAG
GAGAAAAAGATATTTTGAATTTTTTGAAGTCGGTCTCAATATTAAGATTATAAACAATCACGTAGTCACCTGTGCTGCTAGCATCCGATAAATAG
GATTACTATATTTACTGTTTATACAAAAAAATTGAACAATTTTTTCTTAAATTTATAACCTATGAATGCAAAGTAGAGATATTAACTTTTAGGCA
AGTACCTTAATAATTACGTCGTCACGACGAAATATTAAATATTACAAAGTAAAGATAAGGGATTACTTTTGAAACACGGTGTATTTTAATTTCCA
TCCATCAATATCGACCCACCCTATCCCAGGCTGATCAAAGTTTACTTTGCTTTGACCAGTTGTCAGTTTATTATCGTCATACATATAAGTTTCGC
CTGTATCGCCTGTGCTTAGGACCCCAAAACCCATAAGATATCCATGGATAATGAAAGGATGTCCGCCGTGAGCGAGGTGAATACCCCAATACCGC
AGCATTCAGACACAAATCCATTTTTCATGTAGCTAATAAGATTCCCATCCTGCCCTTCAAGCACTCAAGTGTGGTATGCTCTCCCGAACAGATGG
CCCAGAAGATCAAAGCCGGTCCCGTTGTGGATGTCCTCGGTGACGAGATGACCCGCATCATTTGGGACTCCATTAAGAGCCAACTGATTCTGCCC
TTCCTGGACATTGAGCTGCATACCTACGATCTTGGTATTGAGAACCGCGATAAAACCGAGGACCAGGTCACCATTGACTGTGCTGAGGCCATCAA
GAAGTACAACGTGGGCATCAAGTGCGCCACAATCACTCCCGACGAGAAGCGCGTAGAGGAGTTCAACCTGAAGAAGATGTGGAAGTCGCCCAACG

GTACCATCCGTAACATCTTGGGAGGAACCGTCTTCCGTGAGGCAATCATCTGCAAGAACGTGCCCCGTCTGGTGACTGGCTGGCAGAAGCCTATT
GTGATCGGTCGCCATGCCCACGCCGATCAGTACAAGGCCGTCGACTACGTGGTTCCCGGACCCGGCAAGCTGACCCTCACCTGGAAGGGAACCGA
CGGTCAGGTGATCGATGAGGTCATTAATGACTTCAAGGGCCCCGGTATTGCCCTGGGAATGTTCAACACGGACGATTCCATTGTGGACTTTGCCC
ACGCCTCTTTCAAATATGCTCTGGACCGCAAGCTGCCGCTGTACATGAGCACCAAGAACACCATTCTGAAGAAGTACGATGGACGCTTCAAGGAC
ATATTCGAGGACCTGTACAACAAGCAGTACAAGAAGGAGTACGAGGCGGCGGGCATCTGGTATGAACACCGTCTCATCGACGATATGGTTGCTTA
TGCCATGAAGTCGGAGGGTGGCTTCGTGTGGGCCTGCAAGAACTACGACGGTGATGTGCAGTCGGACTCCGTTGCCCAGGGCTACGGATCTCTGG
GTCTGATGACCTCCGTGCTGCTATGCCCCGATGGCAAGACCGTGGAGGCTGAAGCCGCTCACGGAACGGTGACGCGTCACTTCCGCTTCTACCAG
CAGGGCAAGGAGACCTCCACCAACCCCATTGCCTCGATATTCGCCTGGACCCGTGGCCTGCTGCATCGTGCCAAGCTGGACAACAATGAGCCACT
GAAGCAGTTCGCCGACACCCTTGAGCAGGTGTGCATCGACACAATTGAGAGCGGCGCCATGACCAAGGATCTGGCCATCTGCATTAAAGGCAACA
TCAACGCCGTTACTCGCAGGGACTACCAGGAGACTTTTGAGTTCATTAACACGCTGGCCAAGAACCTGGAGGGTGCCCTGGCCAAGAATGCCGTT
GCTGCCAAATGACTATCCGGCACTCAGTCCGAGCAGCAGGCCTCGCATCTCTAGAAAACTACTCAGCGATGCCTTGTCCTCGTCACCATATTCAC
AATATTTCCATTCGTTTTTGTAGATGTGCATGTCCTAGGCTAAAAATCCGTGTCCTCGATGCATGTTTCCCACTGTTTCATTGTCTCTGCGAGAC
GCAAAAAAAAACCCTGATTTCCCTTTAACGTCTAACGGAAAAGAAATTTCAAATAAATGTATTTTTATACCGGACTCGAGAGGTCTTTAACCCAG
TCGAGGGTGGGCTCGTTACGAGGCCCGGTCCACTTGTGCGGCTTCTGATGGCTCTGGGTTTATTGGATTTGCCAGCGAAATGGCCACAGTTGTGT
TCTAACACTTGGCGGCACCAGACCGAGACGGTTCAAGCGGAAGGGGCTCAGGATCCTGTTAGAAGGACGAAACTATCGATGCTAGCCGAAGCATT
GGGCTATGGCTACCTGCTGGCCTACGTGATCTGCCTGCTCTGCTGGCCAGGAGAGGCGTATCCCGCCAGCAGTAGCTACCGGGATCTGGATATAT
GCAATCATTGGGACGGAAGACGTCACTTCCTGGAACTGGGAAGTCCAGCTGGAGAGGTGCACGCCAGGAATGTGACTACTACTGCCTATAGAGTA
AGTGTATTTACAAGCTTCTCCAGACGGGATTTGGTCAGCAATTATGAACTTAAAAACAGAGCTCGCCGCTGGTTTTTAAGAACGATGCAGTGGCC
GGGGATGTGTGGTACCAGTGCAGCCTGGAGCTGGTCACCTGTGCCGAGTGCGTCATCCGAGTGGCCTTCACCTATGCCAACTTCTCCAAAAGTTG
CGGCAATACGGGTGGCAAGTCCAGCATGTGTCCCTGCGAGCATATCCAGTTCTCGGAGCCGCCCTATGATTCCACCATTTCCGGCCAAGAGTTCT
GTGGAGATGGCAAGGTGTTTCGGAGCAAAACCAGGACACTGCAGTTGAAATTCTTCTACAGA
(SEQ ID NO: 790)

Exon: 1001..1531
Exon: 2182..3432
Start ATG: 1430

Transcript No. : CT22171
TTCGCCGAGTGCTTATTGTTTTTTATACTCTCGTTACATTATTAATTAAAACACTTGCTTTTAAGTGTGCCGAGTGTTGTGAGAGCAGCTTATCA
AAGTCCGAGGTTCTAAATCTTATCTGACTGGGCATTTAGAACGTTGTGATTACGCCGATTGCGCAACAATTTGACGATTGTACGCCACCCAAGAG
AGTCGGAAACTGTAGCGCTTAACGGCACTTTACAGTTATCAGTTACGGTTAGAGCGCGTCTGACGCCCACAGCATTTAATTTTGCTTTGTCCGAA
AATTGTTCTCTTTCCCGGGACTCCAGTGTCATATTGTCTCGTATTGTTTCACATTGGTGACAAACACTATCGTCTCTCGTTTCCAGTCGTCGGTC
GGTTCATTCATAATAATAATACCCACATCCACACCAATCCGGTTGTAAAATGTTCGCCCTGCGCCGCACAGCCGCAATGATGACGTCGGTCCACC
GGCAGCCGCATCTCAGCCAGGCCGTTTTTCGGGCCAATTTCGCCATCAGCGCCGCGATGGCCCAGAAGATCAAAGCCGGTCCCGTTGTGGATGTC
CTCGGTGACGAGATGACCCGCATCATTTGGGACTCCATTAAGAGCCAACTGATTCTGCCCTTCCTGGACATTGAGCTGCATACCTACGATCTTGG
TATTGAGAACCGCGATAAAACCGAGGACCAGGTCACCATTGACTGTGCTGAGGCCATCAAGAAGTACAACGTGGGCATCAAGTGCGCCACAATCA
CTCCCGACGAGAAGCGCGTAGAGGAGTTCAACCTGAAGAAGATGTGGAAGTCGCCCAACGGTACCATCCGTAACATCTTGGGAGGAACCGTCTTC
CGTGAGGCAATCATCTGCAAGAACGTGCCCCGTCTGGTGACTGGCTGGCAGAAGCCTATTGTGATCGGTCGCCATGCCCACGCCGATCAGTACAA
GGCCGTCGACTACGTGGTTCCCGGACCCGGCAAGCTGACCCTCACCTGGAAGGGAACCGACGGTCAGGTGATCGATGAGGTCATTAATGACTTCA
AGGGCCCCGGTATTGCCCTGGGAATGTTCAACACGGACGATTCCATTGTGGACTTTGCCCACGCCTCTTTCAAATATGCTCTGGACCGCAAGCTG
CCGCTGTACATGAGCACCAAGAACACCATTCTGAAGAAGTACGATGGACGCTTCAAGGACATATTCGAGGACCTGTACAACAAGCAGTACAAGAA
GGAGTACGAGGCGGCGGGCATCTGGTATGAACACCGTCTCATCGACGATATGGTTGCTTATGCCATGAAGTCGGAGGGTGGCTTCGTGTGGGCCT
GCAAGAACTACGACGGTGATGTGCAGTCGGACTCCGTTGCCCAGGGCTACGGATCTCTGGGTCTGATGACCTCCGTGCTGCTATGCCCCGATGGC
AAGACCGTGGAGGCTGAAGCCGCTCACGGAACGGTGACGCGTCACTTCCGCTTCTACCAGCAGGGCAAGGAGACCTCCACCAACCCCATTGCCTC
GATATTCGCCTGGACCCGTGGCCTGCTGCATCGTGCCAAGCTGGACAACAATGAGCCACTGAAGCAGTTCGCCGACACCCTTGAGCAGGTGTGCA
TCGACACAATTGAGAGCGGCGCCATGACCAAGGATCTGGCCATCTGCATTAAAGGCAACATCAACGCCGTTACTCGCAGGGACTACCAGGAGACT
TTTGAGTTCATTAACACGCTGGCCAAGAACCTGGAGGGTGCCCTGGCCAAGAATGCCGTTGCTGCCAAATGA
(SEQ ID NO: 791)

Start ATG: 430

MFALRRTAAMMTSVHRQPHLSQAVFRANFAISAAMAQKIKAGPVVDVLGDEMTRIIWDSIKSQLILPFLDIELHTYDLGIENRDKTEDQVTIDCA
EAIKKYNVGIKCATITPDEKRVEEFNLKKMWKSPNGTIRNILGGTVFREAIICKNVPRLVTGWQKPIVIGRHAHADQYKAVDYVVPGPGKLTLTW
KGTDGQVIDEVINDFKGPGIALGMFNTDDSIVDFAHASFKYALDRKLPLYMSTKNTILKKYDGRFKDIFEDLYNKQYKKEYEAAGIWYEHRLIDD
MVAYAMKSEGGFVWACKNYDGDVQSDSVAQGYGSLGLMTSVLLCPDGKTVEAEAAHGTVTRHFRFYQQGKETSTNPIASIFAWTRGLLHRAKLDN
NEPLKQFADTLEQVCIDTIESGAMTKDLAICIKGNINAVTRRDYQETFEFINTLAKNLEGALAKNAVAAK*
(SEQ ID NO: 792)

Name: NADP dependent isocitrate dehydrogenase
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384534
TTTAATTATACCATTCATATGCTTGCTTTCGTTTTGCTGCCTTGCTAAGATAAAAAAAAAAAAACAAAAACAATTGAACTGCGATTATGTGGTATG
GTCTGATTTCTACATGAGCAAGTGAATTGAATCGGTATTATTGGGATCTTGGGAGTTTGCAGTGAGGTGAGTGCTTGCAACAACTAAACTAAACA
CAAGGCTCACTAAACTTGTTGCATACATGTTTAACATTACTTTAAGCAAACAGTCGAATGTCCGCAAGGCGAACTATATTCGTTACATAGATCTA
GTCCGACTTACGAATATTCGACCGCATTTGTTTGTTCATTACGATTACAGTTTTTGTTGCTTGGTTTTGTTTTCATTACATTTCAGTATTATCTC
AAGTTTTGCCGGAAAACACTTCCATTCTGATCACTGGCCACTGCCCAGCTGTGGCCTTCTCCTGAGTTCCACTGCCATTTTTTACGAGTTAAAAT
TTCCAAACAAAAACTAAAGTTAAGCATAGAATACAAGAACGAAACGAACTAATCTAAAATCTATAGCGTGAAATCCAGGACTAAGGACAGTGGCA
GTGGCAACAGAACACTTCTGCGCCCGTTTGATCCTTTCACAATTTTACATTTGCTGCTTTTAGTCTATTATATTTAAGGGCTTTGCTTTTTCGCT
TATTTTTCTTTTTTTTTTTGCTTCGCTTTTTCTATTTCTCATACATGCGTTAAATGTTAATTACTTTATGCTTATGTATCAAGGATTTCTACTAC

CGCGTTCTTATTTGCTGCGTGTTGTGGTGTTGCGTGTGGTCATCGCCTTCAGAAATTGTTGTTGCCATTACTGAGCAGATTGGAGGCGGCGGCCC
CAAGAGCAGCAGCCGCAATGGAAGCGGCCGAGGAGCTGCCCGCCGCCGATCCGTTGGACGCCGCAGCCGCCACCACAGCTGCCACAGCGGCTGCC
ACCGTGTTGAGATGCTGCTGATGCTGCTGCTGCTGTTGCTGGTGATGTTGTTATGGCATAAAGTAGTCCGGATGATCTGTGTCTTTCTCGAACCG
CTTGGCCTCCTCGTGCATGCTCTCCTTGATCTTCAGAATGGCCGCCGATTCCGTTTGATCGTTCTCGCCGGGTCCGCCGAATCCGCCCAGATTGT
AGTCACCCATGCCGCTGCCAGAGTCTTCGCGCGGCGTCCCAGGTCCTCCGTTGGCCGGCGAGTTTTTCATGCCATCCAAACCGGATCCGTCCGGA
CCGCCGCCGCCATTAAGTACGGGGCCCATTGAATTTGGCCCGCCGCCCATCGGTCCCATTCCGCCGGGACCACCTCCGCCACCGCCGCCATCCGG
CCCTCCGCCCATCGGGAACTCGGGTTTCATCAGGGCGTACATGCTGTCGCCCGGTCCGCCCACTGGTCCACCTTGCGTGTTATCCTGCGGCGACG
GCATTATTGGCGTTCCCGGTCCCGGCGGTCCATTCGAGCCGGGTCCATAGTTTCCTGGCGATGATGACGAGTACGCATTTAGTGGCGCCGAGGCG
TTTGGCTGCCATTGCGGCGGTCTTCCGCCCGCTCCGCCCATGCCCATGGGCGGCATTCCGCCGGGTCCCGGTGCTGGGCCGCGCATTCCTCCTGG
TCCACCATAGCCCATCGGTCCCATGCCACCAGGACCGCGTGGCGGATTCATGCGCGGATTCATCGGTCCCATCCCTCCGCCTGGCCGTGTCGGAT
CCATACTGTTGGGCATCATGGGCTGGCCGGGGGGTCCATTGAATTCATTGCCCATGCCCTGCATACGCACGCCGGGCCGCGGTCCGCCCGGGTAT
CGGGGTCCGCCCATGAACGGCGGCTGGCCTGGCATCATTTGCGACGGCGGCGGTTGCGGACTGGAGGCGTGCGTCGGCGGCGACGGTCGCATCGT
CGAGTTAGGGAAGAAATTCGGTCCCATTGGTCCGCCGGGACCCATTGGACCGCCATCGCCGCCGGGCGGCATTTGCCCGAGGGGACTGGGCGCTG
GTCCGCCAGCATTGTGGGGTCCACCCGGTCCAATTCCATTCACTCCGTAGCCGGAGCTAACAAAGCCGTAGTCGTGGAAGGCCTTGGCCTCCGAG
CTGTGATCGCACTGATCTCGGCGCTCTGGCGCCGCACAGTACAGGTCCCAGAAGACGCACCACCAGGTGTGCAGGAATCCCGGCGGCTCGCCCAG
CGTTATGTTCTTCTCCCATCGGATCTCCGAGAGGAATGTCTGTGCCGCCTTCTGGGCGCCAACGTGCAGCAGATATTCGTACACGTACAGGGCCA
ACTTTTCGCGGGCCTGGGCGTCCGATGGAACCGCCGATGTCTTTGATTTGCCGTACATTTTGTTTGTGTGATGTTGGTTGTTGGCTGTAGTTGCG
TTTTGTTTCTGCTGTTGTTGTTGTTGATGATGATGTTGCTGTTGTTGCTATTGGTGCGCTGGGTAAGGTGGTTTTAAGATTTCGGAGTTTGGGTT
TTCTCGCCTCTCTTTCGTCGCTAGTTCGCTTTTTGTCTACCGACTTCGAGCGTATTTAAATTTTTATACTTTTTTTATGTACTTTTCGAGGCTCT
TGCTGTCTTGCTGCCTCCTCTTCGGTTGTTTCAGCTTCAGCTTCTTCGTCGTCGACGTCTTCTTCTTCTTCTTCCCTTTAGCGGCTGCTACTGCT
GTGCTGTTGTTGTTTTTTAATTGGCCGCGCTTTGGCTCACGCAGCCGTTCTCCGCCGCTCTATTACTTCCACCATTTTTAATAAAATATATATTT
TTGCGAATGGAGAATGAAACGCACCGTGGTCTTTACTTTTGCCTTTACTTTTCAGATTTTACTTAATAAACTTTTTAGCGCGCTCTCGCCGTACG
TGTGTGCGTGTGTGTGTTGCCACTTCTTCGTTTTACCGTTTATTTTTTTCAGGTATTTTTTTGCCTGATTGTTGCTGCTTCTTCTTGCACAACCA
CTAAAAACAGAAAAAGAAGAGCAGAGGGAGAGAGAGAAAAAGAGAGCATGAGTGAGAGCGAGCGACAGTTCGTGTGTATGTGTGTTGCAAATTTT
CGTGAGCCTGTGTGAAGTGCGGTGTGTCGTGTATTTGTGTCAGTGTGTGCGACCGTACTTGCGTGAGTGCGAGAGAGGGAGCGCGCGCATTGTCG
ACAAAACGGCACAAGTGCCACACTAACCGTCAAAACTTTTGTACCACCTTGAACATTTTGCTAAACAGTTTAAATAAAATCAGGAGTAAAGAAGT
GGCGAAAAATTTATTTCTAATTTAACACTTTAAACTCAATTTAATGACGTAATTTTTGTATTTTTTCTTAAAATTCTTAAAATTTCTTTTCGTGA
CACATAAATTAAATTGGAAATTAAAAGTGTCTCGCTTTTACTTTGATTAAGTAATTGGATTATTTTGATTTATTTTAATTAAAAGTATAACTTGC
TAGTGCATTTCTTAAGGGGAAGACGACCTTGTCACAAACTATTTTGATAACCATTTAGAATTAGAACATTAATCTTTTACAACTTTTTACTGGGT
TTTTGTAAAACAAAAATTAGACTAACAGAGGTTTAAGTACTTAACGTGTTCGCTTTCACTAAGAGTTTGTTAGAGCTGTATTAAAGGTAAAAACT
TTATTATTTGGTGGAATACTTTTAGAATCCACTTTGTTGGATTCCCTTCTCCCTCGTTCCACTCAGGTGAGTGAGGAGCAGACAGTGATGCTCTT
GGCCTCTCGGCTTAGTACACATTGTACACAGGTAGGTTGCTACCTAAAAGCCTAAAGGCCAGCGGGCAGCATAGTCCGCCTGTCAGTCAAACAGA
CATTCAAATCAGAACTCGTCTCCGGGGTCCCAAAATATTGGTGGCACTGTGCGGGGGCGAGCGGGTGCAATTGGGGTTGGGTGGGTGGTTGGTTT
GGCAGAGTGACAGCTCGGAGAGACAGGGCGCGTAGCGATAAGGTCAATTGGCTCTGCGGACAGGTGCATCAGTTACTAGGCACTATCGGCTATAT
ATCCAATGGCTGGGAAAACTGTACGACCGATTTGAATGCGGTCGAAGGCGAACTCAACTCAAACTAGCGAATGTACACAGAGAGCGAAAACTATG
GGCTGTCAGCTGTTATCATTTAAAACAGAAGGTGTTATCGGAATCTATTATGAAACCAGGTGGCGAAACTATTCGAGTGCCCAAAACCTGTGATC
AACGACGAAGCCCAAGGGCTGAGTACCTAAACTTGCAGTGTGGCTGCTACAAAAAATACCGGTCCATCTCTCACTCTTTCTTGCTGCCGCTGCCC
GCGAGCTCTGCTGGCGTCGCTGTCAGCATGTACAACAATAACAAAAAATATGAGTAAAATCTACATTAGTGCCGATATTGCTGCATTGTTGTTGT
CTATTTGAAGACGTCATCAAATTGGGTACGCGGGTTTTCTCTCGCACGTTCTACTTTTTGCCACACACTCTCGCACACACCACACGCACGCACAC
TCGAACGCACAGCTTCACAGATGGCCGTTTGTTGATATTGTTGCTGCTGTTGCATACGCACCTTTGTTGTTTATTGTTGGCTTTGGCTATCTGTC
GTTTTGTGAACGCCCTAATACTTTGAATACTTTTATTTTGGCGAGTGTCGTGTGCTGCTGATTGCAATTTTATCACAAAATCAACAAGAAACACA
AACACACAATTCGAGAGGCTGCTGCTGCTGCGCTCGCGAAAGAGAGTAGAAGAGAGGCAGAGAGAGCGGGAGCGAGTGCGAGAGCGGCAGGGCGA
GAGGGAGGAGCGATAGCGAGAATACGGAATTTTATTACAATCATTGATTTTTCGTATTCGTATTTGTATTAGCGGCTCCCCGGCTCTTCACATGT
TTTGCGCGCATACATATAATTATTTATTATTAAACCGCGCGCTATTTTACTTCGTTTTTTTATTATTAGCTTTTTGCACCAATTCTCTTGTATTT
ATGTGACGGTGTGTGTGTATGTTTATTCGTTTTGCATGGATGTGTGTATGTATATGTTCGAGTGTTTTTAATTTCTTTTCTAAACACACTTTT
TTGCCTGCCGCCGCTGTGTTGTTGCTGCTGCTGTAATTTTTGCAAGTTTTCTCTTCACACGCCTTTCATTCGCCGTGCGCTTTGTCCGTGTATTC
GACGATTGCTTTTACTGCCTGTTCGGCTGCTGCTGCTTCTTCTTCCACTAAAAATCGGCTCTTTTTTGCCTGTACGAAATTTTCACAGAGAGCTA
TTGCGTTGAAATGCATTTTAAATTGATGTCATTTCGAAAGCAAACACAACGTTCACATTTTCACTTTGATTGCAAATAACTATTAGTTTGGTTTA
ATCGTTTAAACACGGCAAAATCGTATAAATATTTTTACTGCTACAAGTTGCGTCGTCGTCGTCTTCGTCTCGTTCGAGTGTGACCGTTTGCCGAG
CATTTAAATAATCCGCTGCGAGCTGAGAAACGCACTAAAATTTACTAAAAGCACGCCATTTTCAGTGCTTTTAATAAATGAATATTTATTATTTA
GGTGTGGTAAAGGTTAAGCAGTACGCTTTATATGAAATAAATGGGAGGTTGTGATTAAATGAGCTAAATTCTATTAAGGTTTAATTATATTATCG
ATTAATTATGACAGGGCTGCCAGCGTGCTGGAAAAAGCTCATTTGGCGTTGCCACGGTCGCCTAAGGGTGTCTGGCAGCGTAGTTGGCAATTCAC
CAAGGAGGACCGTACAGAAGTTCGCGGATAAAATATATCTTAAATGCTAAAATAGTACGCCTTAATGATAAAGAGTTCACGATTACCTAAGTTGC
CAATGGGTAAGTTGTTTGCTTGCATTATAGACTGCGGTCTGCACCTAAACTGCTGGGCGGGGACTTACAAAAGCCGGCGAATTTCCATGTATATG
CATTTACATTGTTGTTGGCCCGCAACTGCAGTGCTGTTAGGTTAACAGCGGCAGTGTGACCAGACGCCCGTTTGTTTATGTTTGGGGCTCGAAAA
ATAACAGTGTCTGTTCAAAACGCATTCAGTGCGCAAGAACCTCCGCTTGCCGCCAAATGGAAACCCCCCAAGCGAAGCAATATTGAAGAGATCCG
AGGCATAAACAGTGCTGAGGTTTAGTGCAACTGCAACTGCTCGCGATTGCGCTACGTGCGCTGCGGTTTCCTGCTGTAATTCAAAGTTCTGCAAT
TCGCGCGATTTCCACGCCATGCAGTTGAAGCAAATGGACTGTTGATTGACTGGCCCTCAAGAGAGGAAAGCGGATTAAACGGCTTTAACAGTTAA
GTTCGAAAATGGTTGAAAAACCAATGAAACGTATTTTTTTCTTTGCACTTACAAAACGAGCACGTGATGACCGAATTTTAATGGTACCCCCCCCC
CCCCCCCACAAGGCACTTTAAACCATTCAAGTT
(SEQ ID NO: 793)

Exon: 5398..4527
Exon: 2945..1001
Start ATG: 2338 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT22195
CTCGAACGAGACGAAGACGACGACGACGCAACTTGTAGCAGTAAAAATATTTATACGATTTTGCCGTGTTTAAACGATTAAACCAAACTAATAGT
TATTTGCAATCAAAGTGAAAATGTGAACGTTGTGTTTGCTTTCGAAATGACATCAATTTAAAATGCATTTCAACGCAATAGCTCTCTGTGAAAAT
TTCGTACAGGCAAAAAAGAGCCGATTTTTAGTGGAAGAAGAAGCAGCAGCAGCCGAACAGGCAGTAAAAGCAATCGTCGAATACACGGACAAAGC
GCACGGCGAATGAAAGGCGTGTGAAGAGAAAACTTGCAAAAATTACAGCAGCAGCAACAACACAGCGGCGGCAGGCAAAAAAGTGTGTTTAGAAA

AGAAATTAAAAACACTCGAACATATACATACACACATCCATGCAAAACGAATAAACATACACACACACCGTCACATAAATACAAGAGAATTGG
TGCAAAAAGCTAATAATAAAAAAACGAAGTAAAATAGCGCGCGGTTTAATAATAAATAATTATATGTATGCGCGCAAAACATGTGAAGAGCCGGG
GAGCCGCTAATACAAATACGAATACGAAAAATCAATGATTGTAATAAAATTCCGTATTCTCGCTATCGCTCCTCCCTCTCGCCCTGCCGCTCTCG
CACTCGCTCCCGCTCTCTCTGCCTCTCTTCTACTCTCTTTCGCGAGCGCAGCAGCAGCAGCCTCTCGAATTGTGTGTTTGTGTTTCTTGTTGATT
TTGTGATAAAATTGCAATCAGCAGCACACGACACTCGCCAAAATAAAAGTATTCAAAGTATTAGGGCGTTCACAAAACGACAGATAGCCAAAGCC
AACAATAAACAACAAAGTGGTTGTGCAAGAAGAAGCAGCAACAATCAGGCAAAAAAATACCTGAAAAAAATAAACGGTAAAACGAAGAAGTGGCA
ACACACACACGCACACACGTACGGCGAGAGCGCGCTAAAAAGTTTATTAAGTAAAATCTGAAAAGTAAAGGCAAAAGTAAAGACCACGGTGCGTT
TCATTCTCCATTCGCAAAAATATATATTTTATTAAAAATGGTGGAAGTAATAGAGCGGCGGAGAACGGCTGCGTGAGCCAAAGCGCGGCCAATTA
AAAAACAACAACAGCACAGCAGTAGCAGCCGCTAAAGGGAAGAAGAAGAAGACGTCGACGACGAAGAAGCTGAAGCTGAAACAACCGAAGAG
GAGGCAGCAAGACAGCAAGAGCCTCGAAAAGTACATAAAAAAAAGTATAAAAATTTAAATACGCTCGAAGTCGGTAGACAAAAAGCGAACTAGCGA
CGAAAGAGAGGCGAGAAAACCCAAACTCCGAAATCTTAAAACCACCTTACCCAGCGCACCAATAGCAACAACAGCAACATCATCATCAACAACAA
CAACAGCAGAAACAAAACGCAACTACAGCCAACAACCAACATCACACAAACAAAATGTACGGCAAATCAAAGACATCGGCGGTTCCATCGGACGC
CCAGGCCCGCGAAAAGTTGGCCCTGTACGTGTACGAATATCTGCTGCACGTTGGCGCCCAGAAGGCGGCACAGACATTCCTCTCGGAGATCCGAT
GGGAGAAGAACATAACGCTGGGCGAGCCGCCGGGATTCCTGCACACCTGGTGGTGCGTCTTCTGGGACCTGTACTGTGCGGCGCCAGAGCGCCGA
GATCAGTGCGATCACAGCTCGGAGGCCAAGGCCTTCCACGACTACGGCTTTGTTAGCTCCGGCTACGGAGTGAATGGAATTGGACCGGGTGGACC
CCACAATGCTGGCGGACCAGCGCCCAGTCCCCTCGGGCAAATGCCGCCCGGCGGCGATGGCGGTCCAATGGGTCCCGGCGGACCAATGGGACCGA
ATTTCTTCCCTAACTCGACGATGCGACCGTCGCCGCCGACGCACGCCTCCAGTCCGCAACCGCCGCCGTCGCAAATGATGCCAGGCCAGCCGCCG
TTCATGGGCGGACCCCGATACCCGGGCGGACCGCGGCCCGGCGTGCGTATGCAGGGCATGGGCAATGAATTCAATGGACCCCCCGGCCAGCCCAT
GATGCCCAACAGTATGGATCCGACACGGCCAGGCGGAGGGATGGGACCGATGAATCCGCGCATGAATCCGCCACGCGGTCCTGGTGGCATGGGAC
CGATGGGCTATGGTGGACCAGGAGGAATGCGCGGCCCAGCACCGGGACCCGGCGGAATGCCGCCCATGGGCATGGGCGGAGCGGGCGGAAGACCG
CCGCAATGGCAGCCAAACGCCTCGGCGCCACTAAATGCGTACTCGTCATCATCGCCAGGAAACTATGGACCCGGCTCGAATGGACCGCCGGGACC
GGGAACGCCAATAATGCCGTCGCCGCAGGATAACACGCAAGGTGGACCAGTGGGCGGACCGGGCGACAGCATGTACGCCCTGATGAAACCCGAGT
TCCCGATGGGCGGAGGGCCGGATGGCGGCGGTGGCGGAGGTGGTCCCGGCGGAATGGGACCGATGGGCGGCGGGCCAAATTCAATGGGCCCCGTA
CTTAATGGCGGCGGCGGTCCGGACGGATCCGGTTTGGATGGCATGAAAAACTCGCCGGCCAACGGAGGACCTGGGACGCCGCGCGAAGACTCTGG
CAGCGGCATGGGTGACTACAATCTGGGCGGATTCGGCGGACCCGGCGAGAACGATCAAACGGAATCGGCGGCCATTCTGAAGATCAAGGAGAGCA
TGCACGAGGAGGCCAAGCGGTTCGAGAAAGACACAGATCATCCGGACTACTTTATGCCATAA
(SEQ ID NO: 794)

Start ATG: 1480 (Reverse strand: CAT)

MYGKSKTSAVPSDAQAREKLALYVYEYLLHVGAQKAAQTFLSEIRWEKNITLGEPPGFLHTWWCVFWDLYCAAPERRDQCDHSSEAKAFHDYGFV
SSGYGVNGIGPGGPHNAGGPAPSPLGQMPPGGDGGPMGPGGPMGPNFFPNSTMRPSPPTHASSPQPPPSQMMPGQPPFMGGPRYPGGPRPGVRMQ
GMGNEFNGPPGQPMMPNSMDPTRPGGGMGPMNPRMNPPRGPGGMGPMGYGGPGGMRGPAPGPGGMPPMGMGGAGGRPPQWQPNASAPLNAYSSSS
PGNYGPGSNGPPGPGTPIMPSPQDNTQGGPVGGPGDSMYALMKPEFPMGGGPDGGGGGGGPGGMGPMGGGPNSMGPVLNGGGGPDGSGLDGMKNS
PANGGPGTPREDSGSGMGDYNLGGFGGPGENDQTESAAILKIKESMHEEAKRFEKDTDHPDYFMP*
(SEQ ID NO: 795)

Name: SSDP-like
Classification: DNA_binding

Celera Sequence No. : 142000013384839
ATAATAAAACATTCGCGTGTACTTATGTGAAGCAGACGATGTTAAATTATGCCTCCAGTACAAGGACACTTCGTGCCATTTAGACTTACAATCCG
ATCTAGATCGATTTCAAATATGGTGCCGTGATAACGTGTTAGACTTAAATGGCTCCAAGTTGTTGTGCCAACCCAATACGCACGACTTACACTCT
AAGTGGGTGCTCCTTGGACAGAATAACACGAGTTGATGATCTTGGATGATCTCTGGACCCAAAACTAAAATTTTCTGACCATATTTCGTCTATTG
TCAATAAGGCCAGGGTTGTTCTTGGTTTTATAAAAAGGTGGTCTAAGGAATTTGATGATCCTTACTTGACTAAAACCTTATTTATTTCGTTAGTC
CGTCCGATTCTCGAGTACGGATCACCTGTTTGGAGTCCACAATACGCAGTCCACTCGGACCGCATTGAATTGGTCCAAAAAAAAATTCTTACTTT
TTGCCTTGCGGCGCCTAAATTGGGATGCAAACCGTATATTACCTCCTTATATTAGTAGACTTCCTTTAATTAATTTACCGTCCCTAGCTAACCGT
AGAACTATGCTTGGAACAGTCTTTATTTGTAAGCTTATTCGTGGGGATGTTGAGAGTCCCGACTTTATTAGTCGGCTTAACTTTTCGGTTCCAAG
TAGATTCACTAGAAACTATATACCCCTTATCTTAAATCATTGTAGATCTAACTATGAGTTGCATGACCCTTACAGAGTTTTATGTTCTGACTATA
ATAGACTTAACTCTCTGCCGCTCTTAAAGCAATCGATTTTAACTTTTTTATTACATAATTAGATCCTACTAACAGTAATATTTAATATAGTTATT
TTACATTATATTCATTTCCTCGTTCCTGTTCTCTTTTTTATATCGCGTCTATATCTTCTCGCGAATCGAGCCGTACGATACACGGCAGCGCCCCT
CGGTCGGTTGGGCGGGAGGTGTGGACGTAGGACCCGTGCGAACAAAAAAAAAAAAAGAATCGAATTCTTTTAGCCTTCTCAAACGGTTCTTTCTT
CTACATGCGATTTGTGCCCAGTTTTCCTGTGTGGGTTTGCAAGTGTGTTAGCAGTGCGGATTTCCGCGAAAAAGTCCTTGGGCAGCTGGAACACT
TAAACGGTTTTCTTTGTGCGTTACTATGTGCCGGCTTAGATCCTGAAGATTTGCAAGGACCTTCGAGCAATGGCTTATTTTTGGTGTGTGATTTC
AAGTGAGTGGACAGAGCCGAACGGTCAGTGAAAGTTTTTGGGCACTTACCACACTTAAGTGCCTTTGAGTGGCCTAGTGTTTTGTGAGCAGATGC
TTTTGAGCTTTGAGAGCATCTCGCGTTCCTTGACAGGTGTCGCTTGAGATACGCATGTAGCGCAAAGTCCTTTGAGCAATGGCCACAAGTAAAGA
GGCGTTCTTGGTGCACTCGCATGTGCATCCAAAGTTCATGTTCGACTTGAAAGGACTTCGAGCACTGGGAACACTTGAACTGCGTTTCATCAGTG
TGCGTGGCCAAATGCTGCTTGAGAATTAAAGAAGTTAGAAAGCACTTTTGGCAGTATGGGCACCTTAACGATCCTCTTCTTTCGTGCATCTGTAT
GTGGGCCTTGAGGTGGTGCCCAGCTGTAAAGGACCTTGGGCAATGCGAGCACTGGAAGGGTCGTTCTCCTGTGTGGGTTCGCATGTGATTCTGAA
GACCAGAGCTATAGCCAAAGGACTTGGGGCAGAGGGAACACGTGAAGGGACGTTCTCCTGTGTGTGAACGCATGTGTACCTTCAGATTTGATTTT
ACTTGAAAAGATTTAGGGCAGTGAGAACAGCTAAAGCCTGGTTTCTCCTTGGCCTTGATATCACATTCGTTAATATCAGGTTCATTGCCGGAATC
GACGTCGTCGGCACCATCCTGGAGATCCCTCTCAGCTGCCTCCACTTCTTCTGAGCATCCGGATCCATCATTTTCACTCTCCTCCTCCCGTACAT
CCTTGAGGAAGCGGTAAAACTGGTGACTTCTCTCGTACGTTTCTATGATATCGAATGCATTCTGCGCATCCTCCAGACAGGACTTGCATATGGTG
TTGGACAGTGGATCGTGCTTCTCAACTTGCCAGCCGGTGCACTTGTATATTATGTACGCAATGGATAGGCCCGGTTCATGAGACTCATCGAAAAC
ACTGGCCATATTTTCGTAACTGACCAGGCAAACTCGGCATATTGACGATTCCATCGATCTGAAATGACACGAACTGTGTGAATATAAAATTGCGA
ATATACAAAATCGTGCACTTAAACGGTTTCAAAAAAGTATAATGGTTATTCCCAGATCTTTGAGTATTAGCGTTTCTGGAATCTACATCCTGAAT
GCTAAATACACTGAGATCTCAACTTTCAAACAAACGGACAGAATAGGTACGACTAGATCGTAGTCATGGATGACACATACACTTTATAAGGTCAG
TGACAAACGTCATCTTTTAGTTGCATAGCATCAAAAAGAACCCTCTGCACTCTTTCTTATATTTAATAATCAATGAAATTTAATACTTGTGTAGA
GCTTTAAACATAAATTGCACTAATTTCCAAATACATCTTGGTTTATTTATGACTTTGCTAACTCGGCACGAATTGACCCACAATGGCAATCCTTA
CCTTAAACTTACCTTATTTTCGTGTTTGTTCACGGCGAATGCGTATTTAAAATGTGGCAATAAGCACAGGAATTGGCAATCTGTAAAGATGTTGC

TATGACAAGGGTTGTACTCCTTCTGAAGTGAATAGGTAAGTCGTAAGGCTTATATACAAACATGTCCCAAGGTCGTTTGGTTCTGTAAAATGGGC
AACATAGCATATTTAACAATGTTACCTGGGTCAGGTGTCATCAAAGAAGGGCTTTCCAGCAGCTGCACTCATCTTTTTACGGTGCGTCCCAACTA
ATCTTACGATTTTCTGTAGATCCAAGCAGGTCAATGCATAATGTGATACATGCAGGTAAAAGTAACTATGGTTAAAGAAAAAATCTTTCCTTGGT
CGACCCCAAAGTGCTAAATCATTATTGCTGAACTCTAAAACCATGTGTTTGTAACGAAATATACTTATTGGGGTGGTGGAAAACAGGGGAAAACC
ATTTACCCAATGACCAATAAAGCTAGCCATACCCTTCTATTCCCAATATACCCCATGGCGGAATCATTCTAGTAGCAAATTATTCAATAAAAAAC
(SEQ ID NO: 796)

Exon: 2230..1001
Start ATG: 2194 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT22233
TCAATATGCCGAGTTTGCCTGGTCAGTTACGAAAATATGGCCAGTGTTTTCGATGAGTCTCATGAACCGGGCCTATCCATTGCGTACATAATATA
CAAGTGCACCGGCTGGCAAGTTGAGAAGCACGATCCACTGTCCAACACCATATGCAAGTCCTGTCTGGAGGATGCGCAGAATGCATTCGATATCA
TAGAAACGTACGAGAGAAGTCACCAGTTTTACCGCTTCCTCAAGGATGTACGGGAGGAGGAGAGTGAAAATGATGGATCCGGATGCTCAGAAGAA
GTGGAGGCAGCTGAGAGGGATCTCCAGGATGGTGCCGACGACGTCGATTCCGGCAATGAACCTGATATTAACGAATGTGATATCAAGGCCAAGGA
GAAACCAGGCTTTAGCTGTTCTCACTGCCCTAAATCTTTTCAAGTAAAATCAAATCTGAAGGTACACATGCGTTCACACACAGGAGAACGTCCCT
TCACGTGTTCCCTCTGCCCCAAGTCCTTTGGCTATAGCTCTGGTCTTCAGAATCACATGCGAACCCACACAGGAGAACGACCCTTCCAGTGCTCG
CATTGCCCAAGGTCCTTTACAGCTGGGCACCACCTCAAGGCCCACATACAGATGCACGAAAGAAGAGGATCGTTAAGGTGCCCATACTGCCAAAA
GTGCTTTCTAACTTCTTTAATTCTCAAGCAGCATTTGGCCACGCACACTGATGAAACGCAGTTCAAGTGTTCCCAGTGCTCGAAGTCCTTTCAAG
TCGAACATGAACTTTGGATGCACATGCGAGTGCACCAAGAACGCCTCTTTACTTGTGGCCATTGCTCAAAGGACTTTGCGCTACATGCGTATCTC
AAGCGACACCTGTCAAGGAACGCGAGATGCTCTCAAAGCTCAAAAGCATCTGCTCACAAAACACTAGGCCACTCAAAGGCACTTAAGTGTGGTAA
GTGCCCAAAAACTTTCACTGACCGTTCGGCTCTGTCCACTCACTTGAAATCACACACCAAAAATAAGCCATTGCTCGAAGGTCCTTGCAAATCTT
CAGGATCTAAGCCGGCACATAGTAACGCACAAAGAAAACCGTTTAAGTGTTCCAGCTGCCCAAGGACTTTTTCGCGGAAATCCGCACTGCTAACA
CACTTGCAAACCCACACAGGAAAACTGGGCACAAATCGCATGTAGAAGAAAGAACCGTTTGAGAAGGCTAAAAGAATTCGATTCTTTTTT
(SEQ ID NO: 797)

Start ATG: 37 (Reverse strand: CAT)

MASVFDESHEPGLSIAYIIYKCTGWQVEKHDPLSNTICKSCLEDAQNAFDIIETYERSHQFYRFLKDVREEESENDGSGCSEEVEAAERDLQDGA
DDVDSGNEPDINECDIKAKEKPGFSCSHCPKSFQVKSNLKVHMRSHTGERPFTCSLCPKSFGYSSGLQNHMRTHTGERPFQCSHCPRSFTAGHHL
KAHIQMHERRGSLRCPYCQKCFLTSLILKQHLATHTDETQFKCSQCSKSFQVEHELWMHMRVHQERLFTCGHCSKDFALHAYLKRHLSRNARCSQ
SSKASAHKTLGHSKALKCGKCPKTFTDRSALSTHLKSHTKNKPLLEGPCKSSGSKPAHSNAQRKPFKCSSCPRTFSRKSALLTHLQTHTGKLGTN
RM*
(SEQ ID NO: 798)

Name: zinc finger protein
Classification: transcription_factor

Celera Sequence No. : 142000013384534
ATGCATACATAGATAGCTATATGACATCCAGACATTCATGCCACATGCCACTATTATACACACATACTATATAAAACATGTTTACTACTCCACGA
CTCAAATTTGCAAATATTGTACGCTATTTAGCCTAGCAGTTAGAGCAGCATACCCATAATATATTTATATGAAACAAATCGCCCAGCAGGACACA
TAAATTGTGGTATGTATGTGCGTGAGTGTATTTTTGTATGTACTACCTATTAAATATAGAAATATATATATATATATATGTGCGGAGAACCGTGT
TCCTGAACACCGATCAAAAGGAATTAGGCATTTTTGTTTGTCCTGGACTGGCCGTGGATGATCCTGCGGACCGCCAAGGAATAGAGATGTGCCAA
TTTCTGGTCCACCAAGCACAGTTGATAACCTAAGCATCCTTACAACGTCACCACAACAGACTGGGACAAATTGCTGGTCGTAGCGTCTACTTC
TATACGTTAATCTATATCTATATGTTAAACTGTAATTTTGGATCCGTGTCAACCAGTCGTTTAGTTCCATAGTCAAGTCATTACCGGGTCCGTTA
GACAAGGATTTATGCAGATACTCTCAACTAATCTAGAATCTAGACAAAGGCGACGAAGCAGATCAAAAGAGTTTTGCTACCACTACCAAGTGCTG
TACACGCCAAAAACGAAAGGCTTCAGTTTAGCTATAGACACAAATATATATATATATATATATTATATAAAGAGATGTATTTACATATTTTTG
GCATTATAGATACATACACAATGTGGAAAATTGCAAAACAATAATATGGGTGGAGAGGTAAAGGGAAAGTAATTCTTAGAAAGGCAGATTTTTTC
ATACAGGAAACGGTGAAAATCAAACTTTTCAACATAAGAATTAAACATATATATATATATGGGAAAACCAAAACCTATAAAACATTTACTAAAAG
TGAAACCAATAAATGAAAAATGAGTTATACACCCTTAAAACAATATATATGTGCAAATTGTAAATGGAGCATGTAATTTTGTAAAAATTATAAAT
AAAAGTTATCAAGTCGAGAACTTTTGAACTTAAGTTAAAATTGGAGACAATTTACAGAGCTGACGGCCTATTTAAATACAAACTAAATACAATT
ATAGAAACTAGATCAAAATCCGGATGGATAAAGATGTCATTTGGCCACTTATTGCATACACTCATTTCACTGGAACTTTTCTGTAAGTCCTCGGG
TCTTCATTGCCATTTCCGACAAATGTTGTTGCAATAACCTCTTGTTGACCTTTTCCCTGTGAAAAAATTTATAAAATTAATACAATCTTTAAGGA
TCTATATATAAGTAACGCCTCTCACTTGATTATTAGAGCAGTGTAGCGCGTTTTATCCGCGTCGGTTATGAGCTGTGTGGGGAAATTGGGAGTGG
ACATTAGGGACTTCATCCAGACGGCCATCTCGGCGGCATATTTTCTGTTCATGGCAAGAAGGATGTCTGCAAACTTATCCACCTGCGACCGCGGC
GTTAGGTAGCCCACGCACATCATCGCCGTGTACAGCGTCTGCTCGCCGGTGGCCAGGACAACTTCTGTGACATGAGCATGGTTACGCGACTGCAT
CACAAAGTGGGTAAGAAACTGTATGCTATTTCGGATGGCACCACTCTCCGGCAAAGTCATTCCACGCTGGGCGTAAAAGACCAGACGATCGTAGG
CCAGTGTCTTGTCCTCCAAAACTTGAGGGATTTTCTTAATGATCTGCGTCAGACAGCCGAAGAAGGTTTCCATGGTGTCCGAAATGTTGGAGAAG
TTCTGCTCGGGAGTGCTCTCAAATAGCTTAAAGCTGTGTTGGATGAACTCCCTCAGAAGTTGCTGCATCAGCGGCTTGCAGCCTTCGTCCTTAAA
GAACATAACAATGGCCTGAAACAAAGGATTCTATTAGATCACTCAGTCATTTGCAATATATTGGTAAGGCTCACCGTTTTGGATATTTCTAGAGT
AGGAGCGCAGCATCGGGTCTGAAAGCTGGCAACAATGAAGAGACAAAGATCCTGCAGCATTGGCTGGAAGCTGCTCCTTAAATTCGTTATCGCAT
GCTTCATCGCACTGCAAGCGGCCTATATGAATACGATAACATTTTATTAAAAATATGCAAAATTTTGTGTTTATTGCCTTACCTCTAGGACATCG
ATCTCCTCCACCCACATCTCGGCGATTCTCTTGAAGATGGGCATCGTGCGCTGCATGACGAGCAGAACTGGCTGCACAATCGGTTGGTCCGTCGC
CTGCTCGTCCACATCCGTGTTTAGCGAGGAGAAGAGAGTGGAGATCATATTGAGCCGGAAGATTGTGCGAATTCGAGCAGCGGGAGTTTTCTAGT
GCAACAAAAGAAATGGTTAGCAACTGATCTCTTTATATATTTTATATTTATATTTACTCACCGAATCTGCCTGGCAAATGGCCTGTAGCTCCTCG
AAGCAGGGACTGACGATAATATCCAAGTATTTGGGTATTTCCTCTGGCCGCAGCAGGCTCATTAGCTTACCGATGCTGAACATAAGCCTCACCGA
ATCGGAGTTCTTCATGCGGCCCGTGTTTAGGGAAGCGTGGCATGCGTTTAGGAGCGGATCCGCATACGGCTTCAGCTGCAGCTGACAATCGCGAC
ACAGCTCCTTCAGGCCGAGCGTCGCCTGTGCTGACATTGAGGAGTTGAGGCCGCGCACCAGTAGGTTAATGGCTGGCGGAATGTACGCCGGATTC
TCCATCAGCCAATTGCAATAGGAGCCCATTGTCTCTAGCGCAGTGCCCAGTAGCTTGACATTGAGCTTCTCGTAGGGAATCTCGGCCAGCACGCG
CATCAGCCGTGGTATTTGCCGCTTCTCCTCGCCACCAAAGTGCTCGGCCACCGACTGAAAGGAATAGATGCACGCCTCCAGCTTTGTCCAGTGTG

TGGGATGTCTTTGCAGATCGGCAATGGCCTCGTCCAACATGGCAGCCAGAATCTCCAAGATATAGTCATTCAACACATCATAGCAATACATCTAA
AATAAATAAAATAAATGCTATATTATGCCTGTTTGTTAATAGTTGAAAACGGTAGCCAATCCTTTCGATTTGGAGACACTCCAACTGTTGCAACC
ACTCACAAAGGTATCGGATATATCCTGTCTGTAGCACCTAAAGCATTCCAAATCATCGGAGCTCCACTTGGCGAGCGACTTTTCGTCTGGCTGCT
CTGACTTTCTTACTAAAATCCTGGTTAGATGGGCGTACAATGGTTTGATGTACTCCCAGCACTTGTGTTTCTGCTCATCGTTAGACATGGCGAAC
ACTTCGTCTTGCAGCATATACCAAAACGCCAAGGCCATTGTGCTGCAGGACTCCTCCACCGGGTAAATGCCCGGCTTGTCCGTGCAGTGGAGAAT
CTCCTGCACGATGCGATGCACTAGGATAGACAATTCCGGATCCGCGGACGTGATGCCGCTGAGCAACAGCGTCGAATGTCGCTCCACCGAAGAGA
CGAACAGCATGTAGATATGTACGATAATGTCCTCGTTGTCGTTCTCCCTCTTCCATTCCGTCTTTGTGATTTCGGATAGCGAGTCCAGGAACATT
TTTATAAGCACAAATGCCGTCTTTGGATAGTTGTGGCAGTCTGGCTGGATGATAATGTTCACCATGGTCTTCAGACAGGACTCGGCCAGTTCGTT
CTCATCGGCGGTCATGCAGCCGTCGCCGGCGTGTATGCAGGGCCAATAGCACTTGTGCACCACTTCCAGGAGCACGGCGGTGATGGTGACGCAGC
CCTCAATGGTGTAGCCGATGTTTCTGTCCAAGTTGGAAACTCACTTAGAACGTGTAAAGAATAATTTTGTAAATTGAATACTCACTTGATCCAGG
TGCCGACGCACTTAACGGCCCTGTTCATGTTACTGTACGCCTCGGCATCCCACACGCGGTTCATTTGCAGCTTCAGATATCGCTCAACGGTGTGA
ATGACCAACTGCACTCGCTTGGCGATCTCGGCGCGCAGAACAACCCGCTTGACAGACGTATGTATGACCTGCGCTTCCTCGGGAATGGCGGTCAG
CACCTCCAGCATGATCCACAATTGCACATCGGCGCTGACATTTGGCATCCGTTGATTCTGAAACGTGTTGATCACCTCCTCGATGGCGCCGGGCC
ATTCGCCCAGCATGTGAACGATGTAAGCGCCCAGCGAGATGCACAACCGATTGAGGACGATCTTCGGTCCGCCAGCGAAGCGAACGATGGATTCG
AGTATCTTTTGCTTTAACTCCTCGCGATTCTCTGGCGGCACTTCGTGCCAGTGCTTCATAAGCTTGGAGTGCAGCGTGATGGCGCCGAAGAACTG
CACCTCCTGACTCTGTGTGGGCGGTGGGGTGATTGGGTGGGCGGTAGGTGCATGAGTATACATATCCGGGTAATTGATGCATTGATGCGCAGGTC
CTGCGTGGTACTCACCTTGCCGAGCTGCATTAGCTGCCAGGAAAACTGCCAGGCCTGTGGACTGGCCTCCGCATCGGTAAGCCATTCATGGGTGA
TCGCCTGGTTCTGCGAGTTCGAGCGGTAGAACGACACGACCGCCTCCTCCAGACGCGCAATGTCAATGGGCTCCATGTGGAATGGCTGCTGCTGC
TGCTAATGCTGCTGCTGCCGAGAGGCAGTCTCCTGTCCGCTAATCCTCGGGTGGTGGTTTTCTTTGCTTCTGCCTGTGGGCACTGGATTCGCGAG
TGTGACCAACGCGCGAAGTCACCAATTCGCGGACGGGCCGAGTGTGCGGTCACTCCATTTTCGACTTTGCCGCGCTTTTTTTCCTCCTGTATTTT
TTATAAAAAGTGTTGAAATGTACGTATTTAATAATAAATAAATATGTAATATAGTATAAATTGCTTGTGGCCTATATGCTCGATATATGCAGGAA
AAATTCAATTTATAACAACATTTATTCATTCGTACACTTCATAAAATTTTACTATTTCTATTTAGTAAATACTCTCTGCAATTGAGGAGTATCTT
AACAAGTTAACAGTGAATTTGGAAAGCCCAAAAAGTCCTATATAAAATCGAATTTAAGTTGCCAGAAACAGTATCGCAATTTGGAACACCGGTCG
GCGATGAAATCCCTGCTATCCTCATCGATATACACCTCAATAAGGACGTTGTCGCAGAATTGAGCGACCTGCCTCTCCACGTCTTGGCAGTCCAA
AGTGGAGCGATTAACGACGGCCCATCTGTCGGTATTCAAGCCCGGGTTCTGTGACTCCAGTAATGCGAAGATCACACAGAGCGACTTATTCGGAC
TGACCAAGGGCAGGACAAAGGTCGTCCTCACTAGATCGAAGAACTTAATGAAGGGCTGGCAGGAGTGGGGCGGCTCCACACCTTCGACTGCTTCG
ATGACCCATTGGGCCGTTTCGTTATCCTCGCAGACCACCAGCATGTTGCAGTCGAATGTCTGCGTTGAGGCACACTCACTAAAATTGAGATCGCT
GACGCTCGATCCACTGTCCTCGAATATTGAATGAAAGTGCTCCATTAGGGCGATAGTGTCCACACCATCCGAGCACGAACTCTGGTTAGTTATCA
CCAAGGCGTAACGTCGGTTCTCGGGCATTGTGTTCGCATACGGCGGCCGAGTATCCCTCTTGCGACAATTCTTTGGCGTGCAGCAGTCCTTCTTC
CTCTCCTTGCACTCCTCGGCCTGCTCCACTGAGCAGCTTGT
(SEQ ID NO: 799)

Exon: 4741..4481
Exon: 4382..3886
Exon: 3823..3142
Exon: 3036..2437
Exon: 2370..2173
Exon: 2112..1975
Exon: 1915..1356
Exon: 1291..1001
Start ATG: 4636 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT22245
CCAGTGCCCACAGGCAGAAGCAAAGAAAACCACCACCCGAGGATTAGCGGACAGGAGACTGCCTCTCGGCAGCAGCAGCATTAGCAGCAGCAGCA
GCCATTCCACATGGAGCCCATTGACATTGCGCGTCTGGAGGGAGGCGGTCGTGTCGTTCTACCGCTCGAACTCGCAGAACCAGGCGATCACCCATG
AATGGCTTACCGATGCGGAGGCCAGTCCACAGGCCTGGCAGTTTTCCTGGCAGCTAATGCAGCTCGGCAAGAGTCAGGAGGTGCAGTTCTTCGGC
GCCATCACGCTGCACTCCAAGCTTATGAAGCACTGGCACGAAGTGCCGCCAGAGAATCGCGAGGAGTTAAAGCAAAAGATACTCGAATCCATCGT
TCGCTTCGCTGGCGGACCGAAGATCGTCCTCAATCGGTTGTGCATCTCGCTGGGCGCTTACATCGTTCACATGCTGGGCGAATGGCCCGGCGCCA
TCGAGGAGGTGATCAACACGTTTCAGAATCAACGGATGCCAAATGTCAGCGCCGATGTGCAATTGTGGATCATGCTGGAGGTGCTGACCGCCATT
CCCGAGGAAGCGCAGGTCATACATACGTCTGTCAAGCGGGTTGTTCTGCGCGCCGAGATCGCCAAGCGAGTGCAGTTGGTCATTCACACCGTTGA
GCGATATCTGAAGCTGCAAATGAACCGCGTGTGGGATGCCGAGGCGTACAGTAACATGAACAGGGCCGTTAAGTGCGTCGGCACCTGGATCAAAA
ACATCGGCTACACCATTGAGGGCTGCGTCACCATCACCGCCGTGCTCCTGGAAGTGGTGCACAAGTGCTATTGGCCCTGCATACACGCCGGCGAC
GGCTGCATGACCGCCGATGAGAACGAACTGGCCGAGTCCTGTCTGAAGACCATGGTGAACATTATCATCCAGCCAGACTGCCACAACTATCCAAA
GACGGCATTTGTGCTTATAAAAATGTTCCTGGACTCGCTATCCGAAATCACAAAGACGGAATGGAAGAGGGAGAACGACAACGAGGACATTATCG
TACATATCTACATGCTGTTCGTCTCTTCGGTGGAGCGACATTCGACGCTGTTGCTCAGCGGCATCACGTCCGCGGATCCGGAATTGTCTATCCTA
GTGCATCGCATCGTGCAGGAGATTCTCCACTGCACGGACAAGCCGGGCATTTACCCGGTGGAGGAGTCCTGCAGCACAATGGCCTTGGCGTTTTG
GTATATGCTGCAAGACGAAGTGTTCGCCATGTCTAACGATGAGCAGAAACACAAGTGCTGGGAGTACATCAAACCATTGTACGCCCATCTAACCA
GGATTTTAGTAAGAAAGTCAGAGCAGCCAGACGAAAAGTCGCTCGCCAAGTGGAGCTCCGATGATTTGGAATGCTTTAGGTGCTACAGACAGGAT
ATATCCGATACCTTTATGTATTGCTATGATGTGTTGAATGACTATATCTTGGAGATTCTGGCTGCCATGTTGGACGAGGCCATTGCCGATCTGCA
AAGACATCCCACACACTGGACAAAGCTGGAGGCGTGCATCTATTCCTTTCAGTCGGTGGCCGAGCACTTTGGTGGCGAGGAGAAGCGGCAAATAC
CACGGCTGATGCGCGTGCTGGCCGAGATTCCCTACGAGAAGCTCAATGTCAAGCTACTGGGCACTGCGCTAGAGACAATGGGCTCCTATTGCAAT
TGGCTGATGGAGAATCCGGCGTACATTCCGCCAGCCATTAACCTACTGGTGCGCGGCCTCAACTCCTCAATGTCAGCACAGGCGACGCTCGGCCT
GAAGGAGCTGTGTCGCGATTGTCAGCTGCAGCTGAAGCCGTATGCGGATCCGCTCCTAAACGCATGCCACGCTTCCCTAAACACGGGCCGCATGA
AGAACTCCGATTCGGTGAGGCTTATGTTCAGCATCGGTAAGCTAATGAGCCTGCTGCGGCCAGAGGAAATACCCAAATACTTGGATATTATCGTC
AGTCCCTGCTTCGAGGAGCTACAGGCCATTTGCCAGGCAGATTCGAAAACTCCCGCTGCTCGAATTCGCACAATCTTCCGGCTCAATATGATCTC
CACTCTCTTCTCCTCGCTAAACACGGATGTGGACGAGCAGGCGACGGACCAACCGATTGTGCAGCCAGTTCTGCTCGTCATGCAGCGCACGATGC
CCATCTTCAAGAGAATCGCCGAGATGTGGGTGGAGGAGATCGATGTCCTAGAGGCCGCTTGCAGTGCGATGAAGCATGCGATAACGAATTTAAGG
AGCAGCTTCCAGCCAATGCTGCAGGATCTTTGTCTCTTCATTGTTGCCAGCTTTCAGACCCGATGCTGCGCTCCTACTCTAGAAATATCCAAAAC
GGCCATTGTTATGTTCTTTAAGGACGAAGGCTGCAAGCCGCTGATGCAGCAACTTCTGAGGGAGTTCATCCAACACAGCTTTAAGCTATTTGAGA
GCACTCCCGAGCAGAACTTCTCCAACATTTCGGACACCATGGAAACCTTCTTCGGCTGTCTGACGCAGATCATTAAGAAAATCCCTCAAGTTTTG
GAGGACAAGACACTGGCCTACGATCGTCTGGTCTTTTACGCCCAGCGTGGAATGACTTTGCCGGAGAGTGGTGCCATCCGAAATAGCATACAGTT

Docket No. 10020-2-PCT

TCTTACCCACTTTGTGATGCAGTCGCGTAACCATGCTCATGTCACAGAAGTTGTCCTGGCCACCGGCGAGCAGACGCTGTACACGGCGATGATGT
GCGTGGGCTACCTAACGCCGCGGTCGCAGGTGGATAAGTTTGCAGACATCCTTCTTGCCATGAACAGAAAATATGCCGCCGAGATGGCCGTCTGG
ATGAAGTCCCTAATGTCCACTCCCAATTTCCCCACACAGCTCATAACCGACGCGGATAAAACGCGCTACACTGCTCTAATAATCAAGGAAAAGGT
CAACAAGAGGTTATTGCAACAACATTTGTCGGAAATGGCAATGAAGACCCGAGGACTTACAGAAAAGTTCCAGTGAAATGAGTGTATGCAATAAG
TGGCCAAATGACATCTTTATCCATCCGGATTTTGATCTAGTTTCTATAATTGTATTTAGTTTGTATTTAAATAGGCCGTCAGCTCTGTAAATTGT
CTCCAATTTTAACTTAAGTTCAAAAGTTCTCGACTTGATAAACTTTTATTTATAATTTTTACAAAATTACATGCTCCATTTACAATTTGCAC
(SEQ ID NO: 800)

Start ATG: 106 (Reverse strand: CAT)

MEPIDIARLEEAVVSFYRSNSQNQAITHEWLTDAEASPQAWQFSWQLMQLGKSQEVQFFGAITLHSKLMKHWHEVPPENREELKQKILESIVRFA
GGPKIVLNRLCISLGAYIVHMLGEWPGAIEEVINTFQNQRMPNVSADVQLWIMLEVLTAIPEEAQVIHTSVKRVVLRAEIAKRVQLVIHTVERYL
KLQMNRVWDAEAYSNMNRAVKCVGTWIKNIGYTIEGCVTITAVLLEVVHKCYWPCIHAGDGCMTADENELAESCLKTMVNIIIQPDCHNYPKTAF
VLIKMFLDSLSEITKTEWKRENDNEDIIVHIYMLFVSSVERHSTLLLSGITSADPELSILVHRIVQEILHCTDKPGIYPVEESCSTMALAFWYML
QDEVFAMSNDEQKHKCWEYIKPLYAHLTRILVRKSEQPDEKSLAKWSSDDLECFRCYRQDISDTFMYCYDVLNDYILEILAAMLDEAIADLQRHP
THWTKLEACIYSFQSVAEHFGGEEKRQIPRLMRVLAEIPYEKLNVKLLGTALETMGSYCNWLMENPAYIPPAINLLVRGLNSSMSAQATLGLKEL
CRDCQLQLKPYADPLLNACHASLNTGRMKNSDSVRLMFSIGKLMSLLRPEEIPKYLDIIVSPCFEELQAICQADSKTPAARIRTIFRLNMISTLF
SSLNTDVDEQATDQPIVQPVLLVMQRTMPIFKRIAEMWVEEIDVLEAACSAMKHAITNLRSSFQPMLQDLCLFIVASFQTRCCAPTLEISKTAIV
MFFKDEGCKPLMQQLLREFIQHSFKLFESTPEQNFSNISDTMETFFGCLTQIIKKIPQVLEDKTLAYDRLVFYAQRGMTLPESGAIRNSIQFLTH
FVMQSRNHAHVTEVVLATGEQTLYTAMMCVGYLTPRSQVDKFADILLAMNRKYAAEMAVWMKSLMSTPNFPTQLITDADKTRYTALIIKEKVNKR
LLQQHLSEMAMKTRGLTEKFQ*
(SEQ ID NO: 801)

Name: nuclear transport receptor
Classification: receptor

Celera Sequence No. : 142000013384139
AGGCCACCACGGCGGCGCAGGTGTGAATGAATATGGAGGAGAACAGGGCCCACAGAAAGACGTGGTACCACATTTCGCGAAACGTATTGAGACGC
GCCTGTGACCGGAGTCCCATCACATCGGCGATGGTGTCCAACTCATCGGTGTCGTCCGAGAACATGGCTAAAACGTAGTCGATGGATGTTGACGT
GGTATCCCTAGTTACTAGTTGCTAGTTATTGCTTTTCCGTTGGTCAGTTGAGTGTCCAGCCGCATGTCTGGTGGGGATTCCCTTTCTATAGCATG
TATCCAGCCAATATTCATGGACCTGCAAACAATAACTCCCTTTAGACTTGACCTTCTGGCATTTAATTATACTCACGCCAACACATGTGTGTGCT
AATGGCCACACCCATACCACATTTGTCGTATTCTATAGCCGGATTTGGATTGCAGTCTTTTTCAGTTGCTTGATCCTATTTAGCATGGCCTTAAC
TTCCGGTTAGCACTGTAGTTTAGCAAATGTTTGGCTTATTTTTAATTCGGTCAACAATCGATTGAACTTTCGTCACGGCACTCAATTAGCGCTCG
GCTGGCGGCAGTGAATGCTAAATCGGGCCTAATTACCAGGCTACTGGTGTGCGGCAGCCCTAACTCCACATTTTGAGCAACACCAAACACTTTTA
GTTGGTTTAATTTAATTTTATATTGTTCTTGTCTGCGATTTACTATGGCAATGGGAATGGAACGTTTGGGATTGGGCCAGTTCTGATAAGCAAAC
AGCTGTGACTCAGTTGCGAACTGGTTCGGGGCTTGCAGCGCAGCTCTAAATTATTATACTCAAGATATCCATATGTAAGGCAGATATCGTAGTGA
AAAGTCACAGGGTTTTTAAGGTATATTCTTTTGTAAGCTGTGTTCAAATGCACTGCTTTCAGCACAAGCATGCTTATCGTTATCGAGCAGCGATA
ATCGGCGAACTAGTTCAACATAAACCTTCTTGGCACAAGTGACAACTCTGAAACCAATCCATAAACAAAAAATTTTGTGTAAACTAAAAACAAAA
AGCGGAAGTTGAAAAACAACACCTTAGCGTATAATTTGGCCCCTTATGATTTGTTAAGTTTCTGTTTTGGAAAATGGGATGCTGAGATAGCCCTG
AACAGGTGTAAGTCGTCCTCCTACACTATGACACATTTCTTCCGAGACGAACTTACATACATACGCACATATGTACACATATGTATGCATGTTTG
TAACTGCATCCATATACGATATATGTATCTTACGCACTCGCGGCTATATACATATATATGCGGAATATATATGTATGTAAGCCGTCAATATGAGA
ATCGGTTGAAGTTAAGTCTTCATTTAAAGTGGCTATAGTACATATGTATATACACACTTTTAACCAGCATATGCTTGTGAATCGAGATTAATCAA
AGGCCCTGCATTGCAGACTTCATATACTTCAAGCCCCACAAAACCAACGACGCATTTAATCAATGTTCTCCAACGGATTGCCGTGCAATCTGTCG
TTTCCGAGCTGTCTCAGTGTACCAAAAGACGAGATCGGTAATGAAGAGCTACTGCCATCCAATATGGGTACTCGCGAGCCTGTTATACTCAATGT
CTACGATATGGTAAGCTTACTTACTCCTGTTGCCCATGCGGACATCGCACAACGATAAATGTAACCTTGCATTTGCAGTACTGGATCAACGAGTA
CACCACCTCAATCGGCCTGGGCGTATTTCACTCCGGCGTAGAAGCCTTTGGCACCGAATTCGCATACGGCGGACATCCATTTCCGTTTACGGGGG
TATTCGAGATCTCACCGAGGGATCACGACGAGTTGGGCGATCAGTTCCAGTTCCGGCAGAGCATCCAAATCGGCTGCACCGACTTTACGTACGAG
GAGGTGCGACGTATCGTCGAGGAGCTGGGTAATCAGTTCCGTGGCGACCGATATCATCTCATGAACAACAATTGCAACCACTTCTCGGGCTCATT
AACTCAGGTGAGACATAAATCGAGGAAACTTTCCACTGGGTGGATCCAATATCAAGCAATATTTTGGGTGTGCTTATGCATGATTCACCGATTGT
CAGATACCGCCTGTTACAATCAGAAGTTCTTATTGTGAATCACCTCAAAAAGTAGGACAGATTACCATCCTAAACACGTCCAATACAATTAGATG
CTTCCAAACGATTCGAGTTTAGGAGCAAGAAAATGCAAGCTTAAAAGCCCAAATGAATATTCATTTGACTATATCTGCAATTCCAATTACTCGTT
CTAGATACTTTGCGGCCAAGAAATACCCAGCTGGGTCAATCGTCTAGCGCATTTCAGCTCCTGTGTGCCATTTCTACAAAGATGTTTGCCAAAGT
AAGCCTTTCTAAGTGAAACAAAAGCCAAGTTCATGATTATTAACTACTCTATGTTGTTTTTTAGAGAATGGCTGACACCGAATGCCTTGCAGCAA
AGCATTACCACAATCCAAGAGCGCGAAGACTCCGACAACAGTCCCCTTTGAGACGTTACCTGACCGAAAATATGTCACTTGGCGACACACAAGCG
ATCATAGTTCACATAAAACAACAGTCCTGAGACCAACATTGTTAAGTTACGCAGAGCAAAAAGCCGGGTTACTCATGTCACATCAATTTCCAAGC
CAACAACGCCCCCTAAATAGAAAGCAACAACTATTATTAATAGACTTAAATTAGGCGATATACATATACATACTTACATAGAACAAACCTACATT
GAGACATACTTATACATACATGCGAAGTGACTAAATTATTGGCTATTGTAATTTGTATTTGTAATATGACTATTCAGAATTAAGATATTATTAAG
TGGCCGATAAATTTAAGTAGCAGGCGCCGTTCAGCAGCAGTGTCATTTATAGAATTTTAAATTAACTACGAAGACATCGAGAAATCATCATTAGG
CACTTGCTAAAATTGTACTAACAATACCGCAGACATATTGGTGAACGATATCAAAATGTTGCCCAATTTACTTGTTTACTTTTGTCAGCGGTGGG
GATTTGGTTTTTTTGAATTCCCACCAAACATCGGAGCTCGATTATTGAGATGATTTCCTGGTTGATTTCGTTTACACAATTATACAGAGTTCATA
AGCCGCATGTCTATCAAAACACCAAAATGATCTGTTATCAATAAATATATGTACTTGACATTCTGATATTTACACATGCATAAATACTATTATTA
AACATTTTTAAAGAAAAATATATTTTGATCGAAAACATTCGGTTGCGTTTGATTTACAAGCGAGCAGGTTGGAACGTTTTTAATATTTTGGGTAT
TTTTGGGGTCAAAAGTGGAATAACCAAATAATTAAGTACACGATATTCTCATAAATTACGCAGAATATGAAAACACTCAGACCCAAAACTCCTCA
ACAAAAAACAACAAAATTATTGTACATATATCTTTGTATTATATTTATATATTTTAGACCCTCCAGATTAGATGCATCAGTTGAAAATAAGTTAA
CTTTTC
(SEQ ID NO: 802)

Exon: 1001..1147
Exon: 1442..1625
Exon: 1694..2002

Exon: 2285..2373
Exon: 2440..2521
Start ATG: 1488

Transcript No. : CT22269
AAACCAATCCATAAACAAAAAATTTTGTGTAAACTAAAAACAAAAAGCGGAAGTTGAAAAACAACACCTTAGCGTATAATTTGGCCCCTTATGAT
TTGTTAAGTTTCTGTTTTGGAAAATGGGATGCTGAGATAGCCCTGAACAGGTACTTCATATACTTCAAGCCCCACAAAACCAACGACGCATTTAA
TCAATGTTCTCCAACGGATTGCCGTGCAATCTGTCGTTTCCGAGCTGTCTCAGTGTACCAAAAGACGAGATCGGTAATGAAGAGCTACTGCCATC
CAATATGGGTACTCGCGAGCCTGTTATACTCAATGTCTACGATATGTACTGGATCAACGAGTACACCACCTCAATCGGCCTGGGCGTATTTCACT
CCGGCGTAGAAGCCTTTGGCACCGAATTCGCATACGGCGGACATCCATTTCCGTTTACGGGGGTATTCGAGATCTCACCGAGGGATCACGACGAG
TTGGGCGATCAGTTCCAGTTCCGGCAGAGCATCCAAATCGGCTGCACCGACTTTACGTACGAGGAGGTGCGACGTATCGTCGAGGAGCTGGGTAA
TCAGTTCCGTGGCGACCGATATCATCTCATGAACAACAATTGCAACCACTTCTCGGGCTCATTAACTCAGATACTTTGCGGCCAAGAAATACCCA
GCTGGGTCAATCGTCTAGCGCATTTCAGCTCCTGTGTGCCATTTCTACAAAGATGTTTGCCAAAAGAATGGCTGACACCGAATGCCTTGCAGCAA
AGCATTACCACAATCCAAGAGCGCGAAGACTCCGACAACAGTCCCCTTTGA
(SEQ ID NO: 803)

Start ATG: 194

MFSNGLPCNLSFPSCLSVPKDEIGNEELLPSNMGTREPVILNVYDMYWINEYTTSIGLGVFHSGVEAFGTEFAYGGHPFPFTGVFEISPRDHDEL
GDQFQFRQSIQIGCTDFTYEEVRRIVEELGNQFRGDRYHLMNNNCNHFSGSLTQILCGQEIPSWVNRLAHFSSCVPFLQRCLPKEWLTPNALQQS
ITTIQEREDSDNSPL*
(SEQ ID NO: 804)

Celera Sequence No. : 142000013384094
TCACGTCACATACCACCACATTACCTACCACGCATGCCCCAATCGCATTAGGAGTTCCCTCAACACATCTGCACGCTTTGCGGACAGCGAGAGAG
ATTTATAAGATTATTTATTTTAGTGCCAAATAACAGCAGAAAACGCAAGCAAAAAGTCATTAACTATTTTAGTAGGATAAACTAAATTGTATATA
GAGCGACTCGCTTAGAGCGCCCCATTACTCATTTTCCTTAATTCTTGAAGTTTAAACTGCGCATGCCCAAAGTATTTATATTTATATAATAATGC
ATAACATTTGTAGAGCGATATTTAAGATTTTAATGCAGATTGATCTGAAGTTATATAGAAATAATATTGAACAGAGAACATAGGTAGCGAGAATT
GTTGCTCATTTACATAGGTAGGCCGAAAAACTAAAAATTATAGTTGTTGTTTTAAGTCTTGTACAAATAACGCTAGCACTGCAAAGATTACGCAT
ATCCTATGTACAAATGTCGATCAGTGTAAGATCTAAATACCTAGATTATAAAGCACAGCTGTGAACCCCGGAAATATTTCCAAAAATTCCTTAAG
ATAAATGAATAGAAAAAATTATTAAAATCAAGTGATCAAAGAGGGACTTTCTGAAAATGGCAGTAGTTACTAAAACTACGTATGGAGACCCTGAA
AAAAAAATATCCAAACATATCTTCATATAAATTTTAAATTCGAAATCCAATCAATTTATACATTTGTTACTATTAAACTTTACATTTGTCTTTGC
CTTGAGAAACATATTCCCTTAAATAAGTTTCTTTAAATCCACACAATACACTTGAATAATTAAATGTGTTTTAAAATTCATCTTTTTTATATAAG
ATGACTCGTCATCCAAGGCGATTTCCAACAATTCCACCTAAACGAAAATAAAACTGTCAACACATAAAAGTATAAGTTTTAATTATGTTTTCTGG
AAGTTGTATAAAAATTGCTCTGATTACCGTACTTATATTAATTACGTATATTATAACCGCTGCATCCAGCTGGACAGAGCCCAAAAACAAAGGCT
CATGAAACTGAAGCCAAACAGGGATTTGAAGGTGCTGGCTCCGTTGCCGGGATTGTCCAGGTTCAATTGTGAGGCCAGCTCCTCCGGCACATCCA
GATAGACTCTATCCAAGCCGAAGCTGAAGATCAGTTTGCGCAACTTATCCACATCCACATAGTCACCGGCAGACGACCAGATGGTCAGGGTGCTC
TCGTTTGTCTCGTTCACCGCGGCCACCAGTCGATGCAGTTGCTCCTCGCTGTTGGCGGCAATGCCAGCGCGCACGGGAAAGGTTATGGCCTGGCC
AGTGGATAGGACATTGTTCTCGCTCAGCGTTTCCAGCATGTCATCACACTGCTGCTGCGTGTACTCGCCATCCCGGAAGTCGGCTCCCCAGTTAG
TTGTCCAGCCAATGGAGAGCACTGCCTGTTTGTAGCGCATACAGCCGGCGAAGAATCGGTCCGCATCAACGGGTACGGTTCTATTCTGTTCCACG
GGACCACTTAGAATATCGGCGTTTATCCACACAGGATACGTGGTAGGCTGCACAACACAGAGATATTGTTTAATTTGTTCTGATATCTGAGATTC
GATGACCAAACTTACGTTCGGAATATTCACGTCCAGAATGTCCAGGGAACCCTCGAATACCTCGATCGACTTGAAGTCGAGCTTAACGCCCTTTT
TTTGGTCCTCATGATCACGGTTGAAATTAATGATCTGGTTGAGAAATTCCGACAGCGTAAGATCAGAGACATTGGCCGGCGGATGGGCCATTATG
GGCATGTCCTCGCCATCGCCATTCAGTTTGCCCAGCACAATGTCCGCTTCGATGAAGTCAATGCCACCTTGGGCAGGGAAATGATACTATTGATA
AGTTGGTTACACGCGCATATTTGGCCAATGATCTTACTGGTTTCGGTTAGGACCTCGTCCAGCAATTGCTGGCTGTTGACGGCATGGGCCCAGGT
AATGGCAGTGAGATTTGTGCCCCATACCTTCATCATATCCGACTGTTTGAGGAATATATATTCGATCTGGGAATCGTCTGGCGCTGTCTGCTCGA
CCACCACTTGGTACTGATAATTGCTGGCGTTCAGAGCAGACCCATTGATTTTGGCCACGAGCACTGCGAGTGGACGTGAAATAGACGGCATTAAT
ATTCCACAATTGGACAATGGGACGCACAGAGGGCATAATATGGCAGATACGCGTAGATAAGCCCATTTGCCTTCCTTACCACCCTACCAGCGAGA
ATTGATACGCAAACACATGCAATCCAATCCAATGTGAATTTGTTTACTTCGCAATGAGCGTGTACATATGTATGTGTGCGCGAATGGACTCTAAT
TAACTCCCTTTGTTATGCGATTTTTATGGAATGCAAAGCGCGTTGTGCCCTTCTTCCGCTTTCACCGAATGCTGCAATGCAACTGCACATCAATA
ATTCTCTTCAATCTGTCAGCTGTGCAATGGCGCAAGCGTAGAGAGCAGACGTGAAGTGAGAATGGCGAGAAATGTGCTTAACTTCAAGAGACCGA
CGCTCATATACCCTAGCTCTAAGAGTTTACATGACAACTTATTGACAAAAAATAACAAAATGTTGCTATTTTACGTTTTACCCCCTTTTTGCGAT
TGTGTAAATGTATTATCAAGTAATGTTACCCAACACACTCGTCAGATTTAAATGTTTTAATTGAGTACAGGAGCATCGACTATCAGATACCTGTT
AGTTTTTTTAAGTTATGTCAAAACTAAACTGTCTGGATCCTAATGTTTCCAAGCGACCCAGGGGTCGTATGTACATGAGTTAAAAACATTAAAAA
ATGATGATATGTAATGATTTTGAAAAGTGCAAAAATACGAATTACCAAATAGTAGCGTTGTAAGTAGAAAGGTAATTTTTGAGTCCATTTTTTCT
ATAGGTCTAAGGGCACTTGATCATGAACTTGGGACCGCCACGGTTAGAAACGAACTAAATGGCAATTTTTCAGTTTGGCTTATCGATAGCATTTG
CTGATTTAATTAAACATTGATTAAGTATTGTAAATTGGTAGTGACAATCTATCCGCATATCCCAAAATCTAATCTTTTAAGTGGTCACGTTATCC
GATGAACTCGCGGACTAGTTAAACTAGTTACTACATTATAAAGAAGAAAGAACAAACAAACGTTTTTATGGAAATTATTACCACACATCTTGTAA
AATCATATATTTCATTAAGTACGATTTACATTTATTTGCTTATTAAAAGATAAAATGTTATTTAAATAAGTTTAGACCGCGGTCTCTGTTAGAAA
AGCGTTGCATTTTAACATTTCTGTTAAATGAGCAGCAGTAATAGAAGAGAAAACGTAAGAGAGCGGTTCAAAGAGCGGCACTAGAGTGACCATGC
GGCGGTACACAAGAAATGCGGCCAATAAGCGAGAGCACAAACTTTACCGAAACGAGCGCTAGAAGAACTGGCCACACTACACCCCCGACACTCAG
TTTTAGTTCGAAAATTTAACGGCTCTGGAACCGTTCGGACGTGTCGCTCTCGGTGCGCGTGTGTGTGAGTGGCGAATATAAATATCGGGGGAAAA
GCTCGCACGTGCGACGCTTGCGAAAAAAAAAAATTGAAAATATATAGTAAAATTGTTGTTTTATTTATGAGTCGAACTAATGTCCCGTCAGTTGAC
TAAGGACAACGCCAAGAAATAAAAAATAGTTTTAGGAGAAATAGTTTCACGACTTTATTCTTTGGATCTCAGCTTAAGACTAAAAATCAAATGCA
AATTGGATTGAGGAGAAGCCTCAGTATTTGAACAATATTTGTATTTCGGGAGAGCCTCGCTCTTGGGTTCTTAAGATTAGGTAGCGTTGAAAGAG
GGCAGTCAAATCTGCTTAGGTCAGGCTTTAGGATGTTTACAAGAACGGCTGCGCTGCCAAAGATAAACGAAT
(SEQ ID NO: 805)

Exon: 3715..3468

Exon: 3165..2896
Exon: 2153..1938
Exon: 1872..1001
Start ATG: 2031 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT22297
GTTGTCCTTAGTCAACTGACGGGACATTAGTTCGACTCATAAATAAAACAACAATTTTACTATATATTTTCAATTTTTTTTTTCGCAAGCGTCGC
ACGTGCGAGCTTTTCCCCCGATATTTATATTCGCCACTCACACACACGCGCACCGAGAGCGACACGTCCGAACGGTTCCAGAGCCGTTAAATTTT
CGAACTAAAACTGAGTGTCGGGGGGTGTAGTGTGGCCAGTTCTTCTAGCGCTCGTTTCGTAACTAGTTTAACTAGTCCGCGAGTTCATCGGATAAC
GTGACCACTTAAAAGATTAGATTTTGGGATATGCGGATAGATTGTCACTACCAATTTACAATACTTAATCAATGTTTAATTAAATCAGCAAATGC
TATCGATAAGCCAAACTGAAAAATTGCCATTTAGTTCGTTTCTAACCGTGGCGGTCCCAAGTTCATGATCAAGTGCCCTTAGACCTATAGAAAAA
ATGGACTCAAAAATTACCTTTCTACTTACAACGCTACTATTTGTGCTCGTGGCCAAAATCAATGGGTCTGCTCTGAACGCCAGCAATTATCAGTA
CCAAGTGGTGGTCGAGCAGACAGCGCCAGACGATTCCCAGATCGAATATATATTCCTCAAACAGTCGGATATGATGAAGGTATGGGGCACAAATC
TCACTGCCATTACCTGGGCCCATGCCGTCAACAGCCAGCAATTGCTGGACGAGGTCCTAACCGAAACCAGTGGCATTGACTTCATCGAAGCGGAC
ATTGTGCTGGGCAAACTGAATGGCGATGGCGAGGACATGCCCATAATGGCCCATCCGCCGGCCAATGTCTCTGATCTTACGCTGTCGGAATTTCT
CAACCAGATCATTAATTTCAACCGTGATCATGAGGACCAAAAAAAGGGCGTTAAGCTCGACTTCAAGTCGATCGAGGTATTCGAGGGTTCCCTGG
ACATTCTGGACGTGAATATTCCGAACGTAAGTTTGGTCATCGAATCTCAGATATCAGAACAAATTAAACAATATCTCTGTGTTGTGCAGCCTACC
ACGTATCCTGTGTGGATAAACGCCGATATTCTAAGTGGTCCCGTGGAACAGAATAGAACCGTACCCGTTGATGCGGACCGATTCTTCGCCGGCTG
TATGCGCTACAAACAGGCAGTGCTCTCCATTGGCTGGACAACTAACTGGGGAGCCGACTTCCGGGATGGCGAGTACACGCAGCAGCAGTGTGATG
ACATGCTGGAAACGCTGAGCGAGAACAATGTCCTATCCACTGGCCAGGCCATAACCTTTCCCGTGCGCGCTGGCATTGCCGCCAACAGCGAGGAG
CAACTGCATCGACTGGTGGCCGCGGTGAACGAGACAAACGAGAGCACCCTGACCATCTGGTCGTCTGCCGGTGACTATGTGGATGTGGATAAGTT
GCGCAAACTGATCTTCAGCTTCGGCTTGGATAGAGTCTATCTGGATGTGCCGGAGGAGCTGGCCTCACAATTGAACCTGGACAATCCCGGCAACG
GAGCCAGCACCTTCAAATCCCTGTTTGGCTTCAGTTTCATGAGCCTTTGTTTTTGGGCTCTGTCCAGCTGGATGCAGCGGTTATAA
(SEQ ID NO: 806)

Start ATG: 641 (Reverse strand: CAT)

MMKVWGTNLTAITWAHAVNSQQLLDEVLTETSGIDFIEADIVLGKLNGDGEDMPIMAHPPANVSDLTLSEFLNQIINFNRDHEDQKKGVKLDFKS
IEVFEGSLDILDVNIPNVSLVIESQISEQIKQYLCVVQPTTYPVWINADILSGPVEQNRTVPVDADRFFAGCMRYKQAVLSIGWTTNWGADFRDG
EYTQQQCDDMLETLSENNVLSTGQAITFPVRAGIAANSEEQLHRLVAAVNETNESTLTIWSSAGDYVDVDKLRKLIFSFGLDRVYLDVPEELASQ
LNLDNPGNGASTFKSLFGFSFMSLCFWALSSWMQRL*
(SEQ ID NO: 807)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384094
TCACGTCACATACCACCACATTACCTACCACGCATGCCCCAATCGCATTAGGAGTTCCCTCAACACATCTGCACGCTTTGCGGACAGCGAGAGAG
ATTTATAAGATTATTTATTTTAGTGCCAAATAACAGCAGAAAACGCAAGCAAAAAGTCATTAACTATTTTAGTAGGATAAACTAAATTGTATATA
GAGCGACTCGCTTAGAGCGCCCCATTACTCATTTTCCTTAATTCTTGAAGTTTAAACTGCGCATGCCCAAAGTATTTATATTTATATAATAATGC
ATAACATTTGTAGAGCGATATTTAAGATTTTAATGCAGATTGATCTGAAGTTATATAGAAATAATATTGAACAGAGAACATAGGTAGCGAGAATT
GTTGCTCATTTACATAGGTAGGCCGAAAAACTAAAAATTATAGTTGTTGTTTTAAGTCTTGTACAAATAACGCTAGCACTGCAAAGATTACGCAT
ATCCTATGTACAAATGTCGATCAGTGTAAGATCTAAATACCTAGATTATAAAGCACAGCTGTGAACCCCGGAAATATTTCCAAAAATTCCTTAAG
ATAAATGAATAGAAAAAATTATTAAAATCAAGTGATCAAAGAGGGACTTTCTGAAAATGGCAGTAGTTACTAAAACTACGTATGGAGACCCTGAA
AAAAAAATATCCAAACATATCTTCATATAAATTTTAAATTCGAAATCCAATCAATTTATACATTTGTTACTATTAAACTTTACATTTGTCTTTGC
CTTGAGAAACATATTCCCTTAAATAAGTTTCTTTAAATCCACACAATACACTTGAATAATTAAATGTGTTTTAAAATTCATCTTTTTTATATAAG
ATGACTCGTCATCCAAGGCGATTTCCAACAATTCCACCTAAACGAAAATAAAACTGTCAACACATAAAAGTATAAGTTTTAATTATGTTTTCTGG
AAGTTGTATAAAAATTGCTCTGATTACCGTACTTATATTAATTACGTATATTATAACCGCTGCATCCAGCTGGACAGAGCCCAAAAACAAAGGCT
CATGAAACTGAAGCCAAACAGGGATTTGAAGGTGCTGGCTCCGTTGCCGGGATTGTCCAGGTTCAATTGTGAGGCCAGCTCCTCCGGCACATCCA
GATAGACTCTATCCAAGCCGAAGCTGAAGATCAGTTTGCGCAACTTATCCACATCCACATAGTCACCGGCAGACGACCAGATGGTCAGGGTGCTC
TCGTTTGTCTCGTTCACCGCGGCCACCAGTCGATGCAGTTGCTCCTCGCTGTTGGCGGCAATGCCAGCGCGCACGGGAAAGGTTATGGCCTGGCC
AGTGGATAGGACATTGTTCTCGCTCAGCGTTTCCAGCATGTCATCACACTGCTGCTGCGTGTACTCGCCATCCCGGAAGTCGGCTCCCCAGTTAG
TTGTCCAGCCAATGGAGAGCACTGCCTGTTTGTAGCGCATACAGCCGGCGAAGAATCGGTCCGCATCAACGGGTACGGTTCTATTCTGTTCCACG
GGACCACTTAGAATATCGGCGTTTATCCACACAGGATACGTGGTAGGCTGCACAACACAGAGATATTGTTTAATTTGTTCTGATATCTGAGATTC
GATGACCAAACTTACGTTCGGAATATTCACGTCCAGAATGTCCAGGGAACCCTCGAATACCTCGATCGACTTGAAGTCGAGCTTAACGCCCTTTT
TTTGGTCCTCATGATCACGGTTGAAATTAATGATCTGGTTGAGAAATTCCGACAGCGTAAGATCAGAGACATTGGCCGGCGGATGGGCCATTATG
GGCATGTCCTCGCCATCGCCATTCAGTTTGCCCAGCACAATGTCCGCTTCGATGAAGTCAATGCCACCTTGGGCAGGGAAATGATACTATTGATA
AGTTGGTTACACGCGCATATTTGGCCAATGATCTTACTGGTTTCGGTTAGGACCTCGTCCAGCAATTGCTGGCTGTTGACGGCATGGGCCCAGGT
AATGGCAGTGAGATTTGTGCCCCATACCTTCATCATATCCGACTGTTTGAGGAATATATATTCGATCTGGGAATCGTCTGGCGCTGTCTGCTCGA
CCACCACTTGGTACTGATAATTGCTGGCGTTCAGAGCAGACCCATTGATTTTGGCCACGAGCACTGCGAGTGGACGTGAAATAGACGGCATTAAT
ATTCCACAATTGGACAATGGGACGCACAGAGGGCATAATATGGCAGATACGCGTAGATAAGCCCATTTGCCTTCCTTACCACCCTACCAGCGAGA
ATTGATACGCAAACACATGCAATCCAATCCAATGTGAATTTGTTTACTTCGCAATGAGCGTGTACATATGTATGTGTGCGCGAATGGACTCTAAT
TAACTCCCTTTGTTATGCGATTTTTATGGAATGCAAAGCGCGTTGTGCCCTTCTTCCGCTTTCACCGAATGCTGCAATGCAACTGCACATCAATA
ATTCTCTTCAATCTGTCAGCTGTGCAATGGCGCAAGCGTAGAGAGCAGACGTGAAGTGAGAATGGCGAGAAATGTGCTTAACTTCAAGAGACCGA
CGCTCATATACCCTAGCTCTAAGAGTTTACATGACAACTTATTGACAAAAAATAACAAAATGTTGCTATTTTACGTTTTACCCCCTTTTTGCGAT
TGTGTAAATGTATTATCAAGTAATGTTACCCAACACACTCGTCAGATTTAAATGTTTTAATTGAGTACAGGAGCATCGACTATCAGATACCTGTT
AGTTTTTTTAAGTTATGTCAAAACTAAACTGTCTGGATCCTAATGTTTCCAAGCGACCCAGGGGTCGTATGTACATGAGTTAAAAACATTAAAAA
ATGATGATATGTAATGATTTTGAAAAGTGCAAAAATACGAATTACCAAATAGTAGCGTTGTAAGTAGAAAGGTAATTTTTGAGTCCATTTTTTCT
ATAGGTCTAAGGGCACTTGATCATGAACTTGGGACCGCCACGGTTAGAAACGAACTAAATGGCAATTTTTCAGTTTGGCTTATCGATAGCATTTG
CTGATTTAATTAAACATTGATTAAGTATTGTAAATTGGTAGTGACAATCTATCCGCATATCCCAAAATCTAATCTTTTAAGTGGTCACGTTATCC
GATGAACTCGCGGACTAGTTAAACTAGTTACTACATTATAAAGAAGAAAGAACAAACAAACGTTTTTATGGAAATTATTACCACACATCTTGTAA

AATCATATATTTCATTAAGTACGATTTACATTTATTTGCTTATTAAAAGATAAAATGTTATTTAAATAAGTTTAGACCGCGGTCTCTGTTAGAAA
AGCGTTGCATTTTAACATTTCTGTTAAATGAGCAGCAGTAATAGAAGAGAAAACGTAAGAGAGCGGTTCAAAGAGCGGCACTAGAGTGACCATGC
GGC
(SEQ ID NO: 808)

Exon: 2423..2273
Exon: 2153..1938
Exon: 1872..1001
Start ATG: 2031 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT22299
GCACAACGCGCTTTGCATTCCATAAAAATCGCATAACAAAGGGAGTTAATTAGAGTCCATTCGCGCACACATACATATGTACACGCTCATTGCGA
AGTAAACAAATTCACATTGGATTGGATTGCATGTGTTTGCGTATCAATTCTCGCTGTGCTCGTGGCCAAAATCAATGGGTCTGCTCTGAACGCCA
GCAATTATCAGTACCAAGTGGTGGTCGAGCAGACAGCGCCAGACGATTCCCAGATCGAATATATATTCCTCAAACAGTCGGATATGATGAAGGTA
TGGGGCACAAATCTCACTGCCATTACCTGGGCCCATGCCGTCAACAGCCAGCAATTGCTGGACGAGGTCCTAACCGAAACCAGTGGCATTGACTT
CATCGAAGCGGACATTGTGCTGGGCAAACTGAATGGCGATGGCGAGGACATGCCCATAATGGCCCATCCGCCGGCCAATGTCTCTGATCTTACGC
TGTCGGAATTTCTCAACCAGATCATTAATTTCAACCGTGATCATGAGGACCAAAAAAAGGGCGTTAAGCTCGACTTCAAGTCGATCGAGGTATTC
GAGGGTTCCCTGGACATTCTGGACGTGAATATTCCGAACGTAAGTTTGGTCATCGAATCTCAGATATCAGAACAAATTAAACAATATCTCTGTGT
TGTGCAGCCTACCACGTATCCTGTGTGGATAAACGCCGATATTCTAAGTGGTCCCGTGGAACAGAATAGAACCGTACCCGTTGATGCGGACCGAT
TCTTCGCCGGCTGTATGCGCTACAAACAGGCAGTGCTCTCCATTGGCTGGACAACTAACTGGGGAGCCGACTTCCGGGATGGCGAGTACACGCAG
CAGCAGTGTGATGACATGCTGGAAACGCTGAGCGAGAACAATGTCCTATCCACTGGCCAGGCCATAACCTTTCCCGTGCGCGCTGGCATTGCCGC
CAACAGCGAGGAGCAACTGCATCGACTGGTGGCCGCGGTGAACGAGACAAACGAGAGCACCCTGACCATCTGGTCGTCTGCCGGTGACTATGTGG
ATGTGGATAAGTTGCGCAAACTGATCTTCAGCTTCGGCTTGGATAGAGTCTATCTGGATGTGCCGGAGGAGCTGGCCTCACAATTGAACCTGGAC
AATCCCGGCAACGGAGCCAGCACCTTCAAATCCCTGTTTGGCTTCAGTTTCATGAGCCTTTGTTTTTGGGCTCTGTCCAGCTGGATGCAGCGGTT
ATAA
(SEQ ID NO: 809)

Start ATG: 274 (Reverse strand: CAT)

MMKVWGTNLTAITWAHAVNSQQLLDEVLTETSGIDFIEADIVLGKLNGDGEDMPIMAHPPANVSDLTLSEFLNQIINFNRDHEDQKKGVKLDFKS
IEVFEGSLDILDVNIPNVSLVIESQISEQIKQYLCVVQPTTYPVWINADILSGPVEQNRTVPVDADRFFAGCMRYKQAVLSIGWTTNWGADFRDG
EYTQQQCDDMLETLSENNVLSTGQAITFPVRAGIAANSEEQLHRLVAAVNETNESTLTIWSSAGDYVDVDKLRKLIFSFGLDRVYLDVPEELASQ
LNLDNPGNGASTFKSLFGFSFMSLCFWALSSWMQRL*
(SEQ ID NO: 810)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384576
ACTGGGCTTGTACAGACCCAGTGCCGGATAGAAGGCGGTGTTTAGGATTCGCACTGGTCGCGGCGTGGTCAGTGGCACATCGTTTGGGTGCTCCG
CTGGCGGCGGAGGCGGCTTCTTCGACTTGTACCACGGCACCGGGGCAGTGTAGAATATGTGCACTGCACTGATCACCACATCCAAAGTGGTACGC
GACTGAACAAAGTGTACATTTTTAAGATTTAAGGACTAAGATTGGCCACCTTCTTGGACTGAACTGGAAACTTACAGACTGCTCCGCCTCGTGGT
CCCGCTGCTGCTGCTGCTTCATCAGATCGATTTTGCTCTGAATGATGCGCTCCTTGATCTTCTGCTCGTCATACTTCTCGGGCACAATCACTCCG
TTCTCCCGCTGCGGCTGGAGCAGCGCGACGGCCACCGGCGGCGGCTTCTCCGCCACTTGGGGCTGATCCCCGGGCCTGTAGGCGCGTGCGATGAA
TCGCTCGTCCAGCAGCAGTTCGATGGCCGCATTGCGTCCGCTGGAGCCCAGCACTATGATGGTGATGACCAGCAGGGCGACGATGGCCAGCAGGA
GTAGAATCTTCAGCTTACGCCGCGTTTTCACATACTTTTTTAGCAGCATTTTCGCAAGCGTGCATTTTCTCTCATTGTTTGGACGTCCTCGTTGT
TTTTCGTCCCCAGTTTTTCGTACCTCCACCCCACAACCCCTTCTCTTCCTGTCGCAATGCAGCTGCCGGAAGTTCCTGGCCATTGCGCATGTCCT
GAAACGGACACACTAAACTATGCCCAGCGAGTTCCCAATTACCATTTCACCATTAAAGCATATGCGAGTTTGTTATTTTTTTTGGACATTTTATT
GTGAGTTGATTTATAATATTGTACACATTAATATTGCTAAGTTATTTAAGGGAATATGCCCCAGAAATTTTCACAAATAAAATAGTTTAAACGGA
AATGTGAAACAAGTGGGTTTTAGAATCCATTCCCAAAATAAATACATTACTTATAATTCCGTTTTTGTTTGTCAACACATTGTCTGAATAGTTTT
TATTTAGTTATAAAGTAGAGTTTTAAAAAAGGTTTTAGGTTTGTATCTATTCGAAGTGCATAGTCTTGTTCCGATTAACATGCACCTTCGAGCTC
TAGCGTCCCTCAACTGGAAAAGAAAATCAAGTTAGCACTGCTGGTGGCTGGGGATTACTCATCATTGCAACTTACTGTATGTAGAGAGATCGATT
TCCTCGGGCAGCTCACTGATGTTCACATCGAAACGATCCTGTACTTCGTTAAGTATCTTGGCGTCGTTCTCGTCCGAAACGAATGTGATTGCCAG
TCCCTTGGTGCCGAAGCGACCGGCACGGGCCACGCGATGCAAGTAGGTGTCGGAATCCTCGGGCATGTCGTAGTTGAACACGATGTTCACACGCT
CGATGTCCATGCCGCGGCCAAAGAGATTGGTGGCCACCAGAATGCGCTTCTGGAAGTCCTTGAACTGCTGGTAGCGATTCAGACGCTCCTCCTGG
GTCATCCCACGATGGATGCCGATGGCGGGGAAGTTCTGCTCCGTCAGCAGCTGCGACAGAGCCACGCAACGTTGCACAGACTTCACAAAGATGAC
CACCTATGACAGGGATAATCAAGTAAGTGGTAAATATAAGTTAAGACCACCGAATGACCTACCTGATTGAACTCGAGCACGTCGAGCAGTTCGAA
CAGTTTCTTGTTCTTCTCGTTCTCCTTCAGATTGACGTAGTGCTGCTGCAGTCCGTGCAGCGTCAGCTTGGCCTCATCGTCGACGTAGACCTCCA
TGGGCTGGATTTGGGAAATAGAATGTGGCGCATTTTAAAGGACACAATTAGGAGGGGTACAGAGAAATCGAACTTAGACTAGGCTCGCCTCGGAA
CATACAACAATATGCATAGAATATTCTACATACGGCCACGCTACCACCACATCTCATCAACTAGTCTCTGAACTGCTCCCGAGGATCGATGATCG
CTCTGAGAAGTGTGCGGATTACAGATGAGCGGGCCTATCGCATCGCATTCGCTCTGGATTGATTCAACTCGTCTCATCGGCCAGTCGGCGGGATC
TTTGCTGTTTGCTTGTAGTTTTATTTAGGTATTGGTTTTTGCTAGCGTTGGTATTGTTAAATCTTTTGCGATTTCAATTGATTCATTCAGCGGTT
ACTGCTTGTTTATGCTTTTGCAACGGTTGCCAATTTCCACGATTAACCATTTAGAAAATGGTGTCCGATAGTCATTAACTAAGTTTTTCGATACG
AGTTATGCTCACAGAGCGCTGGACGTTTGGTTGTACGCGTTTAACCATTTGCAAGATGGTGGTTGGCTTATACGGAGGGGATCAAGATCGAATGT
TCGATATCGCGTGGCATTAACAAAATAATAACTAATTGTCGTGATAGCGGTGGATGCGAGGTGGAGAAGTACGAGCATTTTGGTTATGAACACGT
TGATATTTACATCTTGCATGAACTTTTTGCAAACGGGACGAATGTCCTTGCTCAATGTGGCAGAGAACATCATCACTTGTTTGCCGTGCGGCGTG
CTACGGAAAATCTCTTGAACGTCACGACGCATATCTAAAAGAATGGTTTGGTTATTAGTAAAACGTCCGTCATTTGGTGATTATTAGTCAACTTA
CCCAGCTGCTCCAGCATCTTGTCGCACTCGTCGAGCACAAAGTGCTTCAAAAGCTTCAGATTAAGTTTCTTGTTGCGAATGAGGGCGAGAATTCG
GCCAGGGGTGCCCACCACAATATGCGGGGTGCCGCTCTTGAGGGTCTCCTCGTCCTTTTGAATAGCCATTCCGCCAAAGAAGACAGCCACCTAAA
TAGAAAACATATCGAATTAATATATAGTAACTATATAGTCGAACCAAACTTTTTGTTGAATTATATACAATGGATTAAAACGTAGACTCACCTTG
ACTGTGGGCATGTACTTGGAGAATCGCTCATACTCCTTGCTGATCTGGAAGGCCAGCTCGCGGGTGTGGCACATGACCAGGACGTGGCAGGTGTT

GTTGTCCGACGGCTCCAGCTGCTGCAGCGTGGCCAGAACGAAGACGGCGGTCTTACCCATGCCGGACTTGGCCTGACAGAGGATGTCCATGCCCA
GTACGGCCTGCGGAATGCACTCGTGCTGAACTGCAAGCGGAGAGCATCGTTAGTGACTGTACCTTTCGTCACTCCAGGTGGAGTGCAAGTACTCA
CCCTCCGAGGGATGCTCGAAGCCGCAGTCCACGATGGCGCGCAGGATCTCCGGTTTCAGGAGGAAATCGCGGAAGCCGGAACTGTGAATGGACAC
ATAGGTGCCCTTGACATCCTTCTTGGGGGCCTCCTGGTTTTCGACCGCAGTGGTCTCGGTCTGCTCCTCATCCTCGTAGTCCAAAAGATCGTCAT
TGTCGGCCATTTCTGCGGCTTTCTTACCTTTAACTAGTTATCGGCTATAAATTCGCAACTAAATGCTGGGAAATAAAATGGGTGCGACTAGATAA
GTTACATGTGTTTGTTAAAGAAAATGCCGCTTTTTTTTGCGGAACCGGTGCCGGCGTTCCCTCCGCCATTTTGTTTTTTCACCGCACCGCATTAC
ATGTATTTCGAAATAAAACGAAATACCCATTACAAGCGACGATTTTATTTAGTGCAGTGTGATTTTCAGTGTCAAACTCACCTTTTGTGCACGTT
TATCACTTTAAAATACAGCTTTTAAAGTGAAATTAACTATTTTAAAATCTTTAACGTGATGCGGAGGAAAAAACAGCGCAGAGCAGTGTGACCGA
AGTACGTTTAAGAACTCATGCGAGCTGAGCCGGGTGATATCGTTAAGTTATCGATAGTTGTGCACAACAAATCCATTTGTAAGCTTCAACTAAAA
AGTTTTTATAAAATATATGCCTTCTAACGCTTTAAATTAAAATGGCTTGTTGAGCTTAAATTTAATTTTTTTTTTATCATTTTGGGGTCAAGCGG
TTCTTAGTCTTTTATCTAGCGCGGCGTTTGGTCACACCAGGCATGCCGGAAAGTTATCGATTAGTCTCTGAAACCATCGCAACAAATTCGATTAC
ACGTTCCAGCGTCGGCCGCGTTTTCCTGCTGCAAGATACTTCATTTTCAAATTTGTGCATTTTCCGTTCGTTATAAAAAGTCAGGTGAGTTGCGC
TGCTATCTACGAGCATTAGGAAAACTTGTAGAAAAAGTTGAAATAACTGATTAAGTGCCGAACAATAGAGGCGGCACTGTTTCACTCAAAATCGA
AATAACCCCCCTGCCTGTATTAGTGTAAAGTCGCTGTAAATATTGAATTAAAATCGCCATATTGTGCAATTTTTGGCTCCTTATCAAATCGTTTA
AAGTGCGTCGACTGGATTAGCTAAGCGTTGCGATTGATTAAACTAGTATTAGCCGCGCCATTTGCCTCCACGCCCATAAACAAACGCCGACAAAC
TCACTTCGTTTTCCTCGTCCGCTTTAGTACAGTCGCTTGAGTGGAAAGCGATGTGCGTGTGTGTGAGTGAGACGTAGAGGAGACTGCGAGAGAGA
GAGAGAGCGCGTTAGAGAAACTCGTTTAGCTTCTGTTTTTGAGCGTTTTGTGCGTTTCCCCTCTTTCGTGTTCGGTTCTGTTTGGAATTTTATCA
GGGCGCAAAAATAACATACCCTACACCGAACGAAAAAGTTCAAATATAAGTATTGCATATAAAACGCGTTTAGAAGGCACGCAATTGTGTTATTC
AACTTTTCTTCAAGTGTTGTGTCCTAAAGAGGTCAGTCACAAAA
(SEQ ID NO: 811)

Exon: 3794..3692
Exon: 3485..3232
Exon: 3165..2942
Exon: 2845..2662
Exon: 2599..2481
Exon: 1809..1678
Exon: 1618..1216
Exon: 1153..1001
Start ATG: 3430 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT22389
ACACTGCTCTGCGCTGTTTTTTCCTCCGCATCACGTTAAAGATTTTAAAATAGTTAATTTCACTTTAAAAGCTGTATTTTAAAGTGATAAACGTG
CACAAAAGCATTTAGTTGCGAATTTATAGCCGATAACTAGTTAAAGGTAAGAAAGCCGCAGAAATGGCCGACAATGACGATCTTTTGGACTACGA
GGATGAGGAGCAGACCGAGACCACTGCGGTCGAAAACCAGGAGGCCCCCAAGAAGGATGTCAAGGGCACCTATGTGTCCATTCACAGTTCCGGCT
TCCGCGATTTCCTCCTGAAACCGGAGATCCTGCGCGCCATCGTGGACTGCGGCTTCGAGCATCCCTCGGAGGTTCAGCACGAGTGCATTCCGCAG
GCCGTACTGGGCATGGACATCCTCTGTCAGGCCAAGTCCGGCATGGGTAAGACCGCCGTCTTCGTTCTGGCCACGCTGCAGCAGCTGGAGCCGTC
GGACAACAACACCTGCCACGTCCTGGTCATGTGCCACACCCGCGAGCTGGCCTTCCAGATCAGCAAGGAGTATGAGCGATTCTCCAAGTACATGC
CCACAGTCAAGGTGGCTGTCTTCTTTGGCGGAATGGCTATTCAAAAGGACGAGGAGACCCTCAAGAGCGGCACCCCGCATATTGTGGTGGGCACC
CCTGGCCGAATTCTCGCCCTCATTCGCAACAAGAAACTTAATCTGAAGCTTTTGAAGCACTTTGTGCTCGACGAGTGCGACAAGATGCTGGAGCA
GCTGGATATGCGTCGTGACGTTCAAGAGATTTTCCGTAGCACGCCGCACGGCAAACAAGTGATGATGTTCTCTGCCACATTGAGCAAGGACATTC
GTCCCGTTTGCAAAAAGTTCATGCAAGATCCCATGGAGGTCTACGTCGACGATGAGGCCAAGCTGACGCTGCACGGACTGCAGCAGCACTACGTC
AATCTGAAGGAGAACGAGAAGAACAAGAAACTGTTCGAACTGCTCGACGTGCTCGAGTTCAATCAGGTGGTCATCTTTGTGAAGTCTGTGCAACG
TTGCGTGGCTCTGTCGCAGCTGCTGACGGAGCAGAACTTCCCCGCCATCGGCATCCATCGTGGGATGACCCAGGAGGAGCGTCTGAATCGCTACC
AGCAGTTCAAGGACTTCCAGAAGCGCATTCTGGTGGCCACCAATCTCTTTGGCCGCGGCATGGACATCGAGCGTGTGAACATCGTGTTCAACTAC
GACATGCCCGAGGATTCCGACACCTACTTGCATCGCGTGGCCCGTGCCGGTCGCTTCGGCACCAAGGGACTGGCAATCACATTCGTTTCGGACGA
GAACGACGCCAAGATACTTAACGAAGTACAGGATCGTTTCGATGTGAACATCAGTGAGCTGCCCGAGGAAATCGATCTCTCTACATACATTGAGG
GACGCTAGAGCTCGAAGGTGCATGTTAATCGGAACAAGACTATGCACTTCGAATAGATACAAACCTAAAACCTTTTTTAAAACTCTACTTTATAA
CTAAATAAAAACTATTCAGACAATGTGTTGACAAACAAAAACGGAATTATAA
(SEQ ID NO: 812)

Start ATG: 159 (Reverse strand: CAT)

MADNDDLLDYEDEEQTETTAVENQEAPKKDVKGTYVSIHSSGFRDFLLKPEILRAIVDCGFEHPSEVQHECIPQAVLGMDILCQAKSGMGKTAVF
VLATLQQLEPSDNNTCHVLVMCHTRELAFQISKEYERFSKYMPTVKVAVFFGGMAIQKDEETLKSGTPHIVVGTPGRILALIRNKKLNLKLLKHF
VLDECDKMLEQLDMRRDVQEIFRSTPHGKQVMMFSATLSKDIRPVCKKFMQDPMEVYVDDEAKLTLHGLQQHYVNLKENEKNKKLFELLDVLEFN
QVVIFVKSVQRCVALSQLLTEQNFPAIGIHRGMTQEERLNRYQQFKDFQKRILVATNLFGRGMDIERVNIVFNYDMPEDSDTYLHRVARAGRFGT
KGLAITFVSDENDAKILNEVQDRFDVNISELPEEIDLSTYIEGR*
(SEQ ID NO: 813)

Name: DEAD box helicase
Classification: RNA_binding
Gene Symbol: Hel25E
FlyBase ID: FBgn0014189

Celera Sequence No. : 142000013383821
TTGTTGTTGCATGTGAACTTTTTCGTATCCCCCAACGAACGAGAGAGCGAGATGGGGCTATGCTATGCGACTGCCGAAATAAGAGGGCCAATTTG
TAGTTGTAGTTCTTGTTGTTGATGTTCTTGCTTCTGTTATTATTGTTGATGTGGTTCTTGCTGTTGTTGTTGATTTTGCAGGGGACCCCCAGTCG
TTGTTATTGTTGTTAACGCTCCTCTTTTATCCGCTCTGCGCTTTGCAGTCCGCTTTGCCGTTAATTATTTTTTCACTCCTTCGCTTTGTGGCTCA
TCTTCGCTTTATCCTGCGCGCACCGCACTCACTCTTTCTCGCTCGCCCTCACTCACTCACACAGCAGTAGCAGCAGCAACAACAACGTTGCACAC

AACATCAATATATTGGATATATATCAACACTTTTTCGCCTGCGTGCTTGTCAGTGTGTGTGTGCATGCGTGCGCTTGTCGATTTTCACTGCCTTC
TTTTCTTTGTGTGTGTATATGCGCTGCGCGTTGTGTTTGTCTGCGTCTGTGCGTGTGTTAGGTTTACGTGTGTGTGTGAGTGAACGAACGAAATG
CGTTTAGCGAACGTTTTTTTAAAAAATCCTTAAATTTTTTGTGGATTTTGGCGATTACCGACACTTAAAACGGCACTGCACACGCGTCCCCGAAA
ACAACGGCACCTAGATTCGCTGGCCGAGTTACGATTTGTTTGATGCTACGCACGGTTTTCGGACACTTTTACACGGGGCTTTGTTTTTACCCATC
GCATCGTCGACTCTTTTGCTCCTAAACGTTGTTGGTGTTAGTGGTCAGCGATAGTGCTCACACACTCGATATGGGTTTTCGATCATTTTCGGCTG
AATATTCGATAAGGTCAATAGTATCGGTTTTCCGCGTACGATTTCCCAGTTTTCAAATGACGGTCACACTGACATTCATTCTTGACAATCGATAG
TTTTTGTCGAGTGACGCTCTTAATATCGAAAAACCATAAGTAACGATAGGCCCATTTTGTTGGTGGTGTTCACAATCTTCTCGCGCTTTCCCAGG
AACTGGTCAAGATGCCCATCGCCGGGCTGTGCATCGAACTGCGCCCGAACCTACGCAGCGGCGTGGTCTTCCTGCGATTCGACCAACAGGTTTCG
CAGAGCCAGAAGACTCGCGTCGTCGTCCGCGACTACAATGTTTATATCAGCGAGAAACCTAAGAATCAGGCAATCGACTTGGATTCCAGCTCCGA
AAGCGACAGCGAGGACTCCGACAAGCTGATGCTCATCCGGCACGCGCAGTATGGTATGGACATTGTCTGCCTGTCCACGTTCTTGGTCAGTGGCA
GGAACATCAGTTTCCGCTTCAACTACAACCAGATTGATCTGGCCAGCGTGGATGGAAGCGCTGTGGACGTGCCTCTGGCGCCACTACTCCTCTCC
TGCCAGGAGAACGAGCCCATCACTATCAACTGTCGTGATTGCCGAGCGGAATTGGTGGCAGGCCGAAGCTATCGCAGGTTGAGGGAGTTTCCCAG
CCTCTTGGTGGATCCCACTGAGTTCTTTTGCCACAATCATGGACCAGCGGGCAAGACCCAACCAATTAGCTTAGTGCCCGCCGAAACGGATCTTT
TCTATGGCCTCAACTATGTGGTCATCAACTTTAACGAAGAAAGTTCGTGCATGCTCAATCGCGACGATCACTTGTACTGCCAGCGCTGCATGCGT
TATTTGGGGCTGACCATGTTCGATGGCGCCGCCGCTCGCATCTGGGCTGATGCAGTACGTTGGCGTCCCGCAGGAGCGGCGACAAATGCCCCCGA
TCGCCACTTCTTCCAAAACTCCACGCTAACGCAGCTTTTCAAGCGTCTGCTGCACTCGCTGTGGCCTCAACCGTTGCCTCAGCTCTGTTTGAACA
CCAGTCGTGCGGTGCTGGTCACCTCGCTGCCCAACCGAAATCAGCAATACATGTTTTTGCACGTGGTGGAGTCACAGCTGCGTGTGCTGCGTCGC
ATTCGCCCAAATTCGAACCGACTACGCTGCTTTCGCGCCTGCAAGCTGTACTACGGCGTTTTTGGAGCCAATCCGCCGCTGCTGGAGAAGTGGCA
GGCGCAGCAGACGCTGCCCCAAATGGATGTATCACCGAACATGTTCCTAAAGATTCAGAAGCGCCTCGAGACGAATGGCCACTTGATTCCGGACG
CCTTGAGCACGAACTGTGCGGAGGAGCACCTGCAGTTGTCGTACTTCTTTTATGAGAACGAGGATCAACACGACGGCGGGGTCGTCGCTTCGGAT
GTGTTTACGGATCAAATGAGCAACGTGTATCAGAAGGAGGTGGATCCGTACGAGACGGATGCAGGACATGCCAGCGAGAGCGATGACGAGTACTC
GGATACGGACACCGCTTCGGGGGACACGGCGGCTTACTCGCTCGGCATGCGTACCCTGCAGAAACGCAGCCCCACTCCGCCGCGGTCTTTCGCCA
AAATGGCCACCTCCGCCTCGCCGGAGGACAAGTAGTGACCCAATCCGATTCAAAAATCAAGCATAGCTTGTATGTCGGAAACTATGTTACTTGTT
TTCACTATACAAAGACGGACTTGGCCCAATAATTTGTCAAAGATATTTTTTTTTTAAAGTTAGCCCTTGATTGATAATCAATTCCATCCAAAATA
CTTTACTATGCCTTTGATTCAAATCCTCACATCCTTTGCTTTTGTTTATCGTTATACATTCGCTTAGAATGAATTAACAGTACGCGGAATTGATA
ACGCCAAAGACTATTTATTGTTTTGTGAAGAAAATTTTGATTTTATTGCTTGACTCGATCGTTATATATATATATGTATATTATATATAGTTTAA
CAAACGTTTTGCAACAAGTATTAGCTGGATAAACGACTTCTATATATATGTATGTACTAGCACAAATGCAGTGCGTTCCGTGACTGTAAGTGCCA
ATGTCTTGGCCTTACAGCTGCGAAACGCACTGCACATGTTTTGAAGAAAAGTAAGAAGATTGTTTGCTTTTGCTTACACTTTGACGTTCCCTATT
AATTCACTTAAGTTAACGAGAAAAAAATGAGAGTAGAGTAATAGTTTAAAAGTAAAATTGAAATATTGAAAATATTCAATTTTAATATATTTTCA
AAGAACTGAATTAACAAGTTTTCCAAAATGTGACTTACCAAAACAAAAAAAAAAACAAAAAATGGACTAAACGAAAAAAGAAAAGTTATTGCTTA
CGAAAAACATATATTATAAATATATACTAATATACTTCAATATGTTTCCAGAAACAAGATTAAAACAGAATATGTATGAACTATGATTTAGCTGC
GTAAACATTTACACACAACTATTATTGTCCAACATTTGTAATTCTGTTCGCAACTACGCATGTCAACGAATAGCCGAGAAAAATTGTAATTTCAA
AACTCTGATGTAAAGTATATGGAAAACAACTATTTATATGTATATATTTAAAGTCAAAATGGGATGAATGTAAGGCGGAGCAGTG
(SEQ ID NO: 814)

Exon: 1001..2505
Start ATG: 1057

Transcript No. : CT22601
CCCATTTTGTTGGTGGTGTTCACAATCTTCTCGCGCTTTCCCAGGAACTGGTCAAGATGCCCATCGCCGGGCTGTGCATCGAACTGCGCCCGAAC
CTACGCAGCGGCGTGGTCTTCCTGCGATTCGACCAACAGGTTTCGCAGAGCCAGAAGACTCGCGTCGTCGTCCGCGACTACAATGTTTATATCAG
CGAGAAACCTAAGAATCAGGCAATCGACTTGGATTCCAGCTCCGAAAGCGACAGCGAGGACTCCGACAAGCTGATGCTCATCCGGCACGCGCAGT
ATGGTATGGACATTGTCTGCCTGTCCACGTTCTTGGTCAGTGGCAGGAACATCAGTTTCCGCTTCAACTACAACCAGATTGATCTGGCCAGCGTG
GATGGAAGCGCTGTGGACGTGCCTCTGGCGCCACTACTCCTCTCCTGCCAGGAGAACGAGCCCATCACTATCAACTGTCGTGATTGCCGAGCGGA
ATTGGTGGCAGGCCGAAGCTATCGCAGGTTGAGGGAGTTTCCCAGCCTCTTGGTGGATCCCACTGAGTTCTTTTGCCACAATCATGGACCAGCGG
GCAAGACCCAACCAATTAGCTTAGTGCCCGCCGAAACGGATCTTTTCTATGGCCTCAACTATGTGGTCATCAACTTTAACGAAGAAAGTTCGTGC
ATGCTCAATCGCGACGATCACTTGTACTGCCAGCGCTGCATGCGTTATTTGGGGCTGACCATGTTCGATGGCGCCGCCGCTCGCATCTGGGCTGA
TGCAGTACGTTGGCGTCCCGCAGGAGCGGCGACAAATGCCCCCGATCGCCACTTCTTCCAAAACTCCACGCTAACGCAGCTTTTCAAGCGTCTGC
TGCACTCGCTGTGGCCTCAACCGTTGCCTCAGCTCTGTTTGAACACCAGTCGTGCGGTGCTGGTCACCTCGCTGCCCAACCGAAATCAGCAATAC
ATGTTTTTGCACGTGGTGGAGTCACAGCTGCGTGTGCTGCGTCGCATTCGCCCAAATTCGAACCGACTACGCTGCTTTCGCGCCTGCAAGCTGTA
CTACGGCGTTTTTGGAGCCAATCCGCCGCTGCTGGAGAAGTGGCAGGCGCAGCAGACGCTGCCCCAAATGGATGTATCACCGAACATGTTCCTAA
AGATTCAGAAGCGCCTCGAGACGAATGGCCACTTGATTCCGGACGCCTTGAGCACGAACTGTGCGGAGGAGCACCTGCAGTTGTCGTACTTCTTT
TATGAGAACGAGGATCAACACGACGGCGGGGTCGTCGCTTCGGATGTGTTTACGGATCAAATGAGCAACGTGTATCAGAAGGAGGTGGATCCGTA
CGAGACGGATGCAGGACATGCCAGCGAGAGCGATGACGAGTACTCGGATACGGACACCGCTTCGGGGGACACGGCGGCTTACTCGCTCGGCATGC
GTACCCTGCAGAAACGCAGCCCCACTCCGCCGCGGTCTTTCGCCAAAATGGCCACCTCCGCCTCGCCGGAGGACAAGTAG
(SEQ ID NO: 815)

Start ATG: 57

MPIAGLCIELRPNLRSGVVFLRFDQQVSQSQKTRVVVRDYNVYISEKPKNQAIDLDSSSESDSEDSDKLMLIRHAQYGMDIVCLSTFLVSGRNIS
FRFNYNQIDLASVDGSAVDVPLAPLLLSCQENEPITINCRDCRAELVAGRSYRRLREFPSLLVDPTEFFCHNHGPAGKTQPISLVPAETDLFYGL
NYVVINFNEESSCMLNRDDHLYCQRCMRYLGLTMFDGAAARIWADAVRWRPAGAATNAPDRHFFQNSTLTQLFKRLLHSLWPQPLPQLCLNTSRA
VLVTSLPNRNQQYMFLHVVESQLRVLRRIRPNSNRLRCFRACKLYYGVFGANPPLLEKWQAQQTLPQMDVSPNMFLKIQKRLETNGHLIPDALST
NCAEEHLQLSYFFYENEDQHDGGVVASDVFTDQMSNVYQKEVDPYETDAGHASESDDEYSDTDTASGDTAAYSLGMRTLQKRSPTPPRSFAKMAT
SASPEDK*
(SEQ ID NO: 816)

Celera Sequence No. : 142000013384221

GGTTCCAGCCCAGCAATTAATTTGTGGCCTGGAGCGTTTTAATTACTCAGCATCAGTGTGCGCGCGAATCTCGGTCAGGTGAGACAAAGCCACAT
ATGTATATCCGTTTCCCCGTAACTCCCAACTCACCCATCCAACAACTAAGGGCCAGGCCACAAAGCCAGCAAAGCGCTAACATCTCTGTACCAAA
GTCGACGTCACTGTGCCACGGGAATCGGGTGTGTGGATTTTATAGCGTACGATAAGCTAGACGAGGGCCAGGTGTCAATCAAGACTGGAGTTTTG
GACGGACTGCTGGCCAGGTTGAAGCCTCGGTCGGAAGGGTCTCGGCGTTATCATTCCAACTCAGTTGGGCGTCCCAAGCGCGGCGCTGTTAAATT
GGGTTAAGCCCAGTTCATCGGTGCATACTAATCTAAGGTGCGTTGCCCCGGTATTGAAAAGTGGAACAATATAAATATTTGAAAATATGTTCGGT
AATTTAGTTAAATAAGTTACAATAACAATTACATTTTTATAAGTGTTTTTATGAAAAATGCTACATCTTATGTACACATAGATTAAATATTATTT
AGATTTTCAGCGATGGCTATGTAAATTTTTCACAAATGCAATACTTTAATGCACTAACATTATAACAAATTTCAAATTTATAGAAAACTTTAAGT
ATTCAAAATCTAAAACGGTCATGTAAAATACCATACATCAAACCATGTAAGCATACATCTTACATGTAAAATATTGCTGGCATTTGACCTAAGTA
GATTAAGTAGATTACAAAAATATGTAATCCGCAATTTCAAAGAAACATTTTTGAGTGCATCTTATAAAACTCTATTTTTTGCCAATGCTATGTAA
AAGAATAATTAAACTTTGTTAATTGTTGGGTGCGCAAATGAGTAAAGCCAGAATTACGTGGCCTATTACATTGCCTAATTTTGTTTAGTATATCT
AGATGTGTTGTTGCATTTTCGAAAATATCACTTGCTGCCACACTGGCTGTGCGTCATTTTCAGAAACGCCGCGAATATTTTGCCATTGAAATCTA
GCTAAGCATTGGAATTTCGCAACGTGCAGCAGCAAAGCAAACTACAAACATGTCGGGCACATCGCAGAAACACAGGAACTTCGTTGCGGAGCCAA
TGGGCAACAAGTCGGTGACGGAACTGGCCGGAATTGGGGAAACCCTCGGTGGACGCTTGAAGGACGCTGGATTCGATATGGTGCGTGTGTAAATA
CGATGACGCCATGTGCGCAAATAAACAATGCCAGTCAAGTGCTAACGATCATTTCCATTCGTTTTAGGCCTACACCGTTTTGGGACAGTATCTGG
TGCTGAAAAAGGACGAGGAGCTGTTCAAGGACTGGATGAAGGAGGTGTGCCACGCCAGCTCCAAACAGGCATCCGATTGCTACAACTGTCTCAAC
GATTGGTGCGAGGAGTTCTTGTAAGAGGTGGACACACAAGCCATCCGAGTAATTCGATCAAAAGGAATCTGCTAAAGGCATCGGCCAATCATTTT
TATTCGCAGTCAACGAAAGTGGCCCAATGCTAGCTAAGCATTTGCCGTGTTCACTGTTAGTATGTATAGCTGTAGGGTGTAATTTAATGTCTAAT
CCGAATAAATGTACAGTCATGGAAACGATCCTGCATTTGGATCTCTGTTCTGCGAAAAGTACAGTAGGTGTAAAACATTTGTTGCTGGCCGGCGA
AGCAGCCTAATGCAGATTTTTATTAATTTGATTAGGGGACAACAATAAGCAACACTATAGAAGGCAGATCGGTTGGCGACTATATCTTCTCTATG
TTTTCGATTGTTGGCGAGTAGGAGTCTCTGACTCGCTGAAATAAGCCTCTGTCTTTTTGATGTTTCTTTATCAGCGGGCTGATGTCGCCTAATTT
TGAAATCTATTTCTTTTTGTTTTTCGGAAATGATCTTTTATAATGATGGACTTAGAACCTTTTAAATCCCAATCGCTGTTTTGTTTGGGGATTAT
GTGTAAGCGGTTAATATATATTTTATAATGAAACCCCTTTTGTCAAAATTAATTGTCCTCGAGTAATTAATTAGTACCGAGTATTTGATTATAAA
TACAACTTTTTTTAAATAAAAATATATATTTTTAAAAACTTATTTTTAAAGTGAGTGGTATTAAATAGGATTTCTTTTCCCTGAAGTGGTATCAT
ATGGTATTTATTTTTGGTCCCGTGGTATTTTTTATCGTTATCGGCGCGGTCACGCTGCTAAGAATTACATTACGCGTGAATACCAATGAAAATTA
AGAGAGAAATTGCAAAACACAGCCAAGCGGTGCAATAAATCGCAAAGTAAGAGGCGCAAAACGCGCAAATACCGTTTGCGCGGTTAAAAAATGCA
AAAACACCAAACGATAGATTAAACAAAGTGAAATTAACTCGGCTTTGGCATATGCGAACACCAGTGTGCCAGTGTGTGTGTTTTTCTTTGTAT
ATAGACTCGCAGAGCGAGACGGCCATACACGACGGCAGACGGGACGGTGCAGGTGCGCGAGTGCGAGCGGGAAAAAGGCTGTGCGGTCACTGCTA
CTCTGTGTGTTATTTCAGAGTTACAGGCCAAACATTCTGATGTGCGGCCGAATCAAATCGACTTTTTGTGTGCATCGCCCCAGCGTTCGTCTTAA
TTAA
(SEQ ID NO: 817)

Exon: 1001..1220
Exon: 1303..1664
Start ATG: 1095

Transcript No. : CT22713
GCGTCATTTTCAGAAACGCCGCGAATATTTTGCCATTGAAATCTAGCTAAGCATTGGAATTTCGCAACGTGCAGCAGCAAAGCAAACTACAAACA
TGTCGGGCACATCGCAGAAACACAGGAACTTCGTTGCGGAGCCAATGGGCAACAAGTCGGTGACGGAACTGGCCGGAATTGGGGAAACCCTCGGT
GGACGCTTGAAGGACGCTGGATTCGATATGGCCTACACCGTTTTGGGACAGTATCTGGTGCTGAAAAAGGACGAGGAGCTGTTCAAGGACTGGAT
GAAGGAGGTGTGCCACGCCAGCTCCAAACAGGCATCCGATTGCTACAACTGTCTCAACGATTGGTGCGAGGAGTTCTTGTAAGAGGTGGACACAC
AAGCCATCCGAGTAATTCGATCAAAAGGAATCTGCTAAAGGCATCGGCCAATCATTTTTATTCGCAGTCAACGAAAGTGGCCCAATGCTAGCTAA
GCATTTGCCGTGTTCACTGTTAGTATGTATAGCTGTAGGGTGTAATTTAATGTCTAATCCGAATAAATGTACAGTCATGGAAACGATCCTGCATT
TGGATCTCTGTT
(SEQ ID NO: 818)

Start ATG: 95

MSGTSQKHRNFVAEPMGNKSVTELAGIGETLGGRLKDAGFDMAYTVLGQYLVLKKDEELFKDWMKEVCHASSKQASDCYNCLNDWCEEFL*
(SEQ ID NO: 819)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013383755
TTGCCCGACAGATCCAGCTCGCCGAGCGACTGACAGAGCTTAGTGCCCCGCAGCCAGCACCAGTCATTCTGAGTACCCAGTAAGTTGTTGCCCAG
GTGCAGCGAGGTGAGCGGAAGACGACCCAGCTCCGAGGGAATCTAAAAGGCAGAATTAAGCTTAACTCAGTGGTCTAAAATGATAACTAATTAGT
CAATCCACCTTGGTCAGCTTGTTACCGCTGACATCCAGCTTTGTGAGGTTGCGCAGGGTGCATATCTCGAAGCTCAGCTTCACTAGCTGGCTGTT
GTTGATGGTCAGCGATTTGAGGGTGCGCGGAAATCCCTTGATGGGATACTCGCTCCGCTTGCTGATTACCATGCGCACCTGGGGCTGTGCCTTCT
GCGGAATTGCCGTAGCGGCGTTTATGTTCAGTCTCAAATTGATGGCGTCCTTGCCATCCATGCCCAGCTTGAGGGTCTGCAGGAATCCTTTCAGC
TGGATAGGATCGCACTTAATAAGCAGGTTATCTGGCGGCTGTATGAAACCAATGGTGGTCTTCCCATCCAGCACAAACTTGGTGTGCACGACATG
AATGTTATCCTTGACCTTGTAGCGATTTCCAGTCTTGTTTTGTCCACTAAAGAGCACCATTTCCAGCTCCTTCTTGGTGTTTCCATTCGCATCCC
TGGCGCTTTGCTTGTAGCCAATGGCCAGTGTGGATTTCACGGGACGTGGCGTTTTGTTCGTCTGGGTGGCGCGATTCACCACCTGAACTTCGCAC
AAAATCTTCATGGCGAGGCAGTGATTAGACAATAAACAAAAAAAAAACCCGCTAAATAAAACTAAACATTTGTTTTGGCCTCAAGAGTTGCCACC
TGATGGTTGGGACAGCTGATGATATCGAGCAGCCATTCGATAGTTAGTGGTGGACCACATACCGATGTTTTGGATTTTAGGAACTAGTTTCTAAG
AGCAGCATCAAAAGCTCTCGAAAAAAAAAACAATTGGCGCAGGACAAGTTACAAAACCAAAACAAGCAACGGCAATTGTTTAAAAACTGCAAAGTT
ACTCCCATTTAAATACCGGAAAATGTTATTTCGCAAGGCTCGCCGACACTTTCTGCCGTTCTACATGTTCAATGGATTCTTGTGACAGCGCAACG
AACGATATCAGCGTTTGCGTTACAATAGCTCAAATATTGGTCATCCGAGGCATGAGCTTACAGTAAGTAATGTGTGCAACATATGGAGCAAGACA
GTGGTCATGCAATACAAAGAACACTCAAATTTTAAAAACTGAAATAAAATGCAAAAATGTTTCTGCAGCACAACAGCCTGTTGGACAACTATGCG
AACAGCAATGTGATAATAAACATTGACAACTGCGCGCTCTACAGCACCAATGTAAGAATTTAAATCTCAAAACCCATTTCGAATACTAACGATCT
TATTTTCTTTTCGCTGATCTGGCAACGCCAAGCGGCCAGCTGATCGAAAGTCGATAACCGACGGCTCGCACGATCGACAGCGACGTCGCCGCCAG
CGGTTTTTAGTCATTTTTCGGTTTTTCTGCGCAACGGTCGCTTTCGGTTTGGCAATCGCCTGCGTCATCTACACGCTCCACACAATGGGCTGGAT

TTTTGCTGTGCTCGTCGCACTGGTGGCTCTGCTACTGACGAAACCCGGCTGGCGCTGGTTCTACATAGCGGGTGCGACCGCTAGTCGCGATCTAA
CGTGAGTGCTGCTCTTGTACAGGGAGGGCATACTGTACCCAAGACCAAGTCCAGTGATAAGTTTACAATACCGCCCCCGTGCGGTTTGCATTTCA
ATACACAACAACATCTTGGGGGCTTTTCTTTTGTGAATCGATTGAGAACATAAGCGAACTGAAAAATCAGCCGAGTGCGAGGTTCACTTCGTAGC
CGAAAGTCAGAAACCACAGTGGAAAAAACTCGTTTTCCATCTATTTGGGTCGCCAACAGCAGCATTCATTTCCAGTTGGGAAAACCATAAAAGAG
AAAACTTAACTGGCGAAATGATCCATGCGACATTGTGACGAATAGTCAACGCAAATTATTAGTTTTTGCCACTCGATTACGAGCAGTTTATTGAC
TTCTTCAGGTTCAAGGTCGCACAGCCCAAAAAAAAAAAAAAAACCTACGAGAAACCAAAACAAAACTCGCTTTTATTTACCATTGACTTCATACGA
TCGTCGCCCAGCGAAACCCTCCGCGCATACTAATCGATCCGAATGCGATCGAGTGCGTCAGGCGGAAGACCACTGGCACACTAACCGATCTGTTC
TTGAAAACGTACGCCAAAGAGCCAAAGCTTGGGTCATTATGATGGCGGAAGTGTCGCCTGCGTCTTGGAATTTTCGTTTTTCCAGGGTTGCCAGG
GCTACTTACATTTTGAAATTTTGCAGAAAGGTTATTAAGTATTCAGAATTTTTAAGCAGCTCTTTACTTTTAAAATTGTTATAGTTAAGAATGTC
TAGGACTTGGATATCAAAGTAAGTTTGCTAACCTCATAAATAGTATAAATTTAAAGAAATTACAATAATATTATAAACCACATAGATTTTTAATT
TTTAAGTGATTCACTTTTTTATGGCTACAGTGGAAGTGTTAAGATTCCAGGGTTGCCACGGCAAGCCAAACTATACCAATTGTAGACCAAGCAAT
AAGCGAACGAAAAGCTTGTCAAAATTATGTATGTCTCATCAATATACTTTGTGTCGTCTGTCGTTACGATAATTAAAAAAGCGGAAGTGTCGCCT
TTTGACTTGTGTATGTATTTTGAAGACGGCTATAGATATTGCTTTTTAGCACAGGTATTGTTAGTAATATACATTTTTACAACCAAAACCATCTA
ACCAAACACCTTAACTAATAGGAGCAAAATCTTTACACTTCATTTTAACTAAGTATTTTAAGATTCAATTAAGTTTGAATTGAGCTATAGCCTTC
GCAAATATTCACACATTGCAACGCATTTTACAAAATTATGTTTGACCATAAATAAGGTTAAATACGTAAAGTTATAGCTATTAAAATAGCAAGTA
TTCTCAGCAGCATTTAATTTGCTCGGCAGTTTTCGCTTAATGAGTCAAACTCGGCAGATCAAGTTCCATGCCAAGGCCAACACTGGTTTCCCATT
TACCCAGCTCGTCTATATGGCCATTCGTATATTTCGCGCTCACAACAGATTCTTAAGATCAACTTCAAGTCTGGCCGGTCAACCTTGGCCACGTA
TCGAAGTTTTTTGCTCGGCCACCAAGTAGACGAATCCAATCTGCGGGCAAACATGTGCAGCAACTCCAAAAGGAGCCAAGCAAACAAAGCACTCG
ATGGGGGTCATAAGGCCTGATTAAAAACCCTATAAATACGCGGCTAATGTGCGTTAAGCGCTAAGCTAAGTTAACTAGCTGTTACCGGCAATCTT
ATCGACACTTCACTGCCCCGTTGACGGTGCAAAGTACGCACGGGTGCAAAGCGAATTCAAATTGAGATCGTCGTTGTGGTCGAGTCCCAAGTCGA
GTGTAGGTTTTTTTTCCCCCTTTTCTAATACAGTTCCCATCGAACTATTGTATTTGCGATTTGGATTAGTTCTACCTCACACTCTTTCCTATCGT
ATCAAATCTCTGTGGATCTTAAGTGCTTGCAAATGCCTTTCAGACCGTAGCATCAGCTCTTCTAGAACTTGTAGAGGAAACTATTAGTATTACAG
AGGCAGCTCTTTATAGTTTATACAAATTAATACCGTGTAACAACTTGAAGGCATCTATCTTTATAAGAAATACACATGATTACAAAAAAATCAAA
TTTCTAAACTCACATTTGTCAATACAAGTGCAATTTATTTCAACCGCTAGTCAATGATAAACATTATCTGCCTTCGTTCAGTGTGCAGGTTTATT
TATTTTGCCGATAGCTTCTTCAATATTGATAAACATGGGCCAAACAACAGTTACAGTTTAAGTATAAAACTCTTAATCCTCATAAGTGATAAGAT
ACTAAGATGTGTAAGAGTTCTGTTCCAATGATTATACGATTGCAAATGAAAATATAAACGTCAGATTTAGATATCTGTAGCTATTGGTTAAGCTT
TCTCCCGGAAAATTCAAAAGCCCTTGAAACTGGCTAAACAAATACGATTTTATCTCAACCTTCCCGTGAACTTTGCATTACTCAGCTCGAAATTA
GCAGCGTCATTAAGTTGTGGCTCGCATGGTCGGACTAGGTTACCACGTTCGGATTGAATTGCAACCACTTCGAGCGGGTTTATCTCTGGGTTTAT
CGCATCACGGCTGTTGCGCTTGTCGAGCTTCGATTTCTGTTGGCTATTTATACAGACCCCAACCACTAACCATAAAACACACGCGATTGATGGCA
AAGATAATGCCGGTACGGCTACTATCCTCGACTAGCCGCTAATCAAACACTTTCCCTCCAAAACTGAGTAACATATCAATATCCGTTGGTTATAC
ACGTTATTTGTGGATTTTCCATTGCAAAGAAGATACGCTATCTTCAAAAATATTGTCTAGTCAACACACTTTTATATAGCACTAACTAATTTAGC
ATTGTTCGTTTGAAGATTCCTCGATTTATCAGGTTTGATATTTAATTTACTAATCAAATTTCCCCTTAACAGAGCTCTCTGGGCCTATATCAAGC
TGCTGAGGTACACGAAGCGCCATGAGCGGCTCAACTACACGGTGGCGGACGTCTTCGAACGAAATGTTCAGGCCCATCCGGACAAGGTGGCTGTG
GTCAGTGAGACGCAACGCTGGACCTTCCGTCAGGTGAACGAGCATGCGAACAAGGTGGCCAATGTGCTGCAGGCTCAGGGCTACAAAAAGGGCGA
TGTGGTGGCCCTGTTGCTGGAGAACCGCGCCGAGTACGTGGCCACCTGGCTGGGTCTCTCCAAGATCGGTGTGATCACACCGCTGATCAACACGA
ATCTGCGCGGTCCCTCCCTGCTGCACAGCATCACGGTGGCCCATTGCTCGGCTCTCATTTACGGCGAGGACTTCCTGGAAGCTGTCACCGACGTG
GCCAAGGATCTGCCAGCGAACCTCACACTCTTCCAGTTCAACAACGAGAACAACAACAGCGAGACGGAAAAGAACATACCGCAGGCCAAGAATCT
GAACGCGCTGCTGACCACGGCCAGCTATGAGAAGCCTAACAAGACGCAGGTTAACCACCACGACAAGCTGGTCTACATCTACACCTCCGGCACCA
CAGGATTGCCAAAGGCTGCGGTTATCTCTCACTCCCGGTGAGTGCAATAGCTTTTCTGAACTAAGTTTAAATGGAAAGGTTCTAAACAAATTTGT
ACTTTAGTTATCTGTTTATCGCTGCTGGCATCCACTACACCATGGGTTTCCAGGAGGAGGACATCTTCTACACGCCCTTGCCTTTGTACCACACC
GCTGGTGGCATTATGTGCATGGGTCAGTCGGTGCTCTTTGGCTCCACGGTCTCCATTCGCAAGAAGTTCTCGGCATCCAACTATTTCGCCGACTG
CGCCAAGTATAATGCAACTGTAAGTGAGATTTATGGCCTAACTAAATCACTCTCTAATTTGGCTTTTGTGATTTCCAGATTGGTCAGTATATCGG
TGAGATGGCTCGCTACATTCTAGCTACGAAACCCTCGGAATACGACCAGAAACACCGAGTGCGTCTGGTCTTTGGAAACGGACTGCGACCGCAGA
TTTGGCCACAGTTTGTGCAGCGCTTCAACATTGCCAAGGTTGGCGAGTTCTACGGCGCCACCGAGGGTAATGCGAACATCATGAATCATGACAAC
ACGGTGGGCGCCATCGGCTTTGTGTCGCGCATCCTGCCCAAGATCTACCCAATCTCGATCATTCGCGCCGATCCGGACACCGGAGAGCCCATTAG
AGATAGGAATGGCCTATGCCAACTGTGCGCTCCCAACGAGCCAGGCGTATTCATCGGCAAGATCGTCAAAGGAAATCCTTCTCGCGAATTCCTCG
GATACGTCGATGAAAAGGCCTCCGCGAAGAAGATTGTTAAGGATGTGTTCAAGCATGGCGATATGGCTTTCATCTCCGGAGATCTGCTGGTTGCC
GACGAGAAGGGTTATCTGTACTTCAAGGATCGCACCGGTGACACCTTCCGCTGGAAGGGCGAGAATGTTTCCACCAGCGAGGTGGAGGCGCAAGT
CAGCAATGTGGCCGGTTACAAGGATACCGTCGTTTACGGCGTAACCATTCCGCACACCGAGGGAAGGGCCGGCATGGCCGCCATCTATGATCCGG
AGCGAGAATTGGACCTCGACGTCTTCGCCGCTAGCTTGGCCAAGGTGCTGCCCGCGTACGCTCGTCCCCAGATCATTCGATTGCTCACCAAGGTG
GACCTGACTGGAACCTTTAAGCTGCGCAAGGTAGACCTGCAGAAGGAGGGCTACGATCCGAACGCGATCAAGGACGCGCTGTACTACCAGACTTC
CAAGGGTCGGTACGAGCTGCTCACGCCCCAGGTTTACGACCAGGTGCAGCGCAACGAAATCCGCTTCTAAGAGCTGCAATAGAGTTGTGTCTGAA
CCTTGCCTTTTGCCCAATATGCTGTTAATTAGTTTGTAAGGCTAAGTGTAGTAGAGGAAAATCGGGGGAAATCGGCAGCAAAGATCATTCAGCCT
AGGAGAGATGCATCCGAAGCACATTTCCATGTCAACAATGCACTTTTGTATATCGTAAGCATATATATATCGTATATCGTAAACGTAGTTGTATC
TGCATTTGTGTAGATGATAGCCTCCTATACGCATTTCAATTGTTTTTAGCGTGCTAAAGAACCTTGTTAAATGCAATTTCAGCTATTGTTTAGTC
AGTTTTAGTGGCATTTACACTTCCATTCTCGTTGCGTTTCGTTTTTGCCTGTACATATGAGAAGCTCTGATGTTTTTGTATCAAATAAAGTTTAT
TCCTTCACCACGGACCACGTATTTAAATTCGCAGTCTATCGTGCGGCAGAATGACACCATTCCACCTGCATACAAATGATTATGTGCGATTCGCT
CCTCGACTCTCCGATCTATAGAAATGCATAGAGATATACTTACACTCATACCCATGCTGTGAGTATTCAATTAACCAAACTTGAACCTTGTCGAC
GTTCAAGTGCATGAAATTAACGAGAATTTTTAATAGCATTATATAATAATCTGTGAATCAGCTAACGACAATAACGTTTAATAGAAGATGCGCCC
TTAATTTAATTATGGTTCTACTCCGCTTTCTGTGATTTTTGAAAAGTTGAGAATATAACTACTCACTGCTTGCTTACTCTTTCATTATCGCACTA
TTAGAGATACCCATTTAATGGACAGCAATTAAGGGGTAATTATATTCTAGCAGTTAGCTTGTTTAAGCCAGTGCTAGTATTGGTAGCATCATTCA
ATCAGAAAACGTTTCAAATCTTTTTGATATTTTAGAAGAATAATGTAACACAATGAGTCTTTCTTTCAAAGAAAAACCAAATAAAGTACTTACAC
ATCCACTTTTAAGAGAACTTAAAGAATATCTCAATTTCTTTGGAACATGCTTACTATATCTGGATATTAGGATGATAGTTCCTAATAGTTCAGAG
CTATTCCATTTGATATTAAACTTTGCAATGGAAAATTCAAATCAGTTGGAGGGCGGGCGAAAGAAAAAGCTCTTTCCCTCGCAGATCCTAAATAT
GACCAAGTGGGTGAGTCTTCCGGGTGACTGGCAGATCGGTAGGAAGCAGCAGCTAGTCGAGAACCGTTATCAGTGGCGGCAATAACAAGCGAGGC
TTCAATTCGCTTCCAGTGCAAAGAAGATTATTGCAGTTGCATTGCCGGGTGCGATCCGCCCAGTTGTCCACGTGTGAGTACGGATGATTGTCGAT
CGCTCGATCGATTTCATACAAAGTGTGTGAGGTGTTTACCTCGAGTCCAGAAAGTCAAGACC
(SEQ ID NO: 820)

Exon: 1001..1202
Exon: 1312..1381

Exon: 1458..1711
Exon: 4633..5262
Exon: 5328..5533
Exon: 5629..6947
Start ATG: 1192

Transcript No. : CT22721

CAAAACCAAAACAAGCAACGGCAATTGTTTAAAAACTGCAAAGTTACTCCCATTTAAATACCGGAAAATGTTATTTCGCAAGGCTCGCCGACACT
TTCTGCCGTTCTACATGTTCAATGGATTCTTGTGACAGCGCAACGAACGATATCAGCGTTTGCGTTACAATAGCTCAAATATTGGTCATCCGAGG
CATGAGCTTACACCTGTTGGACAACTATGCGAACAGCAATGTGATAATAAACATTGACAACTGCGCGCTCTACAGCACCAATCGGCCAGCTGATC
GAAAGTCGATAACCGACGGCTCGCACGATCGACAGCGACGTCGCCGCCAGCGGTTTTTAGTCATTTTTCGGTTTTTCTGCGCAACGGTCGCTTTC
GGTTTGGCAATCGCCTGCGTCATCTACACGCTCCACACAATGGGCTGGATTTTTGCTGTGCTCGTCGCACTGGTGGCTCTGCTACTGACGAAACC
CGGCTGGCGCTGGTTCTACATAGCGGGTGCGACCGCTAGTCGCGATCTAACAGCTCTCTGGGCCTATATCAAGCTGCTGAGGTACACGAAGCGCC
ATGAGCGGCTCAACTACACGGTGGCGGACGTCTTCGAACGAAATGTTCAGGCCCATCCGGACAAGGTGGCTGTGGTCAGTGAGACGCAACGCTGG
ACCTTCCGTCAGGTGAACGAGCATGCGAACAAGGTGGCCAATGTGCTGCAGGCTCAGGGCTACAAAAAGGGCGATGTGGTGGCCCTGTTGCTGGA
GAACCGCGCCGAGTACGTGGCCACCTGGCTGGGTCTCTCCAAGATCGGTGTGATCACACCGCTGATCAACACGAATCTGCGCGGTCCCTCCCTGC
TGCACAGCATCACGGTGGCCCATTGCTCGGCTCTCATTTACGGCGAGGACTTCCTGGAAGCTGTCACCGACGTGGCCAAGGATCTGCCAGCGAAC
CTCACACTCTTCCAGTTCAACAACGAGAACAACAACAGCGAGACGGAAAAGAACATACCGCAGGCCAAGAATCTGAACGCGCTGCTGACCACGGC
CAGCTATGAGAAGCCTAACAAGACGCAGGTTAACCACCACGACAAGCTGGTCTACATCTACACCTCCGGCACCACAGGATTGCCAAAGGCTGCGG
TTATCTCTCACTCCCGTTATCTGTTTATCGCTGCTGGCATCCACTACACCATGGGTTTCCAGGAGGAGGACATCTTCTACACGCCCTTGCCTTTG
TACCACACCGCTGGTGGCATTATGTGCATGGGTCAGTCGGTGCTCTTTGGCTCCACGGTCTCCATTCGCAAGAAGTTCTCGGCATCCAACTATTT
CGCCGACTGCGCCAAGTATAATGCAACTGTAACTACGAAACCCTCGGAATACGACCAGAAACACCGAGTGCGTCTGGTCTTTGGAAACGGACTGC
GACCGCAGATTTGGCCACAGTTTGTGCAGCGCTTCAACATTGCCAAGGTTGGCGAGTTCTACGGCGCCACCGAGGGTAATGCGAACATCATGAAT
CATGACAACACGGTGGGCGCCATCGGCTTTGTGTCGCGCATCCTGCCCAAGATCTACCCAATCTCGATCATTCGCGCCGATCCGGACACCGGAGA
GCCCATTAGAGATAGGAATGGCCTATGCCAACTGTGCGCTCCCAACGAGCCAGGCGTATTCATCGGCAAGATCGTCAAAGGAAATCCTTCTCGCG
AATTCCTCGGATACGTCGATGAAAAGGCCTCCGCGAAGAAGATTGTTAAGGATGTGTTCAAGCATGGCGATATGGCTTTCATCTCCGGAGATCTG
CTGGTTGCCGACGAGAAGGGTTATCTGTACTTCAAGGATCGCACCGGTGACACCTTCCGCTGGAAGGGCGAGAATGTTTCCACCAGCGAGGTGGA
GGCGCAAGTCAGCAATGTGGCCGGTTACAAGGATACCGTCGTTTACGGCGTAACCATTCCGCACACCGAGGGAAGGGCCGGCATGGCCGCCATCT
ATGATCCGGAGCGAGAATTGGACCTCGACGTCTTCGCCGCTAGCTTGGCCAAGGTGCTGCCCGCGTACGCTCGTCCCCAGATCATTCGATTGCTC
ACCAAGGTGGACCTGACTGGAACCTTTAAGCTGCGCAAGGTAGACCTGCAGAAGGAGGGCTACGATCCGAACGCGATCAAGGACGCGCTGTACTA
CCAGACTTCCAAGGGTCGGTACGAGCTGCTCACGCCCCAGGTTTACGACCAGGTGCAGCGCAACGAAATCCGCTTCTAAGAGCTGCAATAGAGTT
GTGTCTGAACCTTGCCTTTTGCCCAATATGCTGTTAATTAGTTTGTAAGGCTAAGTGTAGTAGAGGAAAATCGGGGGAAATCGGCAGCAAAGATC
ATTCAGCCTAGGAGAGATGCATCCGAAGCACATTTCCATGTCAACAATGCACTTTTGTATATCGTAAGCATATATATATCGTATATCGTAAACGT
AGTTGTATCTGCATTTGTGTAGATGATAGCCTCCTATACGCATTTCAATTGTTTTTAGCGTGCTAAAGAACCTTGTTAAATGCAATTTCAGCTAT
TGTTTAGTCAGTTTTAGTGGCATTTACACTTCCATTCTCGTTGCGTTTCGTTTTTGCCTGTACATATGAGAAGCTCTGATGTTTTTGTATCAAAT
AAAGTTTATTCCTTCACCACG
(SEQ ID NO: 821)

Start ATG: 192

MSLHLLDNYANSNVIINIDNCALYSTNRPADRKSITDGSHDRQRRRRQRFLVIFRFFCATVAFGLAIACVIYTLHTMGWIFAVLVALVALLLTKP
GWRWFYIAGATASRDLTALWAYIKLLRYTKRHERLNYTVADVFERNVQAHPDKVAVVSETQRWTFRQVNEHANKVANVLQAQGYKKGDVVALLLE
NRAEYVATWLGLSKIGVITPLINTNLRGPSLLHSITVAHCSALIYGEDFLEAVTDVAKDLPANLTLFQFNNENNNSETEKNIPQAKNLNALLTTA
SYEKPNKTQVNHHDKLVYIYTSGTTGLPKAAVISHSRYLFIAAGIHYTMGFQEEDIFYTPLPLYHTAGGIMCMGQSVLFGSTVSIRKKFSASNYF
ADCAKYNATVTTKPSEYDQKHRVRLVFGNGLRPQIWPQFVQRFNIAKVGEFYGATEGNANIMNHDNTVGAIGFVSRILPKIYPISIIRADPDTGE
PIRDRNGLCQLCAPNEPGVFIGKIVKGNPSREFLGYVDEKASAKKIVKDVFKHGDMAFISGDLLVADEKGYLYFKDRTGDTFRWKGENVSTSEVE
AQVSNVAGYKDTVVYGVTIPHTEGRAGMAAIYDPERELDLDVFAASLAKVLPAYARPQIIRLLTKVDLTGTFKLRKVDLQKEGYDPNAIKDALYY
QTSKGRYELLTPQVYDQVQRNEIRF*
(SEQ ID NO: 822)

Name: fatty acid transporter-like
Classification: transporter

Celera Sequence No. : 142000013384839

CTTTATATGGTCACGAATGTCTCTGTTGCACACTACAGACTAAAATCAAAATATTCTCTGAAAGGTATTCCCAACAAAAAACGCTATATCCTGGG
ATAACCATTGTATTCTTACGATTAATTTCACAAAATGAATTAAGAAACTATAATTGTACAGAAACGATTATTTAAAGGATTATTGCCGTTCAAAA
ACGAAAGAGTAATTCCCGCTACTGTTCCGCTGTTTTCACGTCCGCAGATTTAAGTGACCCAATTGCAAAAACAAAAGCAAAACAATATTAATTCA
ACTCTGAGCCGACTGATGCTGCAGGCACCTCAAAGTTAAAAAATGCGTAGCACGTGCGTTCAGAAATTCGGCCAAGAAAAAAGGAAACTGTTAAC
TGGGTCCATAAATTCAACTTTGTTGTATATACATACATACATACTGTATGTTCATATAAGTACGTCACTTTAAACATCTGCCTTCGTTTCCTTTA
ACTCTTTAATTTATTTTTGATCCAGCTTTAATAACTATTAATTTATTATTCCTATAACTTGTACGTTGAATGGGCATAGGTAATTTTCTTGAAAT
ATGAAATATTTAAAATGGAATGCATTCTGTATGAAATGTATTCGGGCCTAAAAAGATGATTGTAGTTATTTAAATTTGAAACTAGATTTTTAATA
CAAGAAGATTGATAAAAAGTTATTTTTGATTTATATTTAATAAATATTTTAGAACTAAAACCAAAATAAATGATGTTTTCCCTACTAAAATTATA
CTCGAACTTGTAGCTGTATTAAAACGTGTTCACTTATTGATTAAATCATAGCCCATACAGTTAGTTATACGTTCTCAATTTTTGCCAATCTTGCG
CTTCTGATTTCCAATGAAATAAAAGTGACTATTGTACGAATCACCCTAATATTTTTTCACAACTGGTATTTTTCTCCGTCCCGCAATCGGTAACA
CCATGCAGGGTGTCTGAGTTTCGAATCGGCATAAATTCGCCGGCAGCTGAGCAAGATGTATCCTGTGAGCTCGCAAAAGAGGTCCTGGACATTCG
CCAATGAGGGCCAGCTCATGGAGTTCCGCGTGGAGCAGAACAGCAAGTACATCGAGTCGCACGAGGAGGAGGCGCAGGGTCGCGACCTCAATGAG
CACTTTCTCACGTCGGCGGAGGAGCGCCTGTTGCTGAAGCAGTACGAGATCTACCTGTTCGATTTCTGCCGCCGCTTCGAACCGACGATGCCCAA
GTGCGTTGTGGGCACGGCCTTCCACTACTTCAAGCGGTTCTATCTGAACAACTCCCCCATGGACTATCACCCCAAGGAGATTCTGTAGGAACGCT
CACCTGAGAGCAGCAAACACCCAGCTGAAAAGCAAAACATTCTAAAAATGTATAAACCTTTTCAGAGCCACATGCGTGTTCGTTGCCTGCAAAGT
TGAGGAGTTCAACGTGTCCATCAACCAGTTCGTAAACAACATCAAGGGCGACAGGAACAAGGCCACCGACATAGTGTTGTCCAATGAATTACTGC

TGATTGGACAGCTCAACTACTACCTCACCATACACAATCCGTTCAGACCCATCGAGGGTTTCCTGATAGATATAAAAGTGCGATATATATTCACA
TTTGCTCTCCAGATTGTTTCGTTCATATTGGTTTGTTTCAGACTCGCAGCAATATGCAGAATCCAGATCGTCTGCGGCCACATATTGATAGTTTC
ATTGATTCCACGTACTACTCGGATGCCTGTCTTCTGCATACGCCTTCGCAAATTGCATTGGCTGCCGTCCTCCACGCGGCCAGCAGAGAGCAAGA
GAATCTCGATAGCTATGTGACGGATCTTCTGTTTGTCTCCGCCAGGGAGAAGCTACCCGGACTCATAGATGCCGTGCGAAGTAAGTTTGTGCTGT
GAGATGGTGCGCCCAGCCCTACATGCCTTTTTCCCGACAGAAATTCGCATAATGGTGAAGCAATATCAGCAGCCCGATCGGGAGAAGGTCAAGGC
CATCGAGAAAAAGTTGGACAAGTGCCGAAATCAAGCCAATAATCCTGATAGCGAACTGTAAGACGCCCTAATTTGTTCATGCATTCCGAATTTAA
TAACCCTTATACTTTAAAAGCTATAAGGAGCGCCTACGCCGATTGTACACCGATGAGGATGACATGCCCGCCGAAGATGCCTCATTCCACATTGC
AGATGTGAGCTCGGACACATCTGCTATGAACATCAGCCAATAGACTTAAGAATATTTATTTAAATGATGTGATGATCTACTACTGCGTGGATTTC
ATCGATATTAAAGCATTTTGTAATTTACCATTTCTTGATTGTTAAAATGTATGCGTTTAGTGTTAGTTTACTAAACAAAGTTGGATTAGGTACTT
CACTTTTCCAATATATAAAATATTAAAAAAAAAACCTTTTGAAAATCCGCTTAGCGCTGCTTGGCAATATTTCGTTCGCAGCTAACGGCCACACT
GCGCCCCAAGAAAAACAAGAATAGTGAACTCAGTCACAACAAATAGCAAAAAGAGTTCGAAATGCAGGATTTTCTGCCTTCGCTGGATGTTCTCT
TTCTTGGACTACCAGGCCACTACTCGGTAGCGCTGGTCACCCTTCTGCTGTGCGTTTTGGTCGCCTTCTACTTCGCCAACATCTTCAAGGACAAA
GGCGTGGGTGTTTTTGCCGGAAGAAGTAGACGTCTCCTGGAATATTTCCTTACATTATCTTGCAGGAACTGGAGGACGAGGGCCTGGGGGCCGAC
GAGCCGCGCGATGAGGAGGATTCCGAGTCACGGACTCCGCAAGGGGAGGAAACCGACGATGACGAGGCCTACGAAGAGAACTCCACCGAAAGCGA
AGTTGAGCTAATCGAGGAACAGCTGCCCGAGCACAGCTACAACCACCTGATGGGCCAGCTCAAGGCCAAGAGGCTCCAGCATAAGATGGAGAAGA
CCCTGACTCCCAGCCAAATCGAGGAGGAGCGCCGAATAGAGCGCGAGCAGCTGGCGGCCATCTTTGAGCTCCTGCGCAAACAGGAGGCGGAATTG
AACCTCCAGGACCGAATAAGCGACCAGGATCTCAAGCAGCAGGTGCGGCTCTATCGCTGAAGTGGCGCCGAGCCTGGGCTCACCCTACCTGAATG
TACAGACTTGTGTGATCTATTAGTTTAATGTTTAAAATTCCAAGATTTGGTGTTGCCTCATACGGTCCACTAAGTGCGGGCAAGTCTTTAGTCAG
AGAGCTATCTCATCAGTCGATGATGTCGGAATATAATATCTTAGTTGTATGTAAATTATATGTATTCCACTTCGATCTATGTATTTTGTGAGTTC
CTGGTGTTATTAATATCTGATTTAGATTTGTAGTAAATGGCTGTTCGGCTCTTAGTCTCTTAAATCAGCTTTCGAATTAAGAAT
(SEQ ID NO: 823)

Exon: 1001..1319
Exon: 1396..1597
Exon: 1657..1885
Exon: 1941..2052
Exon: 2111..2409
Start ATG: 1006

Transcript No. : CT22750
GCAAGATGTATCCTGTGAGCTCGCAAAAGAGGTCCTGGACATTCGCCAATGAGGGCCAGCTCATGGAGTTCCGCGTGGAGCAGAACAGCAAGTAC
ATCGAGTCGCACGAGGAGGAGGCGCAGGGTCGCGACCTCAATGAGCACTTTCTCACGTCGGCGGAGGAGCGCCTGTTGCTGAAGCAGTACGAGAT
CTACCTGTTCGATTTCTGCCGCCGCTTCGAACCGACGATGCCCAAGTGCGTTGTGGGCACGGCCTTCCACTACTTCAAGCGGTTCTATCTGAACA
ACTCCCCCATGGACTATCACCCCAAGGAGATTCTAGCCACATGCGTGTTCGTTGCCTGCAAAGTTGAGGAGTTCAACGTGTCCATCAACCAGTTC
GTAAACAACATCAAGGGCGACAGGAACAAGGCCACCGACATAGTGTTGTCCAATGAATTACTGCTGATTGGACAGCTCAACTACTACCTCACCAT
ACACAATCCGTTCAGACCCATCGAGGGTTTCCTGATAGATATAAAAACTCGCAGCAATATGCAGAATCCAGATCGTCTGCGGCCACATATTGATA
GTTTCATTGATTCCACGTACTACTCGGATGCCTGTCTTCTGCATACGCCTTCGCAAATTGCATTGGCTGCCGTCCTCCACGCGGCCAGCAGAGAG
CAAGAGAATCTCGATAGCTATGTGACGGATCTTCTGTTTGTCTCCGCCAGGGAGAAGCTACCCGGACTCATAGATGCCGTGCGAAAAATTCGCAT
AATGGTGAAGCAATATCAGCAGCCCGATCGGGAGAAGGTCAAGGCCATCGAGAAAAAGTTGGACAAGTGCCGAAATCAAGCCAATAATCCTGATA
GCGAACTCTATAAGGAGCGCCTACGCCGATTGTACACCGATGAGGATGACATGCCCGCCGAAGATGCCTCATTCCACATTGCAGATGTGAGCTCG
GACACATCTGCTATGAACATCAGCCAATAGACTTAAGAATATTTATTTAAATGATGTGATGATCTACTACTGCGTGGATTTCATCGATATTAAAG
CATTTTGTAATTTACCATTTCTTGATTGTTAAAATGTATGCGTTTAGTGTTAGTTTACTAAACAAAGTTGGATTAGGTACTTCACTTTTCCAATA
TATAAAATATTAAAAAAAAAA
(SEQ ID NO: 824)

Start ATG: 6

MYPVSSQKRSWTFANEGQLMEFRVEQNSKYIESHEEEAQGRDLNEHFLTSAEERLLLKQYEIYLFDFCRRFEPTMPKCVVGTAFHYFKRFYLNNS
PMDYHPKEILATCVFVACKVEEFNVSINQFVNNIKGDRNKATDIVLSNELLLIGQLNYYLTIHNPFRPIEGFLIDIKTRSNMQNPDRLRPHIDSF
IDSTYYSDACLLHTPSQIALAAVLHAASREQENLDSYVTDLLFVSAREKLPGLIDAVRKIRIMVKQYQQPDREKVKAIEKKLDKCRNQANNPDSE
LYKERLRRLYTDEDDMPAEDASFHIADVSSDTSAMNISQ*
(SEQ ID NO: 825)

Name: Cyclin H
Classification: cell_cycle_regulator
Gene Symbol: CycH
FlyBase ID: FBgn0022936

Celera Sequence No. : 142000013384658
TGCTTGCTTTTCGCTTTCACAATGCGTAAAAAAACACCTAATTTTGTATAGCATATGAATATCATTAAGTGTATCAGTAAATTTGTATCAGTAAC
AGTTGCAATATTATCGTTATCCTTGTATTATATCCTTTTTTCCTTTTTCTTTTGTTTTACCCGACGAGATACCACGAACGACGATTACGATTACG
AACGAGCGACGAAAATACGCGAACGCGAAACCGTTAGAACCCGAAACGCGACGATTTTTTTCGATTCCATTTTTTGTTTGTTATATAAATGACGA
AAGTGTTGGATACTTCTGGGAAATTGGAATCCGCTGTTGATGAATGCTTTCTATGGTTTTTGAACGGAGTTGAACATCAGTCTTTGTTTGATTTG
TAACAATTTTGTGTGCACCTGCCATTGAATCCATTTTTCCATTTCTGATCTTAGGATTTCACAGGAGACCCAACACTTTCATCCTTTAAAGATTT
TATTTAGTTATTTAGTTTTTAATTACCGCGACGAGGACCCGCAATATCATTTAGTTTCGACGATTTTTCATTTAGCTTTTCTATTACTATATGAG
AAACACCCGTGTGTTTAACATATTCAACTCTATTTTCGGTTTGGGTTTTGGGGCAGAGTGTATTGGAGAATGGGGCATATCTGCTATAGCACTGA
CTCCGGTTAAGTACGGCCGGAACACATAATTTTCTAGTGGTTCCTACTAAGTTTTCTGCACAAGAAAGGCATTTTATATGCTGTAAGCGGACAGT
CGTGTGCCTAAAGAGGTTCTACAGATCAAAGATCCTCTAGCTTGAATTCAAATATATACGATTCTTCTCTATTCGATTTTTCGATATATGTTTGT
GGATTTAAATCTAGTTATGTAGTTTCTTTTATGTGGATTTGCTGTTTTTTTCGATTTCTATAAGCTTAGATTTTCAATGTTAACTTAACATTCGA
ACTGCATCGAATAACTTAAGGAGGCTAAAGATAAAGACGACACGCTTATTACGCATACTTGTACATAATTGTCTAGTTAAAAAGTTGCTGCTTGG

CTCGCTAATGGGTGAAGGTGGGTGTTTTATGGCATGGCTAGCCTTAGATGTTATACATTGTGGTCAGGCGCTCGGCCAAGGTTGGCGGGAATTGC
TCCACAAATCGACGCCAGTTCTCCTCGCCCACTTGGGTCTTAAAACCGTGCAGAATCTTGAAAGAAACATGTGTGAAATAAAGAAAATAGTTACT
ACCTGTAGGGTACAAACCTTCTGTATCATCTGATGCAGATCCTCTGGTGGGTTAACCCAGGAAGCGATGGCATCGCAGAAGAATATAAAGTCTGC
TACCACGCCAGCTGGATTCACCGTGATCATATGACACATTCCACGGAAGGCTGAGTCCTTCTCATCATTGTCTCGTATGTGCCGCAACGATGTGC
ACCTGCATTTTTCAAAGAAAATGTTTAAATGTCGTTTTCAGGAAAAGTAAACTAAATTAGCAGGCTTTGGCAAACACGAAAGTTCAAAAGCAAAT
TTAAATTCCAGTTAAATGATGTGGATTGTTAGTGAGTTGTGGAACAAAGGAATAGATCGATGTGCTTATAGGTTTCAGTGTTCAAGCGTAATTTA
AGAGTAATGGGAAGAACGGGAAGGATAGATAAGAGAATAGAAGGAAAGAATAAGCATTTTAAATATAAAACGTGTTACACACCACTGTCGTACAA
ATTCGGGCAAATAAGGAGCCACTTCAACTGGGCACACATAACCTAGACGACCGATTGTTATTGCTAAAAGAACAGAAGAAATAAGTATAAATAAA
TCAACTGAATAAATCAATATCATACGTAGTTCGCTGCGATTGATTGCTAAATTCGAATTGAATATCAATTGCGATTCTGGTCTATCTATATCTAT
GCATGTTGTATGGGAATGAGGTTCGATTTCGTTTCGTTGCTGCTCATGCAACAAGTAACACAAATTAAAACAGAAACAAATTTCCGGACATCCAC
ATACACGCATACATTCAGAGTAATATATATACAAACAGATCGCATATAAGTTCTTAGATAGCTCGGGAAATTCGAAAGATTTCTATCAGCTCAAA
CGAATTACCTGTGTTCTCCAGCAGTGTCTTGGGCGTGTTCGGGCGGTTGATAATGATGAAAAGGTCGCTGAGTACAAGGCGTATGTACTGCTTGG
TCTCCTCACCTTTGAATCAAAATATATATTAAAACGATCCTAATACTCCTAAGAAGCTCCTCCCACTTACCCAATTTCATGCAGATTTCGCCTAT
GGCCCAAGTAGCATTATTGCAGACCGAAATGAAGTCTGGGTTAAGGTTTTGACCCAAGATGGGGAAGAAATCGGCCATGAAGGGATGCACGTGGG
GGAAACAGGCCTTAGTCAAATCACCCAGCAGGGCAAACGAAGATTGGCGAACCTGGAATACAACAACATTATAGAAATTCAAAGGTTAATTTCGA
AAAGATTGGTTTTAAGGGAGACATACCTCAGGCAAAACGTCCTGCATACACTGGTAGAGTAGATGCATAATGTTGCTGTTGGCCACCAATGTCTC
GATGTGGCGATCCAAACCCTCGGCTAGGCCAGACAGCAGATCTAGGGCGACAATCATGCGCTCTTTGTCGGGATGGTCGTACGTTTGGTTTTGTT
TACACAGCTGTTGGCGATTTAGATTGATGAAAAAGATTCCTTAGAAAATTGACAAGTAGATTACCATTTCCTGGTTGATAGTCTGCTCAATAAGA
GAGATGCACCTTCGATACACCGGGTCGCAGTAGGGCAGAAAGCCGGACTGCAAGGCAGTGGCGATGCTCGACAGGCACTCCAACAATGGGAACAG
ATCCTTATCGTCATCCTTCAGCAGGTTCCACTTATCAATTAGCGGAGGCATTAGGATGTCAATATATTGCGGCTTATTCAGATGATGACCTACGG
AGTCCGCCAAAGTACCCACGGCATCGTACAGTATCAATAAGTTCTTGTGCTGGTACTTGGAGAAGGCAAAGACGAGCGTCTTTAGAATATACTCC
AGGTAGGGCACCAGTTCCGTGCAGGCCTCCTCCTCCAGAGTAGCAAAGGCAGAGCACGCAGCTTCCTGAACGCGCTTATTGGAGTCTAGAATGCG
CTTCAGCAGTTCTTCCATTAGAGGCTTCAAGTACTGGTCGTGCGGCTGGTTGACAACCCAATTGGCGTATCGCGAGAGCGTCCAGCATGTGATGG
AGCGCACCAGTGCCTTCTTGTCGGAAAGGCAGCTAATTAGGTAGGGAATCAGCTCTGGCAAGTGTTGGATCATGCCCTGCATGCAGCCCTCCGCA
ATAGCTCCCAAGGCCAGCACACCACTCTCTTTGATCACCCATTCTTGATGGAACAGAGTCTCTTTCAGGATGGGCAGCACAACGGGCAGACAATC
CTCTCGGAAAACATTCGCCAATACATCGAGAGCAGCTGCGCTGCACTTGCGCAAGTTCCATTCCGATAGCGAGCTATCGTCGTCCATTCCATCTT
CAAATTCGTCGTCGTCATCATCGCCTGTCGCTCCAGCTCCTCCCTCTTGTGTACTCCTGATTGTGTGTGCACGGGACTTGTGGAAACGCGGGCGG
ATATCCTCTTCTCGATCGGGCACCATGTCATCCTCCTCAACGTTTCCCTTGAGGAGAATTATGTCGACCTCTGAGTACCGCATGCCTCGTACAAG
AACTGGCGCTAATTGAGCAAGATAAGGGGCAAGCACGTCCTTGCAGATGCTTTGCTCGGCCAGTGAAAGCCAGAACTCGGATGCTTCCAGGGCCA
CACCCTCATCGGTGTCCTGGGTGCGCAACAGCATGTACTAAAATTCGTTAAATAAGATATTTAAACAAAAATTTATCAGAATAATTATTATTAAT
TATATATTTTATTTTAAAGTTATACCTCAATAATCTGCGACATGTGCGGCATCAGACGGTCCATTCGCACCTCCAGCAGCATGACCAATCCGTGG
CACACGTTTTTGCGCACCTCGTGGTCCTCATCTGATGACAGGTGAAAGAGGTTCTCAATGAAGCTGTCTATGTTTAGCATCAGAGCCTGTGATCT
GTTGATGATGAACTGGTTGATGCAGGCAATGGCGTGGGAGCGGATCTTTGGACTGCTGTGCTTGAAGTACTCCAGGAACTTTGGAATCATTATGT
TTAATGGCCTGTTGAGCGCTGCGGAATCCAAAATCTCGGCAGAGTCCTCGCAAATTTTCTGCAGGGCACTGAATGCGCCTTCGCACACATTATAG
TCCTGGTTGTCGAGCATTTCGCAGAGAGATGGAAGCAGCTGCGGCCAGTTGTGCAGACCGCCATTGCTGGCGATGGTGGTAATCAGGATGCCCAC
GGTGGCACGGATCAGGGGCGAAGCGTCGCCCACTGCCTGCAGGCACTCGTGTTTGATATACTCCACGATCTCCGGCTGCAGAGTGGTGCCGTGCA
TGCGGATGTTGTTCTTGAGGATTAGGCCGCTGAGTGATCTCGTGGGCTCGTCCTCTGTCTTCAGTTTCGTCAGCACATAGATAAGATAGTTGTTG
AAGTCGGGGTAGCGATTGAATTCCTCCAGTTTCTGTTGAGAAGGACACAATATGTGCATGCAGTTCGAGGAACCGTACCTGGTAGAAGTTATTAC
TCACCATCTGTACGGCCATTTGAGTGGCTGTGTCCGGTGACTGCGACTCCTTGAGGATCGCTATGATCTGCTGCAGACCTTCTCCCTGTGGTTCC
CACGTCATTTTGCTGCTGCAAGGGAAGATCGCAAGGGTTTTAGGTTTGATTAGTGAATTCGGAATTAGAAATTAGGGTTAATGGCCTCGCAAAGG
GTAGCAAATGGGGGAGAAAGAGAGAGCACGAGAGACACTCTGTTCGAGGCCACTCACGCACACCAGGGCATTTTGCACCCACACCCGCAAACAGA
CATCTGCTGTTGTGAAATTTACGTTTTCCGTTCGATGTTTCCTTGGCACTTAATGGTTTTACGGCGGAAGGCGGGAGTTGAAAGCCCTGCCCCGA
GAGTAACGTGCGATTTTCTGCCCACAACCCCAGACAAAAAAAAACACACGAATAGAACTCGCCTGCCTCCGCCATATTTCGTGACATCGGGCGTG
CGGTTGAAAACGCTTTTCCGAGATAAGTTCTGCGTTGTCCGCATACCCCCTACTTACCTTTGGGTGTTGGCTGTGCTTTAAAACTATTTTAGTTG
GAATTTTCTTAAGATTTTGCGTAAATTGTCTCTTTTTTCACCTTTTCTTTGCACAATTAGCGAGATGTATACAGTGTGACCGTGCAAGAGAGAGG
GAGTATGCTATTTTTTATTAGAGATGGCAACGTGTCGTCACGGGTTTTAAAATTATATTTAATGTAGTTGATTTTTTAATTTATTGTGCTTAATT
TAATATTTTTAAGCAGCTTAAAATGTTTGAATCACTCTGATATATAATTTCCGAACAACAAATTATTTTATTGCCAAAATGAAAAAAAATGAATA
TTAAATCAAATTTTGCAGTCCAAAGCTGCTCCGATGTAACGAACTTCCTCTCACATATGTATCTAAGTGCTGCTGCACGGTCACACTCGATACGG
CTCTCGAAATGCGTCCACACTCTCGCCATTTAGAGTGCCCACATTCGCCACCCTGTTCAATTTTGTTTGGGTTTGAGGCCAGACAGAGGAGTCAT
TAATTTTAAACAAAGGACCACGCTTCAGGACATTCATCCCGGGTCAGACAAAGCCGCCACACACTTTCCTCGAGGCCGAGTGAAAGTTTCTCGCC
TTGTCGCCGCTTAACATCCGAAGCGACCGGACATGAACAAGCGCAACCATGTGAGCAGAAAACCTACGGCTCCACACACAAAGCAAATGTATTGA
GTGAAAAGTGCTATTTCTTTTGCAGATCCGCCTGCCGCCAGAGGTGAATCGGCTATTGTACGTGCGGAACCTGCCGTACAAAATCACCTCGGACG
AGATGTACGACATATTCGGCAAATTTGGAGCCATTCGACAGATACGCGTGTAAGATTGAAGATGATAATGCTATTCGCCGTGAATCCTCTCAATC
AATTTGTGTATCTTTTGCAGAGGCAACACTCCGGAAACGCGTGGCACCGCCTTTGTCGTCTACGAGGACATTTTCGATGCCAAGAACGCCTGTGA
CCATTTATCGGGTTTTAATGTGTGCAATCGCTATCTGGTGGTGCTCTACTACCAATCCAACAAGGCCTTCAAGCGCGTGGACATGGACAAGAAAC
AGGAGGAACTGAACAACATTAAGGCCAAGTACAA
(SEQ ID NO: 826)

Exon: 5304..5188
Exon: 4765..4660
Exon: 4592..3921
Exon: 3837..2725
Exon: 2667..2497
Exon: 2427..2256
Exon: 2194..2099
Exon: 1773..1698
Exon: 1427..1253
Exon: 1196..1001
Start ATG: 4758 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT22759

TCACACTGTATACATCTCGCTAATTGTGCAAAGAAAAGGTGAAAAAAGAGACAATTTACGCAAAATCTTAAGAAAATTCCAACTAAAATAGTTTT
AAAGCACAGCCAACACCCAAAGCAGCAAAATGACGTGGGAACCACAGGGAGAAGGTCTGCAGCAGATCATAGCGATCCTCAAGGAGTCGCAGTCA
CCGGACACAGCCACTCAAATGGCCGTACAGATGAAACTGGAGGAATTCAATCGCTACCCCGACTTCAACAACTATCTTATCTATGTGCTGACGAA
ACTGAAGACAGAGGACGAGCCCACGAGATCACTCAGCGGCCTAATCCTCAAGAACAACATCCGCATGCACGGCACCACTCTGCAGCCGGAGATCG
TGGAGTATATCAAACACGAGTGCCTGCAGGCAGTGGGCGACGCTTCGCCCCTGATCCGTGCCACCGTGGGCATCCTGATTACCACCATCGCCAGC
AATGGCGGTCTGCACAACTGGCCGCAGCTGCTTCCATCTCTCTGCGAAATGCTCGACAACCAGGACTATAATGTGTGCGAAGGCGCATTCAGTGC
CCTGCAGAAAATTTGCGAGGACTCTGCCGAGATTTTGGATTCCGCAGCGCTCAACAGGCCATTAAACATAATGATTCCAAAGTTCCTGGAGTACT
TCAAGCACAGCAGTCCAAAGATCCGCTCCCACGCCATTGCCTGCATCAACCAGTTCATCATCAACAGATCACAGGCTCTGATGCTAAACATAGAC
AGCTTCATTGAGAACCTCTTTCACCTGTCATCAGATGAGGACCACGAGGTGCGCAAAAACGTGTGCCACGGATTGGTCATGCTGCTGGAGGTGCG
AATGGACCGTCTGATGCCGCACATGTCGCAGATTATTGAGTACATGCTGTTGCGCACCCAGGACACCGATGAGGGTGTGGCCCTGGAAGCATCCG
AGTTCTGGCTTTCACTGGCCGAGCAAAGCATCTGCAAGGACGTGCTTGCCCCTTATCTTGCTCAATTAGCGCCAGTTCTTGTACGAGGCATGCGG
TACTCAGAGGTCGACATAATTCTCCTCAAGGGAAACGTTGAGGAGGATGACATGGTGCCCGATCGAGAAGAGGATATCCGCCCGCGTTTCCACAA
GTCCCGTGCACACACAATCAGGAGTACACAAGAGGGAGGAGCTGGAGCGACAGGCGATGATGACGACGACGAATTTGAAGATGGAATGGACGACG
ATAGCTCGCTATCGGAATGGAACTTGCGCAAGTGCAGCGCAGCTGCTCTCGATGTATTGGCGAATGTTTTCCGAGAGGATTGTCTGCCCGTTGTG
CTGCCCATCCTGAAAGAGACTCTGTTCCATCAAGAATGGGTGATCAAAGAGAGTGGTGTGCTGGCCTTGGGAGCTATTGCGGAGGGCTGCATGCA
GGGCATGATCCAACACTTGCCAGAGCTGATTCCCTACCTAATTAGCTGCCTTTCCGACAAGAAGGCACTGGTGCGCTCCATCACATGCTGGACGC
TCTCGCGATACGCCAATTGGGTTGTCAACCAGCCGCACGACCAGTACTTGAAGCCTCTAATGGAAGAACTGCTGAAGCGCATTCTAGACTCCAAT
AAGCGCGTTCAGGAAGCTGCGTGCTCTGCCTTTGCTACTCTGGAGGAGGAGGCCTGCACGGAACTGGTGCCCTACCTGGAGTATATTCTAAAGAC
GCTCGTCTTTGCCTTCTCCAAGTACCAGCACAAGAACTTATTGATACTGTACGATGCCGTGGGTACTTTGGCGGACTCCGTAGGTCATCATCTGA
ATAAGCCGCAATATATTGACATCCTAATGCCTCCGCTAATTGATAAGTGGAACCTGCTGAAGGATGACGATAAGGATCTGTTCCCATTGTTGGAG
TGCCTGTCGAGCATCGCCACTGCCTTGCAGTCCGGCTTTCTGCCCTACTGCGACCCGGTGTATCGAAGGTGCATCTCTCTTATTGAGCAGACTAT
CAACCAGGAAATGCTGTGTAAACAAAACCAAACGTACGACCATCCCGACAAAGAGCGCATGATTGTCGCCCTAGATCTGCTGTCTGGCCTAGCCG
AGGGTTTGGATCGCCACATCGAGACATTGGTGGCCAACAGCAACATTATGCATCTACTCTACCAGTGTATGCAGGACGTTTTGCCTGAGGTTCGC
CAATCTTCGTTTGCCCTGCTGGGTGATTTGACTAAGGCCTGTTTCCCCCACGTGCATCCCTTCATGGCCGATTTCTTCCCCATCTTGGGTCAAAA
CCTTAACCCAGACTTCATTTCGGTCTGCAATAATGCTACTTGGGCCATAGGCGAAATCTGCATGAAATTGGGTGAGGAGACCAAGCAGTACATAC
GCCTTGTACTCAGCGACCTTTTCATCATTATCAACCGCCCGAACACGCCCAAGACACTGCTGGAGAACACAGCAATAACAATCGGTCGTCTAGGT
TATGTGTGCCCAGTTGAAGTGGCTCCTTATTTGCCCGAATTTGTACGACAGTGGTGCACATCGTTGCGGCACATACGAGACAATGATGAGAAGGA
CTCAGCCTTCCGTGGAATGTGTCATATGATCACGGTGAATCCAGCTGGCGTGGTAGCAGACTTTATATTCTTCTGCGATGCCATCGCTTCCTGGG
TTAACCCACCAGAGGATCTGCATCAGATGATACAGAAGATTCTGCACGGTTTTAAGACCCAAGTGGGCGAGGAGAACTGGCGTCGATTTGTGGAG
CAATTCCCGCCAACCTTGGCCGAGCGCCTGACCACAATGTATAACATCTAAGGCTAGCCATGCCATAAAACACCCACCTTCACCCATTAGCGAGC
CAAGCAGCAACTTTTTAACTAGACAATTATGTACAAGTATGCGT
(SEQ ID NO: 827)

Start ATG: 125 (Reverse strand: CAT)

MTWEPQGEGLQQIIAILKESQSPDTATQMAVQMKLEEFNRYPDFNNYLIYVLTKLKTEDEPTRSLSGLILKNNIRMHGTTLQPEIVEYIKHECLQ
AVGDASPLIRATVGILITTIASNGGLHNWPQLLPSLCEMLDNQDYNVCEGAFSALQKICEDSAEILDSAALNRPLNIMIPKFLEYFKHSSPKIRS
HAIACINQFIINRSQALMLNIDSFIENLFHLSSDEDHEVRKNVCHGLVMLLEVRMDRLMPHMSQIIEYMLLRTQDTDEGVALEASEFWLSLAEQS
ICKDVLAPYLAQLAPVLVRGMRYSEVDIILLKGNVEEDDMVPDREEDIRPRFHKSRAHTIRSTQEGGAGATGDDDDDEFEDGMDDDSSLSEWNLR
KCSAAALDVLANVFREDCLPVVLPILKETLFHQEWVIKESGVLALGAIAEGCMQGMIQHLPELIPYLISCLSDKKALVRSITCWTLSRYANWVVN
QPHDQYLKPLMEELLKRILDSNKRVQEAACSAFATLEEEACTELVPYLEYILKTLVFAFSKYQHKNLLILYDAVGTLADSVGHHLNKPQYIDILM
PPLIDKWNLLKDDDKDLFPLLECLSSIATALQSGFLPYCDPVYRRCISLIEQTINQEMLCKQNQTYDHPDKERMIVALDLLSGLAEGLDRHIETL
VANSNIMHLLYQCMQDVLPEVRQSSFALLGDLTKACFPHVHPFMADFFPILGQNLNPDFISVCNNATWAIGEICMKLGEETKQYIRLVLSDLFII
INRPNTPKTLLENTAITIGRLGYVCPVEVAPYLPEFVRQWCTSLRHIRDNDEKDSAFRGMCHMITVNPAGVVADFIFFCDAIASWVNPPEDLHQM
IQKILHGFKTQVGEENWRRFVEQFPPTLAERLTTMYNI*
(SEQ ID NO: 828)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: Trn
FlyBase ID: FBgn0024921

Celera Sequence No. : 142000013384640
TAACTGTAGAGGGGAAAATGGGCTTAATTCAAGGACTAATAAATTAATAATTCCATAATATATTTTAAAATGAAACGTGTAAGTACAACATTAAT
TTTTTATGTATATAAAATTTAATACTTTTCAGTAAAATATGGACATTTAAAACAGTTTCGGTGTAAGCATTTCAAATTAAAAACTCCAGAGGACG
AGAGCTGCAGTTACAAATAAAATTCGTGTTAAAAATGTTTAACTTGCATTCGTCTCGATTTTCTTACGTCGCTTTAGTGTGTTTAATTCCCTAGA
ACTTCATAAAAGCCGTAAATTGCACCTGAAACTGGGTAGAACTTCATAACTAAATCGGGTTTCTAAAAATCCAATTAAGCGTATTCAGTTTATGG
TTGGAAGCAGACACAATCACTTGCTGAAATCTAAAGAAACCAACCACATGGAGCCGTTCCCAAAATTCGTTATAATATTTCTAGCTGCCTTTATC
AATGTGGCATATGGCATGCATAATCCAATGATGCGTGATAGTGAGCTATTCTAAGACATATCTATATAAAATATGAACTAAAATTTATTTTCATA
TATTTTAGATTGTAATTTGGGAGAGCATCTAACTTGTAGGCTTAAGTTTATTCACTGTTGGCTGTACGCGTGCGTTTGTCTTCCGAATCACTCTT
ACTTGGGACTTGGAAATGGATGCCTTCACATCAGATACGCTTAAATATAAGTTATGAAATCTATATTCGTTTCTTCATTCATCTTGAATCATGTG
GATATGATTTTCCTATTTTATTGTCAAAAGGAAAATGGTCTTGCCACAACACATATGCATGAACATCCTCAACTGTTAATAAACATTGAAAACTA
TCCTGTTTTTTGAAGTAACAACTCCTTGGTCACAATTCTCAAATATATAATTTACAACCGTCGTAATAAAACGCATAAGACTTTCAGCTTACATG
CTAATCACGAACTACTACTTTATTTGCACTGAACGGCGGGGAGAGGATGACTACTTCGCTTTGTCCAGAAAGTCTTTGGCCTCGTTGATCTTGGC
CGCCAAATAGGGAGATCCTCCTCGATCCGGATGGTTCAACAGCATGATCTTCTTGTGCGCGTCCTTAATCTGTAAACAAATATAGGAATAAGAAT
ATTTGTATTTAAGCCAAAGGAGTATTTGATTTAAGCCAATACCATAAATATTATATAAACAAATTTGACAATCACAGGAACTACTTAGTTTCGGC
TTTTTCATTGCTTGGAATGCCTTTATAGAAGTATACAGCTCGGACTTCTGAGAGATCCTAAGCAAGAGAACTCCACATTACCTTTATCTTGGACG
CACTGGGGCTGACACCTAGGATTAGGGACGCCTCCCGCTTGTTCATCTTGGGATCGAAGCCGCCCTTGTAGTATTTGGAGGCGGCCATGCTCTCC
GCATCGTATTTGGGCAGGTTCTTGAGGGCCTCGTTGAATTTGGTGGTCATCTGGGGCATGCGGCGCATCAGGTGCTTTCCGGCGAATCCCACGGC
GGCCACGCTAAGACCCGCCAGAATTACGGAGCTCGCCTTCGGAATGGAATAATTCGTATTGGTCGACATCGCACGGACAATTTAATATTATGAAA
CGAAAGAGATTCGCAATATTTTACATTTGTTTTTTGATTAAAACAATGTGATTTAACACAGTACCATTTTTATGTAATTTTAACAGCTGTAAGTC

AGTGGAACTGCATAGCCTGCTGTCAGCTGTTGGATTATCGATAGACTCAGGGTTGTCGCTCTATTGAAAAAAATATTGCTAATTTAATTAGTATT
TTCATTTAATACTGTTGAAATTATAGTTAAATACTAATTAAAAGGATAATTTGTATGCACTATGCTTTTATATTATTTGCTTTAATATCTACATT
TTAAATCCCCATTTACTACGACACTGCAACCAAGCTGCTGATTGTCAACAACCAGGGCTGCAGGCTCACAACAGCAGTTGTTAAAACGATATTAA
GGTGATCTATCACCAACAGTTTGCAGCTGCAAATACATTAAGTGCTTAAACCAAACAGGTATTTCTAGAAATTCAGTGAATTTTATATCATGCTC
ACAAAATCGGCGCATCTGCTATCGAATGTGTGCGCAGACGTTGCCTATCGATAACAATCAGGTCGCATCGATAACGGGACTCAACAAAGTGCACA
AACAAGTGAAGAAGAAGCAGGAAAAAATTTTGATGTGCAAAGTTTGGAAACCAAATAATATTGATTGACGAAAGTAAGAGTTACGAAATTGGTGA
TCTCCACATCCTGGGTGGCGTGGTGGTGTGCGTGAATGATCGTCAGCGTACCGCTAATCGTGAGCGTGCGTGCGTGTGTGCGTGCCGTGTG
TCTGTGTCCGTCGGTCGCCGAGAGTGTGTGCGTTAGCTCCTCAGCTGGGGAAAAACTTTTGGAAAATTAGCAGTTCTCCGAGATAAACAGCCGTC
AAACTGGAGCGAATTCCGGAATATCTGCGCGACACTGTCGATTGGCTTATGGGGTGAGTACCGTTACACCACTAAAGACAATGTAATCTATGGCT
CGAAAGTGTTAGTCCCGAAAAAAA
(SEQ ID NO: 829)

Exon: 1589..1317
Exon: 1114..1001
Start ATG: 1589 (Reverse strand: CAT)

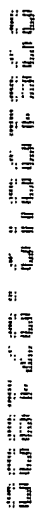
Transcript No. : CT22766
ATGTCGACCAATACGAATTATTCCATTCCGAAGGCGAGCTCCGTAATTCTGGCGGGTCTTAGCGTGGCCGCCGTGGGATTCGCCGGAAAGCACCT
GATGCGCCGCATGCCCCAGATGACCACCAAATTCAACGAGGCCCTCAAGAACCTGCCCAAATACGATGCGGAGAGCATGGCCGCCTCCAAATACT
ACAAGGGCGGCTTCGATCCCAAGATGAACAAGCGGGAGGCGTCCCTAATCCTAGGTGTCAGCCCCAGTGCGTCCAAGATAAAGATTAAGGACGCG
CACAAGAAGATCATGCTGTTGAACCATCCGGATCGAGGAGGATCTCCCTATTTGGCGGCCAAGATCAACGAGGCCAAAGACTTTCTGGACAAAGC
GAAGTAG
(SEQ ID NO: 830)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MSTNTNYSIPKASSVILAGLSVAAVGFAGKHLMRRMPQMTTKFNEALKNLPKYDAESMAASKYYKGGFDPKMNKREASLILGVSPSASKIKIKDA
HKKIMLLNHPDRGGSPYLAAKINEAKDFLDKAK*
(SEQ ID NO: 831)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384523
TGCTCTAACTAGGCCACACACGGAACAGGGATTGGAAATTTCACTTTGAGCTGCAAAGTTCTGGCGATCACCTCCACCTCTCGCAACGCGGCAAA
ATATCAACTGAATATTTTCAGACCTCGAGTGTGTTATTTGCGTTAAAAGAAAGAGTCGCGAATCGCTGCGAAGAGAAGAAAGAGAAAAGAAATAC
TAAAAGCTCGCTCCGAAGCTTTGGCGACGCGAGCATGATTCTTCTCATATACAGTATATAGCATTTGAATTGATTAAATGCTAATTTAGCATGCT
GTGGTCGTTGCCGCCATCGGAGATCTTACACTGAAACTTGAAAAGCGGATTCTGAATATCAATTCTTCTTGAAAAAAGGCTTTTATATGTATACA
TAGATCTATAGCTTCCTAAAAATCATTGCAGCTCATTATCAAACATGCTTTAATGCTGATTCGTCTGTATAAATATTTAATTATTGTCTACCAAG
TCATTGGAAAATTTTCACCACTATGCTTATTCGCCAACACTCTCGGAATATTTTATTTTTTCCATGGTCTATTTGTATAATTTCTTACCTTAATG
CCAAGACCATTTGAATATTTATACCCTGTCCTTTGCTGTTTTGTTCTCTTATCAATGCCCTTCGCATTGACCGAGTTTTCAGATTTCCTTGCCTT
TGGCATCATTAATCCCTTTCAACATGGCCAAAAGCCATTCAAAACTGAATTGTTGAGAGCTGTCACTTGGCATTTTATTGCCATCAGATAGCTGT
ACTCACAACAAAATTCTACGACAACCCAACCGACAAAGCCCACACGATGATAGTTAATTAAAAAGTTGTTGGCACACTCAGAATATCATGCAAAA
TTAGCCTGGCTAACTGGCCTTATCATAATTATCAGCAATCCCCAAACAAAACTTTACAACATGATAATTATTAAATAAAAAGCAAATAACCACTA
ACAGTAGAACCGAATTAACATTTGTGAGCTCAGAAAACAAAAGCAAAATACAGGTGAAACAAAATGCAGCAGCATCCGTTTACTAATTTATACGC
AATCTCAAATAATTTACAAAACAAATGGTTAACCGAAAGAAATATTTTAACAAGCTTTCTTGAGGCATTACAAAAATTAAAATAATATATTTCAG
ACAGAGCAAGATATCTATTTAAATATTATTTTATACAAAATGAAGCAATTGTTAAACAATTTGGACAACGCATGCAATCGACCCTATTTGTAATT
TAATTGATCAAAAGCGAATGTGTCTTAAAGCAGTACCTCTCTACTACACGCTTGATGTTAAATTGAATTTTTGCAATTTTTATTTTTCCGGTTCT
TTAAATATAATATAATAATAATAATAATAATTTTTCCAGCTGATTTTTATTTGTAGTTTTGTTTTTCTTTGTATTTAAACTTATTATGTTGATGC
TGTTGTTGGTAGCTGTCTAGCTTTTAATGTTTAATGCTTACATCATTTTTTCAGTAATTATTATTAAATTATTTCCGTTTATGCTGTTCTGTTTC
TGTTCGGTCAAACACACAATTAATCGCATGTTCGCCACCAATCCGCCAGTTGCTGCTCCAATTGCCACTGCCACAGCTGCAGCGGCTGTTGCTGC
TGATGTTGCTGCAGCTGCTGATGTTGCTGCGGCCCCAAGGACGCCTTTGCCGCTGCCGTTGCTCTTGGTACCGCCGCCAAATTTGCTGCTCCTAA
TGCTAATGCCGCTGCGAAGGCGGTAGCAGCGGCTGCTGCGGCGAAAATGACTGCGGCAGTTGATGATCTTGCTGTTGTTGCTGCTGCAGCTGCTG
CTGATGATGTTGCTGCTGTGGCGAGTGTTGGTGTTGTGTTTGTTGCTGCTATGGTGGTGACCGCAGTTCCTGCTGATATTGTGGCTATTGTTGTG
GACAACAGCACGGCGGCCATTGCCACTTACAATGACGCTGCTGCAGCTCCTCCTCTTCTGAATCTGACTATTGTAAACTGTTGATGTTATCTTTG
TTGCTTTTACTGTTGTTGTTGCATCTGCTTTTACTTCTGCTATTGTTGATGTTGAATTTGCTGATTCTGTTGGACTGCTGCAATCTGGAACGCAT
CACATAGCATACTTTCTAGTCCACTCTCGTGCCAGCTCATTGTATTTTTCCCGATCGGTTTTATATATTCTGGCAATCTCTGGAACAAGAGGATC
GTCTGGATTGGGATCACAGAGTAGAGAGCAAATTGATAATAAAACTGAAAGAGAATATGGAAACACATGTTAGTATCATTTTCGATGTAAGAACT
TTAGATGAACTCACCTTTTGAAATAGTTAATGCTGGCGACCACTGAGATCTTAATATATCGAGACAAATCGATCCATTGCTGTTGATGTTTGGAT
GGTATATGCGCGTTGTAAAAGCCACTTTGGGTGGTTTAAAGGGATAGTCTGTTGGAAAATGTATAGTTAAGAAGAATACACCTCCTTGATAAGGG
CTGTCCGGCTGTAAGAAAATTGATAACAAATACTATTAGTACAAGAACACTAGTTTACTACACACCTAGTTTATTTTATTTTGGTTTATTTGGAG
GTCAAATCATAGATTGCGTTCACTTGAAAAATTTGGTTAAAAGAATGCTTTGAAATAATAAGAAGTTCTGAAGTAAATTATCGCGAGCTTCAGAC
GCATGCCACAATGTTTACACGTTTAATGGATTGTTCTACACATGTACTGGATTTCTATTTAAACACACGATTACAAATGTACTTGGCTATTATAT
ATTATCTATCATTTCAAAGCATCTAATCAACTGACGTAGCTTATTTATAAATACAAATAGAGTATTGTTTTATTATTGCATTCTAATTTACATTA
ATGATTTATTAATCTGCTATTTTTAACTGTATACGGCAATCCCTGATCAGACCAAAAATAAACCAATATAAAATATTTCAGGCTACAAATTAAGA
TAGAATCGATTCGATCTTTCGGTGAAGTCCTCTTACCGGGCCCATTATTGTAGCTTGCCAGTGAAATACTGTAAGAAAACAAGAGATACATTAAT
CAAAACTGTTAAAAACGTAGTTGTGATATAATCCTAAAGAGCAAACATAAACTGCGCTGCAGTTAAACGTTTTCTGTTTGCTTTGATATGAGTCC
TATATCTACCTATATCTGCCCTAGATGGGAAATTACTGTGTGTACGTAAAGCATCTTGGATATTTACATTTGATAATGAGATGATGACAGAGTAT
ATTAAAATTTTCCCTTCGCTCAAAACTAAAACGTATTTTTCCTTGCCCAAGTTATATTCAAGTAATGAGTTTAGATACAGGAACTGATTTGCTAA
ATAACTAGGTAAATAAAATTAAGCTTCCAACAAGCCACAGAAATGTAATCTTCTTGTAGTACAATACCACTTTCCCCTAGTTCGCCACGTCTAGG
CCCCACTGTATATGCATCCAATGCAGCAAACTCGCTCTCGTCTAAATAAATGCACCACTCTCTCAGCGCCGCCCACCACCCCACTTCACCACTTC



CATTCTCATGGCCACGCTCTTTAGCGATTCCCCCCCCACAAAAGAACAAACACAAACAATGCCAGCCAAAGAGCCTTGGCACCGACAATTGGCAGC
AGCGTCAGCAGCAGAAAAAGCACCAAATGCTCTCCCCCTTGAAACAAAAACAAAGTTTTTAAAGTAAGGAATATACCTATACCGAGATACCCTGT
AACCAACCAGGCTTTAAAGCACACATACGAAAAATTCATTTCTATATAAAACTGAGATATTTTTATAAAATCATGTTTTCTTAATGGTGGAACGC
AATATATTCGATTTTTCAACCGATTTCATGCTAAACAAACCTTGACTATTATTGGCATACATTTCCATGAGTTCTATATATCCTTTCACACTGCA
GAACATCACATATGTATATATATACCCTTGTACCCTGTGAGAGAGCACAAAACGTGTGGCAGTTGGCTCAGAATCATGGCCAAAACAGAGCTACT
GGCTATGCCGTCAATGTCATTCTGGTGAACGAATCGAATGCGACTGGGAAACTCTCTCTGTTGTGGCAGAGCACTGAGAACTGAACTGGGAACTG
GGCCCTCGGTAACCAGCTGCTGCCTTGACCATAATTACACGAAATGTTCATTTGTCCATCTGCAGTAGGGAGTTTGGGTCTGGAAAATGCGTCGG
CATTGTTTTTGTCATAGCTCAGACGAAAGTAATCTCATAGCTGCAGCCATTTTGATTAATACCACTTAGACAACAATCAATAATTTCTGAGCATT
GCTAAGGCAACAAAAACCCTGCAACCAGATGATATTAATAAAAGCAATGCATATTTAGATAAAAACATCCTTAGTGCATTTAAAGAATTGATTAA
TCCGACCATGGTAGCTTAGCTCAAAAGCATTCAATCAATGTTGAGTTTAAATGTTTAAATACATGATTAAATCATAAGGTTTCCTTTGCCATACT
ACAATTACAATGGATTAATTTCACACACATACACACACACACACACACACACACAGCGCCACACTGAGCTGAAAATGGATGGGAGTTTCCATTGC
ACTCGAGTGAAAATTCGCCACCCACCCAACCAACACCTAAAAAACCAAAGTAAGCCCCGCCCTGAGCTGCAATTCCTTTCTTTTACCCCAGTTGC
TGGGAATTCGAAGGCAAGGGTTCGGAACAGCCAAATTGATAATAAAAGCAAAGTGATAAGAACTGCGGAAATTATTGAGCTGACTCCTCAATAAT
CATAGAAATATTCACGCTTATATACAAACATACTTTTAATTGTATATAATAGCGACGTTTAAACGCTGTTAATAGAAATCGAGTGAAATCGCCAC
ACTGGTCGTTCATTATCAGCAAACGATGACAATTATTAATATTATTATTTACTCTGCCTCGCGGGAACTTGAATGAGTTTGATTTCCTTACGACC
AGAGAAACTGGGAAATGAAACACAAAGAAATGAGCTAACGAAAGTGCTGGGATATATATAAAATATTTCAATATTTTGCCGTTCTGTATAATATT
TTCATTTCCACAAAAGTGCGTTCACTAAATTATAATATATATATAATACTGCAAAGCATTACGAACAAAATTTCTATAAGTTCCTATAGTTAAAA
CAATAGTTTATATAGCTTTTTGCAGAATAATTTCAGTTCCTAGCCATTTTCCCTAAAACTAAGTATTTAGTTTGCCATTTTCTTTTTAAAATTTT
ATCGCTTACAAAGTATGCCGGTGTTTTTTTTTTTTTAACCGAAATCGTCGTCAGCAAGACTATATAATTTACGATTTCACTTTTTGTGACGTCATT
GGAGAGTGACCCCCATATGGCTGGCACCTCTTCCTCTTCCCGCTTGAGTGGTGAAGGGGTGAAGGGAGGGGGGGGGGGTGCTTTTCAGTAACGGT
TGTCTGTATGCAGTACAGCTCTACGTGCTATAACGTAACCGAATCCGATCCACAATCAGCGTGAATTTGTTGGCTAATTGCATGACGGCTTCGTG
AGTTTTTTAAATCGAGTTTAAGACAGCGAAGAAAAAAGAACCAAGTCATGGCGATCAGCTGTTTGGAGGCCGTCGCTATCACAAAATAAAAAGAA
CCGAATCCAAACTTGGCGCAAAAGAATTCCAAATTAGCAAAGTCCAAACTAAAAGTAACAGCCAATAGGAAAACAAACGATGTACAAATTTAGTG
TGTTATATGCCTAGTCACGATCGAAATCTATGACGTGGTGATGGTCGATCGACAATATTTGCATTTTTTATTAACAATTCCGAGATAGTGGTATT
GTGAATTTTGCCTAATATATATATAGTTCCTATTCCTTGCATCAGACTATATACTATACTGACTCAGACTTGGCAACTCAGAAATATTTCACATA
ATTTCATGTCTTGGAGCTCCCACACGATATGGTGAAATCGAAACTTGGGTTAAAGCCCCCCCAACATAATACAACTGACTCACGGCAAATCAACG
AGTTGTTGAATAACATTAGCAATACTTACAATCATCTCCAACTGGACCGGCTGAACATTGTGCAGGTGGATCTCTGCCCAGATCTTGCAGTTCCT
GTTGAACAAAGACATTTTCAAATTAGTCATTGAAATAAAAGTTAAATATAGGTATGTAAGCTCAGTCAATTTCTGATTGTTTTTAACAGTTATGT
CAAGTCCTACAAAAAGAACTGGTTTTTAAAGAGTATATCTAATTTCTAGTCAAACCTTATATACTACCTACTTTCTGAAAGCATAGGTAACAAAC
CTAGCAATTGCAATACAGGAAACCCCAAAAAGAATTCTCGAAATGGGAAATGGTCAAAAGTGCATTTCATGGATATCTGCTTATGTTTTCCGGTA
GTCGGTTCTTTTGTTTTGCTCTATGATCCAGCTATATGTACATACATATGTATGTATGTACCACGGTTTTCCGGGTGTGCGTACATTTTATGCTG
TGTGGTTGGTATGCAAATGATGTAAATTTTAAATGCAGAATTTAAAAACAGATATGTGGGGATACAAAATAAACATTTTTATGCGAGAGCTTCGT
TCGAAGCGAGTGCGAGCGAGAGGGAGAGACGTGAAAAATCAAGTTCGTTGGCCCGGACCACAAATGGCGCTGTCTCCTTCTGCCCCACCCCCCGA
CCAGTCGCTCCATCCCTGTTGCACTCGCACGCACACAGCTGAGCGGCTCCCCTCCCTCTCTCTTACACTCCGACTCTTCTTCACTTATCACAGCT
GCCCCACACACACACTCCAAACGGGGAGAGAGAATGAGGTGTAAGGTAAACCGGCAAAAAAAAAAGAATATATATATAAAAAGAATAATGAAGA
TGAGCTGCGAAAGAGTAGCGCGACTCAGTGGAGAAGTAAGAGGAGGAGCAGCAGGAGGAGGAAGAATGAAGGAGAGTGAGAAGACTGAGCTTCAG
TGTATGCGTGTGTTTGTAACGGCACCACAAAATCAGAGTGGAGCACAACAAAAATAGCCGTCGCGAAAAACACCGTGTTTCTTTGCCCCATCTCA
CTTACTCATTTTGGGAATTGTACCTGTTGAGCAAAAATAAATTACAAGAAATTGTTACATTTCTTTTTTCGTTGGGAGTCGGAGCGGTTATGACT
CATATCAGACGAACAAATGAAGTAAAAACAAACACGCACACTTGTGCACAGCAAGAAAATTCGATAATATTATCAATATTAGACCAGGTGCACTA
CCAATACAAACTTCTATTTAATTCTTATTCGAATAATTAATATTGTGAACTTTAAGAATTGGTTCAGTAAGACTAAATGCCATATGCATTGGTTC
TAAAGCCCATTTCGTTCAGTGTACGGTTCAAGTGAGCTCCGATCGGCGTTTAAGCCGTTCTCTCTCGCTCTTTAACTCTCTTTTTTGGCAAATGA
GGCCATCTAGAGAAAAAAGGCTTTTGAAGAATTGACCACAAAAAGGGGGCGTGAGTGATTTTAAGAGTTTACTACAATGTATACTTTTATTTCCG
GTTTGCCGCTTGCCATTTCGTTTTCATTTAGGCAGGCATTAAAATGTTATAATGGATAGAAAACTACGAAAAACGAGGAAAACTCAATGGCCATG
ACGCCGACGCAGGCAGCGCTGCTTTTGTCGAGACAGTCAGCAGACCCCCGCCCCACACATTCAAACACAAATACACACCACGCTCACACATACGC
ATAGATATGAACAAATTCCGCATTCGCTGCTCATTTTGTATGTAAATTATGCTTAATTATAATTTATAACTAATTATTTGGGGGCCCCCTTTTGG
CTGACGGTGTTTTGCAACACTAAGCCCCGCTAGCACTCACACACTTGCGCTCTCTTTGGCTCTGCCCCATTGCGCGAGCGGGACCGAATGAGGCC
TCAGCTGTCGCGGGCAAAGGGAATGCGCCAGGGCCAGAGCGAGATGGCATGCAATGGCCATAGCCAAGTGATGGCGAGACTTTGTATTTGCGAGC
GTTTTAATGTGTGTGTGTGTGGGGTATGACTATGATAACCGGCTTCAAACGTAAAAAAAGATCCCAATTTGCCAAGTAACATTTCCACAACTTCG
AGATATTACTAATGCTTTTGAGGAAGGCTGGGATGACTTTGAAAAAATATCGGGTTGTCAGGGCCTTGAACATTGGGGTGTAAAAAAGCATTTAC
TGGACAAGGACAAACGACGCGCAGGCACTTTAAAAATAATTATCGAAGCACGCACGCTAGAACCACTCTACCTAAATACATATATAAATATATAT
GCTTGGGGGCAGCACTATTTCTGAATTATCAGCGCAAAAAGTAGGGTTAGGTTAATTTTATACGCTTCTTGCTTTTGCTCTGTTTTATTTTTTGC
TGGATCTTTCTGCGGCGCTGGCAGTGTGTGCGTTTATGTGTGACTGTTGCGAGGCTGAGAGTGTGTGCGAGTGCCGTGTACAGCGTGTATTGGGT
AACAGCGCCCGTAGAGCTGCGAAAACTCCGCCGTATAGTTGCATTAATGTAAATGCATCCAGGTGCCCGGCACACACGCACACAAACAATGCACA
TTTGCATTGCACTTTCACGCACACGCATCGCACACACACTTATCCCACACTCTCGCAAAAGTAACGGAAGCGATGACTGCACTACACGTTGCCTT
GCCCACCACACACACACATCCTTATACCTTTTTCACCACCCTCAAAATTTCTAATCTGCTCCTAATTACTAACTTATTAATTAAATGGTAACTCC
ACAGCTCATTTTCTCCCTTCCCTCTTGCACGCTTCTTTCCCCCCGCTTCTTCTTTCTTCTCCTCGGTTACTACCTACGTTTCACATTTCTTGCAT
AAAATTTTTCTCCCGTTGAAAACTGATGTCTGTTCGCTTTTTTTTTTAGACTATCATTTTGGTGTATCGCAAAGGGTTCTGTTCTTTCTTTTTTTA
GTCCGTTTCGCAAAGTTTTTTGAGATATTCCTTTTTTCACATACCTTATTGATTCTTTTTAACGCCATTTTCTGATTGAAATTTGATTTTCTGGG
TTGTGTGTGTGTTTGGTTGGTTGTGTGTGTGTTTGGTTGGTTGTGTGCTGGTGTTGGTGTCTCGCGTATTTCTTTTGTTCTTCGCACAGAATTGG
GTTTTATTCAATATATAATCCTCCTGCTTAGAATTGAACGAAAAACGAAACACAAAGCTGCGTTGCGCCTCTAGAACTTTGATGCTTAAATATGG
CTCTTTCGGTTGAGTGTCCCTTGTCACGAAATAAAGCAGCACCAGCGCACTGCAAGTAAAAACGGCGACCCGACGAAGACTACGGCGACGATTAT
TTTTTCACAATCAATGCGGGGCCTTTCGACCGTTTGTGCGATAGAGACGACCGTTAGTGAGCTGAGAACGCAACGAAGCACAATCGTTACACCGA
AGTGTAAGCCCGAGCGAGAGGAATGGTGTGTCTGTGTCGTGTGGTAGTGTTGTGAAGCGGAAGTCCAGCAGAGCAGTCCAGCTATATGACCTTTT
CGCTAGGGGTGGCCAGATCGATTGGGTGGCAACGCCTTTTAGGTGAGGGATGAATCAGTTAATTACAATTTGATTGCCAATGCAAGACTCTTCAT
ACTCACTTTAGTTCGGGAACAGCCAGAAGAAATAGTTTTACCGGCAGCGAGGAGGTGTTATATTTTATTCGAACTACCTTCTTATCGATGGTGCG
TGCGCCCAAAAGCTTGCAACTTGTATGTAAATTTGTTAACACCCAACGTGTTGCAGGCTGCCGGAATGTTTTTACTGAGCAATTTTGAGATGTTG
GTAATCCGAGTTCTTGAAAACTTTCCGACTAGCTACTGAGTTCTACAACTGAATTGACAGGGCGTTATTTTAAAATTTAAATTCACTCCAGAGCG
CTGGTCTGGCAAGGCCGACGTGCCAATTCAGGATACTTGTCGATATTTTCCGTTGTGCTATCGATAGTTTTTGGGAATAACAGGCGTTAGTAGAT
TTTTAGTATTTAGATTTTATTATCATAAGGATGAAAATATTTTTAACAAAATAAACTGGTTCATTTAATTTAACTTTTTATTTTCTCACTACTCC
AAATGGCGCTTCCGCTGTCTGAAACTGCCGTTATAATAGTATGAACAGTTAAAACAATCGACGGTAGCTGAATTTAATCAATGCAGCCCTCTTAC
CCTATACATCGATAGTATCGCATAAACATCGATTTTGGTTCCAGCTCTAACTTTAACTGTCTGCAAAATATTTCAAACAAAAGTGTTTGTTAATT

AAGTAATATACTTAATATTAGTGGCTGTTTTGCTTCGACATTGATCGAATTGCGGTTGTGCAAGTGTTTTGTTTGATTTGTTGGCGTGTTTTTCC
TAGTTTGGCGGCCCTTTGAACTCGTTCGTGTATCGCCATCTCTCTCCCACCCCCGCAATCGGCTTCGTGCGTATTTTTTTGTGAATTTTTACACA
GAACTCACACTTTTGTATGGCCCAAGAATTTGTACAATATTTTTGCACTTGAAAAACAAGAAATAATGAAGAAAGCCAAGATAAACGCGACGATG
TGCAAGTGCTAATCATTCAGTTTTGGCAAGCGCTGAACTTCGCTGACTTCTTGAACAGCAAAAAAGATGGAGGAGGATAATGCCAAGGTCCTAAG
TAATAACAACAAGAACAACAGAAACAACAATAAGGGACGCCAGCAGCTGCAGGGACACGCCCACAGCTCCGCCACCGCCCACGCCTCCGTCGATA
TATTTATATTCGATTTATAGTAGCTGTAGTTGTAGTCATGCCAACAACAAAAACGCAAACACAGACAACAAC
(SEQ ID NO: 832)

Exon: 9807..9602
Exon: 9535..8975
Exon: 6078..6015
Exon: 3013..2982
Exon: 2478..2295
Exon: 2229..1001
Start ATG: 8998 (Reverse strand: CAT)

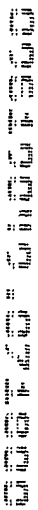
Transcript No. : CT22777
AGTTTTCAAGAACTCGGATTACCAACATCTCAAAATTGCTCAGTAAAAACATTCCGGCAGCCTGCAACACGTTGGGTGTTAACAAATTTACATAC
AAGTTGCAAGCTTTTGGGCGCACGCACCATCGATAAGAAGGTAGTTCGAATAAAATATAACACCTCCTCGCTGCCGGTAAAACTATTTCTTCTGG
CTGTTCCCGAACTAAAGCGTTGCCACCCAATCGATCTGGCCACCCCTAGCGAAAAGGTCATATAGCTGGACTGCTCTGCTGGACTTCCGCTTCAC
AACACTACCACACGACACAGACACACCATTCCTCTCGCTCGGGCTTACACTTCGGTGTAACGATTGTGCTTCGTTGCGTTCTCAGCTCACTAACG
GTCGTCTCTATCGCACAAACGGTCGAAAGGCCCCGCATTGATTGTGAAAAAATAATCGTCGCCGTAGTCTTCGTCGGGTCGCCGTTTTTACTTGC
AGTGCGCTGGTGCTGCTTTATTTCGTGACAAGGGACACTCAACCGAAAGAGCCATATTTAAGCATCAAAGTTCTAGAGGCGCAACGCAGCTTTGT
GTTTCGTTTTTCGTTCAATTCTAAGCAGGAGGATTATATATTGAATAAAACCCAATTCTGTGCGAAGAACAAAAGAAATACGCGAGACACCAACA
CCAGCACACAACCAACCAAACACACACACAACCAACCAAACACACACACAACCCAGAAAATCAAATTTCAATCAGAAAATGGCGTTAAAAAGAAT
CAATAAGGAACTGCAAGATCTGGGCAGAGATCCACCTGCACAATGTTCAGCCGGTCCAGTTGGAGATGATTTATTTCACTGGCAAGCTACAATAA
TGGGCCCGCCGGACAGCCCTTATCAAGGAGGTGTATTCTTCTTAACTATACATTTTCCAACAGACTATCCCTTTAAACCACCCAAAGTGGCTTTT
ACAACGCGCATATACCATCCAAACATCAACAGCAATGGATCGATTTGTCTCGATATATTAAGATCTCAGTGGTCGCCAGCATTAACTATTTCAAA
AGTTTTATTATCAATTTGCTCTCTACTCTGTGATCCCAATCCAGACGATCCTCTTGTTCCAGAGATTGCCAGAAATATATAAAACCGATCGGGAAA
AATACAATGAGCTGGCACGAGAGTGGACTAGAAAGTATGCTATGTGATGCGTTCCAGATTGCAGCAGTCCAACAGAATCAGCAAATTCAACATCA
ACAATAGCAGAAGTAAAAGCAGATGCAACAACAACAGTAAAAGCAACAAAGATAACATCAACAGTTTACAATAGTCAGATTCAGAAGAGGAGGAG
CTGCAGCAGCGTCATTGTAAGTGGCAATGGCCGCCGTGCTGTTGTCCACAACAATAGCCACAATATCAGCAGGAACTGCGGTCACCACCATAGCA
GCAACAAACACAACACCAACACTCGCCACAGCAGCAACATCATCAGCAGCAGCTGCAGCAGCAACAACAGCAAGATCATCAACTGCCGCAGTCAT
TTTCGCCGCAGCAGCCGCTGCTACCGCCTTCGCAGCGGCATTAGCATTAGGAGCAGCAAATTTGGCGGCGGTACCAAGAGCAACGGCAGCGGCAA
AGGCGTCCTTGGGGCCGCAGCAACATCAGCAGCTGCAGCAACATCAGCAGCAACAGCCGCTGCAGCTGTGGCAGTGGCAATTGGAGCAGCAACTG
GCGGATTGGTGGCGAACATGCGATTAATTGTGTGTTTGACCGAACAGAAACAGAACAGCATAAACGGAAATAATTTAATAATAATTACTGAAAAA
ATGATGTAAGCATTAAACATTAAAAGCTAGACAGCTACCAACAACAGCATCAACATAATAAGTTTAAATACAAAGAAAAACAAAACTACAAATAA
AAATCAGCTGGAAAAATTATTATTATTATTATTATATTATATTTAAAGAACCGGAAAAATAAAAATTGCAAAAATTCAATTTAACATCAAGCGTG
TAGTAGAGAGGTACTGCTTTAAGACACATTCGCTTTTGATCAATTAAATTACAAATAGGGTCGATTGCATGCGTTGTCCAAATTGTTTAACAATT
GCTTCATTTTGTATAAAATAATATTTAAATAGATATCTTGCTCTGTCTGAAATATATTATTTTAATTTTTGTAATGCCTCAAGAAAGCTTGTTAA
AATATTTCTTTCGGTTAACCATTTGTTTTGTAAATTATTTGAGATTGCGTATAAATTAGTAAACGGATGCTGCTGCATTTTGTTTCACCTG
(SEQ ID NO: 833)

Start ATG: 744 (Reverse strand: CAT)

MALKRINKELQDLGRDPPAQCSAGPVGDDLFHWQATIMGPPDSPYQGGVFFLTIHFPTDYPFKPPKVAFTTRIYHPNINSNGSICLDILRSQWSP
ALTISKVLLSICSLLCDPNPDDPLVPEIARIYKTDREKYNELAREWTRKYAM*
(SEQ ID NO: 834)

Name: effete
Classification: enzyme
Gene Symbol: eff
FlyBase ID: FBgn0011217

Celera Sequence No. : 142000013384523
TGCTCTAACTAGGCCACACACGGAACAGGGATTGGAAATTTCACTTTGAGCTGCAAAGTTCTGGCGATCACCTCCACCTCTCGCAACGCGGCAAA
ATATCAACTGAATATTTTCAGACCTCGAGTGTGTTATTTGCGTTAAAAGAAAGAGTCGCGAATCGCTGCGAAGAGAAGAAAGAGAAAAGAAATAC
TAAAAGCTCGCTCCGAAGCTTTGGCGACGCGAGCATGATTCTTCTCATATACAGTATATAGCATTTGAATTGATTAAATGCTAATTTAGCATGCT
GTGGTCGTTGCCGCCATCGGAGATCTTACACTGAAACTTGAAAAGCGGATTCTGAATATCAATTCTTCTTGAAAAAAGGCTTTTATATGTATACA
TAGATCTATAGCTTCCTAAAAATCATTGCAGCTCATTATCAAACATGCTTTAATGCTGATTCGTCTGTATAAATATTTAATTATTGTCTACCAAG
TCATTGGAAAATTTTCACCACTATGCTTATTCGCCAACACTCTCGGAATATTTTATTTTTTCCATGGTCTATTTGTATAATTTCTTACCTTAATG
CCAAGACCATTTGAATATTTATACCCTGTCCTTTGCTGTTTTGTTCTCTTATCAATGCCCTTCGCATTGACCGAGTTTTCAGATTTCCTTGCCTT
TGGCATCATTAATCCCTTTCAACATGGCCAAAAGCCATTCAAAACTGAATTGTTGAGAGCTGTCACTTGGCATTTTATTGCCATCAGATAGCTGT
ACTCACAACAAAATTCTACGACAACCCAACCGACAAAGCCCACACGATGATAGTTAATTAAAAAGTTGTTGGCACACTCAGAATATCATGCAAAA
TTAGCCTGGCTAACTGGCCTTATCATAATTATCAGCAATCCCCAAACAAAACTTTACAACATGATAATTATTAAATAAAAAGCAAATAACCACTA
ACAGTAGAACCGAATTAACATTTGTGAGCTCAGAAAACAAAAGCAAAATACAGGTGAAACAAAATGCAGCAGCATCCGTTTACTAATTTATACGC
AATCTCAAATAATTTACAAAACAAATGGTTAACCGAAAGAAATATTTTAACAAGCTTTCTTGAGGCATTACAAAAATTAAAATAATATATTTCAG
ACAGAGCAAGATATCTATTTAAATATTATTTTATACAAAATGAAGCAATTGTTAAACAATTTGGACAACGCATGCAATCGACCCTATTTGTAATT
TAATTGATCAAAAGCGAATGTGTCTTAAAGCAGTACCTCTCTACTACACGCTTGATGTTAAATTGAATTTTTGCAATTTTTATTTTTCCGGTTCT
TTAAATATAATATAATAATAATAATAATAATTTTTCCAGCTGATTTTTATTTGTAGTTTTGTTTTTCTTTGTATTTAAACTTATTATGTTGATGC



TGTTGTTGGTAGCTGTCTAGCTTTTAATGTTTAATGCTTACATCATTTTTTCAGTAATTATTATTAAATTATTTCCGTTTATGCTGTTCTGTTTC
TGTTCGGTCAAACACACAATTAATCGCATGTTCGCCACCAATCCGCCAGTTGCTGCTCCAATTGCCACTGCCACAGCTGCAGCGGCTGTTGCTGC
TGATGTTGCTGCAGCTGCTGATGTTGCTGCGGCCCCAAGGACGCCTTTGCCGCTGCCGTTGCTCTTGGTACCGCCGCCAAATTTGCTGCTCCTAA
TGCTAATGCCGCTGCGAAGGCGGTAGCAGCGGCTGCTGCGGCGAAAATGACTGCGGCAGTTGATGATCTTGCTGTTGTTGCTGCTGCAGCTGCTG
CTGATGATGTTGCTGCTGTGGCGAGTGTTGGTGTTGTGTTTGTTGCTGCTATGGTGGTGACCGCAGTTCCTGCTGATATTGTGGCTATTGTTGTG
GACAACAGCACGGCGGCCATTGCCACTTACAATGACGCTGCTGCAGCTCCTCCTCTTCTGAATCTGACTATTGTAAACTGTTGATGTTATCTTTG
TTGCTTTTACTGTTGTTGTTGCATCTGCTTTTACTTCTGCTATTGTTGATGTTGAATTTGCTGATTCTGTTGGACTGCTGCAATCTGGAACGCAT
CACATAGCATACTTTCTAGTCCACTCTCGTGCCAGCTCATTGTATTTTTCCCGATCGGTTTTATATATTCTGGCAATCTCTGGAACAAGAGGATC
GTCTGGATTGGGATCACAGAGTAGAGAGCAAATTGATAATAAAACTGAAAGAGAATATGGAAACACATGTTAGTATCATTTTCGATGTAAGAACT
TTAGATGAACTCACCTTTTGAAATAGTTAATGCTGGCGACCACTGAGATCTTAATATATCGAGACAAATCGATCCATTGCTGTTGATGTTTGGAT
GGTATATGCGCGTTGTAAAAGCCACTTTGGGTGGTTTAAAGGGATAGTCTGTTGGAAAATGTATAGTTAAGAAGAATACACCTCCTTGATAAGGG
CTGTCCGGCTGTAAGAAAATTGATAACAAATACTATTAGTACAAGAACACTAGTTTACTACACACCTAGTTTATTTTATTTTGGTTTATTTGGAG
GTCAAATCATAGATTGCGTTCACTTGAAAAATTTGGTTAAAAGAATGCTTTGAAATAATAAGAAGTTCTGAAGTAAATTATCGCGAGCTTCAGAC
GCATGCCACAATGTTTACACGTTTAATGGATTGTTCTACACATGTACTGGATTTCTATTTAAACACACGATTACAAATGTACTTGGCTATTATAT
ATTATCTATCATTTCAAAGCATCTAATCAACTGACGTAGCTTATTTATAAATACAAATAGAGTATTGTTTTATTATTGCATTCTAATTTACATTA
ATGATTTATTAATCTGCTATTTTTAACTGTATACGGCAATCCCTGATCAGACCAAAAATAAACCAATATAAAATATTTCAGGCTACAAATTAAGA
TAGAATCGATTCGATCTTTCGGTGAAGTCCTCTTACCGGGCCCATTATTGTAGCTTGCCAGTGAAATACTGTAAGAAAACAAGAGATACATTAAT
CAAAACTGTTAAAAACGTAGTTGTGATATAATCCTAAAGAGCAAACATAAACTGCGCTGCAGTTAAACGTTTTCTGTTTGCTTTGATATGAGTCC
TATATCTACCTATATCTGCCCTAGATGGGAAATTACTGTGTGTACGTAAAGCATCTTGGATATTTACATTTGATAATGAGATGATGACAGAGTAT
ATTAAAATTTTCCCTTCGCTCAAAACTAAAACGTATTTTTCCTTGCCCAAGTTATATTCAAGTAATGAGTTTAGATACAGGAACTGATTTGCTAA
ATAACTAGGTAAATAAAATTAAGCTTCCAACAAGCCACAGAAATGTAATCTTCTTGTAGTACAATACCACTTTCCCCTAGTTCGCCACGTCTAGG
CCCCACTGTATATGCATCCAATGCAGCAAACTCGCTCTCGTCTAAATAAATGCACCACTCTCTCAGCGCCGCCCACCACCCCACTTCACCACTTC
CATTCTCATGGCCACGCTCTTTAGCGATTCCCCCCCCACAAAAGAACAAACACAAACAATGCCAGCCAAAGAGCCTTGGCACCGACAATTGGCAGC
AGCGTCAGCAGCAGAAAAAGCACCAAATGCTCTCCCCCTTGAAACAAAAACAAAGTTTTTAAAGTAAGGAATATACCTATACCGAGATACCCTGT
AACCAACCAGGCTTTAAAGCACACATACGAAAAATTCATTTCTATATAAAACTGAGATATTTTTATAAAATCATGTTTTCTTAATGGTGGAACGC
AATATATTCGATTTTTCAACCGATTTCATGCTAAACAAACCTTGACTATTATTGGCATACATTTCCATGAGTTCTATATATCCTTTCACACTGCA
GAACATCACATATGTATATATATACCCTTGTACCCTGTGAGAGAGCACAAAACGTGTGGCAGTTGGCTCAGAATCATGGCCAAAACAGAGCTACT
GGCTATGCCGTCAATGTCATTCTGGTGAACGAATCGAATGCGACTGGGAAACTCTCTCTGTTGTGGCAGAGCACTGAGAACTGAACTGGGAACTG
GGCCCTCGGTAACCAGCTGCTGCCTTGACCATAATTACACGAAATGTTCATTTGTCCATCTGCAGTAGGGAGTTTGGGTCTGGAAAATGCGTCGG
CATTGTTTTTGTCATAGCTCAGACGAAAGTAATCTCATAGCTGCAGCCATTTTGATTAATACCACTTAGACAACAATCAATAATTTCTGAGCATT
GCTAAGGCAACAAAAACCCTGCAACCAGATGATATTAATAAAAGCAATGCATATTTAGATAAAAACATCCTTAGTGCATTTAAAGAATTGATTAA
TCCGACCATGGTAGCTTAGCTCAAAAGCATTCAATCAATGTTGAGTTTAAATGTTTAAATACATGATTAAATCATAAGGTTTCCTTTGCCATACT
ACAATTACAATGGATTAATTTCACACACATACACACACACACACACACACACACAGCGCCACACTGAGCTGAAAATGGATGGGAGTTTCCATTGC
ACTCGAGTGAAAATTCGCCACCCACCCAACCAACACCTAAAAAACCAAAGTAAGCCCCGCCCTGAGCTGCAATTCCTTTCTTTTACCCCAGTTGC
TGGGAATTCGAAGGCAAGGGTTCGGAACAGCCAAATTGATAATAAAAGCAAAGTGATAAGAACTGCGGAAATTATTGAGCTGACTCCTCAATAAT
CATAGAAATATTCACGCTTATATACAAACATACTTTAATTGTATATAATAGCGACGTTTAAACGCTGTTAATAGAAATCGAGTGAAATCGCCAC
ACTGGTCGTTCATTATCAGCAAACGATGACAATTATTAATATTATTATTTACTCTGCCTCGCGGGAACTTGAATGAGTTTGATTTCCTTACGACC
AGAGAAACTGGGAAATGAAACACAAAGAAATGAGCTAACGAAAGTGCTGGGATATATATAAAATATTTCAATATTTTGCCGTTCTGTATAATATT
TTCATTTCCACAAAAGTGCGTTCACTAAATTATAATATATATATAATACTGCAAAGCATTACGAACAAAATTTCTATAAGTTCCTATAGTTAAAA
CAATAGTTTATATAGCTTTTTGCAGAATAATTTCAGTTCCTAGCCATTTTCCCTAAAACTAAGTATTTAGTTTGCCATTTTCTTTTTAAAATTTT
ATCGCTTACAAAGTATGCCGGTGTTTTTTTTTTTTAACCGAAATCGTCGTCAGCAAGACTATATAATTTACGATTTCACTTTTTGTGACGTCATT
GGAGAGTGACCCCCATATGGCTGGCACCTCTTCCTCTTCCCGCTTGAGTGGTGAAGGGGTGAAGGGAGGGGGGGGGGGTGCTTTTCAGTAACGGT
TGTCTGTATGCAGTACAGCTCTACGTGCTATAACGTAACCGAATCCGATCCACAATCAGCGTGAATTTGTTGGCTAATTGCATGACGGCTTCGTG
AGTTTTTTAAATCGAGTTTAAGACAGCGAAGAAAAAAGAACCAAGTCATGGCGATCAGCTGTTTGGAGGCCGTCGCTATCACAAAATAAAAAGAA
CCGAATCCAAACTTGGCGCAAAAGAATTCCAAATTAGCAAAGTCCAAACTAAAAGTAACAGCCAATAGGAAAACAAACGATGTACAAATTTAGTG
TGTTATATGCCTAGTCACGATCGAAATCTATGACGTGGTGATGGTCGATCGACAATATTTGCATTTTTTATTAACAATTCCGAGATAGTGGTATT
GTGAATTTTGCCTAATATATATATAGTTCCTATTCCTTGCATCAGACTATATACTATACTGACTCAGACTTGGCAACTCAGAAATATTTCACATA
ATTTCATGTCTTGGAGCTCCCACACGATATGGTGAAATCGAAACTTGGGTTAAAGCCCCCCCAACATAATACAACTGACTCACGGCAAATCAACG
AGTTGTTGAATAACATTAGCAATACTTACAATCATCTCCAACTGGACCGGCTGAACATTGTGCAGGTGGATCTCTGCCCAGATCTTGCAGTTCCT
GTTGAACAAAGACATTTTCAAATTAGTCATTGAAATAAAAGTTAAATATAGGTATGTAAGCTCAGTCAATTTCTGATTGTTTTTAACAGTTATGT
CAAGTCCTACAAAAAGAACTGGTTTTTAAAGAGTATATCTAATTTCTAGTCAAACCTTATATACTACCTACTTTCTGAAAGCATAGGTAACAAAC
CTAGCAATTGCAATACAGGAAACCCCAAAAAGAATTCTCGAAATGGGAAATGGTCAAAAGTGCATTTCATGGATATCTGCTTATGTTTTCCGGTA
GTCGGTTCTTTTGTTTTGCTCTATGATCCAGCTATATGTACATACATATGTATGTATGTACCACGGTTTTCCGGGTGTGCGTACATTTTATGCTG
TGTGGTTGGTATGCAAATGATGTAAATTTTAAATGCAGAATTTAAAAACAGATATGTGGGGATACAAAATAAACATTTTTATGCGAGAGCTTCGT
TCGAAGCGAGTGCGAGCGAGAGGGAGAGACGTGAAAAATCAAGTTCGTTGGCCCGGACCACAAATGGCGCTGTCTCCTTCTGCCCCACCCCCCGA
CCAGTCGCTCCATCCCTGTTGCACTCGCACGCACACAGCTGAGCGGCTCCCCTCCCTCTCTCTTACACTCCGACTCTTCTTCACTTATCACAGCT
GCCCCACACACACACACTCCAAACGGGGAGAGAGAATGAGGTGTAAGGTAAACCGGCAAAAAAAAAGAATATATATATAAAAAGAATAATGAAGA
TGAGCTGCGAAAGAGTAGCGCGACTCAGTGGAGAAGTAAGAGGAGGAGCAGCAGGAGGAGGAAGAATGAAGGAGAGTGAAGAAGACTGAGCTTCAG
TGTATGCGTGTGTTTGTAACGGCACCACAAAATCAGAGTGGAGCACAACAAAAATAGCCGTCGCGAAAAACACCGTGTTTCTTTGCCCCATCTCA
CTTACTCATTTTGGGAATTGTACCTGTTGAGCAAAAATAAATTACAAGAAATTGTTACATTTCTTTTTTCGTTGGGAGTCGGAGCGGTTATGACT
CATATCAGACGAACAAATGAAGTAAAAACAAACACGCACACTTGTGCACAGCAAGAAAATTCGATAATATTATCAATATTAGACCAGGTGCACTA
CCAATACAAACTTCTATTTAATTCTTATTCGAATAATTAATATTGTGAACTTTAAGAATTGGTTCAGTAAGACTAAATGCCATATGCATTGGTTC
TAAAGCCCATTTCGTTCAGTGTACGGTTCAAGTGAGCTCCGATCGGCGTTTAAGCCGTTCTCTCTCGCTCTTTAACTCTCTTTTTTGGCAAATGA
GGCCATCTAGAGAAAAAAGGCTTTTGAAGAATTGACCACAAAAAGGGGGCGTGAGTGATTTTAAGAGTTTACTACAATGTATACTTTTATTTCCG
GTTTGCCGCTTGCCATTTCGTTTTCATTTAGGCAGGCATTAAAATGTTATAATGGATAGAAAACTACGAAAAACGAGGAAAACTCAATGGCCATG
ACGCCGACGCAGGCAGCGCTGCTTTTGTCGAGACAGTCAGCAGACCCCCGCCCCACACATTCAAACACAAATACACACCACGCTCACACATACGC
ATAGATATGAACAAATTCCGCATTCGCTGCTCATTTTGTATGTAAATTATGCTTAATTATAATTTATAACTAATTATTTGGGGGCCCCCTTTTGG
CTGACGGTGTTTTGCAACACTAAGCCCCGCTAGCACTCACACACTTGCGCTCTCTTTGGCTCTGCCCCATTGCGCGAGCGGGACCGAATGAGGCC
TCAGCTGTCGCGGGCAAAGGGAATGCGCCAGGGCCAGAGCGAGATGGCATGCAATGGCCATAGCCAAGTGATGGCGAGACTTTGTATTTGCGAGC
GTTTTAATGTGTGTGTGTGTGGGGTATGACTATGATAACCGGCTTCAAACGTAAAAAAAGATCCCAATTTGCCAAGTAACATTTCCACAACTTCG
AGATATTACTAATGCTTTTGAGGAAGGCTGGGATGACTTTGAAAAAATATCGGGTTGTCAGGGCCTTGAACATTGGGGTGTAAAAAAGCATTTAC

FIGURE SHEET 450

TGGACAAGGACAAACGACGCGCAGGCACTTTAAAAATAATTATCGAAGCACGCACGCTAGAACCACTCTACCTAAATACATATATAAATATATAT
GCTTGGGGGCAGCACTATTTCTGAATTATCAGCGCAAAAAGTAGGGTTAGGTTAATTTTATACGCTTCTTGCTTTTGCTCTGTTTTATTTTTTGC
TGGATCTTTCTGCGGCGCTGGCAGTGTGTGCGTTTATGTGTGACTGTTGCGAGGCTGAGAGTGTGTGCGAGTGCCGTGTACAGCGTGTATTGGGT
AACAGCGCCCGTAGAGCTGCGAAAACTCCGCCGTATAGTTGCATTAATGTAAATGCATCCAGGTGCCCGGCACACACGCACACAAACAATGCACA
TTTGCATTGCACTTTCACGCACACGCATCGCACACACACTTATCCCACACTCTCGCAAAAGTAACGGAAGCGATGACTGCACTACACGTTGCCTT
GCCCACCACACACACACATCCTTATACCTTTTTCACCACCCTCAAAATTTCTAATCTGCTCCTAATTACTAACTTATTAATTAAATGGTAACTCC
ACAGCTCATTTTCTCCCTTCCCTCTTGCACGCTTCTTTCCCCCCGCTTCTTCTTTCTTCTCCTCGGTTACTACCTACGTTTCACATTTCTTGCAT
AAAATTTTTCTCCCGTTGAAAACTGATGTCTGTTCGCTTTTTTTTTAGACTATCATTTTGGTGTATCGCAAAGGGTTCTGTTCTTTCTTTTTTTA
GTCCGTTTCGCAAAGTTTTTTGAGATATTCCTTTTTTCACATACCTTATTGATTCTTTTTAACGCCATTTTCTGATTGAAATTTGATTTTCTGGG
TTGTGTGTGTGTTTGGTTGGTTGTGTGTGTGTTTGGTTGGTTGTGTGCTGGTGTTGGTGTCTCGCGTATTTCTTTTGTTCTTCGCACAGAATTGG
GTTTTATTCAATATATAATCCTCCTGCTTAGAATTGAACGAAAAACGAAACACAAAGCTGCGTTGCGCCTCTAGAACTTTGATGCTTAAATATGG
CTCTTTCGGTTGAGTGTCCCTTGTCACGAAATAAAGCAGCACCAGCGCACTGCAAGTAAAAACGGCGACCCGACGAAGACTACGGCGACGATTAT
TTTTTCACAATCAATGCGGGGCCTTTCGACCGTTTGTGCGATAGAGACGACCGTTAGTGAGCTGAGAACGCAACGAAGCACAATCGTTACACCGA
AGTGTAAGCCCGAGCGAGAGGAATGGTGTGTCTGTGTCGTGTGGTAGTGTTGTGAAGCGGAAGTCCAGCAGAGCAGTCCAGCTATATGACCTTTT
CGCTAGGGGTGGCCAGATCGATTGGGTGGCAACGCCTTTTAGGTGAGGGATGAATCAGTTAATTACAATTTGATTGCCAATGCAAGACTCTTCAT
ACTCACTTTAGTTCGGGAACAGCCAGAAGAAATAGTTTTACCGGCAGCGAGGAGGTGTTATATTTTATTCGAACTACCTTCTTATCGATGGTGCG
TGCGCCCAAAAGCTTGCAACTTGTATGTAAATTTGTTAACACCCAACGTGTTGCAGGCTGCCGGAATGTTTTTACTGAGCAATTTTGAGATGTTG
GTAATCCGAGTTCTTGAAAACTTTCCGACTAGCTACTGAGTTCTACAACTGAATTGACAGGGCGTTATTTTAAAATTTAAATTCACTCCAGAGCG
CTGGTCTGGCAAGGCCGACGTGCCAATTCAGGATACTTGTCGATATTTTCCGTTGTGCTATCGATAGTTTTTGGGAATAACAGGCGTTAGTAGAT
TTTTAGTATTTAGATTTTATTATCATAAGGATGAAAATATTTTTAACAAAATAAACTGGTTCATTTAATTTAACTTTTTATTTTCTCACTACTCC
AAATGGCGCTTCCGCTGTCTGAAACTGCCGTTATAATAGTATGAACAGTTAAAACAATCGACGGTAGCTGAATTTAATCAATGCAGCCCTCTTAC
CCTATACATCGATAGTATCGCATAAACATCGATTTTGGTTCCAGCTCTAACTTTAACTGTCTGCAAAATATTTCAAACAAAAGTGTTTGTTAATT
AAGTAATATACTTAATATTAGTGGCTGTTTTGCTTCGACATTGATCGAATTGCGGTTGTGCAAGTGTTTTGTTTGATTTGTTGGCGTGTTTTTCC
TAGTTTGGCGGCCCTTTGAACTCGTTCGTG
(SEQ ID NO: 835)

Exon: 9385..8975
Exon: 6078..6015
Exon: 3013..2982
Exon: 2478..2295
Exon: 2229..1001
Start ATG: 8998 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT22799
CGTTGCGTTCTCAGCTCACTAACGGTCGTCTCTATCGCACAAACGGTCGAAAGGCCCCGCATTGATTGTGAAAAAATAATCGTCGCCGTAGTCTT
CGTCGGGTCGCCGTTTTTACTTGCAGTGCGCTGGTGCTGCTTTATTTCGTGACAAGGGACACTCAACCGAAAGAGCCATATTTAAGCATCAAAGT
TCTAGAGGCGCAACGCAGCTTTGTGTTTCGTTTTTCGTTCAATTCTAAGCAGGAGGATTATATATTGAATAAAACCCAATTCTGTGCGAAGAACA
AAAGAAATACGCGAGACACCAACACCAGCACACAACCAACCAAACACACACACAACCAACCAAACACACACACAACCCAGAAAATCAAATTTCAA
TCAGAAAATGGCGTTAAAAAGAATCAATAAGGAACTGCAAGATCTGGGCAGAGATCCACCTGCACAATGTTCAGCCGGTCCAGTTGGAGATGATT
TATTTCACTGGCAAGCTACAATAATGGGCCCGCCGGACAGCCCTTATCAAGGAGGTGTATTCTTCTTAACTATACATTTTCCAACAGACTATCCC
TTTAAACCACCCAAAGTGGCTTTTACAACGCGCATATACCATCCAAACATCAACAGCAATGGATCGATTTGTCTCGATATATTAAGATCTCAGTG
GTCGCCAGCATTAACTATTTCAAAAGTTTTATTATCAATTTGCTCTCTACTCTGTGATCCCAATCCAGACGATCCTCTTGTTCCAGAGATTGCCA
GAATATATAAAACCGATCGGGAAAAATACAATGAGCTGGCACGAGAGTGGACTAGAAAGTATGCTATGTGATGCGTTCCAGATTGCAGCAGTCCA
ACAGAATCAGCAAATTCAACATCAACAATAGCAGAAGTAAAAGCAGATGCAACAACAACAGTAAAAGCAACAAAGATAACATCAACAGTTTACAA
TAGTCAGATTCAGAAGAGGAGGAGCTGCAGCAGCGTCATTGTAAGTGGCAATGGCCGCCGTGCTGTTGTCCACAACAATAGCCACAATATCAGCA
GGAACTGCGGTCACCACCATAGCAGCAACAAACACAACACCAACACTCGCCACAGCAGCAACATCATCAGCAGCAGCTGCAGCAGCAACAACAGC
AAGATCATCAACTGCCGCAGTCATTTTCGCCGCAGCAGCCGCTGCTACCGCCTTCGCAGCGGCATTAGCATTAGGAGCAGCAAATTTGGCGGCGG
TACCAAGAGCAACGGCAGCGGCAAAGGCGTCCTTGGGGCCGCAGCAACATCAGCAGCTGCAGCAACATCAGCAGCAACAGCCGCTGCAGCTGTGG
CAGTGGCAATTGGAGCAGCAACTGGCGGATTGGTGGCGAACATGCGATTAATTGTGTGTTTGACCGAACAGAAACAGAACAGCATAAACGGAAAT
AATTTAATAATAATTACTGAAAAAATGATGTAAGCATTAAACATTAAAAGCTAGACAGCTACCAACAACAGCATCAACATAATAAGTTTAAATAC
AAAGAAAAACAAAACTACAAATAAAAATCAGCTGGAAAAATTATTATTATTATTATTATATTATATTTAAAGAACCGGAAAAATAAAAATTGCAA
AAATTCAATTTAACATCAAGCGTGTAGTAGAGAGGTACTGCTTTAAGACACATTCGCTTTTGATCAATTAAATTACAAATAGGGTCGATTGCATG
CGTTGTCCAAATTGTTTAACAATTGCTTCATTTTGTATAAAATAATATTTAAATAGATATCTTGCTCTGTCTGAAATATATTATTTTAATTTTTG
TAATGCCTCAAGAAAGCTTGTTAAAATATTTCTTTCGGTTAACCATTTGTTTTGTAAATTATTTGAGATTGCGTATAAATTAGTAAACGGATGCT
GCTGCATTTTGTTTCACCTG
(SEQ ID NO: 836)

Start ATG: 388 (Reverse strand: CAT)

MALKRINKELQDLGRDPPAQCSAGPVGDDLFHWQATIMGPPDSPYQGGVFFLTIHFPTDYPFKPPKVAFTTRIYHPNINSNGSICLDILRSQWSP
ALTISKVLLSICSLLCDPNPDDPLVPEIARIYKTDREKYNELAREWTRKYAM*
(SEQ ID NO: 837)

Name: effete
Classification: enzyme
Gene Symbol: eff
FlyBase ID: FBgn0011217

Celera Sequence No. : 142000013384651

CTTTTTCCGGATGGCTTCCAACCTCTGGCTCTCCGTCATCAGCTACCATACGTGGAAAGTCTTGACGTCGCTCAATCGAGTCGACCCTAACTATC
GGTTCCTGCGGTACAACGCCTTCGTCTGGAGCACAGCCGCAATCATGACGGGAAGTATTTATATAGTTAATCAGATTTGGGAAAACGATCCCAGT
AAATGGAACTGGTTGCCTCTGGTCGGTTTTATTCGGTGCTCGGTCAAAGGTAAACTTTCAATGCGATTGCTTTTAAATCGTTACCATGGTTACGT
ATTGCTTTTCCATATCAGATTGGCACCCATCCGTCTGGATCTATATAAGTGGACCGTCGCTGGCCCTGAGCACTTTCAATGTCGCCATGTTCGCC
CTGACAGCCATTTACATTAGGAAAGTGAAGGGGGGTATAAATAAGTTCACAAATGAGGAGGAGGGAAGGATTAACTGCATAAACTTTGACAGCCA
GACGTAAGATATGATAAAACCTTGGACCTTGGTAAACTAGTTATCCTTGCCGTATTATCCACATAGTTACCTACAGTTCCTGCGGCTCTCCATCG
TGATGGGCCTTACTTGGATATTCAATGTCATTCCGTATTCTGCACGGCTCCACATTTTCTGGGAATGGGTCGGGATAATATCCGAGTATTTTCAC
AGCGCGTTTGGAATTGTTTTGTTCGTTCTGCTCGTCCTGAAGCGCAGCACATGGACTCTAATGATGGATTCTTAAGCTTGTTTCTATATAATTCT
AATAATTGTTTACAATTAAAGCTTTAAACAATTAAAGCCCCTCATTTTATTAATATCCTTTGCTGAACGAAGGAATTGAATTGAATTTTATTGAA
CTCAATAAATAAATATAGTTTTAGAAAACGATGTACTTTAAACTGCCAAGAGGTCACCGCGACAAGCTTTTCACTTCGCCACCCTCTGGTAACAC
TGATTCTCCAGCCACTTTCGATTCTTTAAAAAACATCGATAGGTATCGCCAAAAAAATCAGCTGCTCTGCTTGTAGTTTTGCGATTTCATTGCAA
TTTTAATTTGCTTTACTGTTCAAAAAGAAATACAGTGCAAAATATGCCGAACGAAAACGCAGAGGACCTCTCGGGTCAAGAGCTAAAGCAGAAGG
CCAAGGAGGTGGCCGACGCATCGGAGGCAATGCTCGAAAAGGTTGTTGCCGGCTTAAATATCCAGGACACGGCATCGACGAATGCAGCAGGAAAC
GAGGATGCGGAGCAGCCTGATGGTGCCAAGAATGAGGCTTCAGTGTCTGCGAATGCAAGTAAGTTTTCAATATGCCTGTGAAAAGTCATTTAGAG
GCTCCTCCTGCGGCTGAAAAAATGAGGTTAGGTTTTGTCGGGAACTACAGTCCAACCTCTCTAACTTGAACTGCTGTGCTATTCATTTCAATTCA
ATTTTCAATTTTCATTTTCTGTGCAATTACTCCAAAGATTAGCCCTAACGGAAAAATAAACAACTCATAAATCATAAATACATATTTGATTTTGA
TGAAATATGAATATACTTACATAGATACAATTGAGTTTTTTATTACGAATAAAATATGTGTAATATAAGATTTCTACCTTGTTGATTCCATTGAT
TGATGCTTCATTGAAACCCCAAAATTGGGCAAATTTGTTGTCATGGGAAACTAGTCCACTGTCGTGATGCCTTAAGCTTTTTTTGGGGCAGATTA
GTCATTCCAGTTTAAACTAATCGAAAAATGTTATAATACTATTCAACGCATCATCGTTTCTTTCAGGCAAACAGGCCTTGCTACAAGCCGTTTCC
GATGCTATGGCCAGCACCCGTCAGATGGCCAAGAAGTTTGCATTTTGGTCCACACAGCCAGTCACCAAGCTGGACGAGCAGGTGACCACCAACGA
ATGCATTGAACCGAACAAGGAAATTAGTGAGATTAGAGCATTGCCATACACTCTGCCAGGCGGCTTCAAATGGGTGACACTAGACCTGAACGACG
CCAATGATCTCAAGGAGCTGTACACGCTGCTCAATGAGAACTATGTGGAGGACGATGATGCCATGTTCCGTTTCGATTACCAACCCGAGTTTCTA
AAGTGGTCGCTGCAGCCACCTGGCTGGAAACGCGATTGGCATGTTGGCGTTCGTGTGGAGAAGTCCGGCAAACTGGTTGGCTTCATCTCAGCCAT
TCCCAGCAAGCTGAAGTCGTACGACAAGGTGCTAAAGGTTGTGGACATCAACTTCCTATGCGTCCACAAGAAGTTGCGCAGCAAACGGGTGGCTC
CAGTCCTGATTCGGGAGATAACGCGTCGCGTCAATCTGACGGGGATTTTCCAGGCGGCCTATACAGCTGGAGTTGTGTTGCCCACGCCAGTGGCC
ACCTGTCGCTATTGGCATCGATCGCTCAATCCCAAGAAGCTGGTAGACGTGCGTTTCTCTCATCTCGCACGTAACATGACCATGCAGCGGACAAT
GAAGCTGTACAAGCTACCCGATCAGCCCAAGACGAAGGGCTATCGCCGAATCACAGCGAAGGACATGGACAAGGCCCACAAGCTGCTGGAGGACT
ACCTAAAGCGCTTTCAGCTGAGCCCGGTGTTCAGCAAGGAAGAGTTTCGTCATTGGTTTACCCCCAAAGAAGGTATTATCGATTGCTTCGTGGTT
GCCGACGAAAAGGGCAACATCACTGATCTGACTAGCTACTACTGCCTGCCATCGTCCGTGATGCACCATCCGGTGCATAAGACGGTTCGTGCCGC
ATATTCGTTCTATAATGTGTCTACAAAGACCCCGTGGCTGGACCTGATGAACGATGCACTGATCTCGGCCCGCAATGTCCAGATGGACGTGTACA
ATGCCCTCGACCTCATGGAGAACAAGAAGTACTTTGCACCGCTAAAATTCGGCGCCGGGGATGGAAACCTGCAGTACTACCTCTACAATTGGCGC
TGTCCATCGATGCAGCCGGAGGAGATTGCTCTGATACTCATGTAGTCACCTTGTCACCTAAGCTCACATTCTCGCCCTGCCTTTCACAGCTCCCC
TCCTCCGCTTTCTTCACCCTGCTGGAAGTGCCGTGCGGCTGCTTTGCTTTGCTCCTATTTACGTAGCTATTACCTGTAATCTTCAGTTATTCCAG
CGAGGAAAGCCCTTTGCGAGCATACACCTAAATAGCATCATTGTGAAAATTGCATTTTGCAACGGCCAAGCTTCGATATTTTTTACTACAAGAAC
GAACACAAATTGTATAAAATGCGCAGCAATATCAATAAAAATGTAACGTTTACTTGGACCTTTATTGCCTATAATTGACAATAAATTATTTTGCT
GCTCTTTTAAAGATGACAAGTTTTTATTTTTTTTAAGCAGATTATTGTATTTTTGCCCACTGTCCCAGCATGTGATAGTCTGGCCACTCTGTCAC
ATGGCCATTGGTCTGGCAAGGTCGGTGAAAAAGCGCGCGCTAAGCAAAACAGCTGCACTTGTGTTGGTTTATTAGTTAACGAAATCTGATTCCAA
TGTTGGTTTCCTCATAATATTGACAATTAAAGACAGCCGCCGACATGGACGATTCGGTGTTCAAGCTAAAATACCAAAAGTACAAGTTGCGCGTC
AAGGTGTGGGAGAAGGACTTCAAGAAGAAGAATGGCCGTGTTCCATCGAAGGTGAGATTGGGATGCGGATATGACAAGTATGCTAACTGGTTGAC
CTGTTGCAGTATGATATAAGGGACGCCAGTCAGGAGATTCGGGACTCATACAAAATGTACTACAAACTGAAGACATCCTTCCTGGAAGAGACGCT
GAACGATGTTCTCAGCGAAGATGGATACGATATTCTGGAGATGTCGCAGGCCAGTGATTTCGGTGTGAGCATGCTGGACCAGGACGTCAGTCTTA
ATGAAGGTCCTCAGCTACCGTTGGATATATCTGCACTGGTGGGGCCGCAGAGCTCTGGTAATCTTGAGGAAATTCCACAATCGGTGGAGGGCTCA
TTCTCAAATCTCATCGACCTGCCCAATCGTCAAGTACTCACCAATCTGGTCAATCGCGATGAAAACCATGTCATTCGCAAATTCGAGGCGGTGGA
GGAGCTGCCAATCAACCAAAATGCCTGGGGCTTGAATGTGAGTAAGAAGCCACCAGCTCCACCACAGCCTGTAGAGGCCTCCAAATCCGCTCCGG
GGCACGGAAAGCAACCCAAAGCGGGCGCTAGTCTTAAGCCCAGCTTGAGTGCCAAGTTATTCCAATCCTCACGCGGTTTTGCTAAACGAAATCCC
CGAAAGC
(SEQ ID NO: 838)

Exon: 1001..1293
Exon: 1777..3282
Start ATG: 1089

Transcript No. : CT22825
AAAAAAATCAGCTGCTCTGCTTGTAGTTTTGCGATTTCATTGCAATTTTAATTTGCTTTACTGTTCAAAAAGAAATACAGTGCAAAATATGCCGA
ACGAAAACGCAGAGGACCTCTCGGGTCAAGAGCTAAAGCAGAAGGCCAAGGAGGTGGCCGACGCATCGGAGGCAATGCTCGAAAAGGTTGTTGCC
GGCTTAAATATCCAGGACACGGCATCGACGAATGCAGCAGGAAACGAGGATGCGGAGCAGCCTGATGGTGCCAAGAATGAGGCTTCAGTGTCTGC
GAATGCAAGCAAACAGGCCTTGCTACAAGCCGTTTCCGATGCTATGGCCAGCACCCGTCAGATGGCCAAGAAGTTTGCATTTTGGTCCACACAGC
CAGTCACCAAGCTGGACGAGCAGGTGACCACCAACGAATGCATTGAACCGAACAAGGAAATTAGTGAGATTAGAGCATTGCCATACACTCTGCCA
GGCGGCTTCAAATGGGTGACACTAGACCTGAACGACGCCAATGATCTCAAGGAGCTGTACACGCTGCTCAATGAGAACTATGTGGAGGACGATGA
TGCCATGTTCCGTTTCGATTACCAACCCGAGTTTCTAAAGTGGTCGCTGCAGCCACCTGGCTGGAAACGCGATTGGCATGTTGGCGTTCGTGTGG
AGAAGTCCGGCAAACTGGTTGGCTTCATCTCAGCCATTCCCAGCAAGCTGAAGTCGTACGACAAGGTGCTAAAGGTTGTGGACATCAACTTCCTA
TGCGTCCACAAGAAGTTGCGCAGCAAACGGGTGGCTCCAGTCCTGATTCGGGAGATAACGCGTCGCGTCAATCTGACGGGGATTTTCCAGGCGGC
CTATACAGCTGGAGTTGTGTTGCCCACGCCAGTGGCCACCTGTCGCTATTGGCATCGATCGCTCAATCCCAAGAAGCTGGTAGACGTGCGTTTCT
CTCATCTCGCACGTAACATGACCATGCAGCGGACAATGAAGCTGTACAAGCTACCCGATCAGCCCAAGACGAAGGGCTATCGCCGAATCACAGCG
AAGGACATGGACAAGGCCCACAAGCTGCTGGAGGACTACCTAAAGCGCTTTCAGCTGAGCCCGGTGTTCAGCAAGGAAGAGTTTCGTCATTGGTT
TACCCCCAAAGAAGGTATTATCGATTGCTTCGTGGTTGCCGACGAAAAGGGCAACATCACTGATCTGACTAGCTACTACTGCCTGCCATCGTCCG
TGATGCACCATCCGGTGCATAAGACGGTTCGTGCCGCATATTCGTTCTATAATGTGTCTACAAAGACCCCGTGGCTGGACCTGATGAACGATGCA
CTGATCTCGGCCCGCAATGTCCAGATGGACGTGTACAATGCCCTCGACCTCATGGAGAACAAGAAGTACTTTGCACCGCTAAAATTCGGCGCCGG
GGATGGAAACCTGCAGTACTACCTCTACAATTGGCGCTGTCCATCGATGCAGCCGGAGGAGATTGCTCTGATACTCATGTAGTCACCTTGTCACC
TAAGCTCACATTCTCGCCCTGCCTTTCACAGCTCCCCTCCTCCGCTTTCTTCACCCTGCTGGAAGTGCCGTGCGGCTGCTTTGCTTTGCTCCTAT

TTACGTAGCTATTACCTGTAATCTTCAGTTATTCCAGCGAGGAAAGCCCTTTGCGAGCATACACCTAAATAGCATCATTGTGAAAATTGCATTTT
GCAACGGCCAAGCTTCGATATTTTTTACTACAAGAACGAACACAAATTGTATAAAATGCGCAGCAATATCAATAAAAATGTAACGTTTA
(SEQ ID NO: 839)

Start ATG: 89

MPNENAEDLSGQELKQKAKEVADASEAMLEKVVAGLNIQDTASTNAAGNEDAEQPDGAKNEASVSANASKQALLQAVSDAMASTRQMAKKFAFWS
TQPVTKLDEQVTTNECIEPNKEISEIRALPYTLPGGFKWVTLDLNDANDLKELYTLLNENYVEDDDAMFRFDYQPEFLKWSLQPPGWKRDWHVGV
RVEKSGKLVGFISAIPSKLKSYDKVLKVVDINFLCVHKKLRSKRVAPVLIREITRRVNLTGIFQAAYTAGVVLPTPVATCRYWHRSLNPKKLVDV
RFSHLARNMTMQRTMKLYKLPDQPKTKGYRRITAKDMDKAHKLLEDYLKRFQLSPVFSKEEFRHWFTPKEGIIDCFVVADEKGNITDLTSYYCLP
SSVMHHPVHKTVRAAYSFYNVSTKTPWLDLMNDALISARNVQMDVYNALDLMENKKYFAPLKFGAGDGNLQYYLYNWRCPSMQPEEIALILM*
(SEQ ID NO: 840)

Classification: enzyme
Gene Symbol: Nmt
FlyBase ID: FBgn0020392

Celera Sequence No. : 142000013384620
ACATGCCAACAACGTGGCGGCCATGGTGAAGATGTTCTCTCGCAGAAGCGGCGGATTGTGGGGCATGGTAATAGAGTGCAAATCCACAATACACA
CGGTGACATCGTCACGAGCATTCTGCAGCTGCACCCATTTGCGCACGGCGCCGAGATAATTACCCAGATGCAGGGAACCCGTCGGCTGGATGCCA
CTAAAGACTTTCCTCGGCCAGCGGGTGTTATGCTGGGTTGGGGTAATATATTAGAGTCTTGTGTTATGTAAACTATTTCTACGAATGCACTTACT
TCTTCGTGGCCACTGTTAACGGAATTACCATGGGGGTGTACGTGCTGCTTGTTTCCACCGGTTACCTGGGCCGTCGCAGAGGGCGTTCCAGCCGT
CCTACTAGCCAATCCCGGCAAGAAACTCCTCGCCTGAATGCAACGGCGCTGGGAATACACAGCTGTCTGTCCCTTTTTGGCCACCTTAGACAGAC
TGCGATGGAGCTTGCCAAATCGGAACATTGCAATGAGCTATGAATTTTGTACCCCAAAACTTTTGAGTAAAAAATATTGGGAATAATGCGGTGCT
AAATGTGTGAACAAAGCCCAAAAATAAATTATTTGTTCGAAACGGCCGAAATTTTGACACTGAGCGTTCGCGAGCGTTGCCAGATGGCTTTTGAA
AAGCCGGTACGACAGCTGTGAACAGTGATACTCAGCTTGGCGAGTTTTCCGCTAAATCGTGGATTAATATTAATATTCAAATTTAATAAAGAATG
TTATTTATTATCATTTTTTTTATAACTCTCTATTTAAGGGTATTACCTATTTACATCTTACTTGTGAACGTATGGCTTGAAATTTAATGTAATTG
TTTGATGGTAAATAAATTGTAGAGACCAATTGAACAATTTTTTTTTTTAACAGGACTCCTATTATTTTTATGCTTATAGCTTTATTAGTGGTAC
ACCAGAAAATCTAACGACATTGAAAAAGAATTAATCTGCAGAACTGCAGTTTCGAGTTTTCAAACAGTGTTGTATTTATTCTAGCTTAATACACA
TATTACATTGCAATTAACGCCTGGCGCCATTACCATTATTTATATTTTCCACTTTTCTGTTCCTACATTGAGAGTTACAAATATGCGGAGACTGT
CGTTTCGGCCGTCAGGATAATTTTTCGAATAGGGGTTATTCAAAGATTTCAAACGCGGTGCAAAATTCTTCACTATCTGGCAGAGATTGGGAAGT
GCTTAGAAGTTGATGGGTTTGCCAAAGGCAGCTGCCACATTGGCCTCACGCAGGGCCTCGGAACATGTCTGAAAGAAGGAATTGTGCGCATTAGG
TTCGAAAGGTTCAAATCAGATTAGGTAATCACTTACTGGATGCGCATGGCAAACGCGGGCAACGTCCTCGGCAGCGGCTCCGTACTCCATGGCCA
GCACAGCCTCGTTAATGAGCTCGCCGGCACCAGGTCCGATAATATGGGTTCCCAGGATCTTATCGGTGGCCTGGTCGGCCAGAACCTTGACGAAA
CCGTCGGTGTCGTTGTTGGTCTTGGCACGAGAGTTGGCCAGGAAGGGGAACTTGCCCACCTTGTAGGCAACACCCTCCTGCTTCAGTTGCTCCTC
GCTCTTGCCAACCCACGCGACCTCGGGATGCGTGTAGACTACACTGGGCACGCAGTTGTAGTCGATGTGCACGTGGCCGCCGTTGATGCCCTCAA
TGGTGATGAGGCCCTCATCTTCAGCCTTGTGCGCCAACATGGGTCCGTGGATGCAGTCGCCGATGGCGTAAATATTGGGCACCACAGTTTGGAAA
GTGGCGTTGACGGGGATCCTGCCGCGGTCATCCTTAACAATGCCCACGGCCTCCAGACCCAAACCTTCGGTGTAGGGACGACGTCCAACACTGAC
CAGCAGGGCGTCGCACTGGATCTCCTCTTTCTCGCCAGACTTGGCGTTCTCCACGGACACGGTGACGTTGTCGCCGCTGCGAGAGGCAGCCGTCA
CCTTGGTGCCCAGCTTGAACTTAAGACCCTGCTTGGTGAGCACCTTTTGGAACGTCTTGGAGACTTCGTTATCGATGCCCACGCCGCCGATCGTA
TCCATGAACTCAATGGCAGTGACCTCAGCGCCCAGACGCGACCATACCGAACCCAGCTCCAGGCCAATGACACCGGCGCCGATGACAACCAGATG
CTTGGGCACCTTGGCCAGCTTCAGGGCGCCAGTGCTGCTCACAATAACTTCCTCGTCGATCTGTGAAGGTTTTTGAATGGCATGCATTAGTAATC
AAGCGCGCTGTAGAGGTTTTGCACTTACTTCAATGCCAGGGAAGGGGGTAACCTCCGAGCCGGTGGCGATGAGGATGTTCTTGGTCTTGACAGTC
TCCGTGGAGCCGTCGGATTTCTTAACCTCCACCTCGTTGGGATTGACGATGGTGCCGAAGCCCGTCAGCTGTGTGACCTTGTTCTTCTTGAAAAG
CATGGCAATGCCACCGGTCAAAGCCTTCACGGCGTTGGACTTTTGACCCATAAGCTTCTCCAGATCCAGGCTAACGCTGCCGCAGCTAATACCAC
GTTTCTCCAGATCACCGGAGTGGGCCATGTGGTAGTAGTGGGAGTTGTTCAGCAGCGCCTTTGAGGGAATGCAGCCAACATTCAGGCAGGTGCCG
CCCAGAGTTGCCTCCTTCTCCACGCTGACCGTCTTCATGCCCATCTGGGCGGCCTTGATGGCGGCGACATAGCCACCGGGTCCGGAGCCAATCAC
CACGATGTCCGCCTCGTGGGTGCTGGAGTAGCAGCGGGCGTTGAGGGCACCCAGAATGGCGGCATTGGTGCGCAGAGGAGTCTGTAAAGACGGCA
GATTACTACATGTTGTGGCACCTTATCATTTATCACGCCAGTCGCACGCATTTCGCACTAATCTTCGGCCGACTATCAGCTGATAATTGGCCTAA
TTAGCGACCTTGAAAACGGGGCCAAACAAATCCCCAAACGCCAGTGAATCACCCACCGGGATCATATGAGCACTGCAGGTGATCCAAGTGCATTT
TCCAGCCTTTTCCTGCCCATTTCTCGACCCCCTCGGTGAGGTTAGATTGCATAACTTGAGGGGCGATGGCGTTTGGGGAATCGGTTATGTCGCCC
GATCCTTACCTTGGCTACTGCCGAAACAACATGACGGAGCGTGAATTGCATGGCTGGTGCGGGCGAGTTATGAGGATAATCGTTATTTAACTACA
AACACAACACTAGTTTGATGTGTGTTTTTCCGACTGTTTTTCGTGTTGTGGGGCTCGGAGCGGTCGCAGGGCTGGCGATGTGCATTCGATAGTGG
TCATATGATGGCCGCGATGCTATCGATTGTTTTGGTGATTTTCCACTCTGTTGGAATTTGAAATTCTAAAACATTTTCGTATGAAAAAGATGTGT
ATAAAAATATTAGCTTGATGATCGTTCAAAATACGATATGTCCGTCACTCAATTGCTAGTTTATACAATATTCACTTTATGGGTCATTTGTTGTA
GCAAAAGCTACCTAAAAACAAGCCAACTATACGTGTAAGCCGGCTTTTATAGTTTTGGCACCCATTAATTAATGTTTTTGTACGTATAAAATAAA
CTGTAATAAATAAACTGTAAAATAACTGTTTTAAAAATATATAACTCAACGTACATACGATACATATATAATAAGAGTTCCAAAGTAATATTAAC
TTTATTATATCTATAGGTAATTAAAAATGTATTATACGATGAATATTCGATAGTTTGCCCTACAGTACAACCCTGTGTGGTATTCCCCATCTGGG
ATATTTCCCACAACACTTTTGGTATTTTCACGTCGCGTTCATCTCGCGTTTTCGTTGAAGCCTCAGTATTTCGCTAGCTGTCGCAATGCGGTCAC
ACTGGTTCGCGGACACAACAAGATGGCGAGACTTGCCCCCGAAATCTGTTAGAAAACGCCACAAGAGCAAATAATTAGTTCAGTTTTCGACCAGA
AAAGAGTCAGCCGAAGTGCCGGGCAGACGCGGCGCATTTTGCAGAGTGTGAGCTTGGCCAGCGTTGCCCGAGAGCCGCGACAGGCGACACCTTCT
GCTGGCCTTGCCTTGTTGCTGTGCCCCTGTGTGCGTGAGCGTGTGCGGTGCGGTGCGATTGTGTGCGTGGGTTGCCAAGAGTGAAGAGAATCGCT
GAGTTTCCAAGATGATGAGCAACTACGGCAACATGATGGACTCACCGAAGTCATCGCCCCACGGCGGCGGCCGATCACCCGTGGTGGCCCGTCAA
GACTCATCCGGCACCCTGAAAACGACCATTTCGCTGGGCAAGACGCCAACGATCATTCACACGGGGCCATTTTACTCCATGAAGGAACCACCCGC
CAAGGCAGAACTTACCGGCGACAAGGATCTCATGACCGAGTACGGACTGCACCACACACTCACCAAGTTCAAGGAGAAGAAGTTCAAGGAGTCGC
TG
(SEQ ID NO: 841)

Exon: 3467..3145
Exon: 2836..2309

Exon: 2245..1367
Exon: 1303..1001
Start ATG: 3186 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT22859

TGACGGACATATCGTATTTTGAACGATCATCAAGCTAATATTTTTATACACATCTTTTTCATACGAAAATGTTTTAGAATTTCAAATTCCAACAG
AGTGGAAAATCACCAAAACAATCGATAGCATCGCGGCCATCATATGACCACTATCGAATGCACATCGCCAGCCCTGCGACCGCTCCGAGCCCCAC
AACACGAAAAACAGTCGGAAAAACACACATCAAACTAGTGTTGTGTTTGTAGTTAAATAACGATTATCCTCATAACTCGCCCGCACCAGCCATGC
AATTCACGCTCCGTCATGTTGTTTCGGCAGTAGCCAAGACTCCTCTGCGCACCAATGCCGCCATTCTGGGTGCCCTCAACGCCCGCTGCTACTCC
AGCACCCACGAGGCGGACATCGTGGTGATTGGCTCCGGACCCGGTGGCTATGTCGCCGCCATCAAGGCCGCCCAGATGGGCATGAAGACGGTCAG
CGTGGAGAAGGAGGCAACTCTGGGCGGCACCTGCCTGAATGTTGGCTGCATTCCCTCAAAGGCGCTGCTGAACAACTCCCACTACTACCACATGG
CCCACTCCGGTGATCTGGAGAAACGTGGTATTAGCTGCGGCAGCGTTAGCCTGGATCTGGAGAAGCTTATGGGTCAAAAGTCCAACGCCGTGAAG
GCTTTGACCGGTGGCATTGCCATGCTTTTCAAGAAGAACAAGGTCACACAGCTGACGGGCTTCGGCACCATCGTCAATCCCAACGAGGTGGAGGT
TAAGAAATCCGACGGCTCCACGGAGACTGTCAAGACCAAGAACATCCTCATCGCCACCGGCTCGGAGGTTACCCCCTTCCCTGGCATTGAAATCG
ACGAGGAAGTTATTGTGAGCAGCACTGGCGCCCTGAAGCTGGCCAAGGTGCCCAAGCATCTGGTTGTCATCGGCGCCGGTGTCATTGGCCTGGAG
CTGGGTTCGGTATGGTCGCGTCTGGGCGCTGAGGTCACTGCCATTGAGTTCATGGATACGATCGGCGGCGTGGGCATCGATAACGAAGTCTCCAA
GACGTTCCAAAAGGTGCTCACCAAGCAGGGTCTTAAGTTCAAGCTGGGCACCAAGGTGACGGCTGCCTCTCGCAGCGGCGACAACGTCACCGTGT
CCGTGGAGAACGCCAAGTCTGGCGAGAAAGAGGAGATCCAGTGCGACGCCCTGCTGGTCAGTGTTGGACGTCGTCCCTACACCGAAGGTTTGGGT
CTGGAGGCCGTGGGCATTGTTAAGGATGACCGCGGCAGGATCCCCGTCAACGCCACTTTCCAAACTGTGGTGCCCAATATTTACGCCATCGGCGA
CTGCATCCACGGACCCATGTTGGCGCACAAGGCTGAAGATGAGGGCCTCATCACCATTGAGGGCATCAACGGCGGCCACGTGCACATCGACTACA
ACTGCGTGCCCAGTGTAGTCTACACGCATCCCGAGGTCGCGTGGGTTGGCAAGAGCGAGGAGCAACTGAAGCAGGAGGGTGTTGCCTACAAGGTG
GGCAAGTTCCCCTTCCTGGCCAACTCTCGTGCCAAGACCAACAACGACACCGACGGTTTCGTCAAGGTTCTGGCCGACCAGGCCACCGATAAGAT
CCTGGGAACCCATATTATCGGACCTGGTGCCGGCGAGCTCATTAACGAGGCTGTGCTGGCCATGGAGTACGGAGCCGCTGCCGAGGACGTTGCCC
GCGTTTGCCATGCGCATCCAACATGTTCCGAGGCCCTGCGTGAGGCCAATGTGGCAGCTGCCTTTGGCAAACCCATCAACTTCTAAGCACTTCCC
AATCTCTGCCAGATAGTGAAGAATTTTGCACCGCGTTTGAAATCTTTGAATAACCCCTATTCGAAAAATTATCCTGACGGCCGAAACGACAGTCT
CCGCATATTTGTAACTCTCAATGTAGGAACAGAAAAGTGGAAAATATAAATAATGGTAATGGCGCCAGGCGTTAATTGCAATGTAATATGTGTAT
TAAGCTAGAATAAATACAACACTGTTTGAAAACTCGAA
(SEQ ID NO: 842)

Start ATG: 282 (Reverse strand: CAT)

MQFTLRHVVSAVAKTPLRTNAAILGALNARCYSSTHEADIVVIGSGPGGYVAAIKAAQMGMKTVSVEKEATLGGTCLNVGCIPSKALLNNSHYYH
MAHSGDLEKRGISCGSVSLDLEKLMGQKSNAVKALTGGIAMLFKKNKVTQLTGFGTIVNPNEVEVKKSDGSTETVKTKNILIATGSEVTPFPGIE
IDEEVIVSSTGALKLAKVPKHLVVIGAGVIGLELGSVWSRLGAEVTAIEFMDTIGGVGIDNEVSKTFQKVLTKQGLKFKLGTKVTAASRSGDNVT
VSVENAKSGEKEEIQCDALLVSVGRRPYTEGLGLEAVGIVKDDRGRIPVNATFQTVVPNIYAIGDCIHGPMLAHKAEDEGLITIEGINGGHVHID
YNCVPSVVYTHPEVAWVGKSEEQLKQEGVAYKVGKFPFLANSRAKTNNDTDGFVKVLADQATDKILGTHIIGPGAGELINEAVLAMEYGAAAEDV
ARVCHAHPTCSEALREANVAAAFGKPINF*
(SEQ ID NO: 843)

Name: Didydrolipoamide dehydrogenase, DLD
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384523

CTCCGGCGATAATGGAGACCGACCCGCACACACACACACACAACACGGCCACACGGTGACGGGCGTAGAGGCACACACCGAGCCAACTCGAATAC
ACACGCGCGCAGGGGAGAGAGAGCGGGAGAGCGCGGGCGCGCTCTCAATTATTTATTTACTTTTTTCGTAACTGCATTCCATTCCAGCTCAAACA
CACGCACACATATGGGGGACGAACACAAGCGCACACGATCACTGCTCACAGTTGGTGCTGCTTCTTTTCATTTCTTGTTGTTGCAAGCGTTTGAA
CTCCTTTACTTATTTTCTTATTTTCGCCTAATTGAAACTAATTAACGACGATAATCCAACCATCCACTTGGTGTTCACAAAAAAATATGTACTTC
AGTTTAGTGAGTTCGCGCCGTCGCCGATCTCTTCGGTTCCGGAATTCCTTGGGGGAGCAGCAAAAAACACGAGTAGCGCGCTTGATGACCGTCCG
ATTCGGATTCGGAATTTGTTTTGGTAACATTCGCTGCTAGTGGTGTAGCAGAAAACATCGCATTGCATATCGATACACTCGCGGCGATGTTATTC
GATGTATTGGTTGATATCGATATTATAGGCTGTATTGACGCGGTTGCAGAGATGCGATATTTAACAATCATGCACGAAAAGTATTTATTGTTATT
TGGCTTGTGTAGTCCCCAAGCATAGGTGTAATTGTTGAGGGAAGAAAATAGGAGTTGTACGTTCAAAGATCGGCTTGGTAACAGGAACTAGTTCG
GTTCTTCAAGCGATGTTAATCAAAGCCAGTTCCGATAGATCATGTTAACTCGCTCTGTTAACAATTACTGTTATCTTAATCCTAACATTTCCGTT
ACATTTTAAAAACAGAAAAAGAAAAAATTTAAAAAAAAAGACTGTAAACTGAGTTACGCATTTCGAAATCAATATGTATCCCAACCATAGATAGA
AAAATAAATTATGTTTCCGAAACATAACTTCAATAAAACCACAATTTCGCTTGCTTTGTACGTTTGATATTGTATTTGCATTTTATGAATTGTAA
AAATTGAGTCAACAAGACTAACACAGCTTCAGCTCAAGACACATGCAATTTCATTGACATTGTTTAATTGTATATATTAAAGGAAATCAATTAGG
ATATAAAGAGAGAAACCTTTTTGCCGCTTATGCGATGCCAACTATCTGGATCTGGATTGTCTAACACGAAACCCTAACTAATTGGTAAATTAAAC
ATAAATTAATCATATCGGTCAACAACTACAACTAAATATTAGTTATTAGCGGATAAAGAGCGCCCCATAAACTATTTACACTAAGCTTTAGTCTA
CTAGAGTCCCGGATTCCATCTCCGCTCCTCGGATCTTCGGATCTTAACTCAGATGTTCGGATCTTCAAGTTCTAGGAGAGAACTGGTGCAGTGCA
TCCGTTATTCAGGCGATACTCGGCATAGACCAGTCCGGTGTTGTGCCAGTGATAGAAGGCGGCCACGATGATCAGGTGCCACCAGTTGTGCGAAT
GCCCAACGAAGTCCACCTTGCCGGTGAACCAGCGCTCCGGAATCTTGGCCGCATAGAAAACGAAGGCGACGAGGCAGAGCAAGTACATGAGCACG
ATGCGGGGCACCATCAGCTGCAAATGGTAATGATTGATGGATTAGCAAATGACAAGATTCCATAAATTTCCAACTGATGCCTACCCTGACTAGCT
CGTTCTCCAGACCGCCCATGGCCACCGCCCAGTGGCCCAGAGGTATGATTCCATAGGCAGACCAGAGTAGCAGCACCGCCACCTTGCCGTTCATG
GACACATTCAAACGGGGTATCTGCACGGCAATGGCCAGTGCGAACATGCCCAGTGCAATCGTGGAGTACAGGGTGCGCAGGAAGGTGTGGCACCA
GAAGGCATAGTACATGCCACTGATATAGATGGCCACCAGCGACAGCGAAATGCCCAGGAAGTCAACGGACAGAAAGAGCTCGTAGTGCTCCTCCG
ATTTGCAGGAGAAGATGTGGTATATGGCGGACATCAGCATGCACAGACAGAAGCAGACCAGCAGGCAGACCACCAGCACCTGGTCGCTCAGGGAG
GCGTGGAGGCGCAGGAACTGCAGATCGAAGATGGTCAGTCCAATGAACAGGATGCAACCGGCCAGATGGCTCCAGATGTTGATCTATGAAAAATA
TAGCAATAATAATGTTATAATAATAGGGAATAGAGTTTAAGGAAAACTATTGTAGCTCCAATTGGAATGGAGTATCATTCTAGTGTGGCAATCTT
ACCGTCTCATTGGTCCACCAGAAAATGCTCTGCAGGCACATTTTTGTGGAAGGTAGAAAGGTGCGGTATCCGCGACGAATGTACGGGTTGAACTT
CAGGTGACTGGGGGCCTGTATCGAAAGCACAAGTGAATAAACATTCCAAATAAATACAAAATTTTCCAAGCCGATAAGACATGCAAATCGCATGC
GTGTAGCATTGAAAATAAAATAAAAACCAAATAGACAAAATGACAAAATAAAATAGAAACAAACGGAATAATTCGAGGATCTGGCACCCCGCCGA

ATGTAAAAAAAAAAAAACCAAAAAGCTTTCCATTTGCTTCAATTGAAAGAAAATAAAACTAATTAATCCAATTTGTGTTGTTAGCAATCTTGTATG
GGAATTGATTAAATGCCAAATACTGTGTATATTATTTACTTTCTTTGAATTTAACTAGCTAAGTTTTATATATTATAAAAAATCCATTTAATTAG
TTAAACAAGTGCTAAGCTAGTTTTGCACTGCATTTATGTATTATTACCTTAATTAATGCCTTTCAATCGGAAACAGTAATTATTTCAAGCCCGTT
TTAAGCCCAGTTCGAAGTCGAATATTTAACTTGGTCAAAACTAAGCATGGTCCGAAAAACCCAAGAAATTCGATTCGGGAGTTACCTTGAGGATT
TTCACAAACATATATGTATGTAACTTGCATACCACCCAAAGAAAACAACAGTAGCTTCTTTTTATTTGCCACCGCTATTTAAATATTTAATGCCC
GCGAAGCACAGAGCTTTTTATTTGTTGCTAGTCGCGACCTTGATTCAGTTGGCATTTGGTGGGTTTGTTCGTTGTCTAATTGTATTATTTGGCAA
TTGCTGCCAACTCGACCGCCATGGCGGATTTCACATATTTAAGCGTTTTGGCCATTTTACAACGGTCGCTTAATAATGCTTTTCTGGCCATACAT
ACATACGTATGACGATAACAATTGGCCAAAATCAGTGTTAAAGCCATGTAAAATGCAATGAGTGAATATTTTCTGCGATTTGTCCCTGATTCTGA
CGTATTTTTTCAATTCGCCAAACAAAATTTGCGATCAATTAGAATTCAGTGCGCGACAATTGGCGACAAATTGACCCTACCAAAGTTCGCGCGTG
GGGTTAACTCACATCATCGAAATTGCACAGCCATTTGAATTTGGACAGCTTGTCGTCGTAGTTGGGTCCATGCCCCAGAATATTGGGCTCCTCAT
TGGACGGAAATTGATGCGCTGCGTCCACCGAATCCGCAACCAGTTGGCCATCAAGCTGCGAAAAGAGATTTAAGATGGAATTAGTTAAAATGGAG
GAAACCCTATCGATTAGCGGCAATTCGAAACTTAATTTGAATTGAGGACAAGAACGATGCTCAAGATCTATACTCATATTCTTCCGCCTTAGAAA
ACTGACGTTGGCAACTGGCGGGTTTGTTTCTCTGCACATTTGTGTATATTTTTAGCCAATAGAGCAACTGCAGTCGAAAAATTGATTTGTTTGCT
TTTATTTTATTATTATCTTTTCTGCGGTTTCTGCTATTTTATACGTTTGTTGTTGTTGTTGTTTCGTCTGGGGGTTTTCGGTTTCGTTGTGTA
AACAACCAACCAACCAACCAACCGACTAACCAGCATTGCAAAAATGCAATCAAAACATCGCTACTATTAGTGCCTCCAGCAAACTGCAGCAAAAA
TTGAGAAAGGGGGCTTGACTCTAATTTGTTTATACAGCTTCTAAATCTAATGCATAACAACAAACAACAACAACAACAACAAGTGTGGGAGGGCA
AGTGCAAGTGCCTAAGCAAAAGTATCTTATCCAACGTGATGACGTTTTGTTTACAATTTGCATTGTTTTTTTTGCATTCCGCTTTAAAGGAAAAT
CATGTGCAGTAAGCGTCGTGCCCATAAATGCAGCAGTAAGTATAAAAATATATGCATTTTTCAATACAAATTAAATATAACCGCTCATTAAAACG
AAATACAGGAACAATTGAATTCCCAATCCTAATTCTTTTGTACAAGCAACAATTTCGTAGTTACTTAAATGCTAATTAAAAATCCATGATGTCAA
AACTTAGCTACATTTATCAATTTTTAAAATTTACTCATGATCTAATAGTCACTAAAAGGCTAAATAGCTTTCGCTACCTATTTGTAAACAATGTT
ACTAGTAAGTGCTTTGTGGTTTACTCTGTCGTCATTATTAAATATTTATTTGACACTCAGGAACGTGTGGATTTATAGTAAATTTAGGCAAAAAA
TATATAGAAATTTTTCAATAATTTAGAAACATAAAAATATGTTTATGAAATGAAAATGAACCGCTATTTAACTTAAAGACATTCGTTAAGACAAG
AAATGTACTATTATAATATTGATTGTTTTAATTTTAATAATTAAGGAACTAAAAGTTATTTGTGTAAAATGATTTTGAACAAAACTAAAATAAAA
TATAGAACAAATAATTTTACATAAAAATTATTATACACGAGCACGTCAACTTGACATTGCGGCTTGTTAAATATTTTCCAGCAAATGCACTTCAC
GAAAATGTTGTAGATTCCAAAAGATAAACACGGTAATTGTTGGCAAATAGAAAATAAAATGGAATGCCATCGATAAACAGGATGTGAAATTCATT
AATTGGCCATTGACGTAGTTTAGCCAATTGTTTGTTCTACTGAATTGAAAACGTCAGATTTTTAGAGTTTGGAACGCAGCTTACATCTTTCTTTT
TACTGCCGCGCATAGTGCATTTAAACTCAGTAGTAGTTGTTGTAGTAACAATTGTAGTTTCCATTTTACACAGGCACTTTTAACTAGTTGTTGAA
ACGTTTTGAAAGTATTTAGTTTTTAATATTTTATTCGCAGATAACTATTATTTTATTTCAACACACAAAAGCCAGCCAAGTGGACATTCCAAAAC
AATGTTTTCAAAGTTTTTTTTTTTCGCAACTCCTTGGAGAGATTTTCAACTGAGCGCGGAAATTTTAGGGTGAACCGTTGCGATCGCCAACTTGCT
GGCAACTAAAAAACCCCCCCGATATCCAATGTGGCCAATGGTGTGAATCGAAAAAGCTCGCCGAAAAGCTTTCTATAATTTCGCAGCAGCCGAGAG
ACGACGAATGCACTATCAGTTTTGTTTTATCAAGTCGCAAATGCTGAGCAATCATTTTGCCAGAGGGACGGTTTTCAGATTTTTCAACGGACAGT
TATGCTGAAATTATGCGAAATTTCGTGGCCAATGAGCTTTCGCTTCTTGTGCAAGCAGCCTGTTTTGGTCAAGTCGGTTTGATTATCGAATACAC
TGAAAAACATCGGCCTGCATTTTCATCCAAGTAAGCTTATAGCTTCGATCTAACATAAGAAAAATGAATAAATAATTTTAAAATAAATAAAAAAT
AAAATGCATCTACACATATTTTACTTTTTTTAGAAGCTAGTAAAATACATTATTATACATTCGACATTTTTTTATATGAATTATTTGTTAAGTGT
ATATTTTCCAAAAAAAAAGTTGTTTGTGCCTTTCTCAACACTTTTTTTTGTCGCAGTCAAGCCCCCGTATTATATAACCAATCGAGCTGATTATC
GATCCAGCATTGAGAACCCTTTTGTAAACACCAGTTGCACAACATGAAAAGCTGATGCCAATTCGCAATAATTGTTTACACGATCCCAATACACA
CGGATGGGTTTTTATCGCTGGACGGGAGACGTAAATAAAAGACGAAAAACAAATCTGAAAATCGAGCCCAAAAACCAGTTTCAATTTTCGACGAA
GTTCAGGAATTCCGCGTGCGGACTTTCGCAATTCCCATGTTTATACCCTTACATACCTACGCACATACATATGTACATATGTGTAAACATAATGC
ATAACAAGATATCGGTGTGGCAAGCTCTAATCGGTTACAAATAACGCCGACTCGTCATGACCTTGGCTCCATTCGTGGCGATCTGCTGGGCTTTT
TGACCTTGTGCTGTGGGGAAAATCGCGCACTCTGACACTTTGTGTAAGGTTATCTCCAAACTGCTGGCTCGTCTTTTCGGATGACAAATCATTTT
TTTTTTGAACTGATTGCATGTGCTGCGATGCACGTGCCGTTTTCAAGTCGCCGAGAACAGGACCGGATCTGGTATGATCAGTTTCCGGGTCCATT
CGATGCATCATAACATTGATAAAATTTTCGAAATATTTAAAATAGCTCATAATTTCCACATTTTAAAGCTTATGGTGGAAAAAAAGTATACAAAT
AAGTACTTATATATTATACTTTTGCTACATTATATTACATATATATTTGCTATTATATATTACACTTTTGATCAAATGAAATATTTATATAGTAT
GTATGTAAACCCCCGATAAGATTGAACTGCCCCCGTCTGAGCTTAATCCATTCAAAAAAATCTTTGTTGAGGAATGCATTGTAAACAGGAATATT
CCACTCACCAGGCAGCTGTCGTCACAATCCTGTCCAGATTTTCGCAAGTAGCAGGAGGACGAGTCCAGCGACAGTTCTGGTTCCTCGAGGATCTC
ACGGGGACGGGGACTCATGGCCACTCGGTAGCCTGATGGGGGTATTCACAGAAATACAGCTCGTTTAGAGATCGAGTGTCCGGGTAAAAATGTAA
ACATATACATAAGCTGCGATCGCCAGTTGGTGACCGGCTGTTATCAACAACCCCCCCCCCCCCACCGTCACCGCTACCATTTCGCAGAAGAGTG
CGAAAATCGAGTCGAGCTGCCTAACAAAAGACAACTTGAGTGGTGCCAAGTGGGGAGCGCAGCCATGTTGCCATGTTGGAGCCAACAAAGACAGC
GAGCTTCGCTCTCTGCGTAGCCTCTCTTTTCTCACTTGGACTTTCTTCGGAGCTTAATCGATTAGAGGCCGAAGAAGCCTGCTCTACAAGGGTCT
TGAAAATAGTATATTTTTGTGATTGAGTTCTTTTTAATTAACACTATATAAGATATATTGACCTTATCGATAGTATTCTTAAGAAAAAGAAAATC
AAAAGTTTATTTTTCAGATAAAAATAGTTTTCAAATAAGATTGCTCTGCAATGAAGGTGGTGCGTTGAGCACATGAAATACATATATGCATATA
ATGAATACAAAATATATAGTTTGCTTTGTTTCCACGACTGCAGTTTCGAGTTTATTTCTTTTACAGCACAGCACAGCCACACGAATTTCTCTCAC
AAAACCGTTTGCATAACCAAAATTTCTAAAAGTTTTCCAGGTCACTTGTTTCGCAGGCAGCTTTCGCAGCACGTGTCTCGACGAATGCAGTTGTA
TTGACATTCCCAAGGGTCCAGATAACCTTCAATTGATTTTGATGTACTTGCTCTAACTAGGCCACACACGGAACAGGGATTGGAAATTTCACTTT
GAGCTGCAAAGTTCTGGCGATCACCTCCACCTCTCGCAACGCGGCAAAATATCAACTGAATATTTTCAGACCTCGAGTGTGTTATTTGCGTTAAA
AGAAAGAGTCGCGAATCGCTGCGAAGAGAAGAAAGAGAAAAGAAATACTAAAAGCTCGCTCCGAAGCTTTGGCGACGCGAGCATGATTCTTCTCA
TATACAGTATATAGCATTTGAATTGATTAAATGCTAATTTAGCATGCTGTGGTCGTTGCCGCCATCGGAGATCTTACACTGAAACTTGAAAAGCG
GATTCTGAATATCAATTCTTCTTGAAAAAAGGCTTTTATATGTATACATAGATCTATAGCTTCCTAAAAATCATTGCAGCTCATTATCAAACATG
CTTTAATGCTGATTCGTCTGTATAAATATTTAATTATTGTCTACCAAGTCATTGGAAAATTTTCACCACTATGCTTATTCGCCAACACTCTCGGA
ATATTTTATTTTTTCCATGGTCTATTTGTATAATTTCTTACCTTAATGCCAAGACCATTTGAATATTTATACCCTGTCCTTTGCTGTTTTGTTCT
CTTATCAATGCCCTTCGCATTGACCGAGTTTTCAGATTTCCTTGCCTTTGGCATCATTAATCCCTTTCAACATGGCCAAAAGCCATTCAAAACTG
AATTGTTGAGAGCTGTCACTTGGCATTTTATTGCCATCAGATAGCTGTACTCACAACAAAATTCTACGACAACCCAACCGACAAAGCCCACACGA
TGATAGTTAATTAAAAAGTTGTTGGCACACTCAGAATATCATGCAAAATTAGCCTGGCTAACTGGCCTTATCATAATTATCAGCAATCCCCAAAC
AAAACTTTACAACATGATAATTATTAAATAAAAAGCAAATAACCACTAACAGTAGAACCGAATTAACATTTGTGAGCTCAGAAAACAAAAGCAAA
ATACAGGTGAAACAAAATGCAGCAGCATCCGTTTACTAATTTATACGCAATCTCAAATAATTTACAAAACAAATGGTTAACCGAAAGAAAT
(SEQ ID NO: 844)

Exon: 7736..7648
Exon: 6872..6754
Exon: 3570..3433
Exon: 2390..2283

Exon: 2173..1700
Exon: 1632..1001
Start ATG: 6858 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT22875
CGTTGCGAGAGGTGGAGGTGATCGCCAGAACTTTGCAGCTCAAAGTGAAATTTCCAATCCCTGTTCCGTGTGTGGCCTAGTTAGAGCAAGCTACC
GAGTGGCCATGAGTCCCCGTCCCCGTGAGATCCTCGAGGAACCAGAACTGTCGCTGGACTCGTCCTCCTGCTACTTGCGAAAATCTGGACAGGAT
TGTGACGACAGCTGCCTGCTTGATGGCCAACTGGTTGCGGATTCGGTGGACGCAGCGCATCAATTTCCGTCCAATGAGGAGCCCAATATTCTGGG
GCATGGACCCAACTACGACGACAAGCTGTCCAAATTCAAATGGCTGTGCAATTTCGATGATGCCCCCAGTCACCTGAAGTTCAACCCGTACATTC
GTCGCGGATACCGCACCTTTCTACCTTCCACAAAAATGTGCCTGCAGAGCATTTTCTGGTGGACCAATGAGACGATCAACATCTGGAGCCATCTG
GCCGGTTGCATCCTGTTCATTGGACTGACCATCTTCGATCTGCAGTTCCTGCGCCTCCACGCCTCCCTGAGCGACCAGGTGCTGGTGGTCTGCCT
GCTGGTCTGCTTCTGTCTGTGCATGCTGATGTCCGCCATATACCACATCTTCTCCTGCAAATCGGAGGAGCACTACGAGCTCTTTCTGTCCGTTG
ACTTCCTGGGCATTTCGCTGTCGCTGGTGGCCATCTATATCAGTGGCATGTACTATGCCTTCTGGTGCCACACCTTCCTGCGCACCCTGTACTCC
ACGATTGCACTGGGCATGTTCGCACTGGCCATTGCCGTGCAGATACCCCGTTTGAATGTGTCCATGAACGGCAAGGTGGCGGTGCTGCTACTCTG
GTCTGCCTATGGAATCATACCTCTGGGCCACTGGGCGGTGGCCATGGGCGGTCTGGAGAACGAGCTAGTCAGGCTGATGGTGCCCCGCATCGTGC
TCATGTACTTGCTCTGCCTCGTCGCCTTCGTTTTCTATGCGGCCAAGATTCCGGAGCGCTGGTTCACCGGCAAGGTGGACTTCGTTGGGCATTCG
CACAACTGGTGGCACCTGATCATCGTGGCCGCCTTCTATCACTGGCACAACACCGGACTGGTCTATGCCGAGTATCGCCTGAATAACGGATGCAC
TGCACCAGTTCTCTCCTAGAACTTGAAGATCCGAACATCTGAGTTAAGATCCGAAGATCCGAGGAGCGGAGATGGAATCCGGGACTCTAGTAGAC
TAAAGCTTAGTGTAAATAGTTTATGGGGCGCTCTTTATCCGCTAATAACTAATATTTAGTTGTAGTTGTTGACCGATATGATTAATTTATGTTTA
ATTTACCAATTAGTTAGGGTTTCGTGTTAGACAATCCAGATCCAGATAGTTGGCATCGCATAAGCGGCAAAAAGGTTTCTCTCTTTATATCCTAA
TTGATTTCCTTTAATATATACAATTAAACAATGTCAATGAAATTGCATGTGTCTTGAGCTGAAGCTGTGTTAGTCTTGTTGACTCAATTTTTACA
ATTCATAAAATGCAAATACAATATCAAACGTACAAAGCAA
(SEQ ID NO: 845)

Start ATG: 104 (Reverse strand: CAT)

MSPRPREILEEPELSLDSSSCYLRKSGQDCDDSCLLDGQLVADSVDAAHQFPSNEEPNILGHGPNYDDKLSKFKWLCNFDDAPSHLKFNPYIRRG
YRTFLPSTKMCLQSIFWWTNETINIWSHLAGCILFIGLTIFDLQFLRLHASLSDQVLVVCLLVCFCLCMLMSAIYHIFSCKSEEHYELFLSVDFL
GISLSLVAIYISGMYYAFWCHTFLRTLYSTIALGMFALAIAVQIPRLNVSMNGKVAVLLLWSAYGIIPLGHWAVAMGGLENELVRLMVPRIVLMY
LLCLVAFVFYAAKIPERWFTGKVDFVGHSHNWWHLIIVAAFYHWHNTGLVYAEYRLNNGCTAPVLS*
(SEQ ID NO: 846)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384523
CTCCGGCGATAATGGAGACCGACCCGCACACACACACACACAACACGGCCACACGGTGACGGGCGTAGAGGCACACACCGAGCCAACTCGAATAC
ACACGCGCGCAGGGGAGAGAGAGCGGGAGAGCGCGGGCGCGCTCTCAATTATTTATTTACTTTTTTCGTAACTGCATTCCATTCCAGCTCAAACA
CACGCACACATATGGGGGACGAACACAAGCGCACACGATCACTGCTCACAGTTGGTGCTGCTTCTTTTCATTTCTTGTTGTTGCAAGCGTTTGAA
CTCCTTTACTTATTTTCTTATTTTCGCCTAATTGAAACTAATTAACGACGATAATCCAACCATCCACTTGGTGTTCACAAAAAAATATGTACTTC
AGTTTAGTGAGTTCGCGCCGTCGCCGATCTCTTCGGTTCCGGAATTCCTTGGGGGAGCAGCAAAAAACACGAGTAGCGCGCTTGATGACCGTCCG
ATTCGGATTCGGAATTTGTTTTGGTAACATTCGCTGCTAGTGGTGTAGCAGAAAACATCGCATTGCATATCGATACACTCGCGGCGATGTTATTC
GATGTATTGGTTGATATCGATATTATAGGCGTATTGACGCGGTTGCAGAGATGCGATATTTAACAATCATGCACGAAAAGTATTTATTGTTATT
TGGCTTGTGTAGTCCCCAAGCATAGGTGTAATTGTTGAGGGAAGAAAATAGGAGTTGTACGTTCAAAGATCGGCTTGGTAACAGGAACTAGTTCG
GTTCTTCAAGCGATGTTAATCAAAGCCAGTTCCGATAGATCATGTTAACTCGCTCTGTTAACAATTACTGTTATCTTAATCCTAACATTTCCGTT
ACATTTTAAAAACAGAAAAAGAAAAAATTTAAAAAAAAAGACTGTAAACTGAGTTACGCATTTCGAAATCAATATGTATCCCAACCATAGATAGA
AAAATAAATTATGTTTCCGAAACATAACTTCAATAAAACCACAATTTCGCTTGCTTTGTACGTTTGATATTGTATTTGCATTTTATGAATTGTAA
AAATTGAGTCAACAAGACTAACACAGCTTCAGCTCAAGACACATGCAATTTCATTGACATTGTTTAATTGTATATATTAAAGGAAATCAATTAGG
ATATAAAGAGAGAAACCTTTTTGCCGCTTATGCGATGCCAACTATCTGGATCTGGATTGTCTAACACGAAACCCTAACTAATTGGTAAATTAAAC
ATAAATTAATCATATCGGTCAACAACTACAACTAAATATTAGTTATTAGCGGATAAAGAGCGCCCCATAAACTATTTACACTAAGCTTTAGTCTA
CTAGAGTCCCGGATTCCATCTCCGCTCCTCGGATCTTCGGATCTTAACTCAGATGTTCGGATCTTCAAGTTCTAGGAGAGAACTGGTGCAGTGCA
TCCGTTATTCAGGCGATACTCGGCATAGACCAGTCCGGTGTTGTGCCAGTGATAGAAGGCGGCCACGATGATCAGGTGCCACCAGTTGTGCGAAT
GCCCAACGAAGTCCACCTTGCCGGTGAACCAGCGCTCCGGAATCTTGGCCGCATAGAAAACGAAGGCGACGAGGCAGAGCAAGTACATGAGCACG
ATGCGGGGCACCATCAGCTGCAAATGGTAATGATTGATGGATTAGCAAATGACAAGATTCCATAAATTTCCAACTGATGCCTACCCTGACTAGCT
CGTTCTCCAGACCGCCCATGGCCACCGCCCAGTGGCCCAGAGGTATGATTCCATAGGCAGACCAGAGTAGCAGCACCGCCACCTTGCCGTTCATG
GACACATTCAAACGGGGTATCTGCACGGCAATGGCCAGTGCGAACATGCCCAGTGCAATCGTGGAGTACAGGGTGCGCAGGAAGGTGTGGCACCA
GAAGGCATAGTACATGCCACTGATATAGATGGCCACCAGCGACAGCGAAATGCCCAGGAAGTCAACGGACAGAAAGAGCTCGTAGTGCTCCTCCG
ATTTGCAGGAGAAGATGTGGTATATGGCGGACATCAGCATGCACAGACAGAAGCAGACCAGCAGGCAGACCACCAGCACCTGGTCGCTCAGGGAG
GCGTGGAGGCGCAGGAACTGCAGATCGAAGATGGTCAGTCCAATGAACAGGATGCAACCGGCCAGATGGCTCCAGATGTTGATCTATGAAAAATA
TAGCAATAATAATGTTATAATAATAGGGAATAGAGTTTAAGGAAAACTATTGTAGCTCCAATTGGAATGGAGTATCATTCTAGTGTGGCAATCTT
ACCGTCTCATTGGTCCACCAGAAAATGCTCTGCAGGCACATTTTTGTGGAAGGTAGAAAGGTGCGGTATCCGCGACGAATGTACGGGTTGAACTT
CAGGTGACTGGGGGCCTGTATCGAAAGCACAAGTGAATAAACATTCCAAATAAATACAAAATTTTCCAAGCCGATAAGACATGCAAATCGCATGC
GTGTAGCATTGAAAATAAAATAAAAACCAAATAGACAAAATGACAAAATAAAATAGAAACAAACGGAATAATTCGAGGATCTGGCACCCCGCCGA
ATGTAAAAAAAAAAAACCAAAAAGCTTTCCATTTGCTTCAATTGAAAGAAAATAAAACTAATTAATCCAATTTGTGTTGTTAGCAATCTTGTATG
GGAATTGATTAAATGCCAAATACTGTGTATATTATTTACTTTCTTTGAATTTAACTAGCTAAGTTTTATATATTATAAAAAATCCATTTAATTAG
TTAAACAAGTGCTAAGCTAGTTTTGCACTGCATTTATGTATTATTACCTTAATTAATGCCTTTCAATCGGAAACAGTAATTATTTCAAGCCCGTT
TTAAGCCCAGTTCGAAGTCGAATATTTAACTTGGTCAAAACTAAGCATGGTCCGAAAAACCCAAGAAATTCGATTCGGGAGTTACCTTGAGGATT
TTCACAAACATATATGTATGTAACTTGCATACCACCCAAAGAAAACAACAGTAGCTTCTTTTTATTTGCCACCGCTATTTAAATATTTAATGCCC
GCGAAGCACAGAGCTTTTTATTTGTTGCTAGTCGCGACCTTGATTCAGTTGGCATTTGGTGGGTTTGTTCGTTGTCTAATTGTATTATTTGGCAA
TTGCTGCCAACTCGACCGCCATGGCGGATTTCACATATTTAAGCGTTTTGGCCATTTTACAACGGTCGCTTAATAATGCTTTTCTGGCCATACAT
ACATACGTATGACGATAACAATTGGCCAAAATCAGTGTTAAAGCCATGTAAAATGCAATGAGTGAATATTTTCTGCGATTTGTCCCTGATTCTGA

CGTATTTTTTCAATTCGCCAAACAAAATTTGCGATCAATTAGAATTCAGTGCGCGACAATTGGCGACAAATTGACCCTACCAAAGTTCGCGCGTG
GGGTTAACTCACATCATCGAAATTGCACAGCCATTTGAATTTGGACAGCTTGTCGTCGTAGTTGGGTCCATGCCCCAGAATATTGGGCTCCTCAT
TGGACGGAAATTGATGCGCTGCGTCCACCGAATCCGCAACCAGTTGGCCATCAAGCTGCGAAAAGAGATTTAAGATGGAATTAGTTAAAATGGAG
GAAACCCTATCGATTAGCGGCAATTCGAAACTTAATTTGAATTGAGGACAAGAACGATGCTCAAGATCTATACTCATATTCTTCCGCCTTAGAAA
ACTGACGTTGGCAACTGGCGGGTTTGTTTCTCTGCACATTTGTGTATATTTTTAGCCAATAGAGCAACTGCAGTCGAAAAATTGATTTGTTTGCT
TTTATTTTATTATTATCTTTTCTGCGGTTTCTGCTATTTTATACGTTGTTGTTGTTGTTGTTTTCGTCTGGGGGTTTTCGGTTTCGTGTGTA
AACAACCAACCAACCAACCAACCGACTAACCAGCATTGCAAAAATGCAATCAAAACATCGCTACTATTAGTGCCTCCAGCAAACTGCAGCAAAAA
TTGAGAAAGGGGGCTTGACTCTAATTTGTTTATACAGCTTCTAAATCTAATGCATAACAACAAACAACAACAACAACAAGTGTGGGAGGGCA
AGTGCAAGTGCCTAAGCAAAAGTATCTTATCCAACGTGATGACGTTTTGTTTACAATTTGCATTGTTTTTTTTGCATTCCGCTTTAAAGGAAAAT
CATGTGCAGTAAGCGTCGTGCCCATAAATGCAGCAGTAAGTATAAAAATATATGCATTTTTCAATACAAATTAAATATAACCGCTCATTAAAACG
AAATACAGGAACAATTGAATTCCCAATCCTAATTCTTTTGTACAAGCAACAATTTCGTAGTTACTTAAATGCTAATTAAAAATCCATGATGTCAA
AACTTAGCTACATTTATCAATTTTTAAAATTTACTCATGATCTAATAGTCACTAAAAGGCTAAATAGCTTTCGCTACCTATTTGTAAACAATGTT
ACTAGTAAGTGCTTTGTGGTTTACTCTGTCGTCATTATTAAATATTTATTTGACACTCAGGAACGTGTGGATTTATAGTAAATTTAGGCAAAAAA
TATATAGAAATTTTTCAATAATTTAGAAACATAAAAATATGTTTATGAAATGAAAATGAACCGCTATTTAACTTAAAGACATTCGTTAAGACAAG
AAATGTACTATTATAATATTGATTGTTTTAATTTTAATAATTAAGGAACTAAAAGTTATTTGTGTAAAATGATTTTGAACAAAACTAAAATAAAA
TATAGAACAAATAATTTTACATAAAAATTATTATACACGAGCACGTCAACTTGACATTGCGGCTTGTTAAATATTTTCCAGCAAATGCACTTCAC
GAAAATGTTGTAGATTCCAAAAGATAAACACGGTAATTGTTGGCAAATAGAAAATAAAATGGAATGCCATCGATAAACAGGATGTGAAATTCATT
AATTGGCCATTGACGTAGTTTAGCCAATTGTTTGTTCTACTGAATTGAAAACGTCAGATTTTTAGAGTTTGGAACGCAGCTTACATCTTTCTTTT
TACTGCCGCGCATAGTGCATTTAAACTCAGTAGTAGTTGTTGTAGTAACAATTGTAGTTTCCATTTTACACAGGCACTTTTAACTAGTTGTTGAA
ACGTTTTGAAAGTATTTAGTTTTTAATATTTTATTCGCAGATAACTATTATTTTATTTCAACACACAAAAGCCAGCCAAGTGGACATTCCAAAAC
AATGTTTTCAAAGTTTTTTTTTTCGCAACTCCTTGGAGAGATTTTCAACTGAGCGCGGAAATTTTAGGGTGAACCGTTGCGATCGCCAACTTGCT
GGCAACTAAAAAACCCCCCGATATCCAATGTGGCCAATGGTGTGAATCGAAAAAGCTCGCCGAAAAGCTTTCTATAATTTCGCAGCAGCCGAGAG
ACGACGAATGCACTATCAGTTTTGTTTTATCAAGTCGCAAATGCTGAGCAATCATTTTGCCAGAGGGACGGTTTTCAGATTTTTCAACGGACAGT
TATGCTGAAATTATGCGAAATTTCGTGGCCAATGAGCTTTCGCTTCTTGTGCAAGCAGCCTGTTTTGGTCAAGTCGGTTTGATTATCGAATACAC
TGAAAAACATCGGCCTGCATTTTCATCCAAGTAAGCTTATAGCTTCGATCTAACATAAGAAAAATGAATAAATAATTTTAAAATAAATAAAAAAT
AAAATGCATCTACACATATTTTACTTTTTTTAGAAGCTAGTAAAATACATTATTATACATTCGACATTTTTTTATATGAATTATTTGTTAAGTGT
ATATTTTCCAAAAAAAAAGTTGTTTGTGCCTTTCTCAACACTTTTTTTTGTCGCAGTCAAGCCCCCGTATTATATAACCAATCGAGCTGATTATC
GATCCAGCATTGAGAACCCTTTTGTAAACACCAGTTGCACAACATGAAAAGCTGATGCCAATTCGCAATAATTGTTTACACGATCCCAATACACA
CGGATGGGTTTTTATCGCTGGACGGGAGACGTAAATAAAAGACGAAAAACAAATCTGAAAATCGAGCCCAAAAACCAGTTTCAATTTTCGACGAA
GTTCAGGAATTCCGCGTGCGGACTTTCGCAATTCCCATGTTTATACCCTTACATACCTACGCACATACATATGTACATATGTGTAAACATAATGC
ATAACAAGATATCGGTGTGGCAAGCTCTAATCGGTTACAAATAACGCCGACTCGTCATGACCTTGGCTCCATTCGTGGCGATCTGCTGGGCTTTT
TGACCTTGTGCTGTGGGGAAAATCGCGCACTCTGACACTTTGTGTAAGGTTATCTCCAAACTGCTGGCTCGTCTTTTCGGATGACAAATCATTTT
TTTTTTGAACTGATTGCATGTGCTGCGATGCACGTGCCGTTTTCAAGTCGCCGAGAACAGGACCGGATCTGGTATGATCAGTTTCCGGGTCCATT
CGATGCATCATAACATTGATAAAATTTTCGAAATATTTAAAATAGCTCATAATTTCCACATTTTAAAGCTTATGGTGGAAAAAAAGTATACAAAT
AAGTACTTATATATTATACTTTTGCTACATTATATTACATATATATTTGCTATTATATATTACACTTTTGATCAAATGAAATATTTATATAGTAT
GTATGTAAACCCCCGATAAGATTGAACTGCCCCCGTCTGAGCTTAATCCATTCAAAAAAATCTTTGTTGAGGAATGCATTGTAAACAGGAATATT
CCACTCACCAGGCAGCTGTCGTCACAATCCTGTCCAGATTTTCGCAAGTAGCAGGAGGACGAGTCCAGCGACAGTTCTGGTTCCTCGAGGATCTC
ACGGGGACGGGGACTCATGGCCACTCGGTAGCCTGATGGGGGTATTCACAGAAATACAGCTCGTTTAGAGATCGAGTGTCCGGGTAAAAATGTAA
ACATATACATAAGCTGCGATCGCCAGTTGGTGACCGGCTGTTATCAACAACCCCCCCCCCCCCCACCGTCACCGCTACCATTTCGCAGAAGAGTG
CGAAAATCGAGTCGAGCTGCCTAACAAAAGACAACTTGAGTGGTGCCAAGTGGGGAGCGCAGCCATGTTGCCATGTTGGAGCCAACAAAGACAGC
GAGCTTCGCTCTCTGCGTAGCCTCTCTTTTCTCACTTGGACTTTCTTCGGAGCTTAATCGATTAGAGGCCGAAGAAGCCTGCTCTACAAGGGTCT
TGAAAATAGTATATTTTTGTGATTGAGTTCTTTTTAATTAACACTATATAAGATATATTGACCTTATCGATAGTATTCTTAAGAAAAAGAAAATC
AAAAGTTTTATTTTTCAGATAAAAATAGTTTTCAAATAAGATTGCTCTGCAATGAAGGTGGTGCGTTGAGCACATGAAATACATATATGCATATA
ATGAATACAAAATATATAGTTTGCTTTGTTTCCACGACTGCAGTTTCGAGTTTATTTCTTTTACAGCACAGCACACGCCACACGAATTTCTCTCAC
AAAACCGTTTGCATAACCAAAATTTCTAAAAGTTTTCCAGGTCACTTGTTTCGCAGGCAGCTTTCGCAGCACGTGTCTCGACGAATGCAGTTGTA
TTGACATTCCCAAGGGTCCAGATAACCTTCAATTGATTTTGATGTACTTGCTCTAACTAGGCCACACACGGAACAGGGATTGGAAATTTCACTTT
GAGCTGCAAAGTTCTGGCGATCACCTCCACCTCTCGCAACGCGGCAAAATATCAACTGAATATTTTCAGACCTCGAGTGTGTTATTTGCGTTAAA
AGAAAGAGTCGCGAATCGCTGCGAAGAGAAGAAAGAGAAAAGAAATACTAAAAGCTCGCTCCGAAGCTTTGGCGACGCGAGCATGATTCTTCTCA
TATACAGTATATAGCATTTGAATTGATTAAATGCTAATTTAGCATGCTGTGGTCGTTGCCGCCATCGGAGATCTTACACTGAAACTTGAAAAGCG
GATTCTGAATATCAATTCTTCTTG
(SEQ ID NO: 847)

Exon: 7004..6754
Exon: 3570..3433
Exon: 2390..2283
Exon: 2173..1700
Exon: 1632..1001
Start ATG: 6858 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT22885
ACGGTGGGGGGGGGGGGGGTTGTTGATAACAGCCGGTCACCAACTGGCGATCGCAGCTTATGTATATGTTTACATTTTTACCCGGACACTCGATC
TCTAAACGAGCTGTATTTCTGTGAATACCCCCATCAGGCTACCGAGTGGCCATGAGTCCCCGTCCCCGTGAGATCCTCGAGGAACCAGAACTGTC
GCTGGACTCGTCCTCCTGCTACTTGCGAAAATCTGGACAGGATTGTGACGACAGCTGCCTGCTTGATGGCCAACTGGTTGCGGATTCGGTGGACG
CAGCGCATCAATTTCCGTCCAATGAGGAGCCCAATATTCTGGGGCATGGACCCAACTACGACGACAAGCTGTCCAAATTCAAATGGCTGTGCAAT
TTCGATGATGCCCCCAGTCACCTGAAGTTCAACCCGTACATTCGTCGCGGATACCGCACCTTTCTACCTTCCACAAAAATGTGCCTGCAGAGCAT
TTTCTGGTGGACCAATGAGACGATCAACATCTGGAGCCATCTGGCCGGTTGCATCCTGTTCATTGGACTGACCATCTTCGATCTGCAGTTCCTGC
GCCTCCACGCCTCCCTGAGCGACCAGGTGCTGGTGGTCTGCCTGCTGGTCTGCTTCTGTCTGTGCATGCTGATGTCCGCCATATACCACATCTTC
TCCTGCAAATCGGAGGAGCACTACGAGCTCTTTCTGTCCGTTGACTTCCTGGGCATTTCGCTGTCGCTGGTGGCCATCTATATCAGTGGCATGTA
CTATGCCTTCTGGTGCCACACCTTCCTGCGCACCCTGTACTCCACGATTGCACTGGGCATGTTCGCACTGGCCATTGCCGTGCAGATACCCCGTT
TGAATGTGTCCATGAACGGCAAGGTGGCGGTGCTGCTACTCTGGTCTGCCTATGGAATCATACCTCTGGGCCACTGGGCGGTGGCCATGGGCGGT
CTGGAGAACGAGCTAGTCAGGCTGATGGTGCCCCGCATCGTGCTCATGTACTTGCTCTGCCTCGTCGCCTTCGTTTTCTATGCGGCCAAGATTCC

GGAGCGCTGGTTCACCGGCAAGGTGGACTTCGTTGGGCATTCGCACAACTGGTGGCACCTGATCATCGTGGCCGCCTTCTATCACTGGCACAACA
CCGGACTGGTCTATGCCGAGTATCGCCTGAATAACGGATGCACTGCACCAGTTCTCTCCTAGAACTTGAAGATCCGAACATCTGAGTTAAGATCC
GAAGATCCGAGGAGCGGAGATGGAATCCGGGACTCTAGTAGACTAAAGCTTAGTGTAAATAGTTTATGGGGCGCTCTTTATCCGCTAATAACTAA
TATTTAGTTGTAGTTGTTGACCGATATGATTAATTTATGTTTAATTTACCAATTAGTTAGGGTTTCGTGTTAGACAATCCAGATCCAGATAGTTG
GCATCGCATAAGCGGCAAAAAGGTTTCTCTCTTTATATCCTAATTGATTTCCTTTAATATATACAATTAAACAATGTCAATGAAATTGCATGTGT
CTTGAGCTGAAGCTGTGTTAGTCTTGTTGACTCAATTTTTACAATTCATAAAATGCAAATACAATATCAAACGTACAAAGCAA
(SEQ ID NO: 848)

Start ATG: 147 (Reverse strand: CAT)

MSPRPREILEEPELSLDSSSCYLRKSGQDCDDSCLLDGQLVADSVDAAHQFPSNEEPNILGHGPNYDDKLSKFKWLCNFDDAPSHLKFNPYIRRG
YRTFLPSTKMCLQSIFWWTNETINIWSHLAGCILFIGLTIFDLQFLRLHASLSDQVLVVCLLVCFCLCMLMSAIYHIFSCKSEEHYELFLSVDFL
GISLSLVAIYISGMYYAFWCHTFLRTLYSTIALGMFALAIAVQIPRLNVSMNGKVAVLLLWSAYGIIPLGHWAVAMGGLENELVRLMVPRIVLMY
LLCLVAFVFYAAKIPERWFTGKVDFVGHSHNWWHLIIVAAFYHWHNTGLVYAEYRLNNGCTAPVLS*
(SEQ ID NO: 849)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384703
GTCGCGCAAAGCCCAGGAGAAGGAGCGTCCCACCAAATCGGAACGCATTGATAGCACCAACCTGCTGCACTTCCGCATTCGTGCCTTGGATTTGT
TGGAGCTCTTCATAACCAAGAAACCAACTCAATCGGTAATCCTGGACGTGCTACATTGCGTGTTCCAGGTGTACAGCCATTGCGCCGCAGACAGC
AAACTACAATCCTTGCGAGAAGCCAGTTTGAAGTTGCTCAAAAAGATACTCGCTAGGAATATCGAACTCAAGGAAAATCAGAGCACCGCACCCAT
TCTGGAAGCCATTGAGCAGCTGATGTCGTCTGGCGAGGAGCATTCAGAAGAGGACCAAGAGAACGGCAAGCAGCCCGCCAGCCGACAGGCCAAAA
GAGACATCATTATTTGGCGGGACAGGTGCTTCGCTTACCTGGTCAGCCAGGCATCAGCAGATGGCGAGCCCAAGAAAAGTGCCGTCTGGCCCCTT
CTAGTCGAATTCCTGGAGCTGTGGGTAGCCAAGCGACGTAGTCGCCTCTCTCTGGCCAGTTTCGAAGCCCTCTTTCAGTCTGGCCAATGGCAGGG
AGTTGCTCCGCTGGCCGTTGTCCTGGCCTCTCACTTGGACGTACAGAAAACACGCAGTTTTCGGCGGGCACAGATACTGAAGCTGCTCAGCGAGC
AAGGTCGCCGGCTCGAAGTCGCTTTCAAGGACAACAACTCGTCTTCCAAGAAATTTGAGAAGCAGATAGCCAGATATGTAAATCAGCTAGAAACG
AAGGCTAGCAGTTCCAAGGAACTCAATCTGCTGCTTAAGATCCTCGCCCAAGGAGGCGAGAAGTGGCAGAAACTGCGTGAACAAATTCAGCTCGT
CGCCAAGGATCTTCAACCCAACAAGAAGGTGGCGAAGCAGAAGAAGCAGGCAGCCGCCAAACCTATGGTCGTGGAAGATGAAGAGTCCACATAAC
GTAAAAGAAGGAAACACCCCAATAAGAAACCTTACAATTAGATGTATAAATATCTTGCATAATATAGGATACTATTAATTTTTTTGTTCTTTAAA
AAATTCTGACGAAAAGTACTAAATTAGTATTGAAGTCATTGAAAAAATAGCAAAAGTACACTAAACTTTATAAAAATGTATTTTTACCTTTATAG
AGCAATTTGAGTGGACGTACAACTGCGCTAACGTTAAAAACCAAAATCACAGACGAGGTGGAAAGTACACGTGCTGGCGAAATGTGCTTTTAACA
TTCGGCACCATGGACTCGTCATTACTGCCTCGCTTTTTAGACACTTCGTTGGTGACAATCGTCAGGATATCGGCGATGTGTTCACTAAAGTAACA
AAGAACAACTTATGCATTAATTCGGGGCTAGCTTGCTTTGGCAGCTTTTTACCTGGCGGAACGGCGATCGATGGCATCGCACAGGCTCCCGATAA
ACCAGCTACCTGTTTGGGTGTGGCGCAGAGCAGCATATCCATTTACCGTGGACATGGCCCGCAGCATGTCGATGTGCTGGTCCGGCGACACGGTG
GTCACGTCTATCCTAAACTGAAAGAGGAATACGAAAATGTATAGGCTTTCCCATTCGACGACTTCATGCTTATAAATCTCCTTACGAGCTCATTT
GGCTTCTTTTTATGGACAAGCTTCTCCTGGCAGGCTTGTATGATTAGCAACTTCGGTTTGTAGTACAGGGTGTCGTAGCTGCAGAGCAAGTCCTC
GATATCCGTGATCTTCATGGCGATGCTGTTGGATGCGTAGACGGCCTCCTCGAAGCCGTGGCTCAGGATGAAGACCACTAGGGAATCGCGCACGA
GCGATCTATCGCACGCACTGCGAATGCGCTCTATGATGCCCATGTGATCCACGTTGTCGTACGCCTCCACATTGTATCCCATCGAGGAAAACACC
TCGATTAGTCGTTCTTTATCCACATCCGTGCCATCCCGTCTACGCAGTGGGTCGGGCGACAGAAATTTCTGTGGAGAAGGGCAATGTTGTACTTC
TTTTTGTTACTCAATATTGCAGAGATGAAACCATATTATCCCTGCTAACATTCCGGTGAAACTTCTGCTGGTTGATAATCAAGGCGATTCCTGCG
TTCTCCCGGGTCAACTTAAGAGCATCTATTTGTGTGGAACAGTACGACTGCTGGTTATCCGATTCAATCTCTTGCTTGACTGCCATCGCAGCAGT
GCCAGCCGCATCTGGCTCCGGAGCGTTACTAATGATGGTGTCTTTGAGCAAATTTGCTTGCGCCTGCAGACCGTTGGACTTCAAATGGCCGACCA
GCAGCTGAACATCGCTGCCTGCGGCATTTATGTCCCCTAACTTTATGCTCCTTCTGGTCAGCCAGTCCAGCAAAAAGATCTCCAGGTACGCGGGA
TCGTAGAAGCGAAGTGGATCTCCTGCCTGCTGGCTCTCCACCTTTTCGCGAACATCTAGGAGCAAGCGGCCACTCTGCACCAACGACAACTCCTC
ACACATCCTGTAGAGGCTCTTCAACAGAGGATGGACATGCAGCGTGATCCCAGCGATATGCGGCAAGTAGTGCATTCGCAGCTCCTGCCAGCAGA
AACCCAGTCTCCGGAGCACCTTGCGGGCCCCAATAATGCACAGGGCCTCCACGAGATGTCTTCTCCAGGTTTCTGGCCGGGACTTGGCGAACTTT
ATGAGTAGATCACTTTGCGGGAAGTCTGATCGTGTCATGGCCAAAAGTTTCTGCAGAATGTAGGTGGCATCCGAGTGGTCGTCGCCATAAAGCAG
AAAGCAGAGGCCCACCTAGAAGAAAACGAAGGTTCTACTGTTTAATTAACACTTTGGTCTAGCGGATGTGTAAAACATTTGAGTCATATTCGAAA
AGTCCTCCCAGGGAGGTGCCATACCTTTTGGGCAAAGTTCATGTCACGTTCCACGTAGATCAGATCGTTCTGATCGATGGTGTCTAGATGAATCA
ACAGGTTTGATCCGGCCATGGCGATCGGGAATATACAAAAATGTTTCACTTTAGGAAATGGCCGATAAATTGCACTCGCTGACATCCGATAGCCG
TGGCCTGAAGAGCTTCCACCGATCGATATCGATAAATGGATATGTTTTCTGCAATAGCGAAAGATCGGGGTGCTACCTATTAATTATACTTAAGA
AACAGATGATGTAGTTTTTTGATATAGAAGTTTAACAACCGGTTCAACAATCGGTTAATATTTAAAAATGTCGCAGCCAGCGAGCCTTTAGCTTT
AAAAGTAAGCTTGCGTTCACGGTTTTTGGGGAAATACCAAATATACTAGGTAAAAACATCGATTAACTAATATCATCCAACACGACGATATGTTC
TTTGCGAAAAATATCGATGTACTGGTATTTTTATGTTTCCACACCTCTAGTTCGTTTAAGTCGATCTGTTGAACTGTTAACAACACAACTCCTGA
ATATTATGTTTTGGACGAAAAGTTTTATTAATTTAATGTTTTTGTATATTGTATTCTGTCCATGAGCGTAACAGAGACAGACAGAGAGAAAGGGA
CAGATACTGAGATACGGGGCCCTCAGGCAGAGAAAGAGGGCGAAAGCAAGCTACAAGCGGGTGCGAGCGAGAGCGCGCGCTTGCCTCACGCACAT
ATATATAAATCTGTACATACATATAGTATCAGAAGAAAAAACTAAAGCCGCTATTCGATTTACGAAAACTGGCGAAAAATTCGACGATTTGTCTC
GTACCTATCTATGTACCTCACAACCACTTCGTCATCAAATACGTATAAGTCAGATGTATGTCAAACATATATATACATATGCATGTATATACACA
TCTATGTGAGGCCACTGCTATATCCCATACATGTATGCCTCTATATATATGTATATATTTATCCACCTACTGTACCACTTCCACATTATGTAAGC
AGCGACGCAAACAAAACACTAAAGCAGAAAATCCGAAAAGCAAAATGCGAAATGCAAAACAACGAACCAACAAAATCCCATCTATAAACCGAAAA
CCGAACAGCAATGTTATAACAAATACCGAAAAGTTGTTAATGTTCCACAAAAAAGCATAAAGCAGTCACGCTAAGAGAGTAAGATCGAACAAATG
AAATGTTTGTATGGCATAAGTAGTTCCCAGATTTTTGTATGTACTTCAATGCATATGCATGTGTGCGTATGCATGTATGTATGTATGTTTCTCGG
GGCCATGTCTCCCCACGCCCACGTACGT
(SEQ ID NO: 850)

Exon: 3208..2875
Exon: 2770..2027
Exon: 1968..1606
Exon: 1537..1383

Exon: 1319..1001
Start ATG: 2964 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT22949
CGACATTTTTAAATATTAACCGATTGTTGAACCGGTTGTTAAACTTCTATATCAAAAAACTACATCATCTGTTTCTTAAGTATAATTAATAGGTA
GCACCCCGATCTTTCGCTATTGCAGAAAACATATCCATTTATCGATATCGATCGGTGGAAGCTCTTCAGGCCACGGCTATCGGATGTCAGCGAGT
GCAATTTATCGGCCATTTCCTAAAGTGAAACATTTTTGTATATTCCCGATCGCCATGGCCGGATCAAACCTGTTGATTCATCTAGACACCATCGA
TCAGAACGATCTGATCTACGTGGAACGTGACATGAACTTTGCCCAAAAGGTGGGCCTCTGCTTTCTGCTTTATGGCGACGACCACTCGGATGCCA
CCTACATTCTGCAGAAACTTTTGGCCATGACACGATCAGACTTCCCGCAAAGTGATCTACTCATAAAGTTCGCCAAGTCCCGGCCAGAAACCTGG
AGAAGACATCTCGTGGAGGCCCTGTGCATTATTGGGGCCCGCAAGGTGCTCCGGAGACTGGGTTTCTGCTGGCAGGAGCTGCGAATGCACTACTT
GCCGCATATCGCTGGGATCACGCTGCATGTCCATCCTCTGTTGAAGAGCCTCTACAGGATGTGTGAGGAGTTGTCGTTGGTGCAGAGTGGCCGCT
TGCTCCTAGATGTTCGCGAAAAGGTGGAGAGCCAGCAGGCAGGAGATCCACTTCGCTTCTACGATCCCGCGTACCTGGAGATCTTTTTGCTGGAC
TGGCTGACCAGAAGGAGCATAAAGTTAGGGGACATAAATGCCGCAGGCAGCGATGTTCAGCTGCTGGTCGGCCATTTGAAGTCCAACGGTCTGCA
GGCGCAAGCAAATTTGCTCAAAGACACCATCATTAGTAACGCTCCGGAGCCAGATGCGGCTGGCACTGCTGCGATGGCAGTCAAGCAAGAGATTG
AATCGGATAACCAGCAGTCGTACTGTTCCACACAAATAGATGCTCTTAAGTTGACCCGGGAGAACGCAGGAATCGCCTTGATTATCAACCAGCAG
AAGTTTCACCGGAATGTTAGCAGGGATAATATGAAATTTCTGTCGCCCGACCCACTGCGTAGACGGGATGGCACGGATGTGGATAAAGAACGACT
AATCGAGGTGTTTTCCTCGATGGGATACAATGTGGAGGCGTACGACAACGTGGATCACATGGGCATCATAGAGCGCATTCGCAGTGCGTGCGATA
GATCGCTCGTGCGCGATTCCCTAGTGGTCTTCATCCTGAGCCACGGCTTCGAGGAGGCCGTCTACGCATCCAACAGCATCGCCATGAAGATCACG
GATATCGAGGACTTGCTCTGCAGCTACGACACCCTGTACTACAAACCGAAGTTGCTAATCATACAAGCCTGCCAGGAGAAGCTTGTCCATAAAAA
GAAGCCAAATGAGCTCTTTAGGATAGACGTGACCACCGTGTCGCCGGACCAGCACATCGACATGCTGCGGGCCATGTCCACGGTAAATGGATATG
CTGCTCTGCGCCACACCCAAACAGGTAGCTGGTTTATCGGGAGCCTGTGCGATGCCATCGATCGCCGTTCCGCCAGTGAACACATCGCCGATATC
CTGACGATTGTCACCAACGAAGTGTCTAAAAAGCGAGGCAGTAATGACGAGTCCATGGTGCCGAATGTTAAAAGCACATTTCGCCAGCACGTGTA
CTTTCCACCTCGTCTGTGATTTTGGTTTTTAACGTTAGCGCAGTTGTACGTCCACTCAAATTGCTCTATAAAGGTAAAAATACATTTTTATAAAG
TTTAGTGTACTTTTGCTATTTTTTCAATGACTTCAATACTAATTTAGTACTTTTCGTCAGAATTTTTTAAAGAACAAAAAAATTAATAGTATCCT
ATATTATGCAAGATA
(SEQ ID NO: 851)

Start ATG: 245 (Reverse strand: CAT)

MAGSNLLIHLDTIDQNDLIYVERDMNFAQKVGLCFLLYGDDHSDATYILQKLLAMTRSDFPQSDLLIKFAKSRPETWRRHLVEALCIIGARKVLR
RLGFCWQELRMHYLPHIAGITLHVHPLLKSLYRMCEELSLVQSGRLLLDVREKVESQQAGDPLRFYDPAYLEIFLLDWLTRRSIKLGDINAAGSD
VQLLVGHLKSNGLQAQANLLKDTIISNAPEPDAAGTAAMAVKQEIESDNQQSYCSTQIDALKLTRENAGIALIINQQKFHRNVSRDNMKFLSPDP
LRRRDGTDVDKERLIEVFSSMGYNVEAYDNVDHMGIIERIRSACDRSLVRDSLVVFILSHGFEEAVYASNSIAMKITDIEDLLCSYDTLYYKPKL
LIIQACQEKLVHKKKPNELFRIDVTTVSPDQHIDMLRAMSTVNGYAALRHTQTGSWFIGSLCDAIDRRSASEHIADILTIVTNEVSKKRGSNDES
MVPNVKSTFRQHVYFPPRL*
(SEQ ID NO: 852)

Name: DreD protein
Classification: endopeptidase
Gene Symbol: Dredd
FlyBase ID: FBgn0020381

Celera Sequence No. : 142000013384651
GTGCTCGACATTTCGCTTGCGTCCCGTAAAGAAATTGTCCACCACGATGACCTCGTGCCCCTGGACCATCAGATCGTCGACCAAGTGGGAGCCCA
CGAAGCCAGCTCCTCCGGTAATTAGTATGCGTTTGCGATTCTTATAGTTCAGGTATTTAACCTTCGGATACTTGCGCGGTGTGCTGGTCTGGAGG
CTACGAACTTGTTCCTCCAATCTGGCCAAATTCTCCCTTGTGCGCTGGAGTTCGGCCTTTTGTTCTCGAATAAGAGAGCTCTGCTCCTCGTACGC
CATCTGAAGGCTCCTTTGTAGCGGACTTTCCGTGGGCGGCCATTTGGCCTGAACCTCCTCGACGCCGGGAACGGAAACGGCGACCTTTCCGCTTG
GGCAGAAGCTGGCCATTCGGTAAAGGTAGACCAGGAGCAGGAGGAGCAGCGAGATGGCTGCAACGATCTTCAGACGCTTTTTGGTGGCAGTCATC
GTCGGTTATGGGTTGTGTACTGCAGGGTTCCAGTGCTTATCAGCAACTGATATCGCCACATTGCATTCTCGTTCGGCTTTAGAAACTATATAAAC
AATACAATTGCGTTATCAGGAGGTGCCAGAGTGGCCAGATGGCTCAAACGGAATTTCTAAATGGATTAATAATCTAACGCCAGGGAAAAGCTCCC
GCCTAATTTTAAAATTTACATCAAAAGTATCGACAGGCGAACATTTTGATTTTGGATTATAAATTATAATGAATTGATAATGAATTAGACATTTT
TGTTGGTGATCTTCCCCAGGGACGAATATTTTTCGTTTTAACGATAAAAGGTCGGAAATTGCCAAAAAATGAGTTTGAAAACTAAATTTGTTTGA
GGGCTTTCTTAGGCTGGTCAGCAGGGACTACTTTCCGAATAAAGTGTTTGCCCAAACGGCTATTGAAGGCTATTTAAACTGCCAACGATGAGCAT
CGATCGCCAGTCGGGCAAAGTTCTTAGTGCCAAGTGTTGTAGTGCTCAGCATGAGGCTTCCTTGGGTGATTTTCTGTACAGTTCTGCTTTTAATT
TTTACGAACAACTCAAATGCAGATATTCCCGGGTGCAACTACTACGACACGGTTGATATCTCATACATTGAAAGGCAAAACGATTCGTATTTATA
TGATGACATCGAAATTCCTGCTAGCTTAACTGGATACTACGAGTTCAGGCAGTTTGGGGACGGTTCGATTACGCCGATTGAAAAGCATTTAAGGG
CCTGTGTTTGCAGCGTGCGGCCCTGTATTCGAATCTGCTGCCCAGCCAAGAACTTTTTGGCCAACGGAAAATGCGATGATGGTCTCAAAGAGGAG
CTCGCCCGGTTCAAACCCTATATATACTTCACATACATGGACCTACAGGCACGAGTACCACTCACCGATATGGCTATTATCAGAGATGAGTTCTT
TGATTGTGATGAAATGATTTACATCAGCGACTTTAACTATTTCTTAGAAGAGGTTAGCATTCAAATCTTCAATAAATGTGGACTTATAGTTTGGT
TCCAGGATGGAAAATTTTGGGTTACCGTTGACCTCTTCATGGAAAAACAGGACTACTGCTTGTACCGGCACAACTTTGATTCGGATTTTCCAAAG
TCCATGTGGATAATACGACACCGCTGCACAAGCCACATATCTCCTGGATCCTTAGAGAGTAATTCAATTATTATTTATAACAAAAGTCATCAATA
TCGTTTTCATAGCTATATAGAAAGAAACGAAAATAACTCCTTATTGGTGTGCAAACTGCTGACTGCATTCTGTGTGCCCTTTGCAAGTTTTTTAA
TTACAATAAGCTGGTTTTTTATTTCTTATATTTTCTTTTTCAGTTCTAATTATAACAATGATATGCTTTGTCCTAACAATCGCAGTATATCTATA
CATTAAGAAGCTGCGAAATGTTACTGGCAAGTGCATTGTATGCTGTATAGTTTCGAGGTTTATCCAGTGCTTGATCATGATACTAGATCATTTAA
ATCTATTGAATGGCATTTGCTCTCCAGCTGGTTAGTTCGAATTGGAGATATCTCTGGAAGCTTTAAATGTTATATCGTTGACTTCTTGCAGGTTA
CAGCTCGCACTTTTTCCGGATGGCTTCCAACCTCTGGCTCTCCGTCATCAGCTACCATACGTGGAAAGTCTTGACGTCGCTCAATCGAGTCGACC
CTAACTATCGGTTCCTGCGGTACAACGCCTTCGTCTGGAGCACAGCCGCAATCATGACGGGAAGTATTTATATAGTTAATCAGATTTGGGAAAAC
GATCCCAGTAAATGGAACTGGTTGCCTCTGGTCGGTTTTATTCGGTGCTCGGTCAAAGGTAAACTTTCAATGCGATTGCTTTTAAATCGTTACCA
TGGTTACGTATTGCTTTTCCATATCAGATTGGCACCCATCCGTCTGGATCTATATAAGTGGACCGTCGCTGGCCCTGAGCACTTTCAATGTCGCC
ATGTTCGCCCTGACAGCCATTTACATTAGGAAAGTGAAGGGGGGTATAAATAAGTTCACAAATGAGGAGGAGGGAAGGATTAACTGCATAAACTT

TGACAGCCAGACGTAAGATATGATAAAACCTTGGACCTTGGTAAACTAGTTATCCTTGCCGTATTATCCACATAGTTACCTACAGTTCCTGCGGC
TCTCCATCGTGATGGGCCTTACTTGGATATTCAATGTCATTCCGTATTCTGCACGGCTCCACATTTTCTGGGAATGGGTCGGGATAATATCCGAG
TATTTTCACAGCGCGTTTGGAATTGTTTTGTTCGTTCTGCTCGTCCTGAAGCGCAGCACATGGACTCTAATGATGGATTCTTAAGCTTGTTTCTA
TATAATTCTAATAATTGTTTACAATTAAAGCTTTAAACAATTAAAGCCCCTCATTTTATTAATATCCTTTGCTGAACGAAGGAATTGAATTGAAT
TTTATTGAACTCAATAAATAAATATAGTTTTAGAAAACGATGTACTTTAAACTGCCAAGAGGTCACCGCGACAAGCTTTTCACTTCGCCACCCTC
TGGTAACACTGATTCTCCAGCCACTTTCGATTCTTTAAAAAACATCGATAGGTATCGCCAAAAAAATCAGCTGCTCTGCTTGTAGTTTTGCGATT
TCATTGCAATTTTAATTTGCTTTACTGTTCAAAAAGAAATACAGTGCAAAATATGCCGAACGAAAACGCAGAGGACCTCTCGGGTCAAGAGCTAA
AGCAGAAGGCCAAGGAGGTGGCCGACGCATCGGAGGCAATGCTCGAAAAGGTTGTTGCCGGCTTAAATATCCAGGACACGGCATCGACGAATGCA
GCAGGAAACGAGGATGCGGAGCAGCCTGATGGTGCCAAGAATGAGGCTTCAGTGTCTGCGAATGCAAGTAAGTTTTCAATATGCCTGTGAAAAGT
CATTTAGAGGCTCCTCCTGCGGCTGAAAAAATGAGGTTAGGTTTTGTCGGGAACTACAGTCCAACCTCTCTAACTTGAACTGCTGTGCTATTCAT
TTCAATTCAATTTTCAATTTTCATTTTCTGTGCAATTACTCCAAAGATTAGCCCTAACGGAAAAATAAACAACTCATAAATCATAAATACATATT
TGATTTTGATGAAATATGAATATACTTACATAGATACAATTGAGTTTTTTATTACGAATAAAATATGTGTAATATAAGATTTCTACCTTGTTGAT
TCCATTGATTGATGCTTCATTGAAACCCCAAAATTGGGCAAATTTGTTGTCATGGGAAACTAGTCCACTGTCGTGATGCCTTAAGCTTTTTTTGG
GGCAGATTAGTCATTCCAGTTTAAACTAATCGAAAA
(SEQ ID NO: 853)

Exon: 1001..1673
Exon: 1849..2025
Exon: 2087..2338
Exon: 2403..2836
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT22963
ATGAGGCTTCCTTGGGTGATTTTCTGTACAGTTCTGCTTTTAATTTTTACGAACAACTCAAATGCAGATATTCCCGGGTGCAACTACTACGACAC
GGTTGATATCTCATACATTGAAAGGCAAAACGATTCGTATTTATATGATGACATCGAAATTCCTGCTAGCTTAACTGGATACTACGAGTTCAGGC
AGTTTGGGGACGGTTCGATTACGCCGATTGAAAAGCATTTAAGGGCCTGTGTTTGCAGCGTGCGGCCCTGTATTCGAATCTGCTGCCCAGCCAAG
AACTTTTTGGCCAACGGAAAATGCGATGATGGTCTCAAAGAGGAGCTCGCCCGGTTCAAACCCTATATATACTTCACATACATGGACCTACAGGC
ACGAGTACCACTCACCGATATGGCTATTATCAGAGATGAGTTCTTTGATTGTGATGAAATGATTTACATCAGCGACTTTAACTATTTCTTAGAAG
AGGTTAGCATTCAAATCTTCAATAAATGTGGACTTATAGTTTGGTTCCAGGATGGAAAATTTTGGGTTACCGTTGACCTCTTCATGGAAAAACAG
GACTACTGCTTGTACCGGCACAACTTTGATTCGGATTTTCCAAAGTCCATGTGGATAATACGACACCGCTGCACAAGCCACATATCTCCTGGATC
CTTAGAGATTCTAATTATAACAATGATATGCTTTGTCCTAACAATCGCAGTATATCTATACATTAAGAAGCTGCGAAATGTTACTGGCAAGTGCA
TTGTATGCTGTATAGTTTCGAGGTTTATCCAGTGCTTGATCATGATACTAGATCATTTAAATCTATTGAATGGCATTTGCTCTCCAGCTGGTTAC
AGCTCGCACTTTTTCCGGATGGCTTCCAACCTCTGGCTCTCCGTCATCAGCTACCATACGTGGAAAGTCTTGACGTCGCTCAATCGAGTCGACCC
TAACTATCGGTTCCTGCGGTACAACGCCTTCGTCTGGAGCACAGCCGCAATCATGACGGGAAGTATTTATATAGTTAATCAGATTTGGGAAAACG
ATCCCAGTAAATGGAACTGGTTGCCTCTGGTCGGTTTTATTCGGTGCTCGGTCAAAGATTGGCACCCATCCGTCTGGATCTATATAAGTGGACCG
TCGCTGGCCCTGAGCACTTTCAATGTCGCCATGTTCGCCCTGACAGCCATTTACATTAGGAAAGTGAAGGGGGGTATAAATAAGTTCACAAATGA
GGAGGAGGGAAGGATTAACTGCATAAACTTTGACAGCCAGACGTAAGATATGATAAAACCTTGGACCTTGGTAAACTAGTTATCCTTGCCGTATT
ATCCACATAGTTACCTACAGTTCCTGCGGCTCTCCATCGTGATGGGCCTTACTTGGATATTCAATGTCATTCCGTATTCTGCACGGCTCCACATT
TTCTGGGAATGGGTCGGGATAATATCCGAGTATTTTCACAGCGCGTTTGGAATTGTTTTGTTCGTTCTGCTCGTCCTGAAGCGCAGCACATGGAC
TCTAATGATGGATTCT
(SEQ ID NO: 854)

Start ATG: 1

MRLPWVIFCTVLLLIFTNNSNADIPGCNYYDTVDISYIERQNDSYLYDDIEIPASLTGYYEFRQFGDGSITPIEKHLRACVCSVRPCIRICCPAK
NFLANGKCDDGLKEELARFKPYIYFTYMDLQARVPLTDMAIIRDEFFDCDEMIYISDFNYFLEEVSIQIFNKCGLIVWFQDGKFWVTVDLFMEKQ
DYCLYRHNFDSDFPKSMWIIRHRCTSHISPGSLEILIITMICFVLTIAVYLYIKKLRNVTGKCIVCCIVSRFIQCLIMILDHLNLLNGICSPAGY
SSHFFRMASNLWLSVISYHTWKVLTSLNRVDPNYRFLRYNAFVWSTAAIMTGSIYIVNQIWENDPSKWNWLPLVGFIRCSVKDWHPSVWIYISGP
SLALSTFNVAMFALTAIYIRKVKGGINKFTNEEEGRINCINFDSQT*
(SEQ ID NO: 855)

Name: mth-like 7
Classification: G_protein_linked_receptor

Celera Sequence No. : 142000013384804
GAACTCTCCCTGCGAATTTCTATGGAATTTCACATGCAGCGGCAACTGCAGCAAACAGAAAACAACAAACGTGAGAGGCAAATAAATAAAAACAC
ATTATGCAGAAAGCAGCACACGTCCCTATCTACAGATGTACAAATGTACATACATACATATGTACATATGTATGTACACACCTACAGCCGTATGC
GTTATAAACAAATTGCAATCAAAAGCCAAGTTTGGGAAACCAAAAGATACACTTTCGGTCGACTCAAAAATGCCCTAGAGAAACCGAAGTTGCGA
CACAAAAAAAAAAAAATAGATAGATCCCTTGACAAAATGTATCTTTATCTTTGTATCACAGGTTACGCTTCTTCTCGAATTATTTATATATGTATA
TACATATATACAACACTTGGATATGAATTCATAAAGTCAAATCAAATCATGCTAATTTGTTAATGCGACAAAAGTTCAGTCGCAATATGCGATTG
ATTCGTGACCAGAGAATATATGAATCGATTCAGTAACATAAGCATATTAGTATCATTCCCAAATCGACTCATAGTCATGACCTCCCAGTGTGACT
CCCAGGGTACTTCAGCACAACTTTTGGCTCCCCAAACGGAAGGTTGAGTAACTTTTTTAGCCCTCGGAGAAGGGGTTCACCGACTACAGATCCAG
CCCAAAACAATCGCATGAGCCGTGGATACGGAGATACCTAGATAACTAAGCTACAGATACATTTGCTGACTTTAATTGATGTGACAAGTAACAAG
TGGCGAAACAATGGCCAACCCGAAGACGAAGAGACTGAGAGAACGTATTGTACATGGCAAATTGCAAGTGACAGTGGGGTACCCACTCGAAAAAC
CAACTAAAGTCATTTGCTTGCTTAAAATAATATGAACAAAGAAATCAATCTTTCTCATTCTCTTAATTAAGCTTCATGAAATATAAGTCACGACT
TTAAGCTTGATTCAACGTTGATACGAAATGACTTTCCCACTATTTATAGATTATTTAAAGATCGTTGGCCGGAAATTCCAAAATCGGAATTTGGA
TGTATGAATAATGCCTAGACTAATATATATGTTTTTCAATTCATCTTTCAAGACATTTCCCCACCCACTCACCATGTCCTCCTCGTCCTCGCAGC
AGTTTACATCCTGCAGCGTTTCCCGCCACGCCAGCACGGAGTCCGTGAGCAGCAGCCTCGCATTGGAGCGAACGCGCAGTTTGCGTCCCGTCCTC
GGAGCCACGCCCCTCTTACCGGCCACCGCCCCCGCGGCGAGCACGGCCCGCTCCCACTCCTCCTTCAAGGGCTTCGGAATGGCCGGCGTGGGGTT
GTGCTGGTGGTTATACGAATCCTCCGCCTCGCAACTGCAGCCACTATCATCGCTGCGTGGTGCCAGACTCGTGGTGTTTGAGGTGGCCAGTTGGG

CGGGTGGCGGTGGTGCTGGTCGGCGGATCCGGGTCATGAACCGCTGGTGGACCAGCGAAAGATGGTAGTCGTAGAATATAGCGCTGTACTTCTTC
GGATCTTTTTGGCTGTAGAAAATGCAAATGTTCCTTAGGATCGGATGCACCACGACTGATGGCTGCTGATCCGCTGGCAGATCCTTTGGCGTATC
CTTTGGCTGCCCGGTGACGCTGCTGCCAGTGCTGCTGATGGAGCCCAGGGTCGCTGTGCTGTTCGTCACCGTACTGCCCAGGCTTAGCGTTTCAT
CCGCCTCCTCCTTACTCTCCCGCGAGTACATGAACTCCATATCCGTCTCCCACGCTCCATGGTCCATGGAGGCGGTGGGCGAGGGCAGGGGCGTC
GGCATCATCATCTTGGAACGCTTGGTCAGCGTCGATGTGGACAACTTATGGCGCACTCCGGCGGCAAAGACCGCCGCCGCTTGGAGAGCCATCAC
ATCCGGATCAGCATCGGATGGCAGCGACTCGTCGTAGTCCCCCAGATCCTCCTCCTCATCATCCACGTCGTCGTCTTCCTCGTCTTCGTCCTCCT
CATCTTCGCCCTCGACGGGAAGGGCTTCGATTATCTCCTGATCTACGGGTTCGATTGTCTTGAACTGCCAAATGGGTTGGTAAATGGACTCCTCC
TCCTGCTCCTCTGGGCTGGAATTCTCCGCGGCAAAGGAGTTGCCTCTCAGGTTATCCTTTTTCCCTCCGTTCGGCTTCGTCTGCTCCTCTTCAAT
CTGGCGGGGATTGCTCAAAGATGTGTTGGGATTTCGAACGGGTACCTTTGGCGCCGGTCGTCGAACTTTAATAACGCAATTCTAAAAGTTGAGGT
GGAAACATACTATATTGTCAAAACAAAAAATAATATCCTGTTTCGACTGTTGTGTTTTACTCGCTGCAATAATTGACGAACGGTGGGATATCGTT
TTGATTTCATTTCGTTTCAATTATAATAAAAACATTTAAGGAAACCCCATCTTTGAATAAAGTTACGAATTTAGGGTTACTTCTCACAAACTGAT
AAACATAGTTAATTAGTTAGGTAATTACGTAAAATAACAAAAGTGGAGGCGGATTTCCCGATCAGCTTTTAATGGAAATTATCATTAATATGCCG
CCTGCGAAAACAATGAATTACTCCATTAATAACTTCTTTGCTAGGAATCACAATATTGAACTTTTTTGTGCAGTTGTGATGGCAACTTTACTGCT
TTTTACGCAAATTTTGCAATCAGTAAAAAAAAAAATATTCAAAAAAATAGTGTGAAAAATGACGTTAATTAAACGCTGATTATTTTATAGTTATCT
TGTGCTTTCATTGCAAACTTGTTTGTTTTACTTCACATTTTTTTCATTGTTCAATGGTTGTTTTTAATTAGATAAGTTTGTTTATTTATTTATTT
TTTTTTTTCGTTTCGCTGGCCAATCGAATGTTGGCATCCCTTTCGCACGTGAACCGTTAGTCAATTTTGAACTGCAGTGAAACGTAACAGAATCA
AGTACACAGAGAGAAAAGTATAATTGCATCACAATATTAACGTATTGCCCTCAAACTGTTTTTCATATATAAGAACAGAAAAAAAAGTAGGGATC
AATTTTAATCGTTCCTGATTGATGTTGAACTGATTTGACGGATCGCAATTGGGAATTATAAATTTTATATTTATTTACATGCACTATTTGTATTA
CTTTGATTTACGGAAATCAAACCAATTATAGTTAATAAAAAAAATTGGTAAAATTCAACCGTGTCAATTGAATTTTTAAATAATATATTTTTTTTT
TGTGGCGCTCGTTGATACCGCCCAAACTTTTTCTCTCTGTGCATTTTAATTTTGCCTTTGATTGATGCGGCTTTTGTTTTTGCTTTTTATTAATG
AGTGTTGACCTGTGTGATTGGCTGCTGTTGTTGTTGTTGCTGTTGTTCATTGACATTGCAATTGGCGTTGCCGTCGTTATTCTTGTTGTTGTTGA
TACCGCTTTCATTGTCAACGGTGTGATGGTTGTTGTTGTTATTGCTGATGTTGTCATTGTTGTTGTTGCTGCTGCAGTTGATGGTGTTGTTGTTG
CTGTTTGTTGAGGGGCGCTCTGCCTCGCCATTTGGCTTAGGCGCTGCCATCAAAGCTCCGCTGTTGTTGTTACTGTTATTATTATTGTTTTTCTT
GCTGTTGTTACTGCTAGTGGAGCTCTCGCCCCCGCACACACCCTCTTCCCTGACTATCGCTGTCCCTCTTCGCCTCGTACTTCGATTCGCGCGGC
GTCGCGACGCAGCAGCAGCACACACGTCTACGCTCTCTGAAATCGCTGGCGAAACTGAAACCGAAGCCGAGGCCACCGAACGATCGTTGCCGCCG
GCGAAGGAGAAGGCGAAGAGAGGCAGGCGCCGTCGCCAATCCCCCACAACGCCAACAACTGAGTCACGCGCTCTCCTTCGCCGATAACCGTTGAT
CGGTGGTTGTTGTCGCTGTTGTTGTTGCTGGTGCCACAGCCACAAGCTGAACGATTTGTCATAGGCGGTGAGAAAGCCACGCACACTCACGTGCA
AGCTGGCCGAAAGAGCGAGACTCTGCATCAAGCGCAAGAGAGATACAGAGACTTGAGGCTGAATTGCGATTGCGACGACTGCGACGTGCTCTTCG
ATTGCGGCCACCTGTTGATGTTGCACTGCCTCTTTCTCTTCGCCCAGTGCGCTCAGATAGTCATTCACAAAGTTGGCCGTGATGGCGCAGCGCCG
TTGCTCTCTTTCCGGCTCCACGTTGTGCGCTCTCTTCTGCTGCAGCTTTCGTTTAAAGTCCTTGACCAACTTCGCCTGCTCGTCCGCACACTTTG
CACTCTCCTCCGTGCTTCTCCGCAGTGTGACCGTGCTCTCCTCGGCGGAGGATGAAGGATCGCGCGCTGGTACGCTCTTTGGCTGCTGCCACGGC
CCCTCGTCGTAGTGGTGCACCTGCCGCCTCAGGGAGGTCATCCACTGGCAGATGCTCTCGTTGAGATACAATGATGAGGATCCTGATGTGCTTTC
GTCCTGCAGCAGGCGAATGCGAGAGACGCGCGGCCTCTTGCGCTCTCTCTTGTGGCTCTGGCTCTCTTCGGGCTCTCTTACGCGGCCGTAGATGT
GCTGATCGCTTTGGCTGCCCTTCAGTTGCTGCTGCTCTAGCTTGAGTTCGCAAATGCGCTGGAGGTCAAAGGTCTCCTGGGTGCGGAACACCTCG
TCCACGTTGTGGATGATCTCCAGGGAGCCAGCGCTGCTACTGCCAGTCGTGGGTGTCCTCGGGAATATCCTGCGCTGCAGCGACGACGAACGGTT
CAGCTGCTTAAGAGAGCCAAAGAGACGGGTCAAGGTCGCCGCACTGGACTTGGAGTAGCCCAAGAGCGACCGCGACTTGACCTTGGTGGGTGGTG
TGGGCGGTGTGGTTGGTGTGGACGGTGCGGGCGCTTTGGCTGGCGTCTCTGACCTTTGACACCGGCACCGCTCGTTGTCGCTATAAATGCCGCGG
CACAAATCGCAGATGTTCTCATAGATGTTGCTGCTCTCGCCGGAAATCGTCGAAAGGGGCGGTGGCGGTGGGGGAGGCGGTGTACTCACCACGCC
CCCGCTCACGATGCACTGGCAGAAATGGCAGTAGCGTCCTTGGGCGGCAAACACGCCGTAGCCGCAACCCCGACAAAGATTCTCGTAGATCGCCT
CGCGCGGAAAATACTTGCGCAGCTCCGCATTCAGGTGACCTTTGGGGGTGGAGGTCAGGCCCGGCAGATTCTCGTAGATGTGCGCCTCCATGCCG
ACGTTATCGTTAATGTCCTTCGCCTGCTGTGGCATCTCTCTTCTTTATTTCTTCTTCTGCCTCCCTACTTTCTCTTATCGCCGCTGCGTCACATC
GTAATTCATTATTAAGTGAGAAAATAATCGCCGAGCGGGGCAATTGGAGAGATAGTAAGTGAGAGCACTGTCATCGAGAGAATTTCGTGCACCGC
AAAAGAAATGTCGCGAAGGTATTTAATTAACATAAATTCGATTTGGAAATGCTCGAATGGCTCTTCTTAAATTTCTCACTCGAGTGAATTGAATA
ACTTGTAATCTTCGATTACTCACTATTATTTTTTGAGAAACACCCCAAAAACGACCTTAGTTCTCGCAGTGTAATCACTGAGAAAAGTCAATGGG
CTTGAACTCTTTAAGTGATGCCACTACCCTCATTTTCTTTCTTTCTGTCTCTTTCCCTCCCGCTTCCGACTGCAATCAGCGATATTCATTATCTC
AGCCAAAGTCGCTGCACTCTGCACTCAGTTTTCCTCCAAACCATCGGCTTTGCCTTCAAAACACAATTCTTTGGCTTGACTTTTTTTAAATCTGG
GAATTTAAAGGATGAATTTTTCGAATCTAATTGCAAACAGCTTTTAATAATATGACCCTGTTATCGTGAATTTCTTTACCATTTCTTCTAATATT
TACATATATTAGCTATTTTGATAAAATATTATTGGAACCCATTGCTGTATTCAATATATGTGTAACTAGACCCAATATCTCTGTATATTTCACGC
CCAAAAAGATCCAGAGCACTTATCACTAATCAGTTTAGAGCTCTAAAATGAATTGTTTGTTTGCCCTAAAACATTTGATGCTTAAATGCAAATAA
TGTTTAAAGTAAAAAAAACCCCAATGCATTTCATCTGACTAGAATTCCACAGTGCTGCTTCTGCTTTTGAGCTTTGTTTTTCGTTGATATACGGA
GATGAGTCACTAACCGATCCACCAAACCATGTCGGTCCTCTCGTAACCCCCGTCCTTATCCCTCGGACTCAAAATGATGGCCATG
(SEQ ID NO: 856)

Exon: 5260..3335
Exon: 2266..1001
Start ATG: 5260 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT23013
ATGCCACAGCAGGCGAAGGACATTAACGATAACGTCGGCATGGAGGCGCACATCTACGAGAATCTGCCGGGCCTGACCTCCACCCCCAAAGGTCA
CCTGAATGCGGAGCTGCGCAAGTATTTTCCGCGCGAGGCGATCTACGAGAATCTTTGTCGGGGTTGCGGCTACGGCGTGTTTGCCGCCCAAGGAC
GCTACTGCCATTTCTGCCAGTGCATCGTGAGCGGGGGCGTGGTGAGTACACCGCCTCCCCCACCGCCACCGCCCCTTTCGACGATTTCCGGCGAG
AGCAGCAACATCTATGAGAACATCTGCGATTTGTGCCGCGGCATTTATAGCGACAACGAGCGGTGCCGGTGTCAAAGGTCAGAGACGCCAGCCAA
AGCGCCCGCACCGTCCACACCAACCACACCGCCCACACCACCCACCAAGGTCAAGTCGCGGTCGCTCTTGGGCTACTCCAAGTCCAGTGCGGCGA
CCTTGACCCGTCTCTTTGGCTCTCTTAAGCAGCTGAACCGTTCGTCGTCGCTGCAGCGCAGGATATTCCCGAGGACACCCACGACTGGCAGTAGC
AGCGCTGGCTCCCTGGAGATCATCCACAACGTGGACGAGGTGTTCCGCACCCAGGAGACCTTTGACCTCCAGCGCATTTGCGAACTCAAGCTAGA
GCAGCAGCAACTGAAGGGCAGCCAAAGCGATCAGCACATCTACGGCCGCGTAAGAGAGCCCGAAGAGAGCCAGAGCCACAAGAGAGAGCGCAAGA
GGCCGCGCGTCTCTCGCATTCGCCTGCTGCAGGACGAAAGCACATCAGGATCCTCATCATTGTATCTCAACGAGAGCATCTGCCAGTGGATGACC
TCCCTGAGGCGGCAGGTGCACCACTACGACGAGGGGCCGTGGCAGCAGCCAAAGAGCGTACCAGCGCGCGATCCTTCATCCTCCGCCGAGGAGAG
CACGGTCACACTGCGGAGAAGCACGGAGGAGAGTGCAAAGTGTGCGGACGAGCAGGCGAAGTTGGTCAAGGACTTTAAACGAAAGCTGCAGCAGA
AGAGAGCGCACAACGTGGAGCCGGAAAGAGAGCAACGGCGCTGCGCCATCACGGCCAACTTTGTGAATGACTATCTGAGCGCACTGGGCGAAGAG
AAAGAGGCAGTGCAACATCAACAGGTGGCCGCAATCGAAGAGCACGTCGCAGTCGTCGCAATCGCAATTCAGCCTCAAGTCTCTGTATCTCTCTT

GCGCTTGATGCAGAGTCTCGCTCTTTCGGCCAGCTTGCACGTGAGTGTGCGTGGCTTTCTCACCGCCTATGACAAATCGTTCAGCTTGTGGCTGT
GGCACCAGCAACAACAACAGCGACAACAACCACCGATCAACGGTTATCGGCGAAGGAGAGCGCGTGACTCAGTTGTTGGCGTTGTGGGGGATTGG
CGACGGCGCCTGCCTCTCTTCGCCTTCTCCTTCGCCGGCGGCAACGATCGTTCGGTGGCCTCGGCTTCGGTTTCAGTTTCGCCAGCGATTTCAGA
GAGCGTAGACGTGTGTGCTGCTGCTGCGTCGCGACGCCGCGCGAATCGAAGTACGAGGCGAAGAGGGACAGCGATAGTCAGGGAAGAGGGTGTGT
GCGGGGGCGAGAGCTCCACTAGCAGTAACAACAGCAAGAAAAACAATAATAATAACAGTAACAACAACAGCGGAGCTTTGATGGCAGCGCCTAAG
CCAAATGGCGAGGCAGAGCGCCCCTCAACAAACAGCAACAACAACACCATCAACTGCAGCAGCAACAACAACAATGACAACATCAGCAATAACAA
CAACAACCATCACACCGTTGACAATGAAAGCGGTATCAACAACAACAAGAATAACGACGGCAACGCCAATTGCAATGTCAATGAACAACAGCAAC
AACAACAACAGCAGCCAATCACACAGAATTGCGTTATTAAAGTTCGACGACCGGCGCCAAAGGTACCCGTTCGAAATCCCAACACATCTTTGAGC
AATCCCCGCCAGATTGAAGAGGAGCAGACGAAGCCGAACGGAGGGAAAAAGGATAACCTGAGAGGCAACTCCTTTGCCGCGGAGAATTCCAGCCC
AGAGGAGCAGGAGGAGGAGTCCATTTACCAACCCATTTGGCAGTTCAAGACAATCGAACCCGTAGATCAGGAGATAATCGAAGCCCTTCCCGTCG
AGGGCGAAGATGAGGAGGACGAAGACGAGGAAGACGACGACGTGGATGATGAGGAGGAGGATCTGGGGGACTACGACGAGTCGCTGCCATCCGAT
GCTGATCCGGATGTGATGGCTCTCCAAGCGGCGGCGGTCTTTGCCGCCGGAGTGCGCCATAAGTTGTCCACATCGACGCTGACCAAGCGTTCCAA
GATGATGATGCCGACGCCCCTGCCCTCGCCCACCGCCTCCATGGACCATGGAGCGTGGGAGACGGATATGGAGTTCATGTACTCGCGGGAGAGTA
AGGAGGAGGCGGATGAAACGCTAAGCCTGGGCAGTACGGTGACGAACAGCACAGCGACCCTGGGCTCCATCAGCAGCACTGGCAGCAGCGTCACC
GGGCAGCCAAAGGATACGCCAAAGGATCTGCCAGCGGATCAGCAGCCATCAGTCGTGGTGCATCCGATCCTAAGGAACATTTGCATTTTCTACAG
CCAAAAAGATCCGAAGAAGTACAGCGCTATATTCTACGACTACCATCTTTCGCTGGTCCACCAGCGGTTCATGACCCGGATCCGCCGACCAGCAC
CACCGCCACCCGCCCAACTGGCCACCTCAAACACCACGAGTCTGGCACCACGCAGCGATGATAGTGGCTGCAGTTGCGAGGCGGAGGATTCGTAT
AACCACCAGCACAACCCCACGCCGGCCATTCCGAAGCCCTTGAAGGAGGAGTGGGAGCGGGCCGTGCTCGCCGCGGGGGCGGTGGCCGGTAAGAG
GGGCGTGGCTCCGAGGACGGGACGCAAACTGCGCGTTCGCTCCAATGCGAGGCTGCTGCTCACGGACTCCGTGCTGGCGTGGCGGGAAACGCTGC
AGGATGTAAACTGCTGCGAGGACGAGGAGGACATGGTGAGTGGGTGGGGAAATGTCTTGAAAGATGAATTGAAAAACATATATATTAGTCTAGGC
ATTATTCATACATCCAAATTCCGATTTTGGAATTTCCGGCCAACGATCTTTAAATAA
(SEQ ID NO: 857)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MPQQAKDINDNVGMEAHIYENLPGLTSTPKGHLNAELRKYFPREAIYENLCRGCGYGVFAAQGRYCHFCQCIVSGGVVSTPPPPPPPPLSTISGE
SSNIYENICDLCRGIYSDNERCRCQRSETPAKAPAPSTPTTPPTPPTKVKSRSLLGYSKSSAATLTRLFGSLKQLNRSSSLQRRIFPRTPTTGSS
SAGSLEIIHNVDEVFRTQETFDLQRICELKLEQQQLKGSQSDQHIYGRVREPEESQSHKRERKRPRVSRIRLLQDESTSGSSSLYLNESICQWMT
SLRRQVHHYDEGPWQQPKSVPARDPSSSAEESTVTLRRSTEESAKCADEQAKLVKDFKRKLQQKRAHNVEPEREQRRCAITANFVNDYLSALGEE
KEAVQHQQVAAIEEHVAVVAIAIQPQVSVSLLRLMQSLALSASLHVSVRGFLTAYDKSFSLWLWHQQQQQRQQPPINGYRRRRARDSVVGVVGDW
RRRLPLFAFSFAGGNDRSVASASVSVSPAISESVDVCAAAASRRRANRSTRRRGTAIVREEGVCGGESSTSSNNSKKNNNNNSNNNSGALMAAPK
PNGEAERPSTNSNNNTINCSSNNNNDNISNNNNNHHTVDNESGINNNKNNDGNANCNVNEQQQQQQQQPITQNCVIKVRRPAPKVPVRNPNTSLS
NPRQIEEEQTKPNGGKKDNLRGNSFAAENSSPEEQEEESIYQPIWQFKTIEPVDQEIIEALPVEGEDEEDEDEEDDDVDDEEEDLGDYDESLPSD
ADPDVMALQAAAVFAAGVRHKLSTSTLTKRSKMMMPTPLPSPTASMDHGAWETDMEFMYSRESKEEADETLSLGSTVTNSTATLGSISSTGSSVT
GQPKDTPKDLPADQQPSVVVHPILRNICIFYSQKDPKKYSAIFYDYHLSLVHQRFMTRIRRPAPPPPAQLATSNTTSLAPRSDDSGCSCEAEDSY
NHQHNPTPAIPKPLKEEWERAVLAAGAVAGKRGVAPRTGRKLRVRSNARLLLTDSVLAWRETLQDVNCCEDEEDMVSGWGNVLKDELKNIYISLG
IIHTSKFRFWNFRPTIFK*
(SEQ ID NO: 858)

Celera Sequence No. : 142000013384502
GCTCCGTCCTTGCCTACCAGTGAGGTCACATATTTATCTAGCTGGACAATGGTGAACTCCTCTAATTCTCCATTGTGCTGCATCACGTTCAGCTG
ACTGGCCAGCATCGCATAGCTGTTAAAGTACTTGCCGTCGGAGATTAGGATGCGATAGCGCTCTGAGTCCGCTGCGCTGTTAATCTTCTTGATTG
CCAGGATCTGGAGAACCGGGGCATCCACAACCTCGCCATGCATAATGCGCTGTGGCCGGTAGTACGATGTGTTACTATACCAATCCATTATTTTA
AGCTGGCATACTTACAGCAATCACACCAGTGGACAAAGATGCCAGGACCATTTTGATTATAAAAATAAGTTGGGCAATTTCACAAGCAAATATAA
TTCATGCGTCGAGGGCTGGGTACAAAGTGAAGCTAGAAGAGGCGGGAAGGGCTTCTGTGTAATTTTGAATCAGTTGTTGCGGAACTAGTTCAATT
TGCTTTCCAGTTAGAGCTGTATTTCAGGGCAGTAAAGTTTTGGTTGCTTAAGAGAAAACATTTATTTTACTTTATTATTACTATTTCCTACAGCA
ACATATTGAGAATAATTGTCTATTATTTTGACACATAGCTTTAAGCTTGACTTACATTGTTTGTGTTAATGCTCACAACTAGTTATTGTAAGCAT
TTCTATTTCAATGGAATTATAAATATTTAATAACTGTGTGATATTTTATTGACACATTCTTTGTATTAAAGCCTACATTCAGTGCCTTGTAAACT
TTTTAAATTGAATGGTGTAATATATATATTTAAAATTTTTTGTAAGCTCTTTAAACTCGGTGATATTTTATTGACACAAGGAAAGTTGTTACAGT
CGGGTGTTCTTATAAACATGTATGCAGAAGCGGGTGTCCACTGTATGACCCAGACGTTAACAGCACTGCTTATCGGAACTAGACCGCAGCCCTGA
GTTGGCTCGATTAGCAAACATTTTCCCGCGCATTTTCGCACGCGTCGTCACAACAAGATCGGCGGTACAAAACAAAACATATTACAGATAAACGC
TAAGCACAACAGACGCACGTAATGGACAATCCCAGTTCACCACCGCCAAATACGCCCAGCGATGCCGCCGAACGCCGCGATCTGCGGGCAGCAAT
GACGTCGCCGGTTGGCGACTTTGAGCCGTTCGAGAACGAGGACGAGATCCTGGGAGATCAGACCGTTCGCGATGAGGCCGAGGAGGAGGATGGCG
AGGAGCTGTTCGGGGACAACATGGAGAACGATTACCGGCCCATGCCTGAGCTGGATCACTACGATCCGGCGCTGCTGGACGACGAGGATGACTTC
TCGGAGATGTCCCAGGGCGATCGCTTTGCCGCCGAGTCGGAGATGCGTCGACGCGACCGGGCCGCCGGAATCCACCGCGACGATCGTGATCTGGG
TTTCGGTCAGTCCGATGATGAGGACGACGTTGGACCCCGGGCCAAGAGACGAGCTGGCGAGAAGGCAGCTGTTGGCGAGGTAGAGGACACCGAGA
TGGTGGAGTCTATTGAAAACCTGGAGGATACCAAGGGACACTCAACTAAAGAGTGGGTCAGTATGCTAGGACCACGCACGGAAATCGCCAATCGC
TTTCAATCCTTTTTGAGAACTTTTGTGGATGAAAGGGGCGCATACACCTATCGTGATCGCATACGTCGGATGTGCGAGCAGAACATGTCTTCGTT
CGTCGTCTCCTACACTGATCTGGCCAACAAGGAACACGTATTGGCCTATTTCCTGCCCGAGGCTCCCTTTCAAATGCTCGAGATTTTCGATAAAG
TGGCTAAGGACATGGTGCTCTCCATTTTCCCCACTTACGAACGTGTCACCACAGAGATTCACGTGCGCATCTCGGAGCTGCCGCTGATCGAGGAG
CTGCGCACATTCAGAAAACTGCATCTGAACCAGTTGGTTCGCACTTTGGGCGTGGTAACTGCCACCACCGGAGTTCTTCCCCAGCTATCCGTGAT
CAAGTACGACTGCGTTAAGTGCGGCTATGTGCTGGGTCCCTTCGTTCAGTCGCAAAATACGGAGATAAAGCCCGGTTCCTGCCCAGAGTGCCAGA
GCACTGGACCCTTCTCAATCAACATGGAGCAGACGTTGTATCGAAATTATCAAAAGATCACGTTGCAGGAGTCGCCAGGCAGGATTCCAGCCGGA
CGCATTCCTCGCAGCAAGGATGTCATTTTGCTCGCTGATTTGTGTGATCAATGCAAGCCTGGAGATGAACTTGAGGTCACAGGTATATATACCAA
TAACTACGATGGCTCCTTGAACACCGACCAAGGATTTCCCGTGTTTGCCACCGTGATTATTGCCAATCATGTGGTTGTAAAGGACTCCAAGCAGG
TAGTGCAGTCGCTTACGGACGAGGACATTGCCACCATTCAGAAGTTGAGCAAGGATCCGCGTATCGTAGAGCGTGTAGTAGCATCCATGGCGCCT
TCTATATACGGACATGATTATATCAAGAGGGCGCTGGCCTTAGCTCTCTTTGGGGGTGAGTCAAAGAATCCCGGTGAGAAACACAAGGTTAGAGG
TGATATAAACCTACTCATCTGTGGAGATCCCGGAACGGCAAAGTCGCAGTTCCTCAAGTACACCGAAAAGGTTGCGCCACGTGCGGTTTTCACGA
CTGGGCAGGGAGCCAGTGCCGTGGGTCTCACGGCTTATGTGCGCCGCAATCCAGTATCTCGGGAGTGGACATTGGAAGCGGGTGCTCTGGTTCTG

GCTGATCAGGGAGTTTGTCTAATCGACGAGTTCGACAAAATGAACGACCAGGATCGTACCTCTATTCACGAAGCCATGGAGCAGCAGTCTATTTC
GATTTCCAAGGCTGGTATTGTCACCTCTCTTCAAGCTCGTTGCACCGTGATTGCTGCTGCCAATCCCATTGGCGGTCGCTATGATCCGTCGATGA
CCTTCTCGGAGAACGTGAATCTCTCGGAGCCCATCCTGTCCCGTTTCGATGTGCTGTGCGTGGTGAAGGACGAATTTGACCCCATGCAGGATCAG
CAGCTCGCCAAATTCGTGGTACACTCGCATATGAAGCATCACCCGAGTGAGGAGGAGCAGCCGGAGTTGGAGGAACCACAGCTGAAGACCGTTGA
TGAGATCCCGCAGGACTTGTTGCGACAATACATTGTATACGCTAAGGAGAACATTCGGCCCAAGCTAACGGTAAGCGAACTTATTGAAATCACAG
GAAAAGTGTAACAACATTTCCGTTTCATACAGAACATCGACGAGGACAAGATCGCCAAGATGTACGCCCAGCTGCGACAGGAGTCTTTTGCCACG
GGCTCACTGCCCATTACGGTGCGTCACATTGAGAGTGTCATCCGAATGTCCGAAGCGCACGCGCGGATGCATCTGCGCGAAAACGTAATGGAGGC
AGATGTCAGCATGGCCATCCGCATGATGTTGGAGAGCTTTATCGAGGCGCAGAAGTTCAGCGTTATGAAGAAGATGCGCAGCACATTCCAGAAGT
ACCTGTCCTTCCAAAAGGACCATTCCGAGCTGCTGTTCTTTATTCTGCGACAGCTGACGCTCGACCAGCTCGCCTACATTCGCTGCAAGGACGGG
CCTGGCGCCACACATGTGGAGATTATGGAGCGGGATTTGATCGAACGGGCTAAGCAGCTGGATATTGTAAACCTGAAGCCGTTCTACGAATCAGA
TCTGTTTCGCACAAATGGCTTCTCTTACGATCCCAAGCGACGCATCATCCTTCAAATTGTGGTCGACGGCAACACAGCTTAAGTTTCAGCCATTT
ACTTCATCTCATTTAGTTATAGTATTCATGTTTTGTTACCCCCATTTTCGGTCTAATAAAGTTTGATATACTTATGTATGTATTTATACTAAAAT
AGGTATTTGAATTGAAATTTATACTTCCGTAAATATTTTTTATTGTGCATACAAATCAGCCCCAGAGTATGTCAATCGTTGTTCCCTTCGATGCC
CATGGCTTTGTCGAAATCTTCCTCGCTAATCTTGTTCTTTTTCAGCCGCTTGAAGAGCCGAATATCGCTGGCCAGTTCATCGAGGTCCTCCTGGC
TGAACTGCTGCCTCTTTTTTCCCTTCCCGGACCTGCTCGCCTCCGCCTCTGCCGCTTTCTTTCGCTGCTTCTTCGCCTTGCGCAGCTCCTTCTTA
GACTTGGCATCCAGTTTTGCCTTCTTTGTCTGATCCCAGGACTCAACACGCTTTTTGTGCTGCTTTTGGCCCGGCCAGCTTCCCGTTTGCTCGTA
AGTTTCCATTTTCTTTTGCCGGACTTGTTCTTTCTGGGCGTTTTTGTAGGTAAGTTTGGATAAATCCACTTCAAAAGCAGGCGCCACATAGCCGC
CGCCCTGGTAGTTCTTTAGCTCCGGCATGCGTGGCAGTTGCAGGAGACCGTAAGCAGTGGCCATCTTGCCCAGGTCCAGATCCTTTAGTCGCAGA
ATAGCGCTGCATTCGTGTTTGGTGTATGCTCTAACATGGGAAACAAAAGCGCGCATGCCTTTGTCATAGACGCCCTTGTCGGCCGCCTGCAGCCG
ATGGAGTTGATCTAAGACGGCTGGTAGCTTCTTTTTTTCACGATCTGCATCCTCAGCCTCCTCGGTTAGCAGTTTAGTTAGCTCCACTTTCTGGT
TGATCTTCAGGAAGTGCACATAGGCATCCTCGCTGGGCAGGAGAAACACCAGAGCGTTGCCCTCGTTTCCCTGCCGAGCCGTGCGACCTACACGG
TGTACAAAGCTGGAGGCAGTTGATGGTGGATCCCACTGCACTACCCACTCGATCTCAGGTACATCCAAACCACGTGCGAGGACATCTGTGCAGAG
G
(SEQ ID NO: 859)

Exon: 1001..3205
Exon: 3263..3846
Start ATG: 1067

Transcript No. : CT23073
CAACAAGATCGGCGGTACAAAACAAAACATATTACAGATAAACGCTAAGCACAACAGACGCACGTAATGGACAATCCCAGTTCACCACCGCCAAA
TACGCCCAGCGATGCCGCCGAACGCCGCGATCTGCGGGCAGCAATGACGTCGCCGGTTGGCGACTTTGAGCCGTTCGAGAACGAGGACGAGATCC
TGGGAGATCAGACCGTTCGCGATGAGGCCGAGGAGGAGGATGGCGAGGAGCTGTTCGGGGACAACATGGAGAACGATTACCGGCCCATGCCTGAG
CTGGATCACTACGATCCGGCGCTGCTGGACGACGAGGATGACTTCTCGGAGATGTCCCAGGGCGATCGCTTTGCCGCCGAGTCGGAGATGCGTCG
ACGCGACCGGGCCGCCGGAATCCACCGCGACGATCGTGATCTGGGTTTCGGTCAGTCCGATGATGAGGACGACGTTGGACCCCGGGCCAAGAGAC
GAGCTGGCGAGAAGGCAGCTGTTGGCGAGGTAGAGGACACCGAGATGGTGGAGTCTATTGAAAACCTGGAGGATACCAAGGGACACTCAACTAAA
GAGTGGGTCAGTATGCTAGGACCACGCACGGAAATCGCCAATCGCTTTCAATCCTTTTTGAGAACTTTTGTGGATGAAAGGGGCGCATACACCTA
TCGTGATCGCATACGTCGGATGTGCGAGCAGAACATGTCTTCGTTCGTCGTCTCCTACACTGATCTGGCCAACAAGGAACACGTATTGGCCTATT
TCCTGCCCGAGGCTCCCTTTCAAATGCTCGAGATTTTCGATAAAGTGGCTAAGGACATGGTGCTCTCCATTTTCCCCACTTACGAACGTGTCACC
ACAGAGATTCACGTGCGCATCTCGGAGCTGCCGCTGATCGAGGAGCTGCGCACATTCAGAAAACTGCATCTGAACCAGTTGGTTCGCACTTTGGG
CGTGGTAACTGCCACCACCGGAGTTCTTCCCCAGCTATCCGTGATCAAGTACGACTGCGTTAAGTGCGGCTATGTGCTGGGTCCCTTCGTTCAGT
CGCAAAATACGGAGATAAAGCCCGGTTCCTGCCCAGAGTGCCAGAGCACTGGACCCTTCTCAATCAACATGGAGCAGACGTTGTATCGAAATTAT
CAAAAGATCACGTTGCAGGAGTCGCCAGGCAGGATTCCAGCCGGACGCATTCCTCGCAGCAAGGATGTCATTTTGCTCGCTGATTTGTGTGATCA
ATGCAAGCCTGGAGATGAACTTGAGGTCACAGGTATATATACCAATAACTACGATGGCTCCTTGAACACCGACCAAGGATTTCCCGTGTTTGCCA
CCGTGATTATTGCCAATCATGTGGTTGTAAAGGACTCCAAGCAGGTAGTGCAGTCGCTTACGGACGAGGACATTGCCACCATTCAGAAGTTGAGC
AAGGATCCGCGTATCGTAGAGCGTGTAGTAGCATCCATGGCGCCTTCTATATACGGACATGATTATATCAAGAGGGCGCTGGCCTTAGCTCTCTT
TGGGGGTGAGTCAAAGAATCCCGGTGAGAAACACAAGGTTAGAGGTGATATAAACCTACTCATCTGTGGAGATCCCGGAACGGCAAAGTCGCAGT
TCCTCAAGTACACCGAAAAGGTTGCGCCACGTGCGGTTTTCACGACTGGGCAGGGAGCCAGTGCCGTGGGTCTCACGGCTTATGTGCGCCGCAAT
CCAGTATCTCGGGAGTGGACATTGGAAGCGGGTGCTCTGGTTCTGGCTGATCAGGGAGTTTGTCTAATCGACGAGTTCGACAAAATGAACGACCA
GGATCGTACCTCTATTCACGAAGCCATGGAGCAGCAGTCTATTTCGATTTCCAAGGCTGGTATTGTCACCTCTCTTCAAGCTCGTTGCACCGTGA
TTGCTGCTGCCAATCCCATTGGCGGTCGCTATGATCCGTCGATGACCTTCTCGGAGAACGTGAATCTCTCGGAGCCCATCCTGTCCCGTTTCGAT
GTGCTGTGCGTGGTGAAGGACGAATTTGACCCCATGCAGGATCAGCAGCTCGCCAAATTCGTGGTACACTCGCATATGAAGCATCACCCGAGTGA
GGAGGAGCAGCCGGAGTTGGAGGAACCACAGCTGAAGACCGTTGATGAGATCCCGCAGGACTTGTTGCGACAATACATTGTATACGCTAAGGAGA
ACATTCGGCCCAAGCTAACGAACATCGACGAGGACAAGATCGCCAAGATGTACGCCCAGCTGCGACAGGAGTCTTTTGCCACGGGCTCACTGCCC
ATTACGGTGCGTCACATTGAGAGTGTCATCCGAATGTCCGAAGCGCACGCGCGGATGCATCTGCGCGAAAACGTAATGGAGGCAGATGTCAGCAT
GGCCATCCGCATGATGTTGGAGAGCTTTATCGAGGCGCAGAAGTTCAGCGTTATGAAGAAGATGCGCAGCACATTCCAGAAGTACCTGTCCTTCC
AAAAGGACCATTCCGAGCTGCTGTTCTTTATTCTGCGACAGCTGACGCTCGACCAGCTCGCCTACATTCGCTGCAAGGACGGGCCTGGCGCCACA
CATGTGGAGATTATGGAGCGGGATTTGATCGAACGGGCTAAGCAGCTGGATATTGTAAACCTGAAGCCGTTCTACGAATCAGATCTGTTTCGCAC
AAATGGCTTCTCTTACGATCCCAAGCGACGCATCATCCTTCAAATTGTGGTCGACGGCAACACAGCTTAAGTTTCAGCCATTTACTTCATCTCAT
TTAGTTATAGTATTCATGTTTTGTTACCCCCATT
(SEQ ID NO: 860)

Start ATG: 67

MDNPSSPPPNTPSDAAERRDLRAAMTSPVGDFEPFENEDEILGDQTVRDEAEEEDGEELFGDNMENDYRPMPELDHYDPALLDDEDDFSEMSQGD
RFAAESEMRRRDRAAGIHRDDRDLGFGQSDDEDDVGPRAKRRAGEKAAVGEVEDTEMVESIENLEDTKGHSTKEWVSMLGPRTEIANRFQSFLRT
FVDERGAYTYRDRIRRMCEQNMSSFVVSYTDLANKEHVLAYFLPEAPFQMLEIFDKVAKDMVLSIFPTYERVTTEIHVRISELPLIEELRTFRKL
HLNQLVRTLGVVTATTGVLPQLSVIKYDCVKCGYVLGPFVQSQNTEIKPGSCPECQSTGPFSINMEQTLYRNYQKITLQESPGRIPAGRIPRSKD
VILLADLCDQCKPGDELEVTGIYTNNYDGSLNTDQGFPVFATVIIANHVVVKDSKQVVQSLTDEDIATIQKLSKDPRIVERVVASMAPSIYGHDY
IKRALALALFGGESKNPGEKHKVRGDINLLICGDPGTAKSQFLKYTEKVAPRAVFTTGQGASAVGLTAYVRRNPVSREWTLEAGALVLADQGVCL
IDEFDKMNDQDRTSIHEAMEQQSISISKAGIVTSLQARCTVIAAANPIGGRYDPSMTFSENVNLSEPILSRFDVLCVVKDEFDPMQDQQLAKFVV

HSHMKHHPSEEEQPELEEPQLKTVDEIPQDLLRQYIVYAKENIRPKLTNIDEDKIAKMYAQLRQESFATGSLPITVRHIESVIRMSEAHARMHLR
ENVMEADVSMAIRMMLESFIEAQKFSVMKKMRSTFQKYLSFQKDHSELLFFILRQLTLDQLAYIRCKDGPGATHVEIMERDLIERAKQLDIVNLK
PFYESDLFRTNGFSYDPKRRIILQIVVDGNTA*
(SEQ ID NO: 861)

Name: Minichromosome maintenance 2
Classification: DNA_replication_factor
Gene Symbol: Mcm2
FlyBase ID: FBgn0014861

Celera Sequence No. : 142000013384523
TTTGCAATTGTTTATGGGCAAAGCAACAGACAGAGATGGCGAGTGGGGCGGCAGCGAGGGGCGCGAGCGAGATGGAAGACAAAAAATGTGAGCGA
ACGGCAAACTAAAATGTATCTATGAGATACATGGCCTGATCGCCAGCGCTCTCGCTCGCTCTCCTTTGGCTCTCTCGCACTCATTACGTATGAGT
TTGTTGGTTTTGTTTTCCTTTTATTTTACAGATCATTCGCCGAGCTTTATTTAACTTTTGCTCTCTCTCACTCGAATTTTTGTTGTTGTATTTCC
CTGGCTTTACAATCCATTTTTTGTTTGTTGCCACTCTCTGTTCAGTTCAGTTATATTCGGAGTCTTAATCATCGCATCGGAATGTTTACTCCAAG
TTTTTCCCCCGTTCCGTTGCGTTTTGTTTTGCCTGCTGCCGCTGCTGTCTTGTTTAAAATATGTAATTTATTTTGCTGCTGCCTCTTTATTTTAT
TTTCCTTTTATTTTTCTTTTTTTTTTTTGCTTCATTTCGCCTCCACCGATCGCATTCCTTTACACACACAGCTGCAGCACGCACCTTTTCTTTCC
GGTTCAAGAGCGCTTCGGAATCGGAATTTATATGGGTTTTTTTTTTAGCTCGTTTGCCGGAGCTTCCTGAATGAGTGAACTGCTGATCTCTCACC
TGCGTTTTATGCCTTCTTAAGCCACTAACAACTTGCCAAGAATTTTATTCTATTTTAATTTGATTCTCAATGAGTTATCTGCTTCACTTATTAGC
CATTAAGCAGCAATTGGGGTTTATAAGCACTCTTGATAGTTTGCGATGTTAAAGCATCTATAACTTATTTAAAACACAACCTGTTGGTTTGGTCA
TTCGTTATGTATGCCTCATTTCTGATAATTGTTCTAGTAGTTTTAATAAGTTTAAACTAACTTTCCAAATGCAAATATCTTATAATTATATTTCA
GATCGCCCTTGTTTCAATTTCGTTTCTTTAATTGACCCTTTCCGGAACACTTACCAATCTCTGGGATCCAGCCAGGTGGTCTTCTTGTTGATATG
ATCTATGTAATAGGTCTTGCCATCGAAATCCTTGGCGATATCCCAGCCATCGGGAAGTGGGAAGTCGCTGTGGTGTTGTTGCTGCTGCTGATGAT
GCGTGTGTTGTTGTTGTTGCTGTTGTTGATGATGATGATGATGTTGCTGTTGCTGCTGTTGGGGTCGCAGGTGGTGGGGATGCAGATGATGCTGC
GATTGCGATGCGGTTTGTTGCAGATTCGGCATTTTAACTTTGTTTCTCGCCGTGTACTTTGGTTAGTCTGAGAAAACGTCGTTGTTGCTGGATTT
TTCACCCGACGCGCGCCTTTTCTTTCTTTTCGCTATTGCTATCTACGTTTGCTTCTTTTTTCGGGGGGTTTCTCTTTGCGCTGTTTACATTAGCA
AAGACATTTCAATTCCGTTTCTTTTGCTCCGGCGATAATGGAGACCGACCCGCACACACACACACACAACACGGCCACACGGTGACGGGCGTAGA
GGCACACACCGAGCCAACTCGAATACACACGCGCGCAGGGGAGAGAGAGCGGGAGAGCGCGGGCGCGCTCTCAATTATTTATTTACTTTTTTCGT
AACTGCATTCCATTCCAGCTCAAACACACGCACACATATGGGGGACGAACACAAGCGCACACGATCACTGCTCACAGTTGGTGCTGCTTCTTTTC
ATTTCTTGTTGTTGCAAGCGTTTGAACTCCTTTACTTATTTTCTTATTTTCGCCTAATTGAAACTAATTAACGACGATAATCCAACCATCCACTT
GGTGTTCACAAAAAAATATGTACTTCAGTTTAGTGAGTTCGCGCCGTCGCCGATCTCTTCGGTTCCGGAATTCCTTGGGGGAGCAGCAAAAAACA
CGAGTAGCGCGCTTGATGACCGTCCGATTCGGATTCGGAATTTGTTTTGGTAACATTCGCTGCTAGTGGTGTAGCAGAAAACATCGCATTGCATA
TCGATACACTCGCGGCGATGTTATTCGATGTATTGGTTGATATCGATATTATAGGCTGTATTGACGCGGTTGCAGAGATGCGATATTTAACAATC
ATGCACGAAAAGTATTTATTGTTATTTGGCTTGTGTAGTCCCCAAGCATAGGTGTAATTGTTGAGGGAAGAAAATAGGAGTTGTACGTTCAAAGA
TCGGCTTGGTAACAGGAACTAGTTCGGTTCTTCAAGCGATGTTAATCAAAGCCAGTTCCGATAGATCATGTTAACTCGCTCTGTTAACAATTACT
GTTATCTTAATCCTAACATTTCCGTTACATTTTAAAAACAGAAAAAGAAAAAATTTAAAAAAAAAAGACTGTAAACTGAGTTACGCATTTCGAAAT
CAATATGTATCCCAACCATAGATAGAAAAATAAATTATGTTTCCGAAACATAACTTCAATAAAACCACAATTTCGCTTGCTTTGTACGTTTGATA
TTGTATTTGCATTTTATGAATTGTAAAAATTGAGTCAACAAGACTAACACAGCTTCAGCTCAAGACACATGCAATTTCATTGACATTGTTTAATT
GTATATATTAAAGGAAATCAATTAGGATATAAAGAGAGAAACCTTTTTGCCGCTTATGCGATGCCAACTATCTGGATCTGGATTGTCTAACACGA
AACCCTAACTAATTGGTAAATTAAACATAAATTAATCATATCGGTCAACAACTACAACTAAATATTAGTTATTAGCGGATAAAGAGCGCCCCATA
AACTATTTACACTAAGCTTTAGTCTACTAGAGTCCCGGATTCCATCTCCGCTCCTCGGATCTTCGGATCTTAACTCAGATGTTCGGATCTTCAAG
TTCTAGGAGAGAACTGGTGCAGTGCATCCGTTATTCAGGCGATACTCGGCATAGACCAGTCCGGTGTTGTGCCAGTGATAGA
(SEQ ID NO: 862)

Exon: 1932..1880
Exon: 1462..1001
Start ATG: 1267 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT23083
CCGAATCGGACGGTCATCAAGCGCGCTACTCGTGTTTTTTGCTGCTCCCCCAATATCGCCGGAGCAAAAGAAACGGAATTGAAATGTCTTTGCTA
ATGTAAACAGCGCAAAGAGAAACCCCCCGAAAAAAGAAGCAAACGTAGATAGCAATAGCGAAAAGAAAGAAAAGGCGCGCGTCGGGTGAAAAATC
CAGCAACAACGACGTTTTCTCAGACTAACCAAAGTACACGGCGAGAAACAAAGTTAAAATGCCGAATCTGCAACAAACCGCATCGCAATCGCAGC
ATCATCTGCATCCCCACCACCTGCGACCCCAACAGCAGCAACAGCAACATCATCATCATCATCAACAACAGCAACAACAACAACACACGCATCAT
CAGCAGCAGCAACAACACCACAGCGACTTCCCACTTCCCGATGGCTGGGATATCGCCAAGGATTTCGATGGCAAGACCTATTACATAGATCATAT
CAACAAGAAGACCACCTGGCTGGATCCCAGAGATTGGTAA
(SEQ ID NO: 863)

Start ATG: 249 (Reverse strand: CAT)

MPNLQQTASQSQHHLHPHHLRPQQQQQQHHHHHQQQQQQQHTHHQQQQQHHSDFPLPDGWDIAKDFDGKTYYIDHINKKTTWLDPRDW*
(SEQ ID NO: 864)

Celera Sequence No. : 142000013384651
CAATTCAGTGGATTTCCGAAGAATCACACGAAACTCGCAATAAATATGTACACATATAGAAATATATATAGCATACATACATATGTAGGTGCCCC
AAAGATATCGACTTGTTGCCTCTGGGGCAACAACATAGAAGTCGGGATAATGGTAAACACATAAAGGGCAAACTTTTTGACCGATATCGGATTAC
ACTATCCACACCCACACACTTGTACAACGACCAGAGTGATGAAGTGCGGGAGCGAGGGAGGTTAAAAGCGAACAATTAAAAAAGCACATGGTTTT
CAGGCGATGGCGCCACCTCCAAAGACCTTTCGAATTCAAGTGCAGGCGTTTATTTTTGGGAGCAAACTCACCTGGGCCAGTTGATCCTCGGCCGC
CTTGCGCTGTTCCGGATTCGGATCAATAGTTGCGCGCAACAGTTCCGTGAGTTTTTGTGCCTCCATTTTTGCTACTTTTGCTTGATTCTATGTTT

CGCCGGTCTTTCTGCTGCACTTCGTCGTTTGGCGGTCACCTTGTGCCCACTGTGCACCCGCTGTTCTTGCCTTTATATAGACCTTGGTTTATGCT
AGCCGAACCAGTGGCTCCAATGTGTGGGCCAAATTGCAAATCTCTTTTTCCGGAGGAAAAAAACGTGGAAAAGACTCCACACACGCACACACACAC
CGCCGAAATTCGCGAGACGAACGAAGCTTAGAAGAAGAAGAAACAGCGCCTGTGTGTGTTGACTAACGCCGCAGTGTATGGGGCCCTACAGGGCT
GCATTATGTTCGCCGGTAACAGTTTAGCCAAAAATTCGAGCAATATTGAAAAGCCTTCGCTGCGGAAAATCTAGGCACCATTTATATATAGACCA
CTTGCTTCATAAGGTAACTATATTTAAAGGCTTAAAAAACAGCGACTTTTCACAATTCCCGATAAATTGCCATTCAAGTTGCATGGCCAATCGAT
TGTTGCAGCCCTGGCAGCTGCTCGTACGTGAACACGCGAATGTGTGTGTGACGAAGAGCAAAGTGACACATAGTTGGAGGTGTGGTTGAAAATAT
ATAGAAATCTGGGTTTATCTGCAACTGAAACGAAGGGAAATTTGTGTTAAAGGCGAGCGAAGATCGCAACTGAAGAGCTTTAACTGGCAGCAAGG
CAAAAGGACGAGCAGCGACCATGGCAGGCAGGCTACCGGCATGCGTAATCGATGTGGGCACCGGGTGAGTTTTTAGTTTCGATTGCCCGTGGGGG
TCTCCAATTGGACGGAAAGGAGGTCGACTGACTAACACTCTGCTTGTCTGCACATCCATCAGCTACTCCAAACTGGGATTTGCCGGGAATAAAGA
GCCGCAGTTCATTATTCCCTCGGCGATTGCCATCAAGGAGTCGGCACGAGTGGGAGACACCAACACACGGCGCATCACAAAGGGCATCGAGGACC
TGGACTTCTTCATCGGCGATGAGGCCTTCGATGCCACCGGCTACTCCATCAAGGTATGCTCTTGTATCTATGGTCATTAAGCAACCGACATCACA
TTTATCATTGCATTCCAATAGTATCCGGTGCGTCATGGTCTGGTGGAGGACTGGGACTTGATGGAGCGCTTTCTGGAGCAGTGCGTCTTTAAGTA
TCTGCGCGCCGAGCCTGAGGATCACTACTTCCTGCTGACTGAGCCGCCGCTAAATACGCCCGAAAATCGGGAGTACACCGCGGAGATAATGTTTG
AGACGTTCAACGTTCCTGGTCTGTATATCGCCGTCCAGGCGGTGCTTGCCCTAGCCGCCAGTTGGGCCTCCCGGTCCGCAGAGGAGCGTACCCTT
ACAGGCATCGTGGTGGACAGCGGCGATGGAGTGACGCACGTCATACCCGTGGTAAGTAGCACAGATCTTATCTTATCAGCAGAGTTGGGTTGGCA
CTGGATTCGGTAAAAACTGTTTGAAAAGAGAACCCAAAACCGAAACAGTCGACGGATTTATTTAATAAATAAATAGCACATTCTGAGGCTATTAT
TAATACTACAGAATGTTATATTAAGAGGGAATTATTAAGATAAAATAGCGTATTAGTTATAACCATATAAATATATTAAGCTGTTTTTCATTTCT
AGGCCGAGGGCTATGTGATCGGCTCCTGCATCAAGCACATTCCCATCGCGGGCCGCAATATCACCTCGTTCATCCAGAGCCTGCTACGCGAACGG
GAGGTGGGCATTCCGCCGGAACAGAGCCTCGAGACTGCTAAAGCGATCAAGGAGAAGCACTGCTACATCTGTCCCGATATCGCCAAAGAATTTGC
CAAGTACGACACGGAGCCGGGCAAGTGGATACGCAACTTTAGCGGCGTTAACACGGTAACCAAGGCGCCGTTCAATGTGGACGTGGGCTACGAGC
GATTCCTGGGACCCGAGATCTTCTTCCATCCCGAGTTCTCAAACCCCGACTTTACCATTCCACTGTCGGAAATAGTGGATAATGTCATCCAAAAC
TGCCCAATCGATGTGCGGCGTCCTCTATACAATAACATTGTTCTGAGCGGTGGATCAACGATGTTCAAGGACTTCGGCAGGAGGTTGCAGCGAGA
TATCAAGCGATCGGTGGACACACGTCTCCGGATCAGCGAGAATTTGTCCGAGGGACGCATTAAGGTGGGTGATATCACAGCTGCTAATGAGTCAT
ACTTCTTACTTTGATTATTTTTGTTACAGCCAAAACCCATTGATGTTCAGGTGATTACGCACCACATGCAGAGGTACGCCGTGTGGTTTGGAGGC
AGCATGTTGGCTTCAACGGTAAGTTATAGTGGCCTAAGATCCGTAAAATCCTTTATCTCAATATTCTTCCCATTTCTAGCCCGAGTTCTATCAGG
TGTGTCACACGAAGGCTGCCTACGAGGAGTATGGCCCCAGCATTTGCCGTCACAATCCCGTCTTTGGCACCATGACATAATTGATCCGATCCAAT
CGGCTTGCAGCAGTTATTTTTGATTTATTTTTCCATTTAAAATTGATTTATTGATTTATTCTCCAACTATATATATATATATATACATTGCGATT
CGGTATTCCACGCTAAAGTATTAGTAATTATTCTTTTCTATATGTGTTTAGCTATTAACTCTGTGTAAATCAGTTTCGTTCTGTTTAATTTCGTG
TGATTTTGTTAGGCTAACTATAAAGCAACAACTCCGATGTCTGCCAGTTCAACCCCCTATCTAAGGTGCATTATTTCTAGAAGTCGACTTTTATA
CCATACTCAAACACGATCACACACAGTCACACCGATCTAAGCTCTTGGAGAAATCCCGGCTCTATACACAATTAAATACGAAAACGCTCTACTTG
TCATAGAAATATTTATAATTGCAATAACTGCAACCAATTCAAACACTGAATGAACAAAAAAGGAAAAACGAAAAGAAATATTGATGAGAAATCTG
TTTGTTATATTGATAAGCGTAATTAAAAAGGCATTAAATAAATCAATAAAACATTCTTTAAGCTCAAACACTTTCGTCGCTTTCGATCTAAAGCT
TTTACTGGAAAATTTTATTCAATGCATAAGTTACATATATATATTTTTTTGTGTTCAAATTGCTCTATGTATTGTATATATAAATTTTGTGACGG
TGTCGCTAAGCTGAGAAAATAGCAAAAGGTGGTTTCCAAAAAACATGTCCCGAGCTAGAAATCCGAAACAACTTCGTTACGCCTCGCGTAATTGA
CAAACTGACTAGTCAATGTAGTCACTGGAGCCCTCCTCCTCGTCGTTGCTGCTCGTGGATTGTGCCGCCGCCGTTTCCGGCGAACGCAAGTGCTC
TGCAATCCGGAAGTTTTGCAGGAAGTCTCGCATCGCGTCCATCATTAGCGTTAATGACTGCTGCAAACCAGCTTCTGCAATAATGTTGGAGGAGA
AGTGTAACTACGATATCCGCTAGCGATTCTTTTGG
(SEQ ID NO: 865)

Exon: 1001..1204
Exon: 1298..1478
Exon: 1542..1856
Exon: 2093..2629
Exon: 2690..2773
Exon: 2835..2930
Start ATG: 1161

Transcript No. : CT23123
ACGAAGAGCAAAGTGACACATAGTTGGAGGTGTGGTTGAAAATATATAGAAATCTGGGTTTATCTGCAACTGAAACGAAGGGAAATTTGTGTTAA
AGGCGAGCGAAGATCGCAACTGAAGAGCTTTAACTGGCAGCAAGGCAAAAGGACGAGCAGCGACCATGGCAGGCAGGCTACCGGCATGCGTAATC
GATGTGGGCACCGGCTACTCCAAACTGGGATTTGCCGGGAATAAAGAGCCGCAGTTCATTATTCCCTCGGCGATTGCCATCAAGGAGTCGGCACG
AGTGGGAGACACCAACACACGGCGCATCACAAAGGGCATCGAGGACCTGGACTTCTTCATCGGCGATGAGGCCTTCGATGCCACCGGCTACTCCA
TCAAGTATCCGGTGCGTCATGGTCTGGTGGAGGACTGGGACTTGATGGAGCGCTTTCTGGAGCAGTGCGTCTTTAAGTATCTGCGCGCCGAGCCT
GAGGATCACTACTTCCTGCTGACTGAGCCGCCGCTAAATACGCCCGAAAATCGGGAGTACACCGCGGAGATAATGTTTGAGACGTTCAACGTTCC
TGGTCTGTATATCGCCGTCCAGGCGGTGCTTGCCCTAGCCGCCAGTTGGGCCTCCCGGTCCGCAGAGGAGCGTACCCTTACAGGCATCGTGGTGG
ACAGCGGCGATGGAGTGACGCACGTCATACCCGTGGCCGAGGGCTATGTGATCGGCTCCTGCATCAAGCACATTCCCATCGCGGGCCGCAATATC
ACCTCGTTCATCCAGAGCCTGCTACGCGAACGGGAGGTGGGCATTCCGCCGGAACAGAGCCTCGAGACTGCTAAAGCGATCAAGGAGAAGCACTG
CTACATCTGTCCCGATATCGCCAAAGAATTTGCCAAGTACGACACGGAGCCGGGCAAGTGGATACGCAACTTTAGCGGCGTTAACACGGTAACCA
AGGCGCCGTTCAATGTGGACGTGGGCTACGAGCGATTCCTGGGACCCGAGATCTTCTTCCATCCCGAGTTCTCAAACCCCGACTTTACCATTCCA
CTGTCGGAAATAGTGGATAATGTCATCCAAAACTGCCCAATCGATGTGCGGCGTCCTCTATACAATAACATTGTTCTGAGCGGTGGATCAACGAT
GTTCAAGGACTTCGGCAGGAGGTTGCAGCGAGATATCAAGCGATCGGTGGACACACGTCTCCGGATCAGCGAGAATTTGTCCGAGGGACGCATTA
AGCCAAAACCCATTGATGTTCAGGTGATTACGCACCACATGCAGAGGTACGCCGTGTGGTTTGGAGGCAGCATGTTGGCTTCAACGCCCGAGTTC
TATCAGGTGTGTCACACGAAGGCTGCCTACGAGGAGTATGGCCCCAGCATTTGCCGTCACAATCCCGTCTTTGGCACCATGACATAA
(SEQ ID NO: 866)

Start ATG: 161

MAGRLPACVIDVGTGYSKLGFAGNKEPQFIIPSAIAIKESARVGDTNTRRITKGIEDLDFFIGDEAFDATGYSIKYPVRHGLVEDWDLMERFLEQ
CVFKYLRAEPEDHYFLLTEPPLNTPENREYTAEIMFETFNVPGLYIAVQAVLALAASWASRSAEERTLTGIVVDSGDGVTHVIPVAEGYVIGSCI
KHIPIAGRNITSFIQSLLREREVGIPPEQSLETAKAIKEKHCYICPDIAKEFAKYDTEPGKWIRNFSGVNTVTKAPFNVDVGYERFLGPEIFFHP

EFSNPDFTIPLSEIVDNVIQNCPIDVRRPLYNNIVLSGGSTMFKDFGRRLQRDIKRSVDTRLRISENLSEGRIKPKPIDVQVITHHMQRYAVWFG
GSMLASTPEFYQVCHTKAAYEEYGPSICRHNPVFGTMT*
(SEQ ID NO: 867)

Name: ACTIN-RELATED PROTEIN
Classification: cytoskeletal_structural_protein
Gene Symbol: Arp66B
FlyBase ID: FBgn0011744

Celera Sequence No. : 142000013384139
TGTGCCTCGTCGACGACGCTGCTTAATGTCAAGGTTTTTTGGCTGCTGTTGCAAGTGCAGCAGCAGCAGGAAAAACAGGAAAACCAGAAACGGCC
GAATGAGAACGGCACGTGGCCAGCCCCCGCAACGAAAAGGGGCCAGAAAGGGGGTCGATTATGCCATTACCAGGGCAAAGCTGCACCTTCCGCCC
CCGGAACCCCCAACCCCCTGCCAGTGCGCCGCGCATGAATGCCGCGACAGACCCGATTCGAAAGCCAATGTCAAGTGCACGCGGCACAAGGATAT
GGAGGCAGGAGTATATTACAGGCCGCCATCTGCCCCACTGTCAGTTCCCCTTCCTCAGTGCCCACAGCAGCTACAGTGGAGCTTCTATAAATTGA
CATTGGGCTTTCATCAATATTGAACTCTTCGATATGGACTGGCTTATGAAGACTCGTTTATAATAACACATAAATCCTATTTTCATATACGGCTT
AAGTTTGACATACACAGGCTCGACTGTACCTCATCATCGAGCATTAGGACGGTCGTTGTTGTGACCTCCAAATTGGTTGGCACACTCACCTAAAT
GGGAGTTTATCTATATTTTATGTGCACGACTTATACCTCAGGCCCATTTCACTTGATCACCAATTAGTGACTATATGCTCAATATTTGCCAATAT
CAAACATCAGGTGCTTCGTCAATTAACTTGTTAATTAGATAGGAAATAGATTCTGTGGTTATAATTGTTTTTGTACCGTATTATAATTGTTACTA
CTTATTGTAGACGAATTTACATTAATCGATATCCATCCAAATTAGTCTGCGAATTCATTAGTTCAACAAACTACTCAAGGATGATGAACTTTTAC
TAAAACTAATTCCGTTCATCGGCTTTAAATAAAATAAATCAACTGTTTCATAATAGTAATTAATAAGTCATATTAGTCATATAAATAATAAGGGT
CCACACACAAAATTGAATACAAGATAAAACGCTCTTCTCATTTGATATTTATTCAAATTATTATTTAATGTAAGTTTTGAACTTATTTATGTTAA
ATAACCTAGTGAGAATGAAATACAATGTTTTGTTTGTTTCTTCTTTACTGACTGCAGTGGATTGACTGCTTGGCATAACTTGTTTATTACTTCTT
AAAAATTCTTCAATAATCTCTTTATAACTTAGGCGTATAAACTCATAATTCCGGCTAGTTTCGAGAACGGATTACCAAGGACAAAAGTAAATTAC
ATATCTTCTACTAAAACTAGAATCTAAGGAAGAGAACAGACCAATCCGTCTACGACCAGGTCTTGGGAACACTGAACGGCCCGAATCGTTCGTGA
CTATCAACGCCCCGCACAGCGAAGTAATACCTCTGGTTCTCCTGGAACTGATTTAAAGTCACTGCCATTGGCAGCAACATAGCGCTGACATCGCC
CACATGCCGCCAGCTATCCGTGCTGGGCTCGTTAATCGTCTCCTGGTATGCATAGATCTGGTACATTACGCACTCTGCGAACCGCGGGCTCGAAT
CCTCCAGAGTCCAGGATATAACGATACCAGTATCAAGGAGACTAATCCGGATAACGGGTCGCGAAGGAGGCACCTTCCAGGATGGATTGAAGGGC
TGGGGAGGAGACGTGGGCAGTGGTGCAGGATGTGAGTATCTTAGACGAGACGCTGGAGGCGGGGTGTTTTCCGAACGTATCTGCATAGTTACGTT
TGAGCCCAAGGGACTTTGCTGACCTTTGAATACGTTTGAAAATAAGTACGCCGAATATTTTGAATATAATGATTTTCCAACTCACCTCCTCCATT
ATTATGGACTATCTGTCGAGCATTTACGCGAGGCAATTGCATTGGAGAAGCTCGCACCACATTTCCGCCTCCTCGTCCTCCTCTCGTCGCTGCTG
CAGTCTGAGCATTCCGCTTAAGCATCTCCATACGCAAACGAGCGTTTTGTGCTTGGGCAGCCCTAGCCGCCGCCGCAGCCGCTGCATCATCCTCA
TCTGTGAGGTCAATGACTGCCTTCTCCTTGGGCTTGGCCGGCGCCAAGCTGGACTCCTGCTGCTGTCCATAGCTGCCCAATTCCGATCCACTGCT
GCTAGATGAGATGGGCACCGAGACCGTGGCCCCCGAAAGCGGTGGCTGCTTGGCGCGCACTTTAGTTGTGCACTTCGGCACTTGCTTGGCGGGAC
TCGAACCTGGCGTGGGACCGGGACTAGGTCGAGGTCTGCAATATGAAACAATTGTAAGTTAGTAATGTGAATATGACATGTTTCTTTTGACGAAG
AATTTGAGATCTCGGCGATTATACGGACGGACAAATGGACGGACGGACATAAACATATTGATTCGACAAGTATATTTTTATATTGGTAACGCTTT
TATTTACCCATTTGGGTTTATTACCCCAACTATAAAGATTTTCAATAGCAATAAAATATACTTGAATGTTAAGAAAACAAAATTTTTTCTGGCAT
ATCAATACAAATTGGGAAATAGAATAATAAAATTTAAAAAAAAATCTATGTATGCTTTTATAGCCACTGAGTTCGAGGCGTTCATATGGACACAC
GGACGGACATGGCCTGATTGATCCAGATAAAAAAAATATATACGGAAACTCTGCCTTCTACCAGTTATATACTCTGTAACGAATCTAGTATACCG
TATTACTCTACAAGTAAAAATATGAATCTATTTAGCTAATTGGGTCTGAAACGATTCCCAATAAATTGCTAATTGTAAACTTCTGCACAAGCGTG
GAATTCGCTTTTAATCGAAGATCACGATTAGGATTATACTCACAGTAGGAACTGTTGCTGCGCCTGTTGTTGCTTTTGTTGTTGTTGCAGGTGTT
GTTGCTGTTGTTGCTGCTGTTGCTGGTGCTGTTTCTGCTGTTGTTTTTGCGCCAAGAAAGCGGCTTCTGAGTTCCGGGCACGCATGACGGTTTTA
TTAATCGCATTGGCCACCGATGAAGGCGTGGAGCCAGGCGTTCCGGTGTGCTTGGAGGCGTGCATTGTCCTTTGAGCTATAGGCGGTGAGGACTG
CAGACGTTGAACGCTGGACTGATTCATAAGCATTGGCGCGGGCTGTAAGTTAGTAGGTACCGGCCGATGGGGCGTGACCTTCTGCAAGCAGCCCC
GGCGCACAGGTGGCGTGACACTAGCCGTTGTTAAGGATTGAGATGACCGTGCTGCTGGCTGCTGTTGCTGGTGATTGGAATTCGGAGTGACACTG
ACGCCCGCACCCGTTTCCGATGAGGATGTGGATGGTCCAAAGGTAGGCGGAGGAGGTCTTGGTCGCACGGTCGCACGCGTCGGGGAGGTGCTGGC
CTTGGGTGGTGTTCCGCTGGGCGGCGCCAACACGCTGCCAGCAGCATGAGTTGACTCTGGTGCGGCGACGGTGGGCTTTATAGCCTTGAACGGAA
TGCCCACCTGAAGACCAACAGCTCGTGTTATACGCACAGGAGCGGTGAAATGAGAGTTCTTAGCCTCCAAGTCCTTAAGCACACGCTTGTGCACC
GTCTCCAAATCCAGGAATTGCTTCGACACCTCGGCAATCTTGCGGCGATAATTGGCGAGAGTGCTCTCGCATTTGTCCAGCTGCATACGTATTTC
TGCGAAATCACTTTTAACCATCATCGCCTCGACGACTTTCTGCAGCACCAGCTCCTCCAGGTCGTCACGGGTCATTGTGTCGAAACTACGTCGGA
AGGTCTTAAAGAATTCCAAGCGCAGGGGCTTAACATTCTGTTTAATTTCTGGAACGGGGTTAAGGTCGAAGTCCAGTTTCTTTTGGGTATCTTTT
TTGGGGGATTCTTCTTTGTCTTCCTGACCACCCATATCAATTTGTAGCGTGCCTTCGTGGGAGCTATTTGAGTCAGAGTCTTCAGTCTTAGCTTT
CTTATTAGGTATTTCCTCCTGAGGGCTGCTGTCCAGATGTTCATGGCTCCGCTTGGTTACATCCTTCAAACCACCCTCTGCTCTGCTGAGTATTG
GTAATGATTCTTGATTCGTCTCCGCTTCGAATTCATTTTTTTCATCGGTACTAAGACGCAGCCGTTTTGGAACCGACTCTTCCGCGTACTCGGCG
GGTCGCAATAGATTGCTGGAATTACTGTTCCCATCCTCTGTGGTAGTTTGCTTCACCATATCATGGGTCTTCAGTTTCTCGAACTGATCGCATGC
ATTGTCGGAATTGTCTATTTGGAGATTCTTTGCTTCAACTGATTCTGTAGTTGACTCATTGGGAAGTCCTTTTAAAGCTGTTTCCTTTTGGATAG
TTTGAACTTCCTTTTCCGATATCCCATTCTGCGGTGTTTCATCCTCATCCTCGGAGACGAGAACAACTTCGTCATCCTTAGCTTGTGGTTTCACA
GAATTTTCGTTCGTTGGATTGGCTGTGGTGCCCACATTTTCGGTCTTATCTAGGGGTTCAAAGAATATAACTTCGTCATCGGACTCCGTCTCTTT
GGTCTCCTCTTCAACAACCGTTGATTCATTGCTTTCCAAATCCTTTAAATTTCCATCAGTAGAAATTTCGCATGCTCCATTTGTCGTGGGTTCCT
TATCGCCTTTTGGTATCACCCCGAGTTCGTCCTCTGCAGCCTTCTTTTCTTCTATCTCTACAACATCCTTGACCGCTTCATCAAGCTTATCATCT
ATGGTTGTGTAGTTCATTTCGTGGTCTGCAGTTCGAACATCAAATTCTTTTTGGACTTTCTTTTGGGGATCTTCTGTTTCTTCACCTTCGATCAC
CACAGGTTCCTCAAGCTCTTCAGTGTCTTCTATTTCCTTTTTATTTTCTGGCTCTTCTGTTTCCTTAACGTCTTCCACTTCCTGGGTTGGGCTTG
GATCTTCCTCTTCCTTGGTGTCTCCCAGTATCTGTGCTACTTTCGAAGCTTTGATGATTTTGATCTCCGACTTTTCTTTTTCAGTCGCCTCTTCT
GAATCTTTTGTTTCCTTGCAGTAATCAGGCTCTTCTTTTTCCTTGTGCTCTTCAAGTTCCTCGGATTCCTTGGATTCTTCTGGTTCATCCACTTG
TATTGACTCTTCGCTCTGGATTGGGATAGACTCTTTCGACTTTTCGGTTACTTCGTCTCCAACTAACATGGGTTCTTTACCTTCTGTCAAATGTT
GATCAGCTTTGACAGACTCATATTCGGCCGCACTCGCTGACTTTTCTGAGATATTATTTTGCAAATTCAATGATTTCTTCGTAGAAACCTTACCG
TGAGTAAGGACTTCGGTATCTTCTGTGTTAGCTTCAGTTTCCTCGACCTCTGATTCCGCTTCGCAAGGCACACATTCACTCGACGAGTCTAAATC
TATAACCTCAGTGTTGGGTTTTTCCGTTTCCTTAATTATATCATCGTCATCAGATGAAATGTCTTCTAAATCATTGACAGATGAGTTGTTTTCCG
TGTTTAGTTTTTTGCTTGGCTTCGCCTTCTTGGAGTCCTGAGAGGCAAAGGCATCAAACTCGTCGGCACTCGATATACAGTCTAAAGCATACATA
AACACATCATCTGTTGATGTATTTTTCCGGTCTTTTTCAATGTTATCCGCAGTATTGGCTGGGACTTCATCCTCTTCCTTTGACTTTAATATTTC
ATCTGAATCAGCTAAATCTTCGGTTTTCTGTGTGGATTCTTTAGCTGAAGCGTGTTCTTCAGTTTCATCTAATTTCTCCTCAGTCTTTAATTCAG

AATCAGGATCGATGCACTCTTCTCCTTCTAGAGAACTAAGCACCTCTTCGCCTTCTTCTTCTTCTTCTGGTTTTTCTCTTTGCTCTTTTAGATTT
TCGTCCGTATCAGCAGCTGTTCTCTTCTTCGCCGACGCAGAGTCGCATTCCTCGTCTCTATCGAGTGAATCGATATCGTCGGAATTCCTGGGACT
ACAATCCACAATAGAGCTAATCTTGTCCAGAAGAGCGTCCAAATCACTACCTGGATTACGCTCTCGGTCCGATATCTTTTTTGGTTTGTCAATAA
CTTTGACGTTATCGGAGCTATCGACGCCATTGGTTAGCTCACAAAGATCCACTTCATCCACAGAAGTTTGACTGGATTCGTTGAGAATGGCTGTA
ATTCAGATATCGATATATCCCAAACGGATTTATCCAAATAACTAAGTCGCACTTACCGGGGGTGGAGAGAGGTTCCACTTCATTGCCGAGCTCTG
TGGATAGGGTTCGCATCAAAGCTTCCTCTGTAGAGAGTTCCTTCAGTTCCATGGTCTGGTTTACTCCCATCATTTTGAATGTTTTTATCGATTTA
CTTAATCGTCATTGAATTGCTAAAAGTAAAACCATATTATAGTTCACGACGTATGTTGACAACTCTGGGATATAACAAACATGTCACAACCCTGC
TACCGCCATATTTTTTTTAAAAATTAAATTCAATCTCATTCAAAAATTTCTTGTAAATAGCTTTTAAAAGAAAGCTCGCTAAAAGCTTATTCCCA
GTTCTCGCCAGTCAAAATGCTAATGCAATAACTTGGGAATTATACCTTTAAGTGAGTCTGAAGCCAGCGATATTTTATTAAGACTCCGCCAAAAC
TCATAAACCGCTTTCCCGAATTCATTTTGAAGTCCTTTCTAACTCTAAAGTATACGAAGCCATTAAAGCAATGTTATCTTTGAGTATGGATGTTC
CATAGTCAAAGGATGATAGGAACATCATAACTCAAGACCAACATTTTTGTTTTTTTTTTTTACTTTTTTTTGTGTTCGGTTTGGTGTGTATCTAC
TCCGTTGTTATTGTTCTTGTTGTTGGTAGTATTAAGCGTTCGTCGCTTTCCGAACGCAACAATAACTACACGATTGTAGCGAAAAGACAAAGCAA
AGCGACGATAAATATTCGTGCAAGGGAAAAAAGTGCGTGACGAAAAATGCGAATATGGGGAGAAAGAGAAAATTAACTGCTACCTATTAATTTAT
GCTCATAACTTTATAGTTATAGTTTTTACTATCGAAAGTGGGGTTATGTTGAGTTTGTTGCGTTTTTACGTGATAGCGTAACTGCACATTGTTAT
ATTGAGTTTAGTAACTTACATGCTTAAACTTCCTGATACCCTGTTAACGATTTATTTTGATTTGGCTACACTCGAAGAAATCAAAATGACTTCAA
CATCTTGCCGCGTTTAGTGCAAAAATGAACGAGGTGAACGCCAAACCAGCTCTCGACGAACGAAAATGAGAGCGAGAGAGCAAACAGCTGAGAGC
GGTAAAAGCGGCAGGGGCGTACGGGTAAGAGGAAGATAGTCGGCGGGAGGGCGTGTCTCGGGATGATATGATAAGATTCGATAATGTAATTCCAC
CTGGAGTTTAAGGAAACTACATTCACATCTTGAACTTTAACCTTTCGCGAAAAATAGGGCAAAGCTACAGTCCTCATTGTTATTGTGCTCTATGG
CAAGTTGGCAGTCTCTTTTGGTATGGCAGTTTCTCCATAAAATTATAAAAATAAAAGCAATAGGGGATGGTATAAAAATCGAAATGAAGTGAGCA
GGGATCCTCATTGAATCAAAAAACATTGTTTGATAACAACGAGTAAAAAGCAAAGCGTTTAATAATAACGCAAATAGAACGCGTTTTGTTGGTCG
CGAGCGGCAGGGTGAGATGAGGAAACAGGCAGCTAGAGCGGGACGACTATACGTTTACAAATTAATAGGGGAGCAATATAAGTAAAGAACATTAT
GGAATATCCATTTCTTAGTGCAACTACACACAGCTCCAACCAGTGTTAATAAATAGATGATTTGTAGATGGAGGCCGAACGCAAAGATTATGTGG
AATCAGAGAAGGCTGAAGCAAAAATGTAACAGAATGTAACCCTGTCAAAAAAAGAAACTTTCCAAACTTTCCAAACTTTCAAAACTTAGAACCTA
TAGTCCGTCCGTCCTTCTGGTCTTTTCGAAACGAACTTAGGACCTTGCCAGGATACCGGTTTTGTAGAAAGTTGCGGAGTGAGCGGGACGGACAG
AGAGAGCGGCCGGAGAGTAATTGCAAGAGAGAGCAAGAGGCCAAATTTATATATGCACGTGGCTATATATATTTGCCTGTATGTAGGAATTGAAT
AAAGTTCGCGTAGCGCCAAACACAGCACGACAAAGATACAGCAGCAAGCCGAAAGCAACAACTACAACACCGGGCAAACAAAAATAGAGGCGTAA
AGTCGTTGTTTTTGTAGATGAAATGCTAAAACCTTCGATATCAGCTCTATTAAAGAAATTGATCCTAGAAGCTAGTGACATTGGATCATTAAATT
TCGACTTGCTCTGATGGCAATACTTTTTTCAAGATGCTTAGGTCCATTAAAACCGTTGCTTATACACACAAATGTAGATAACAAACATGTTTAGG
TGTCGTATTTTTGCAACTTAAAGTATATATGGCCAATTTATCGTCTTTAAAGTTCGGTCTTGTATTTAAGCCAATTTTGGGCTATATGTCTATTA
TAGCTGTCCCGCTCTAACACGCGCACACACACCAGTTAAGTTCGTTGTAGCAACGGCACATCGGTGTGAGCGTGTATGTATATCAGAACGTGTAT
TTGTGCGATTTTGCAACGCATTTACATTCTTTTTAGGTTACGTATCGATTTTGATGCAGAGTGAGGTTAGATCGAAAAACATCCAAGTTTTTGCA
TGCTTTACGAAAGCAAGGACATTTTTGAAATCCCCTCGGCGCCCTCTGCATGTTTCTGGTATCAGACGTTCGATAAAGACTAAACCCCGAAAAAC
CTAAAACGAGCAGGTTGCAAGCAGAAGCAAAAGCAAAACGGGCGGCGTTTTTATTCACCTATTGTACAATTTTATGTTTTTAGGGTTGCCAGGTA
TGCATTATGTTTATCATGAATATAATATAAAACCTCGATGTGTCCGATTAGACGCAAATCAAATGTCTTTAAATGTATAATTGAGACCATGATGT
CGCGCAGGGTTGCCACCGGCAGGTCATTTTTTGTCCTATTGCAATGGCATTGCGGTATATAGTCTTGCCTACACGTCGGTAGTCTAGTCTAAAAT
ATAGCATAGTAACAAATCCAGATATATATCAGATTTCGCCTGATTTGCAAATCGCGGTCACTTGACAACCCTGAAAACACAAATGTCTTTAAAGA
GACTCGTACCATATCTGGCGTATGGTACCCGTACCCAGTCCAAATAAAAAAAAACTTCAAAACCCAGTAAAAAAAATGCAAATCCCAAATGTACC
ATTCGATTGGACCATTATATTACAGGGTATTTTTATAAAGAAAATTATAAATATAACATAAAATGGATAAAAAAAACTACACTTACCTTTCTACG
ACACGACAAACTCGTTTATTAACTTATATATTACCGAAAACTATTGAAATATGACTTGTGGTCTAACGGCAACTATCAAATGTCAATGATTTGAA
TGAATTTAACAGCTTCTCCGTGATTTGTTTACAATTCGCAGGCAACTCCACTTCCGATGCCCTTAAACGACGAAGACTGAAACACAGACTAAAAT
CGCACAACAACAGAAGGTGCCGAAAAGAACCAGTCTATGCACAACTGGTTCCGAAGAGCAGCGCCCAGATTGCAAGCTAGCGGCACTTGGAATAG
AGATTGGCGCGTGATTCCGGATGCCGATTTCTGATACGCATCGAGAAGACATTTTTTATGGACGTTTCTAACAATACTTATTATTTTTGTATTTA
TTTAGGTTGGATTTTGGCAAAACTTATTTTATCTTATATTCAACTTTGCATTTTTACGCAATTTGTATTATTATTATTATTATTATTATTAACAT
GATGACCAGATATAACTTAAACTGGTTACCTTCTCATTACGATAGTAATATTATAAAAGGATGTATATTTAATAGCTGAGGAGAAGCAGCATTTC
TATAGTATTTATATACAAAAATAAAAAACGTTATGCAGTTCATGCACGTGTACATCCCTAGTTTGGAACCAAACAAAATCATATGTTGTTACTAG
GGCTGTATAGCTAAACGTTTTATTTATGGGAGCAGAACTATTAAGTGCCAGTTGGAACTAAGACGTGATCTCCCCTGTCCCTTCTTTTGCTTAAA
ACTGAATCATATTGACAAATGTTTTCGGCCCGTTTAAGTAATGTGACGTTCTCATGAAATACAACGGTGAACATTGCAAAAATCGTGTTATTTTC
GTTAATTGTTCCAATGGGTGAACTAGTGAACGGAGTCAGCATGTGCCAGCCCTGATGGCTGCTTTGTTGAACTAGTTCCAGTTCCGGAGCTAGTG
AACCAATAGCAAACGGAACAAAACAAAAACATCTGTAGATTATAGGTTAATTTGTTTTATAATAACAAATGCGGGAATTATTCAATTAAGATGAG
CAATCTGCTGAATTTTGCCCTGCGGCAGGGCGTCAACTCCATCAAGCGCCTTAGCCTCCAGAGTTTCAGACTGGCAGCTCCGGCCATTGTAACAA
AAACGCCGGTTACTTCCACGATAAAGAGATTCTCCTC
(SEQ ID NO: 868)

Exon: 9487..9302
Exon: 6289..6137
Exon: 6075..2799
Exon: 2220..1796
Exon: 1733..1001
Start ATG: 6248 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT23297
TTTCAGTCTTCGTCGTTTAAGGGCATCGGAAGTGGAGTTGCCTGCGAATTGTAAACAAATCACGGAGAAGCTGTTAAATTCATTCAAATCATTGA
CATTTGATAGTTGCCGTTAGACCACAAGTCATATTTCAATAGTTTTCGGTAATATATAAGTTAATAAACGAGTTTGTCGTGTCGTAGAAAGCAAT
TCAATGACGATTAAGTAAATCGATAAAAACATTCAAAATGATGGGAGTAAACCAGACCATGGAACTGAAGGAACTCTCTACAGAGGAAGCTTTGA
TGCGAACCCTATCCACAGAGCTCGGCAATGAAGTGGAACCTCTCTCCACCCCCGCCATTCTCAACGAATCCAGTCAAACTTCTGTGGATGAAGTG
GATCTTTGTGAGCTAACCAATGGCGTCGATAGCTCCGATAACGTCAAAGTTATTGACAAACCAAAAAAGATATCGGACCGAGAGCGTAATCCAGG
TAGTGATTTGGACGCTCTTCTGGACAAGATTAGCTCTATTGTGGATTGTAGTCCCAGGAATTCCGACGATATCGATTCACTCGATAGAGACGAGG
AATGCGACTCTGCGTCGGCGAAGAAGAGAACAGCTGCTGATACGGACGAAAATCTAAAAGAGCAAAGAGAAAAACCAGAAGAAGAAGAAGAAGGC
GAAGAGGTGCTTAGTTCTCTAGAAGGAGAAGAGTGCATCGATCCTGATTCTGAATTAAAGACTGAGGAGAAATTAGATGAAACTGAAGAACACGC
TTCAGCTAAAGAATCCACACAGAAAACCGAAGATTTAGCTGATTCAGATGAAATATTAAAGTCAAAGGAAGAGGATGAAGTCCCAGCCAATACTG
CGGATAACATTGAAAAAGACCGGAAAAATACATCAACAGATGATGTGTTTATGTATGCTTTAGACTGTATATCGAGTGCCGACGAGTTTGATGCC

TTTGCCTCTCAGGACTCCAAGAAGGCGAAGCCAAGCAAAAAACTAAACACGGAAAACAACTCATCTGTCAATGATTTAGAAGACATTTCATCTGA
TGACGATGATATAATTAAGGAAACGGAAAAACCCAACACTGAGGTTATAGATTTAGACTCGTCGAGTGAATGTGTGCCTTGCGAAGCGGAATCAG
AGGTCGAGGAAACTGAAGCTAACACAGAAGATACCGAAGTCCTTACTCACGGTAAGGTTTCTACGAAGAAATCATTGAATTTGCAAAATAATATC
TCAGAAAAGTCAGCGAGTGCGGCCGAATATGAGTCTGTCAAAGCTGATCAACATTTGACAGAAGGTAAAGAACCCATGTTAGTTGGAGACGAAGT
AACCGAAAAGTCGAAAGAGTCTATCCCAATCCAGAGCGAAGAGTCAATACAAGTGGATGAACCAGAAGAATCCAAGGAATCCGAGGAACTTGAAG
AGCACAAGGAAAAAGAAGAGCCTGATTACTGCAAGGAAACAAAAGATTCAGAAGAGGCGACTGAAAAAGAAAAGTCGGAGATCAAAATCATCAAA
GCTTCGAAAGTAGCACAGATACTGGGAGACACCAAGGAAGAGGAAGATCCAAGCCCAACCCAGGAAGTGGAAGACGTTAAGGAAACAGAAGAGCC
AGAAAATAAAAAGGAAATAGAAGACACTGAAGAGCTTGAGGAACCTGTGGTGATCGAAGGTGAAGAAACAGAAGATCCCCAAAAGAAAGTCCAAA
AAGAATTTGATGTTCGAACTGCAGACCACGAAATGAACTACACAACCATAGATGATAAGCTTGATGAAGCGGTCAAGGATGTTGTAGAGATAGAA
GAAAAGAAGGCTGCAGAGGACGAACTCGGGGTGATACCAAAAGGCGATAAGGAACCCACGACAAATGGAGCATGCGAAATTTCTACTGATGGAAA
TTTAAAGGATTTGGAAAGCAATGAATCAACGGTTGTTGAAGAGGAGACCAAAGAGACGGAGTCCGATGACGAAGTTATATTCTTTGAACCCCTAG
ATAAGACCGAAAATGTGGGCACCACAGCCAATCCAACGAACGAAAATTCTGTGAAACCACAAGCTAAGGATGACGAAGTTGTTCTCGTCTCCGAG
GATGAGGATGAAACACCGCAGAATGGGATATCGGAAAAGGAAGTTCAAACTATCCAAAAGGAAACAGCTTTAAAAGGACTTCCCAATGAGTCAAC
TACAGAATCAGTTGAAGCAAAGAATCTCCAAATAGACAATTCCGACAATGCATGCGATCAGTTCGAGAAACTGAAGACCCATGATATGGTGAAGC
AAACTACCACAGAGGATGGGAACAGTAATTCCAGCAATCTATTGCGACCCGCCGAGTACGCGGAAGAGTCGGTTCCAAAACGGCTGCGTCTTAGT
ACCGATGAAAAAAATGAATTCGAAGCGGAGACGAATCAAGAATCATTACCAATACTCAGCAGAGCAGAGGGTGGTTTGAAGGATGTAACCAAGCG
GAGCCATGAACATCTGGACAGCAGCCCTCAGGAGGAAATACCTAATAAGAAAGCTAAGACTGAAGACTCTGACTCAAATAGCTCCCACGAAGGCA
CGCTACAAATTGATATGGGTGGTCAGGAAGACAAAGAAGAATCCCCCAAAAAAGATACCCAAAAGAAACTGGACTTCGACCTTAACCCCGTTCCA
GAAATTAAACAGAATGTTAAGCCCCTGCGCTTGGAATTCTTTAAGACCTTCCGACGTAGTTTCGACACAATGACCCGTGACGACCTGGAGGAGCT
GGTGCTGCAGAAAGTCGTCGAGGCGATGATGGTTAAAAGTGATTTCGCAGAAATACGTATGCAGCTGGACAAATGCGAGAGCACTCTCGCCAATT
ATCGCCGCAAGATTGCCGAGGTGTCGAAGCAATTCCTGGATTTGGAGACGGTGCACAAGCGTGTGCTTAAGGACTTGGAGGCTAAGAACTCTCAT
TTCACCGCTCCTGTGCGTATAACACGAGCTGTTGGTCTTCAGGTGGGCATTCCGTTCAAGGCTATAAAGCCCACCGTCGCCGCACCAGAGTCAAC
TCATGCTGCTGGCAGCGTGTTGGCGCCGCCCAGCGGAACACCACCCAAGGCCAGCACCTCCCCGACGCGTGCGACCGTGCGACCAAGACCTCCTC
CGCCTACCTTTGGACCATCCACATCCTCATCGGAAACGGGTGCGGGCGTCAGTGTCACTCCGAATTCCAATCACCAGCAACAGCAGCCAGCAGCA
CGGTCATCTCAATCCTTAACAACGGCTAGTGTCACGCCACCTGTGCGCCGGGGCTGCTTGCAGAAGGTCACGCCCCATCGGCCGGTACCTACTAA
CTTACAGCCCGCGCCAATGCTTATGAATCAGTCCAGCGTTCAACGTCTGCAGTCCTCACCGCCTATAGCTCAAAGGACAATGCACGCCTCCAAGC
ACACCGGAACGCCTGGCTCCACGCCTTCATCGGTGGCCAATGCGATTAATAAAACCGTCATGCGTGCCCGGAACTCAGAAGCCGCTTTCTTGGCG
CAAAAACAACAGCAGAAACAGCACCAGCAACAGCAGCAACAACAGCAACAACACCTGCAACAACAACAAAAGCAACAACAGGCGCAGCAACAGTT
CCTACTACCTCGACCTAGTCCCGGTCCCACGCCAGGTTCGAGTCCCGCCAAGCAAGTGCCGAAGTGCACAACTAAAGTGCGCGCCAAGCAGCCAC
CGCTTTCGGGGGCCACGGTCTCGGTGCCCATCTCATCTAGCAGCAGTGGATCGGAATTGGGCAGCTATGGACAGCAGCAGGAGTCCAGCTTGGCG
CCGGCCAAGCCCAAGGAGAAGGCAGTCATTGACCTCACAGATGAGGATGATGCAGCGGCTGCGGCGGCGGCTAGGGCTGCCCAAGCACAAAACGC
TCGTTTGCGTATGGAGATGCTTAAGCGGAATGCTCAGACTGCAGCAGCGACGAGAGGAGGACGAGGAGGCGGAAATGTGGTGCGAGCTTCTCCAA
TGCAATTGCCTCGCGTAAATGCTCGACAGATAGTCCATAATAATGGAGGAGGTCAGCAAAGTCCCTTGGGCTCAAACGTAACTATGCAGATACGT
TCGGAAAACACCCCGCCTCCAGCGTCTCGTCTAAGATACTCACATCCTGCACCACTGCCCACGTCTCCTCCCCAGCCCTTCAATCCATCCTGGAA
GGTGCCTCCTTCGCGACCCGTTATCCGGATTAGTCTCCTTGATACTGGTATCGTTATATCCTGGACTCTGGAGGATTCGAGCCCGCGGTTCGCAG
AGTGCGTAATGTACCAGATCTATGCATACCAGGAGACGATTAACGAGCCCAGCACGGATAGCTGGCGGCATGTGGGCGATGTCAGCGCTATGTTG
CTGCCAATGGCAGTGACTTTAAATCAGTTCCAGGAGAACCAGAGGTATTACTTCGCTGTGCGGGGCGTTGATAGTCACGAACGATTCGGGCCGTT
CAGTGTTCCCAAGACCTGGTCGTAGACGGATTGGTCTGTTCTCTTCCTTAGATTCTAGTTTTAGTAGAAGATATGTAATTTACTTTTGTCCTTGG
TAATCCGTTCTCGAAACTAGCCGGAATTATGAGTTTATACGCCTAAGTTATAAAGAGATTATTGAAGAATTTTTAAGAAGTAATAAACAAGTTAT
GCCAAGCAGTCAATCCACTGCAGTCAGTAAAGAAGAAACAAACAAAACATTGTATTTCATTCTCACTAGGTTATTTAACATAAATAAGTTCAAAA
CTTACATTAAATAATAATTTGAAT
(SEQ ID NO: 869)

Start ATG: 228 (Reverse strand: CAT)

MMGVNQTMELKELSTEEALMRTLSTELGNEVEPLSTPAILNESSQTSVDEVDLCELTNGVDSSDNVKVIDKPKKISDRERNPGSDLDALLDKISS
IVDCSPRNSDDIDSLDRDEECDSASAKKRTAADTDENLKEQREKPEEEEEGEEVLSSLEGEECIDPDSELKTEEKLDETEEHASAKESTQKTEDL
ADSDEILKSKEEDEVPANTADNIEKDRKNTSTDDVFMYALDCISSADEFDAFASQDSKKAKPSKKLNTENNSSVNDLEDISSDDDDIIKETEKPN
TEVIDLDSSSECVPCEAESEVEETEANTEDTEVLTHGKVSTKKSLNLQNNISEKSASAAEYESVKADQHLTEGKEPMLVGDEVTEKSKESIPIQS
EESIQVDEPEESKESEELEEHKEKEEPDYCKETKDSEEATEKEKSEIKIIKASKVAQILGDTKEEEDPSPTQEVEDVKETEEPENKKEIEDTEEL
EEPVVIEGEETEDPQKKVQKEFDVRTADHEMNYTTIDDKLDEAVKDVVEIEEKKAAEDELGVIPKGDKEPTTNGACEISTDGNLKDLESNESTVV
EEETKETESDDEVIFFEPLDKTENVGTTANPTNENSVKPQAKDDEVVLVSEDEDETPQNGISEKEVQTIQKETALKGLPNESTTESVEAKNLQID
NSDNACDQFEKLKTHDMVKQTTTEDGNSNSSNLLRPAEYAEESVPKRLRLSTDEKNEFEAETNQESLPILSRAEGGLKDVTKRSHEHLDSSPQEE
IPNKKAKTEDSDSNSSHEGTLQIDMGGQEDKEESPKKDTQKKLDFDLNPVPEIKQNVKPLRLEFFKTFRRSFDTMTRDDLEELVLQKVVEAMMVK
SDFAEIRMQLDKCESTLANYRRKIAEVSKQFLDLETVHKRVLKDLEAKNSHFTAPVRITRAVGLQVGIPFKAIKPTVAAPESTHAAGSVLAPPSG
TPPKASTSPTRATVRPRPPPPTFGPSTSSSETGAGVSVTPNSNHQQQQPAARSSQSLTTASVTPPVRRGCLQKVTPHRPVPTNLQPAPMLMNQSS
VQRLQSSPPIAQRTMHASKHTGTPGSTPSSVANAINKTVMRARNSEAAFLAQKQQQKQHQQQQQQQQQHLQQQQKQQQAQQQFLLPRPSPGPTPG
SSPAKQVPKCTTKVRAKQPPLSGATVSVPISSSSSSGSELGSYGQQQESSLAPAKPKEKAVIDLTDEDDAAAAAAARAAQAQNARLRMEMLKRNAQ
TAAATRGGRGGGNVVRASPMQLPRVNARQIVHNNGGGQQSPLGSNVTMQIRSENTPPPASRLRYSHPAPLPTSPPQPFNPSWKVPPSRPVIRISL
LDTGIVISWTLEDSSPRFAECVMYQIYAYQETINEPSTDSWRHVGDVSAMLLPMAVTLNQFQENQRYYFAVRGVDSHERFGPFSVPKTWS*
(SEQ ID NO: 870)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: BcDNA:LD26050
FlyBase ID: FBgn0027499

Celera Sequence No. : 142000013384139
TTAAGTTACGCAGAGCAAAAAGCCGGGTTACTCATGTCACATCAATTTCCAAGCCAACAACGCCCCCTAAATAGAAAGCAACAACTATTATTAAT
AGACTTAAATTAGGCGATATACATATACATACTTACATAGAACAAACCTACATTGAGACATACTTATACATACATGCGAAGTGACTAAATTATTG
GCTATTGTAATTTGTATTTGTAATATGACTATTCAGAATTAAGATATTATTAAGTGGCCGATAAATTTAAGTAGCAGGCGCCGTTCAGCAGCAGT

GTCATTTATAGAATTTTAAATTAACTACGAAGACATCGAGAAATCATCATTAGGCACTTGCTAAAATTGTACTAACAATACCGCAGACATATTGG
TGAACGATATCAAAATGTTGCCCAATTTACTTGTTTACTTTTGTCAGCGGTGGGGATTTGGTTTTTTTGAATTCCCACCAAACATCGGAGCTCGA
TTATTGAGATGATTTCCTGGTTGATTTCGTTTACACAATTATACAGAGTTCATAAGCCGCATGTCTATCAAAACACCAAAATGATCTGTTATCAA
TAAATATATGTACTTGACATTCTGATATTTACACATGCATAAATACTATTATTAAACATTTTTAAAGAAAAATATATTTTGATCGAAAACATTCG
GTTGCGTTTGATTTACAAGCGAGCAGGTTGGAACGTTTTTAATATTTTGGGTATTTTTGGGGTCAAAAGTGGAATAACCAAATAATTAAGTACAC
GATATTCTCATAAATTACGCAGAATATGAAAACACTCAGACCCAAAACTCCTCAACAAAAAACAACAAAATTATTGTACATATATCTTTGTATTA
TATTTATATATTTTAGACCCTCCAGATTAGATGCATCAGTTGAAAATAAGTTAACTTTTCTTTGTAGTTTAAAACTTGATTACAATTAAGATAAA
TATGTAGGGATTAGCTATGTACAATGGGAACAGCTGTGGGATTACCGAACTCAAACTAGACTCGAGACATTGTTGTAGAGGCCAACGGCAGACAG
CTCGTCCAGATCGATTTCATTGGATGGAAGATTGGGATGAGGCCAGTTCCTTGGCCTTTGATTAACATGGGGCGGCACAATGGCCTGAAAGGTGG
GGGACTGCAGAGGCCTATAGGCTACCGCATCCACGTAGTCCACTTGTCTTGGTGGAGCATTTGGATGTGGAATCCTTCCCACGTAAAGATCTTCA
CTGCGATAGAGACTCGCATTTGGTACGTAGCCGGAGTGCAGCCTTCTCTGCGGAGTTTGCGGAATCGGTGGACGGTGGGGCAGTTCATGGAAGTA
AGCATCTTTGGGTATGTGTCTCTCGGGCAGCCCAAACTGGGCGCTACTCCGGTGGGGAATACTATACGTGGGCGAAGGGTTCGAAGAGGTGCCCT
CCAAGTGATGGAAGTTATTGTTCAAGCGGGAGTGTGATCTTGCGGCGATCACATGTGCCGTCTGGGAGTCCTGTCGATTGGAGTCAATGGTGTTT
TGCAGTTGGGCCACCATATCCCTCACCTGACCAGCGTTCGGCTTCTTTAGGCACTTGATTTCACTGTTCCGAATCTCCACCTTACTCATACTTTC
ATTGCCATTTTGACGCACTTCTGTTTCCTCGGCGTACTCCATGATGGGATTGGAGTAAAATAAATTCGACATGACGGGATAGTTGTCTTCCAAGC
AAAGAGGCTGCCGTTTCATCAGATTGGAGATACCTGCCGCCTCGCTCGCTTGCTCCTTGTAGAGCAGCTTGTCGCCTCCCATTCCCTCGGCAGTT
TCATTGACAGCCGTCTCCTCTTTGCCCAGATCCGCGAAGGAGGCATCTTTTCGAAGCGCCTTGATCACCGAGTTCAGCATGTTCTCTCCTCTCCC
AATGCGCTGGTAGTACTTATTGTAATCCGGGTGGGGATTGCTGCCCGTGGGTGATGCCTCCCAGTCCCAGCTGTTGGAGTTCTGGGAGGGATTTG
AGGTCTCACTGGAGTTCGGATAGCGTCGTATCACGTTGGCGTACTCGTCGAAATTGGGACTATTAACACTCTCTTTATCTTCTCGAAGTTGGGCA
GACTCCGCCCTTGGATGGGGATTATAAGGTGGCGATAAGGAAGAAAGCTGGCGCTTGCTCTCCTGTTCGCTGTCCCTTTCCATGATCAGGGTGGT
TTTCTCTAAAAGCACTCCCAGTCTTTCGGAGACTTTTAGGAAATCTAGCTTAAGTTCATCTAGCTTCGAGTGCTCCTCTGGTTCCGCCTCTTCTT
GCACCTGGTCCTTGTCACCCACTTCTGCCTCTTCTTCATCCCGAGCTTCATTGGAATCGTCATCGCTGTCGCTATCCACCTGGACCTCCGCTGAT
CGGTGTACTATAGCCTCCACTGCCTGATCTTCCAGGACATCTACACTCCGTGAGTTGGTGAGCCTACCACCTTCGTGGTTGTTTTCCAAGAGCTC
TAGACTGCGGCACCTGGACATTGTTCTTTCGATCCTTGAGCTCTTGTTCTGCTGATCGAAGGTGGACCGCATAGGTTCACCTCGTCGCAGGAACT
CACTGAGGTGCTGCCTCTTGCTCTCGCATCGCAATCTGTCCTCGATCATCGTTCTTGTGAGCTGTTCAATCTGATCGTTCGTCTTGATTGCCAAT
GCCTGAACTTTGTGACCTAGACGTTCCTTGGTTTTGTGAACGTATTTCTTCAAACTCTTTCGATTGCAATTTAGTTTGTTTTCAATGTGACGGAA
GAAGGGACCGCAATAGCATGTGTTGCCCACGCTGACCGGACCCTTGTGAATATGACCAGCCAAATCCAGGAAGTATTGCTCCCCCGACTTAAGTG
GCTCCTTGGGCAGTGTCTCCAGTTTTGGTGAAGGAAAGGCACGCGGATCGGGAAAGTAGTGACAGCCATAGGGTGACCAGTTGATACCCTTGTCC
ACCACATCCCTTTCACGATCTCTGTCCTTGTCCGATCTGCTGCCGCCCTCCTTGGGTTTCTCCTTGCGATTCCGTATCTTCTTCGGCGTGTTCAG
GATCTCGATGATTTCACGGTAGTTCTTCCTGATCGCTATGTGCATGGGGCAGTCGCCTTGTGCGTTTTTAATGCCCAGCCGAGCATCTGCCTCTA
GGAGAATCCTTGTCAGCTTCCTGCGACCCATGGCACAGGTGATGTGCAAAGCGGTGTCGCCGTTCAGATTTGTTTTATTCGGATCGCAAAGGGCG
GAGAGCAGGATCCGGGAGACTCCTGCATGTCCATATCTGCAGGCGGTGTGCAGCGGAGTATCTCCATACTGAAATTGTTAAACATGTTAAACATG
GTTATCACTGATATGATCCAACACTTACATTATTCCGGACATCGGGATCGGCGCCGGCCAGCAGTAGCTCCCTAGAGCTCTGATTGTGACCATTT
TGAGCGGCCAAGTGCAGGGCGGACAACCCTTCGTTGTTGGCAATACCCAGGGCGCTATTGTGTAGGGCTTCGATGGTCTGGTGGGCCACCTTCAC
TCTGCCCTTGTTCTTATCCTTGTCTTTGTCCTTCTGTCCCTTTGCTGCTTTTCCCACCCCCGAGGAAGCGGGTGGCGTGGGGGGCGTGCAGATCA
ATTTCACGCAGCGACTGAACCCCCGACTGGCGGCCTCATGGAGCGGGGTATTCCCCTGCACGGATTCCCTGGCCAGTCGATCAGCATTGCTGAAC
AGGAGACCCTCCACCCGGCGATCATCTCCGGCGGCTACCGCCTCGTGCAGCGAAGTCCAATTGCTGGAGTCGGGCTTAAATCAGAAAAAGAAGTT
ACATCGGTGTAAGATTTGTTGGTTCAGGCAAGTGCCCTTACTTACCCCGGATATCGCATTCGGGAGAGCTTCCTGTTTCGGAATGCGGGAGGATC
CATGCTGCATTGTCTGCGAAAATATTCATTATTTATCAAATTTGTTAAATTATAATTTCATTCATTTATCATGATGTGTTGCAATTATAACTTTT
TAAGTAACACTTTATCAAAACCAGATAAAATTAAAAAAATTATTTATATTAGAACTACATTTTGTCTTTAATAAATGAAAAATCTTACTTAAAGT
ACCGTAATTACCGTTAGAATCGTTTATATGTCGAAAATCATATGAAAGATGGTATTCTTTGATATAACCTTGTTGACGACGAAAGAGCTTAACTT
GACCTGGGATCAAATGAATCTGATCTTCGATCGCACATTTTCTAGCCGTGTATGCGCATGTATGTGTGCCTCACGTAATGGCGTACCACGTAGTA
ATTGTCATTACAAATAGAAGTGGGAGTTACCAAAAGCGATCAAATAAAGGACTCGTAATTTGAAATACAACCTTTTTGAGGGTAGATTAAATGTC
TTTCATTATAACACATTGATAAAACATGTATGGTTTCTTAAATGTTCAACACTATTACAGTAAATTTCTAGACCTGAAAACCAGGTTTAAAGTGC
GCCTAGGTTTTCTCGATTCCCGACTTACTTTTCACTAATTTTAAATCCCGTCTTTGGACCGCAATTTACGCATTGCAATTCGCCACTCTCACGTA
TTTACACATGTTTACTTTCGACTATTGTTCAGTACCCGACTTTGCAGTATTTGGCCATTGATGGATTGATGGAACGCCCAGAGTTAATTTGGCTT
CAAGCCAGGCCTAAAAAGAGACTAAAAGAAAGCCAATCACAGGCAAAATTGGCAACAGGTTTCGAGCTGGGTTGCCGTACCTGCGACAGCTAACG
GTGAAGCCGATAGTCTGCATTATTGCTCCAACAGAAGTACGGTCACTCTACAAGTAGGCAACGAATTTTGTTTGTCATCGGCATTTCGCATTCAA
CGTTTCCAATTGTTTTTTAAGGAGCTTTAAGAATGGCTTTAGCTGAAATCTGCAAGATATCGAATGCTCCGTACATGCGGCCCAATGCCTGGTCA
TCGGCGGATGTGGAGGAAGAGCAAAAAGGGCTTATGTGCAATCTGGCCAATCCCTACACACTGGCTGCTCCGCCATTCGAGAACGTATGTAGTTA
ATTAGCTGATCTTCTTGGGAAATTTACTAAAAAATTTGACAATTTCCTCAGCCCCTGCACAACCTTAATCAGATCCAGGCCAATGGCGACAAGAC
CGGCGTCAAAATCAACTTCGATCACGGCACCACAACGTTGGGCTTCAAGTTCAAGGGCGGCGTTCTCCTGGCAGTCGATTCCCGTGCCACGGGTG
GATCGTACATTGGCTCCCAGTCGATGAAGAAGATCGTGGAGATCAATCAGTTCATGCTGGGCACCTTGGCCGGTGGCGCAGCCGATTGCGTTTAC
TGGGACAGGGTCCTTTCGAAGGAATGCCGCCTTCACGAGCTTCGAAACAAGGAACGCATCTCGGTGGCCGCCGCCAGCAAGATAATGGCCAACAT
TGCCCACGAATACAAGGGAATGGGTCTGAGCATGGGCATGATGCTGGCCGGTTACGATAAGCGTGGTCCAGGCCTCTACTATGTGGACTCCGAGG
GATCTCGCACGCCTGGCAATTTGTTCTCTGTTGGTAGTGGATCGCTGTACGCCTACGGTGTCCTGGACTCTGGCTATCATTGGGACCTGGAGGAC
AAGGAGGCCCAGGAGCTGGGACGTCGCGCCATCTACCATGCCACCTT
(SEQ ID NO: 871)

Exon: 4652..4494
Exon: 3908..3846
Exon: 3768..3354
Exon: 3298..1001
Start ATG: 3898 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT23371
CCAAATTAACTCTGGGCGTTCCATCAATCCATCAATGGCCAAATACTGCAAAGTCGGGTACTGAACAATAGTCGAAAGTAAACATGTGTAAATAC
GTGAGAGTGGCGAATTGCAATGCGTAAATTGCGGTCCAAAGACGGGATTTAAAATTAGTGAAAAACAATGCAGCATGGATCCTCCCGCATTCCGA
AACAGGAAGCTCTCCCGAATGCGATATCCGGGCAATTGGACTTCGCTGCACGAGGCGGTAGCCGCCGGAGATGATCGCCGGGTGGAGGGTCTCCT
GTTCAGCAATGCTGATCGACTGGCCAGGGAATCCGTGCAGGGGAATACCCCGCTCCATGAGGCCGCCAGTCGGGGGTTCAGTCGCTGCGTGAAAT
TGATCTGCACGCCCCCCACGCCACCCGCTTCCTCGGGGGTGGGAAAAGCAGCAAAGGGACAGAAGGACAAAGACAAGGATAAGAACAAGGGCAGA

GTGAAGGTGGCCCACCAGACCATCGAAGCCCTACACAATAGCGCCCTGGGTATTGCCAACAACGAAGGGTTGTCCGCCCTGCACTTGGCCGCTCA
AAATGGTCACAATCAGAGCTCTAGGGAGCTACTGCTGGCCGGCGCCGATCCCGATGTCCGGAATAATTATGGAGATACTCCGCTGCACACCGCCT
GCAGATATGGACATGCAGGAGTCTCCCGGATCCTGCTCTCCGCCCTTTGCGATCCGAATAAAACAAATCTGAACGGCGACACCGCTTTGCACATC
ACCTGTGCCATGGGTCGCAGGAAGCTGACAAGGATTCTCCTAGAGGCAGATGCTCGGCTGGGCATTAAAAACGCACAAGGCGACTGCCCCATGCA
CATAGCGATCAGGAAGAACTACCGTGAAATCATCGAGATCCTGAACACGCCGAAGAAGATACGGAATCGCAAGGAGAAACCCAAGGAGGGCGGCA
GCAGATCGGACAAGGACAGAGATCGTGAAAGGGATGTGGTGGACAAGGGTATCAACTGGTCACCCTATGGCTGTCACTACTTTCCCGATCCGCGT
GCCTTTCCTTCACCAAAACTGGAGACACTGCCCAAGGAGCCACTTAAGTCGGGGGAGCAATACTTCCTGGATTTGGCTGGTCATATTCACAAGGG
TCCGGTCAGCGTGGGCAACACATGCTATTGCGGTCCCTTCTTCCGTCACATTGAAAACAAACTAAATTGCAATCGAAAGAGTTTGAAGAAATACG
TTCACAAAACCAAGGAACGTCTAGGTCACAAAGTTCAGGCATTGGCAATCAAGACGAACGATCAGATTGAACAGCTCACAAGAACGATGATCGAG
GACAGATTGCGATGCGAGAGCAAGAGGCAGCACCTCAGTGAGTTCCTGCGACGAGGTGAACCTATGCGGTCCACCTTCGATCAGCAGAACAAGAG
CTCAAGGATCGAAAGAACAATGTCCAGGTGCCGCAGTCTAGAGCTCTTGGAAAACAACCACGAAGGTGGTAGGCTCACCAACTCACGGAGTGTAG
ATGTCCTGGAAGATCAGGCAGTGGAGGCTATAGTACACCGATCAGCGGAGGTCCAGGTGGATAGCGACAGCGATGACGATTCCAATGAAGCTCGG
GATGAAGAAGAGGCAGAAGTGGGTGACAAGGACCAGGTGCAAGAAGAGGCGGAACCAGAGGAGCACTCGAAGCTAGATGAACTTAAGCTAGATTT
CCTAAAAGTCTCCGAAAGACTGGGAGTGCTTTTAGAGAAAACCACCCTGATCATGGAAAGGGACAGCGAACAGGAGAGCAAGCGCCAGCTTTCTT
CCTTATCGCCACCTTATAATCCCCATCCAAGGGCGGAGTCTGCCCAACTTCGAGAAGATAAAGAGAGTGTTAATAGTCCCAATTTCGACGAGTAC
GCCAACGTGATACGACGCTATCCGAACTCCAGTGAGACCTCAAATCCCTCCCAGAACTCCAACAGCTGGGACTGGGAGGCATCACCCACGGGCAG
CAATCCCCACCCGGATTACAATAAGTACTACCAGCGCATTGGGAGAGGAGAGAACATGCTGAACTCGGTGATCAAGGCGCTTCGAAAAGATGCCT
CCTTCGCGGATCTGGGCAAAGAGGAGACGGCTGTCAATGAAACTGCCGAGGGAATGGGAGGCGACAAGCTGCTCTACAAGGAGCAAGCGAGCGAG
GCGGCAGGTATCTCCAATCTGATGAAACGGCAGCCTCTTTGCTTGGAAGACAACTATCCCGTCATGTCGAATTTATTTTACTCCAATCCCATCAT
GGAGTACGCCGAGGAAACAGAAGTGCGTCAAAATGGCAATGAAAGTATGAGTAAGGTGGAGATTCGGAACAGTGAAATCAAGTGCCTAAAGAAGC
CGAACGCTGGTCAGGTGAGGGATATGGTGGCCCAACTGCAAAACACCATTGACTCCAATCGACAGGACTCCCAGACGGCACATGTGATCGCCGCA
AGATCACACTCCCGCTTGAACAATAACTTCCATCACTTGGAGGGCACCTCTTCGAACCCTTCGCCCACGTATAGTATTCCCCACCGGAGTAGCGC
CCAGTTTGGGCTGCCCGAGAGACACATACCCAAAGATGCTTACTTCCATGAACTGCCCCACCGTCCACCGATTCCGCAAACTCCGCAGAGAAGGC
TGCACTCCGGCTACGTACCAAATGCGAGTCTCTATCGCAGTGAAGATCTTTACGTGGGAAGGATTCCACATCCAAATGCTCCACCAAGACAAGTG
GACTACGTGGATGCGGTAGCCTATAGGCCTCTGCAGTCCCCCACCTTTCAGGCCATTGTGCCGCCCCATGTTAATCAAAGGCCAAGGAACTGGCC
TCATCCCAATCTTCCATCCAATGAAATCGATCTGGACGAGCTGTCTGCCGTTGGCCTCTACAACAATGTCTCGAGTCTAGTTTGA
(SEQ ID NO: 872)

Start ATG: 170 (Reverse strand: CAT)

MDPPAFRNRKLSRMRYPGNWTSLHEAVAAGDDRRVEGLLFSNADRLARESVQGNTPLHEAASRGFSRCVKLICTPPTPPASSGVGKAAKGQKDKD
KDKNKGRVKVAHQTIEALHNSALGIANNEGLSALHLAAQNGHNQSSRELLLAGADPDVRNNYGDTPLHTACRYGHAGVSRILLSALCDPNKTNLN
GDTALHITCAMGRRKLTRILLEADARLGIKNAQGDCPMHIAIRKNYREIIEILNTPKKIRNRKEKPKEGGSRSDKDRDRERDVVDKGINWSPYGC
HYFPDPRAFPSPKLETLPKEPLKSGEQYFLDLAGHIHKGPVSVGNTCYCGPFFRHIENKLNCNRKSLKKYVHKTKERLGHKVQALAIKTNDQIEQ
LTRTMIEDRLRCESKRQHLSEFLRRGEPMRSTFDQQNKSSRIERTMSRCRSLELLENNHEGGRLTNSRSVDVLEDQAVEAIVHRSAEVQVDSDSD
DDSNEARDEEEAEVGDKDQVQEEAEPEEHSKLDELKLDFLKVSERLGVLLEKTTLIMERDSEQESKRQLSSLSPPYNPHPRAESAQLREDKESVN
SPNFDEYANVIRRYPNSSETSNPSQNSNSWDWEASPTGSNPHPDYNKYYQRIGRGENMLNSVIKALRKDASFADLGKEETAVNETAEGMGGDKLL
YKEQASEAAGISNLMKRQPLCLEDNYPVMSNLFYSNPIMEYAEETEVRQNGNESMSKVEIRNSEIKCLKKPNAGQVRDMVAQLQNTIDSNRQDSQ
TAHVIAARSHSRLNNNFHHLEGTSSNPSPTYSIPHRSSAQFGLPERHIPKDAYFHELPHRPPIPQTPQRRLHSGYVPNASLYRSEDLYVGRIPHP
NAPPRQVDYVDAVAYRPLQSPTFQAIVPPHVNQRPRNWPHPNLPSNEIDLDELSAVGLYNNVSSLV*
(SEQ ID NO: 873)

Name: Ankyrin-repeats containing protein
Classification: cytoskeletal_structural_protein

Celera Sequence No. : 142000013384684
ACCCAGGCCGGAGGCTCCACGCATCCCGCTGCCAGTGCCAATTGCCACGGTTACGGGAAGCCGGACGCTTATCCCACTTTCCGGATACGATTGCC
TAGCAGATCTGCCGTCCGTACATATTGAACAGACCTTTGAGCTTAACGATGGTAAGTACAAGCCCAAAAATTAGCTAAAATCGCTTCTAATAGTT
CGTCTTCCCTTTGCAGCCCTAACAGGCGTCTCCTCGGAGAATCGATATGTGGTGCGATCTCCACTGGGTGATGCCATTTTCGCGGCCAACGAGAG
TTCCACAGAAAAAAATCGACTACTTTGGGGAGCTGGTCGACCCTTTCAGATGCACCTGCTGGATAAAACGCACCAGGAAGCTCTGGTTTTTCGCA
AAAAACTAGCGATGGGATCCATGTGCTGCCAGGCAAAAAGTCTAGAAATTTGGATACCACCTGGTAATTTGCTGGGTAAAGTGGTGCAGTCGCCC
ACCTTCATGCAGCCGGAGTTCTTTATCGAAGACGAAAGCACAGGACAACTAACATTCTGTGTAGAGGGTCCTGTCGGTTTAGGATTCTGCTGCTT
CAGTTTGCCCAAAGATTGTTATTTTAAGGTTGGTAGTAGCTTTAACATTCGGAACAGAATATTCAATTATAGTGTTTTTGTTCCCTTACAGATCC
ATTCGGGAGGCAATATGAGGGCTTCCATAGACCACAAATGGCTCGCCAGCAAGTCTCAGTACACCACAAATATATACTTTAGTGACGCCAAGCTA
ACCGCCAAGGAGCGGGCTTTGATACTGGGATCAGCCTTTCTACTGGTACTGTGCTCCTAGTTTATATACATATATCATTTGCCACAATAATGTTT
TGTATTCGTTTTTCAGGAATATCTATTCTTCCAAACCCGCTTTTGACGTGATTAATCAATAAAAAAAAACATTGTATATTCACATTGATTTCTTT
ATTTTTTGTCATTTTTTTGTATAAGATTTTATGTTTGTTTGTGTTTTGTTTTTTTTTTTCTCAGTTTTTTGATATATTTTACAATAATGTAATA
GATCACTTCATTTTCTTGTTGTTTAACCACATACACACATTCAAATATATAGATATATATCTATGTGTATATATAGATTTTGCTGCAGCGCTTGC
CATAGCAGTTTGTACAATATTTCATTTATATCTATCAACTTTGTGTAGTTTGTTTATCTAACCTACCGCTTAATGCATATATGACAACATATTGA
TTATTTACAGTTAGCGTTTTTTTTCATCATTTCGTTTCTCTTCTGTCAAATACAAAATTAAAAGAAACAATTAAATGAGTCTCGTGGTCTCGTTG
TTTAAAGAATTAAAACAAAACTAGGGGCGCAAGTCATTTCTCATTCACCGTTAATAGTTGCGCTTCAAAACTTGGTGTGATAACAATTTGAAATA
AGGAAGAACTACGTGATTTTCAAAGGGCAAAACTTGGATTTGGACATAGAAAACCAATATACTTAGTGTGCGGGTGTGTTCTGGTTCGGTTTGGA
GGTTCATTTTCGGGGCTAGGCCTTAAAAATAACACACTTCTCTCGCTCTCGGATCTTTACATTTGTAGATAGACTCACAGCACTTCAGGAGTTTT
TGCATTTATGCATTTCGAAAACAAATTATGGTTAAGTGTATACAATATAGATAGATTTATAAGTGTGCTCGTTGGTTGGCTTACAATAACTAGGGCTA
GCTGATGACGATTCCTTAACCTAAATACTTAAGAGGCAGATCGAAACGATCTGTGTGGGGTGACTGCCTTTTAAAACCGTAAAAGGCTTTGTATA
TGATTATTTTAGCGCAATTCGCCTAGAGTGTTTACACTGGAATAGCTGACTCGCTTATCTGGCTCCCCTATCGTTTGATTACTACTCGCGATTAG
CCCAATACTAGTTGGGCCCATCATCGAAGAGAGGTGGGTCTTATAGGCTAGCTCTAGAGTAAGTTGTGTGTGTGCCCATATGCGATATGCTTAGA
CATTTGATATGCGCTCGTTGGAGGTGGTTTGGTCATGGCGGCCCTCGATCCTGGAATTGTAGATGCCGTACTGACTGCTGTCCAGGTGGTAGACC
GCGGGATACTGATAACCTCAGCTGGGCTGCAGCATGTACATGTACTGTCAGTTGCTTGCCGCTGCTGAAGCAGCCACGGGAACGGCCACGGGAAC
AGGCAGCTCCTGGCCAGAACGAGCCCGCTTCTCGCCACTGCTTTCCGGTGGATTATCGCTCTCCTCGCCCGTACTGCTGAAACTGCCCGGCAAAC

GACGCTTCAGGCTATGGTTTAGGCCATTGGCCACCGTTTCATCCTCGGACATCGAGCTGGCTCGCTTGGGTGTGTTGCCAGCACTGTCGTTGTCC
AGCGAAGCTATAGCCGAGGCAATTGCGGCACTAAAGCCATCCTCGGACGCACTATCCTGCGAGACGGGACCTGCTGCATCCTGGGCCAGCTGCAT
CATGCCAGAAGGTGTGGTATAGCTACTGAGCTTACCAGGATCCTTCTCCTGCAGTTTCTGGGCCAGCAACTTGAGTGATATCAGCGAATTTTCAC
AGTCGCTTGTATCGATTTCAGTGAGACTAATTCCGGCACGTTCAATTTCAGCATAGGTCCCGAAGGGCAACTTCTGCAGACACTCTAGCTTCTGA
ACATGCGTCTTGGAGCGCAAATGCTTGGCCAAATGCCCATGGATGCGGAAGGCGATCTTGCAGTCGGTGCACTCGAAGGGTCGCGGATTTGAGGT
GGTTGGAACACCAAAAGTCGACGTCATCATAACCTTGTTTTTGTGCGCTTCCGATCGCTCGTGCTTCTGCAGATGTCCTTGCGTGCGGAAGGATA
TGCTGCATGGCTCGCACTTAAACTTTCGCTCCATGTAATGAATATTCATGTGCAGGGTCAGCTGATGTTGCCGCTGAAACGTCTTGGAGCACATG
GTGCAGGTGGGACGTGCATCACCTGCAATGGGAGCTGGCGGCACTCCTCTGCCATACGATACATGCTGGAGATCGCCGCTCTTGCTAGTGGGAGT
AGAGCTTTTGAAGCCATCTTCACCCACAATCACAGTACGCTGCGCGGGCTGAGTTGAGTTGGCAGTGGATGAGGGTGCCACAGGTGCAGCTGTTG
TTGTGCTTACTGAAGTAGCAGTAACAGACGATGTTGGTGGTGCAGTCGGATTTCCAAGTACTCCAGTAAATTCATTGACATCCGGTTGCTGCACT
GCAGCAGGCAGATTGGCATTGTGTGGCTCTGCGATATTAGGCTCCTCGTTTTCTTCCTGGGCAATCTGAGCAAGAATAACCGGGGCCTGTTCAGG
TGCACTCCGAGGTGACTCAATGGCCTCTGGGGTCTTTACTTCGTGCACTTCGATGCTAGGTACCTCATTTACGCTCATAACGGGCCTGCTGTTGG
CGGTAAAGAGAGTGCTACTACTGCTCATTACAGGAGACGCCGCTGTGTATAATGTGTTGATCAGATAGCTGCGGCTAAACTGACTCTGCTTTATC
TTGGCTTGATGCAGCGCATGCTCCTTAATGTAGGTCTGTAGTTGAACATCCTCGCCCTCGGCCTCGTGCTTGGCCTGCTCTTCCATTTCGGCAGA
TATTCGCACTTTGTCCGAAACCGAGATTAGAGTCTTCATGAAACCGCTTTCGTTGCCGGAGGTTCCAAAGATAACATCGTGCATCTGTTGGGCCT
GCGATTTGGGAAGATCATGAGCGGGCACCGAAACAGGCGAGGGGGATATTAATAAGATGGAGCCGCGTGGCTTAGTGAGATCCATGGGAGCACTC
TCCTCGTTGGCCACACTCCGTTTCGGTTTGGACTCCTCCGGATTGGAGTAATACTGTTCCTGCTTTTGGTAGTCGAAAGGCGGCTTCGGCGATGT
AAAGGAGCACACTAATCTTTTAGGTTGCGAACCCGAAGAGCCAATGCTGTTTGCAGGACTGGCCGCTGGTAGGGGTGTATCCTGCAACTGCGGAT
AGGGCGATACGCTCTGCGGTATGGGCGGCGTCATTGATAACGAGAGTAGGCCTCTGGCTGCTTCGTGCTCTTTCTGTCGCGACTTGGACTCATCC
GTATCTGTGAAGAGATTATAATGAATCAGCTATTTGAACATATAAGTGTATATGATTGCTTTCTTACCACTACTTTCAGATTCATTATCACTGTA
GTCATCGGAATCCGATTCCCCAGCCATCGATGATGTGCGTCCTCCTGCCGAAGTGGATGACTGCTGGTCAAAGTCCATATCTACATCCAAGAACT
CGCTGTCTGGCGGCATTGGTCCCGGATTTATTCCCAGTTCAATGCACTTCTTAAAGTGAGTTTTCGATTGCATATGCTTGGTCAGATTTCCCTTG
GTCTTAAAACTGTGGAATGGAACAAAGTTTATAATAAGTTATCTCTTAAGTACGGAAAAAATGCAATGACTCACCTGAAGTTGCAATGGCTGCAT
GTGAATGGCCTCACGTCCGTGTGAGTGCGAATGTGCTTCTTGAGCATCGACGGCTTCTTGCAACGAATTCCGCACTCGGAGCAAACATATCTTCC
CCTTCCGCGGCCACGGATGTACGTGTAATCCTCATGAGACTCGTAGCCACCCACCAGGGGCTGCCCGGATGGACTTGTCTCCAACTTTTTGGCCT
GTGCCTCCTCATTCGCCTTGGCCGCCACATTTGCCTCACTGAGAGCGGCAATCGTGACAGTGGGTGGGGTCTTTAGGGGTCCTTGATAGAAAGCA
CTGCTAGTGGAGGACGTCGAGGGGGAGGATACGATTTGCTGGGAAGCGACTAAGTTGTAGCTAAGTTTTCCCGATCCAGCCATGGCGGTTGAGCT
GCCATTTCCTAACATCCTTTGACGTGAGTCGTAGAGTGCCATAACTTGCTTTAGTTTGAATCCAAGTGGATGTGGCTGGTTCTCCTCGCAAACCT
GCCACACACTATACATCGATAGTTTGTGCATTCCTGCCACATACGAAGGCTGTGGACAGTTCACCGTACAGTAAAACATCTTTGTGCTGCATTTG
AGGCCCAGATATGTGTAGGCGTGTCCATTGAGATACAGTTGCACACAGGATTTGGACGGCCTGGGGGTCTCCGGCGAGATCAGCGGCAATGTATT
GGCTGTCGGTGTAATGCCATGATGGCGTTTAGGAGTAAAAGTACCGGGTTTAAGTGGCAAACTAGTAGGCCGCAGAAACTTGGACTTCGCCGATG
CTGAGGCACTGGCTACGGGACTGGTCTCTTCTGGAGCGTTTCCGTTGGGAGTATCAACATGTAGCGGTGTTAGGGGCAACTCTTGCTGTTTCCCA
GAAATCACATTTTCCAAATTAAAGTGTCGAACTTCAGGTTCAGTGGTCTTCACATTATCAGCCATGCGTAGAAAGTTAAATGGTGCTTTCTTCGG
TGCCTCCTTGCTGTTCCACTGCAGCGCTTGCCGCTGGGCAGGAGTTGGTGGCTGTCGACTGAACTCGCTTGGCACATTCTGAACTCCACCGAATG
GCGATAGGGCCTTCAGTTCACCGGATCCTCCTCCCAACAGCAGCGGACTGGGTTGCTTTCGATTTGGACTGCGACCTCGACTAGAGGGAATGGGT
AGCTGCAGCTGTTGTGGCGGAGGCGGCAGTAGCGGCATTTGTGGTGTCAGACTACCGGGTCCTGGCATTCCAGGCACATGAGGTATTGGTGTTAC
TGGAGTGGTTTTATCTCCACCGCTCATCGGTGGCAGCGTTAGCGGATTGAAGGCAGTTATTGAGTTAATGGGCGGAAATTGAAAGTGCTGCGGAC
CTGAGCTAACGCCGAGAAGTCCACTGCCACTGACCAGTGCCATCAGCTTGCGCTCCTTACTGGATGATCCTGTTTCGTTGTTGACTTTGACCGAA
ACATCCTGGAAGCTTCCGCCGGACAGCAACGGTGTTCTAATCATCTTGGGGCTGTTGTCCAAGTCTGGGCACTCCGAAATGGGAATCATGCTGCC
TCCCGAAGAGGTGAATCTGCGCAGTCGCTCCTCCTTGGAGGACTGCAATTCCGGCACACTATTACTGCTATTCTGATTATTAAAGGAAAAGTTGA
AACTTGTCGGTTGCTGAGAGGAGGATGCTACAACCAAATCGCTAGTCTTGATGCGTTTGGCAGGCTGAGCTTCAATCACAAATTGCCGATCCTCG
TGCATTTTGGTTATGACCACAGAATCCTGGGCCTTGCGTGGTGTACTTTGCTGAGCATAGTCCACTAAGGGAGTTTTTCCCAACAATGGACCAGG
CGATGGTAGAGGCGCATCCACAAAGCGCAGTGCTTCAATCTGGGGGGCAGGTGCTGATGATGGAGCAGTGACCGTAGCAACAGCAGGAGCTGGGG
CAGAAGCGGTTACAGTGGGAGCTGTTACAGTTGATGTCCTTGCTGGCGTCTGTGCTGCACTTAGGCGACTTAATACCAAACTGCTCCTTTTGGTC
TTCAACTGCGACCAGGCCAACTTGGCCAGAGATAAGGGATTCTTCGAGTTGGCCATGTGGCTCTTCAGCTCCGGTAGACTCAGCGAGATCGAGTT
GGAGCGGAATGGCGAAGATGCTGGACTCATTGGGGCACTTGAGCTCGCATCCTGACAGTAAGTGCTGTTGTGCAGCTTCAAATCGTCCGCACTGC
GGAATTCGCTTGCACAGATAGGACACGAATAAACAGCATCATCGCCTTCGCCAATCGGCACGGCCAATCCTCGAGCATTAAGCAGTAGGTTCTTA
ATTATCGAGTTATTAACCTGAGCAGGTGGTGGAGCAGTTTTGGAGCTACTAGTCGGATTGGTAGAAGTCGTTGGAGTCGGTGCCAGAGAACTGGT
GGACAAGGAACTGACGGGCACAGTGACCAGAGTTGGTTTAGGCTTCGCTGATAGATTCAGAGGCATAACAGGCACTGCCGTCGTCGGTTGCTCAA
TTTTCGTCACTGGTGTTGCAGGATCCTGGCGATATTGCATTGTTTGCATGGGCAACGGGGACGGCGGTGGAGGAAGTTGCTGCTGTTGCTTCACC
GGCGTAGTCATCACTACTCCAGGCTTATAGGCATTCCTTTTAACCACCCCATTTGGTGGTTCGAGCTGTTGCTGTTGGCATTCCTGTTGCTGTTG
GATGTACGTATAGTAGTTCTGTTGCTCGAGCTGCTGCTGCTGCTGGGTTATCTGCTGCTGTTGCTGTTGCTGAAGCTGATGTTGCTGTTTCT
GGAAGATGGCCTGTGCCAAATTCACTTTAGTCTCGCGCTCCGGCATCTGTGCGTTGGTGTTGTTTTGACTATTGTTTGCATGCAATGCCGACGCG
TTGCTCCCGTGCTGCGAAGCATTATTGCTGTTGGCATTGTTGAAACTGCGGGAACGACTAAGCTGTTTGGGGTACTTCTTCTGCAACAATATCTC
CTTGTTTTCAACTATGGCTTCATTTTGAGAGATCAACTTGGAAATGTGTTCCTGCACTTTCGCCACATTCTGAAAAGGATAACACAAATTTTAGT
TTAGTTTTTCTGTAAAAATAAACTTTTAGTGCAACACTCACTACTTGCTTGCCACCACTTGAGCTGGCAAAAGTGCTGAGATTGGCGGCGGGCGT
GGGAGTGGCTGGTGCTGTTGCTACACTGGAAATCTGGCTATTGGCACGCACCAACTGTAAACAATAAAGGTATATAGATTATAATTAATCTCCTC
GTTCAAAAACAATCGTTCTTAACCAACCTGTTGCGGCGGGAGACTCGGAGGTTGTTGCATTGGTGGTGTCGCCTTGACCAACGGTGGGTGTTGCT
GCTGCTGTTGTTGCTGCTGCTGTGCCAGGTGGATTTGGAATTGCTGAATGGCTAACGCATGCTGGTGAATGGCAGCCGCTGTATCTTGGTTGTAG
TATGAAGGTTGCCCCAGGTAATACACCCCGCCAGGTGGCATGGCAGCTAGCAATGATTGCTGGGCCAAAAGGGATTGCTGCTGCTGCAATTGCAA
CTGGATCTGATGCGAGTTAATGTGGTGCTTCATCTTCATTTGCGTGCTTGGCGAAAGCGTGGGATGCGCCAGTGACGGCTGCTGAACCAGAGGAA
GCTGAATGGACAGCTTTTGCTGCGCCAATTGGTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTATCTGCAGTTGCTGCTGCTGCTGTTGCAGCTCCTTACTGCTA
CATGAGTACAACGAGGCATTGTGGAACTTGGGCTTATATGGCTTATAGTCGATCGACTGGCGATGCTGGGCAGTGGCCGAGTGGTGATTGTCCGC
TGTGGTGGGTGGCAATGTTCCTGCTGCCGGCGAGCCCAGAGGCAATTGCTGCATGTAAGTGGGCAGCGGAGGCTGTTGAATGTATGCGCTCTTGG
CCGCAGACAGTGTGGAAGGTGAGGGTGTGGGCGAATTGATTGGCTCCTCGTAAGGCGAACCAGCGCGACTCGGCTGCAAAAACGTAAGGAGTTAC
ACATGTTTGCGATAACAATCACAGTTATATTTGACTTACCAACTCTGAACTACTGTTGCTCAGCTCTGCATCCTGATCGGATAAACCATCGTCCG
CATCGGCTGGCACTTCCAGGCCCCGCGCTCTTGCCGCATGCGATCTCGAGCGGCAATGTTTGTACAAATTACTCTTCGTCTTAAACGCAATGCCG
CACGTGTCGCACGGATACGGCCGTTCGTTCGTGTGGGCCCGTATGTGCTTCTCCAGCACCGAGGGCTTGGCACAGATCAAGTTACAGTACTGACA
AACGTATCGTCCGGACTTCTCGCATGCAGGATTTGGCGCTGCTGCTCCGCCTGGAATACCAGGACTCACTGTTGTTGGCTGCGTCAATTGCTGAT
GCTGGGCAAATGAAGCCGGTGACAGTGTGGCATTTGCTGCATGGTTACTGTTGCTGTTGCTGGTGCTGTTCGTGTTACTGTTGCTGTTGGCTAGA
GGCGTTCGCGTTCTTCCCGCCGCTTTGTAGCCACTATTGCTGATGATGCTCTCCTCATGACCAATGGCATTGACATGATTGCTATTTACAAAATT

GGCACTGAATTCATGTATTGCTACTGAAGGCGGCGGCGTCTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCACTTGCTGGTGGCTTTGTTGTTGGGTCATCA
GATGGTGACCGTTGGCCAGCGGCGTTGTTGGTGGCGGTGAAAGCGAACTGTTTGAGGAGAGCGATGTGGTGCGAACGGCATCGCCACTTGCTTGC
AGTGCTCCGCCGCCATTCGTCGCACTCCAGCTGTCCACCTCGGTGGTGCTGGCCAAACGTTTGAACTTCTTGTGCAGATAGCGTGAAATATTTGA
CCGATCCCCCAACGGAGCCTCATCGGTGGCGGGTGTGGCATTTACGGTGGTCTGCTGGCTGTTGATGATGCTCGAGTTGCTCATCGTGTTGGCCA
CATTGGGAGCCACTGGCTCCTGGTTGCTGCTGACTGCTGCCATCTGTTGTAGCGTCATTTTGCTATCACTTAGACTTGCTTTATCTCTACTCTTA
AATTCATAATTATTCTCACTAATACTATTATCACTGTGGTGGTTGTTGTTGTTATTATTACTTGTGTTGTTATTGTTATTATTATTATTGTTGTT
GCTGATGATGTGGTTGCTGTCAACAGTCGGCAGCGGCACCTCGCCTAGCTTATCTCGTGTGCTTGTGCTGGGTTTGCTGCTGCTGTTGCTGTTGC
CACTAGCAGCATCTGTTGTTGCTGCTGCTGTTGCTGCCGCTTTAGAAGCTGTTAATGTTGCATCTGTTGCTGTTGCTGTTGCAGATGCTGATGCT
GATGCTGTTGCCTCTGTTGCTGCTGCCAATGCAATTGCTGCAGCGATGTTGGCCTTGTTGGTTGATCTCTGAGTGACTATGGTTGCTGTTGCAGT
TTCCCGATATGTCCGCTTCTTGGTTGGCGTTGCTGCTGTTGTTACTGTTGTGGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCCGCTGCTGCTGTGGCAC
GTCGCGTATTGTTCACTTTATTGGTCTTGTACTGTTTGCCTGCGGTTTTGTAATGCTTGGCCGTTGTGGTGGTTGCATTTTCCATATTATTATCG
AATTTATTATCCTGTGACGTATTTGCAGTGGGCTCATCTATACCGAAACGAGAAGATAGAGGGAGAGGGAGAGAGAAAACCGAAATTAATTCAAT
GTGTTTCGCATAATTTAATTTAAATAGCAATGCTAATTGATACATTCATGATAAGCCCATTTATATACACTGATATCCCTGCTAGGTAATCCAGT
AGAAATCAACCACATCTGACTTTGTGGATTTGCAAATCTTCGGACGATTAAATATTTAATATTAGTTTCTAATACACCCTTGTCCCCTATAAGTC
CTCACATGATTAGTGAGAGGTTTGGTTTTATCTTTTATATGTTAATTGCGCTGTTATGTTACTGTTACTGCATTGTATTGATTCATCGCTTCTAA
ATAAATAAATATATAAAAAAAAAAAACCCTTGTCCCCTGGCCAATAAACATCTGCGGTTTGCATTTGGGTTTCCCAAGACGAGTTCCCTGCCCAT
ATAGTACACTTTTATTTCGAGCCCCATTATCAGCACTAATTCGGGCTCAATCTTATCAACGCGTAGCCGAGAATGCCAGATACGGAGCACGCTAA
TTCTCTCCATGGCGATCAATCCGTCAGGTGAATCACAAGCTGGCGAATTCCCGTGCTCTATTGAAAATCAATTTCCCACTCTGTGAACGTGTCAA
CATCGATAAAGCACAGTGGCGAAAATATACGAACACACACAAATGTATATTCGCCTTGTTTCTTTTTATCAACTTTCTATTTTGAATTCCCAACT
TAGCTGGGGTTCAGGCCCCACCTGCCGAAAACCAGACATGCGACCAAAAGATACAAAAATCCAAGAAAAGTGACAAGTGAAGTGTAATGACTGGT
GTCGCTGGCATTTCGTTTGTTGTTGGGGGCTTCCTTATCACCGCTCGTGCACACATGTGTGACAACAGTGCGTATCAGTACTGTAAAGCTGCTGG
CAGGTGTGTGATTAGCAATGGGATTATAAAGCGTTGCCAAATATGAAGAGTGAGTATTTGAGAACTCCATTTGCTCGCATTAATTAAGGCTTCAG
TTTGAAAAACAATTTAGGCAGTCTTTGGTAAATTCTTTGTTTTGTGCATGCCAAACGAAACGAAAAGCTGCAAAAATCTTTTAAAAATTTTTCAC
TTTTGCTGCTATTTATGTGAGCCCCACTGTCTGCATAGATGGTATTATATGACTCTTGGCCGGCTGGGCTGTCGGGCGATTAGTAAGCCGGGGCA
GTTCTCAAATCACAATCGCACACAGACTGAACACAAAAAACGCTCACTGGCAACCGAGCTGGGTCGCGTTAATTGACTCGACTGCGGCGACTGTT
TAGCATTCAGCGTTATTATTATACACATTATACGGCATTATGCGATCGCAGCGACTCTCGTCGCGTACCAATGTTTACTCAATTTGTTATCAGCA
CGGCTGGCTAATAAGGCTTTCAAACCGTGCGACCGCAAAAAAAAAAAATAAATAAATAAAAAAAAAATGAAAAAAATTGCCCAAAAGTTCCATTGA
TAATGCCAAGCTCTACATGCACAGGCGGTAAGGTAAGTATTTTCGGTACGTGTGTTTGCCAGATTCATTATCAGTTATCAGTGGGGACTATCGTG
CGCGCCTGAGTCAGAAACAGAGCACCCGATAAGCGAGCCCCGTTGTAAGCCACCAAGTGATTGCCAATTTGCCGGAGTTCAGACGCGTTGACGTC
AGTTATCCGATACGTAGTACTATTCGTTCGCAATCGTAAGGGGCTATATCAGATTGTCAACTCATTGGGCAATTAAGTGGCATTCGCTGGCGATT
AGCTGTTCGAGGATACAAATCCTAATTACATAATCATGTGTAGTAAATATGTGTATGCACTCGACTTATTAATAAAACGAGTGAGTGGGTCAATT
ACAAGGCGCCAACTGCGCCACAATTGAAATGCATACATATGTGTGGCGATTACACGGAATGTGTTGTTTCTTGCTAGTGAAAACAAAAGCGGAGC
AGACAGTGTGTGTGAGCATTTTGACTAAATAAGTAGAATAAAGTTTAATAACACAACGCCCAGAATCTGTCTTTCGAAATAATATTTACATTTGT
GTTCATTCGCTGTGCGAGAAACTATTGAAGTTCAACTGTACATAATGACAAAGTGGGCTATACATTCATTATACAGCAGAAACTGGCGAAACTAA
TGCCATCATCTACAGTCACGACAGTATAATAAAGTCAAGCGGGAATAAAGAAGATAAGCTAATCAGAAGTAGGCGCTTATAAAAACGCCAGCAAT
TAAAACCAGAATACTCATATGCAAGATACCCCGCCACCCAATGTGCAAACAATTAGCGCAAAGTGCACAGTGACGTTTAAAGATCCCAAGTTCGT
TTATCCACCATTTAGTTTATTGTTAGCCACGTAAATCCAATTGTCAGAGTCATCAATATCAATACGACGTTTTCATTATCACGAACTTTTGTTTA
ACGATCGGGGGTCTTCTAATTACGCCTGTTTGCCAGCATTTTGAGGCGTGAAAACGGCAAGTGAACGCGAAACACATGGGAACGTATTTCAATAT
ATGTGAACAAACTGGAACTGCATTTGCATTGGCATTTTCATTTGCATGCACATTTTTATTGAGCCAAGCGAAATACAATTGCCCCTGTTCAAAGT
GCACATAAATAAAGCGCCACGGCAAATAATCGAATAGGGTTCGGTACACTCTTACAAATATCTAAAAATTGGTTGCAATTAGTAGTTCTTCTAAC
CAGTAAATAAACACACAATCTTAGATTTTAAACACCAACTTCCGCGCCAAACTTCATGAATATCTAAGATACATAAATAAATCACTTCTTATTAA
ATCATATTTACATTTGTTCAGAGAGTTTGTTTTTCGAAGCATATGGAAATGCTGGCATTGTTTCTGTGTAGAAAAGCTTGATAAGTTTGCAGCTC
ATATTGAGCACACGCTATCTCGCCTACGTCACAAGTGCATTTCGCGTTTGACTGAGTGACTGCCTGAATTCGAAATTATAATAAAACCAAAAAAA
AAACGAGAATACATATAAAAACACCCACACCAGCGCAGCGAAATAATGAAAAATAAATAACAAAATCAACGAGGTGCGGCGGCAACGGCGCCACA
AAGTCCACACATCTGTCTGACGGTCAGTCTGTCAGTCCGTCACTCTGTCAATCGGTCATTCGCTCAATCCGCGCGATGACGACTACGTCATCGCA
GAGCAAAAAGCACTAAGCACTCGCCCACTTGGCAATTGTTTATAATTTATTAGTAAGAAGCGTTTTACAGCGGTTGAGCAGAACGAACGAAAAAT
GCATATGTAATAGTATAATACGTCAAAAAAAATTCGCGGAAAAGATTCCGAAATTCCAGCGAACGGCCAAAATGCGAAATGCCCGACAAAAATGA
CGAAAACGGCACAAACGGTAAAGAGAAACATACCCAAGTTTAATTGTGACCACACGCATTTTTCCGCCTGTACCGCTCATTTGCATAGTTGGTGT
TGTTGTTCGTTTGGTTTGAAGCGCAACAATTGGAAGTGCACGGCGAGAAAAATCTGGCGGCGCGAATAGCAAGAAATCGAAAAGGCGACAATCGA
CAATCGACGACAACCGACGCGCCTGAAACATTTAAGGCAACTAGACGAGGCGACCAGCGAAATTCATTCAGAGTGTGCTCAGCGTGTGTGCTTGT
GTGTGCATGTGTGTGGTGTGTGCGAAAAGAAAACGAAGAAGCGACCGAACGAAGCAAAAACAACAAGTAAGAAGCCCAAAGTCGCACTAGTCGAC
TACAATGTACCCTTGAGTGGCAGTAAAAGTTATTCTTACTACAAATTACGTATAATTAGTAGGAATAGGCTAAACGTTTTGGCATTCTGCGATTT
TGAGTTGAGCATAACGAAAATATCAGTTCAGAAAATAAGTATATATTAGGAAAGTTGAAGTCTTCATGCCCGAAAAGGTTTTATAGGGCAGTCTA
TATCCCAGAATATTCGGTAGTAGCTCCAATAGATCATAAGCTTATTAATTTTTCTCATATTGAAAATACATCTGTATTCAAATAAAGATAGGTGG
AAAGATTTCTTGCTATAGCGTTTTTTGGTAAATCTATTAATTGGTATAATATTAAGAAGTTGTTTTGTAATATCTTTACTTATTTTAAAAATGCC
ATATACCCATGTTTTCATTCAGTTACTGAGTGTTAAAGAGGCGCGACGTCAGCGCAGGCAGCAAAAAAAGTACAATAATCAAATAATTGCGGCAG
CTTCGTCGTCGCCCCCCGCACACTCACACACAAACACACACATGTGCTCTCAATCTCCTCTCCACTCATTCGCAATTGTCAATCAAATGTAAGCA
CAGGGTCGCCACTTCTTTTTGTTCAGCTTTTGATTTTGCGGCAGCCACTGAGAAATGATCAAATCAAGCAAAAATTAAGACTCAAAAAAAAGTAT
AAAAATTAAACAACAACAGGTGACGCGAAGTACGAAGCGAAATGAAACGAAACGATTCGAAATGAAAGACTGTCGCCAGCCAGTCAGACGTTGCT
GTTGTTGCTGCAGTTGTTGTTATTTCCCCCTATTGTTGATTACGTACCCCATACACACACACTCACACACAAGTGCGC
(SEQ ID NO: 874)

Exon: 13708..13524
Exon: 10107..8495
Exon: 8433..7723
Exon: 7654..7547
Exon: 7479..4445
Exon: 4379..4153
Exon: 4089..1001
Start ATG: 10060 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT23537

TTTCAGGCGCGTCGGTTGTCGTCGATTGTCGATTGTCGCCTTTTCGATTTCTTGCTATTCGCGCCGCCAGATTTTTCTCGCCGTGCACTTCCAAT
TGTTGCGCTTCAAACCAAACGAACAACAACACCAACTATGCAAATGAGCGGTACAGGCGGAAAAATGCGTGTGGTCACAATTAAACTTGGATGAG
CCCACTGCAAATACGTCACAGGATAATAAATTCGATAATAATATGGAAAATGCAACCACCACAACGGCCAAGCATTACAAAACCGCAGGCAAACA
GTACAAGACCAATAAAGTGAACAATACGCGACGTGCCACAGCAGCAGCGGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACCACAACAGTAACAACAGCAG
CAACGCCAACCAAGAAGCGGACATATCGGGAAACTGCAACAGCAACCATAGTCACTCAGAGATCAACCAACAAGGCCAACATCGCTGCAGCAATT
GCATTGGCAGCAGCAACAGAGGCAACAGCATCAGCATCAGCATCTGCAACAGCAACAGCAACAGATGCAACATTAACAGCTTCTAAAGCGGCAGC
AACAGCAGCAGCAACAACAGATGCTGCTAGTGGCAACAGCAACAGCAGCAGCAAACCCAGCACAAGCACACGAGATAAGCTAGGCGAGGTGCCGC
TGCCGACTGTTGACAGCAACCACATCATCAGCAACAACAATAATAATAATAACAATAACAACACAAGTAATAATAACAACAACAACCACCACAGT
GATAATAGTATTAGTGAGAATAATTATGAATTTAAGAGTAGAGATAAAGCAAGTCTAAGTGATAGCAAAATGACGCTACAACAGATGGCAGCAGT
CAGCAGCAACCAGGAGCCAGTGGCTCCCAATGTGGCCAACACGATGAGCAACTCGAGCATCATCAACAGCCAGCAGACCACCGTAAATGCCACAC
CCGCCACCGATGAGGCTCCGTTGGGGGATCGGTCAAATATTTCACGCTATCTGCACAAGAAGTTCAAACGTTTGGCCAGCACCACCGAGGTGGAC
AGCTGGAGTGCGACGAATGGCGGCGGAGCACTGCAAGCAAGTGGCGATGCCGTTCGCACCACATCGCTCTCCTCAAACAGTTCGCTTTCACCGCC
ACCAACAACGCCGCTGGCCAACGGTCACCATCTGATGACCCAACAACAAAGCCACCAGCAAGTGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAGACGCCGC
CGCCTTCAGTAGCAATACATGAATTCAGTGCCAATTTTGTAAATAGCAATCATGTCAATGCCATTGGTCATGAGGAGAGCATCATCAGCAATAGT
GGCTACAAAGCGGCGGGAAGAACGCGAACGCCTCTAGCCAACAGCAACAGTAACACGAACAGCACCAGCAACAGCAACAGTAACCATGCAGCAAA
TGCCACACTGTCACCGGCTTCATTTGCCCAGCATCAGCAATTGACGCAGCCAACAACAGTGAGTCCTGGTATTCCAGGCGGAGCAGCAGCGCCAA
ATCCTGCATGCGAGAAGTCCGGACGATACGTTTGTCAGTACTGTAACTTGATCTGTGCCAAGCCCTCGGTGCTGGAGAAGCACATACGGGCCCAC
ACGAACGAACGGCCGTATCCGTGCGACACGTGCGGCATTGCGTTTAAGACGAAGAGTAATTTGTACAAACATTGCCGCTCGAGATCGCATGCGGC
AAGAGCGCGGGGCCTGGAAGTGCCAGCCGATGCGGACGATGGTTTATCCGATCAGGATGCAGAGCTGAGCAACAGTAGTTCAGAGTTGCCGAGTC
GCGCTGGTTCGCCTTACGAGGAGCCAATCAATTCGCCCACACCCTCACCTTCCACACTGTCTGCGGCCAAGAGCGCATACATTCAACAGCCTCCG
CTGCCCACTTACATGCAGCAATTGCCTCTGGGCTCGCCGGCAGCAGGAACATTGCCACCCACCACAGCGGACAATCACCACTCGGCCACTGCCCA
GCATCGCCAGTCGATCGACTATAAGCCATATAAGCCCAAGTTCCACAATGCCTCGTTGTACTCATGTAGCAGTAAGGAGCTGCAACAGCAGCAGC
AGCAACTGCAGATACAGCAACAGCAACAGCAACACCAATTGGCGCAGCAAAAGCTGTCCATTCAGCTTCCTCTGGTTCAGCAGCCGTCACTGGCG
CATCCCACGCTTTCGCCAAGCACGCAAATGAAGATGAAGCACCACATTAACTCGCATCAGATCCAGTTGCAATTGCAGCAGCAGCAATCCCTTTT
GGCCCAGCAATCATTGCTAGCTGCCATGCCACCTGGCGGGGTGTATTACCTGGGGCAACCTTCATACTACAACCAAGATACAGCGGCTGCCATTC
ACCAGCATGCGTTAGCCATTCAGCAATTCCAAATCCACCTGGCACAGCAGCAGCAACAACAGCAGCAGCAACACCCACCGTTGGTCAAGGCGACA
CCACCAATGCAACAACCTCCGAGTCTCCCGCCGCAACAGTTGGTGCGTGCCAATAGCCAGATTTCCAGTGTAGCAACAGCACCAGCCACTCCCAC
GCCCGCCGCCAATCTCAGCACTTTTGCCAGCTCAAGTGGTGGCAAGCAAGTAAATGTGGCGAAAGTGCAGGAACACATTTCCAAGTTGATCTCTC
AAAATGAAGCCATAGTTGAAAACAAGGAGATATTGTTGCAGAAGAAGTACCCCAAACAGCTTAGTCGTTCCCGCAGTTTCAACAATGCCAACAGC
AATAATGCTTCGCAGCACGGGAGCAACGCGTCGGCATTGCATGCAAACAATAGTCAAAACAACACCAACGCACAGATGCCGGAGCGCGAGACTAA
AGTGAATTTGGCACAGGCCATCTTCCAGAAACAGCAACATCAGCTTCAGCAACAGCAACAGCAGCAGATAACCCAGCAGCAGCAGCAGCAGCTCG
AGCAACAGAACTACTATACGTACATCCAACAGCAACAGGAATGCCAACAGCAACAGCTCGAACCACCAAATGGGGTGGTTAAAAGGAATGCCTAT
AAGCCTGGAGTAGTGATGACTACGCCGGTGAAGCAACAGCAGCAACTTCCTCCACCGCCGTCCCCGTTGCCCATGCAAACAATGCAATATCGCCA
GGATCCTGCAACACCAGTGACGAAAATTGAGCAACCGACGACGGCAGTGCCTGTTATGCCTCTGAATCTATCAGCGAAGCCTAAACCAACTCTGG
TCACTGTGCCCGTCAGTTCCTTGTCCACCAGTTCTCTGGCACCGACTCCAACGACTTCTACCAATCCGACTAGTAGCTCCAAAACTGCTCCACCA
CCTGCTCAGGTTAATAACTCGATAATTAAGAACCTACTGCTTAATGCTCGAGGATTGGCCGTGCCGATTGGCGAAGGCGATGATGCTGTTTATTC
GTGTCCTATCTGTGCAAGCGAATTCCGCAGTGCGGACGATTTGAAGCTGCACAACAGCACTTACTGTCAGGATGCGAGCTCAAGTGCCCCAATGA
GTCCAGCATCTTCGCCATTCCGCTCCAACTCGATCTCGCTGAGTCTACCGGAGCTGAAGAGCCACATGGCCAACTCGAAGAATCCCTTATCTCTG
GCCAAGTTGGCCTGGTCGCAGTTGAAGACCAAAAGGAGCAGTTTGGTATTAAGTCGCCTAAGTGCAGCACAGACGCCAGCAAGGACATCAACTGT
AACAGCTCCCACTGTAACCGCTTCTGCCCCAGCTCCTGCTGTTGCTACGGTCACTGCTCCATCATCAGCACCTGCCCCCCAGATTGAAGCACTGC
GCTTTGTGGATGCGCCTCTACCATCGCCTGGTCCATTGTTGGGAAAAACTCCCTTAGTGGACTATGCTCAGCAAAGTACACCACGCAAGGCCCAG
GATTCTGTGGTCATAACCAAAATGCACGAGGATCGGCAATTTGTGATTGAAGCTCAGCCTGCCAAACGCATCAAGACTAGCGATTTGGTTGTAGC
ATCCTCCTCTCAGCAACCGACAAGTTTCAACTTTTCCTTTAATAATCAGAATAGCAGTAATAGTGTGCCGGAATTGCAGTCCTCCAAGGAGGAGC
GACTGCGCAGATTCACCTCTTCGGGAGGCAGCATGATTCCCATTTCGGAGTGCCCAGACTTGGACAACAGCCCCAAGATGATTAGAACACCGTTG
CTGTCCGGCGGAAGCTTCCAGGATGTTTCGGTCAAAGTCAACAACGAAACAGGATCATCCAGTAAGGAGCGCAAGCTGATGGCACTGGTCAGTGG
CAGTGGACTTCTCGGCGTTAGCTCAGGTCCGCAGCACTTTCAATTTCCGCCCATTAACTCAATAACTGCCTTCAATCCGCTAACGCTGCCACCGA
TGAGCGGTGGAGATAAAACCACTCCAGTAACACCAATACCTCATGTGCCTGGAATGCCAGGACCCGGTAGTCTGACACCACAAATGCCGCTACTG
CCGCCTCCGCCACAACAGCTGCAGCTACCCATTCCCTCTAGTCGAGGTCGCAGTCCAAATCGAAAGCAACCCAGTCCGCTGCTGTTGGGAGGAGG
ATCCGGTGAACTGAAGGCCCTATCGCCATTCGGTGGAGTTCAGAATGTGCCAAGCGAGTTCAGTCGACAGCCACCAACTCCTGCCCAGCGGCAAG
CGCTGCAGTGGAACAGCAAGGAGGCACCGAAGAAAGCACCATTTAACTTTCTACGCATGGCTGATAATGTGAAGACCACTGAACCTGAAGTTCGA
CACTTTAATTTGGAAAATGTGATTTCTGGGAAACAGCAAGAGTTGCCCCTAACACCGCTACATGTTGATACTCCCAACGGAAACGCTCCAGAAGA
GACCAGTCCCGTAGCCAGTGCCTCAGCATCGGCGAAGTCCAAGTTTCTGCGGCCTACTAGTTTGCCACTTAAACCCGGTACTTTTACTCCTAAAC
GCCATCATGGCATTACACCGACAGCCAATACATTGCCGCTGATCTCGCCGGAGACCCCCAGGCCGTCCAAATCCTGTGTGCAACTGTATCTCAAT
GGACACGCCTACACATATCTGGGCCTCAAATGCAGCACAAAGATGTTTTACTGTACGGTGAACTGTCCACAGCCTTCGTATGTGGCAGGAATGCA
CAAACTATCGATGTATAGTGTGTGGCAGGTTTGCGAGGAGAACCAGCCACATCCACTTGGATTCAAACTAAAGCAAGTTATGGCACTCTACGACT
CACGTCAAAGGATGTTAGGAAATGGCAGCTCAACCGCCATGGCTGGATCGGGAAAACTTAGCTACAACTTAGTCGCTTCCCAGCAAATCGTATCC
TCCCCCTCGACGTCCTCCACTAGCAGTGCTTTCTATCAAGGACCCCTAAAGACCCCACCCACTGTCACGATTGCCGCTCTCAGTGAGGCAAATGT
GGCGGCCAAGGCGAATGAGGAGGCACAGGCCAAAAAGTTGGAGACAAGTCCATCCGGGCAGCCCCTGGTGGGTGGCTACGAGTCTCATGAGGATT
ACACGTACATCCGTGGCCGCGGAAGGGGAAGATATGTTTGCTCCGAGTGCGGAATTCGTTGCAAGAAGCCGTCGATGCTCAAGAAGCACATTCGC
ACTCACACGGACGTGAGGCCATTCACATGCAGCCATTGCAACTTCAGTTTTAAGACCAAGGGAAATCTGACCAAGCATATGCAATCGAAAACTCA
CTTTAAGAAGTGCATTGAACTGGGAATAAATCCGGGACCAATGCCGCCAGACAGCGAGTTCTTGGATGTAGATATGGACTTTGACCAGCAGTCAT
CCACTTCGGCAGGAGGACGCACATCATCGATGGCTGGGGAATCGGATTCCGATGACTACAGTGATAATGAATCTGAAAGTAGTGATACGGATGAG
TCCAAGTCGCGACAGAAAGAGCACGAAGCAGCCAGAGGCCTACTCTCGTTATCAATGACGCCGCCCATACCGCAGAGCGTATCGCCCTATCCGCA
GTTGCAGGATACACCCCTACCAGCGGCCAGTCCTGCAAACAGCATTGGCTCTTCGGGTTCGCAACCTAAAAGATTAGTGTGCTCCTTTACATCGC
CGAAGCCGCCTTTCGACTACCAAAAGCAGGAACAGTATTACTCCAATCCGGAGGAGTCCAAACCGAAACGGAGTGTGGCCAACGAGGAGAGTGCT
CCCATGGATCTCACTAAGCCACGCGGCTCCATCTTATTAATATCCCCCTCGCCTGTTTCGGTGCCCGCTCATGATCTTCCCAAATCGCAGGCCCA
ACAGATGCACGATGTTATCTTTGGAACCTCCGGCAACGAAAGCGGTTTCATGAAGACTCTAATCTCGGTTTCGGACAAAGTGCGAATATCTGCCG
AAATGGAAGAGCAGGCCAAGCACGAGGCCGAGGGCGAGGATGTTCAACTACAGACCTACATTAAGGAGCATGCGCTGCATCAAGCCAAGATAAAG
CAGAGTCAGTTTAGCCGCAGCTATCTGATCAACACATTATACACAGCGGCGTCTCCTGTAATGAGCAGTAGTAGCACTCTCTTTACCGCCAACAG
CAGGCCCGTTATGAGCGTAAATGAGGTACCTAGCATCGAAGTGCACGAAGTAAAGACCCCAGAGGCCATTGAGTCACCTCGGAGTGCACCTGAAC

AGGCCCCGGTTATTCTTGCTCAGATTGCCCAGGAAGAAAACGAGGAGCCTAATATCGCAGAGCCACACAATGCCAATCTGCCTGCTGCAGTGCAG
CAACCGGATGTCAATGAATTTACTGGAGTACTTGGAAATCCGACTGCACCACCAACATCGTCTGTTACTGCTACTTCAGTAAGCACAACAACAGC
TGCACCTGTGGCACCCTCATCCACTGCCAACTCAACTCAGCCCGCGCAGCGTACTGTGATTGTGGGTGAAGATGGCTTCAAAAGCTCTACTCCCA
CTAGCAAGAGCGGCGATCTCCAGCATGTATCGTATGGCAGAGGAGTGCCGCCAGCTCCCATTGCAGGTGATGCACGTCCCACCTGCACCATGTGC
TCCAAGACGTTTCAGCGGCAACATCAGCTGACCCTGCACATGAATATTCATTACATGGAGCGAAAGTTTAAGTGCGAGCCATGCAGCATATCCTT
CCGCACGCAAGGACATCTGCAGAAGCACGAGCGATCGGAAGCGCACAAAAACAAGGTTATGATGACGTCGACTTTTGGTGTTCCAACCACCTCAA
ATCCGCGACCCTTCGAGTGCACCGACTGCAAGATCGCCTTCCGCATCCATGGGCATTTGGCCAAGCATTTGCGCTCCAAGACGCATGTTCAGAAG
CTAGAGTGTCTGCAGAAGTTGCCCTTCGGGACCTATGCTGAAATTGAACGTGCCGGAATTAGTCTCACTGAAATCGATACAAGCGACTGTGAAAA
TTCGCTGATATCACTCAAGTTGCTGGCCCAGAAACTGCAGGAGAAGGATCCTGGTAAGCTCAGTAGCTATACCACACCTTCTGGCATGATGCAGC
TGGCCCAGGATGCAGCAGGTCCCGTCTCGCAGGATAGTGCGTCCGAGGATGGCTTTAGTGCCGCAATTGCCTCGGCTATAGCTTCGCTGGACAAC
GACAGTGCTGGCAACACACCCAAGCGAGCCAGCTCGATGTCCGAGGATGAAACGGTGGCCAATGGCCTAAACCATAGCCTGAAGCGTCGTTTGCC
GGGCAGTTTCAGCAGTACGGGCGAGGAGAGCGATAATCCACCGGAAAGCAGTGGCGAGAAGCGGGCTCGTTCTGGCCAGGAGCTGCCTGTTCCCG
TGGCCGTTCCCGTGGCTGCTTCAGCAGCGGCAAGCAACTGACAGTACATGTACATGCTGCAGCCCAGCTGAGGTTATCAGTATCCCGCGGTCTAC
CACCTGGACAGCAGTCAGTACGGCATCTACAATTCCAGGATCGAGGGCCGCCATGACCAAACCACCTCCAACGAGCGCATATCAAATGTCTAAGC
ATATCGCATATGGGCACACACACAACTTACTCTAGAGCTAGCCTATAAGACCCACCTCTCTTCGATGATGGGCCCAACTAGTATTGGGCTAATCG
CGAGTAGTAATCAAACGATAGGGGAGCCAGATAAGCGAGTCAGCTATTCCAGTGTAAACACTCTAGGCGAATTGCGCTAAAATAATCATATACAA
AGCCTTTTACGGTTTTAAAAGGCAGTCACCCCACACAGATCGTTTCGATCTGCCTCTTAAGTATTTAGGTTAAGGAATCGTCATCAGCTAGCCCT
AGTTATAAGCCAACCAACGAGCACACTTATAAATCTATCTATATTGTATACACTTAACCATAATTTGTTTTCGAAATGCATAAATGCAAAAACTC
CTGAAGTGCTGTGAGTCTATCTACAAATGTAAAGATCCGAGAGCGAGAGAAGTGTGTTATTTTTAAGGCCTAGCCCCGAAAATGAACCTCCAAAC
CGAACCAGAACACACCCGCACACTAAGTATATTGGTTTTCTATGTCCAAATCCAAGTTTTGCCCTTTGAAAATCACGTAGTTCTTCCTTATTTCA
AATTGTTATCACACCAAGTTTTGAAGCGCAACTATTAACGGTGAATGAGAAATGACTTGCGCCCCTAGTTTTGTTTTAATTCTTTAAACAACGAG
ACCACGAGACTCATTTAATTGTTTCTTTTAATTTTGTATTTGACAGAAGAGAAACGAAATGATGAAAAAAAACGCTAACTGTAAATAATCAATAT
GTTGTCATATATGCATTAAGCGGTAGGTTAGATAAACAAACTACACAAAGTTGATAGATATAAATGAAATATTGTACAAACTGCTATGGCAAGCG
CTGCAGCAAAATCTATATATACACATAGATATATATCTATATATTTGAATGTGTGTATGTGGTTAAACAACAAGAAAATGAAGTGATCTATTACA
TTATTGTAAAATATATCAAAAAACTGAGAAAAAAAAAA
(SEQ ID NO: 875)

Start ATG: 233 (Reverse strand: CAT)

MENATTTTAKHYKTAGKQYKTNKVNNTRRATAAAAAAAAAAATTTVTTAATPTKKRTYRETATATIVTQRSTNKANIAAAIALAAATEATASASA
SATATATDATLTASKAAATAAATTDAASGNSNSSSKPSTSTRDKLGEVPLPTVDSNHIISNNNNNNNNNNTSNNNNNNHHSDNSISENNYEFKSR
DKASLSDSKMTLQQMAAVSSNQEPVAPNVANTMSNSSIINSQQTTVNATPATDEAPLGDRSNISRYLHKKFKRLASTTEVDSWSATNGGGALQAS
GDAVRTTSLSSNSSLSPPPTTPLANGHHLMTQQQSHQQVQQQQQQQQTPPPSVAIHEFSANFVNSNHVNAIGHEESIISNSGYKAAGRTRTPLAN
SNSNTNSTSNSNSNHAANATLSPASFAQHQQLTQPTTVSPGIPGGAAAPNPACEKSGRYVCQYCNLICAKPSVLEKHIRAHTNERPYPCDTCGIA
FKTKSNLYKHCRSRSHAARARGLEVPADADDGLSDQDAELSNSSSELPSRAGSPYEEPINSPTPSPSTLSAAKSAYIQQPPLPTYMQQLPLGSPA
AGTLPPTTADNHHSATAQHRQSIDYKPYKPKFHNASLYSCSSKELQQQQQQLQIQQQQQQQHQLAQQKLSIQLPLVQQPSLAHPTLSPSTQMKMKH
HINSHQIQLQLQQQQSLLAQQSLLAAMPPGGVYYLGQPSYYNQDTAAAIHQHALAIQQFQIHLAQQQQQQQQQQHPPLVKATPPMQQPPSLPPQQL
VRANSQISSVATAPATPTPAANLSTFASSSGGKQVNVAKVQEHISKLISQNEAIVENKEILLQKKYPKQLSRSRSFNNANSNNASQHGSNASALH
ANNSQNNTNAQMPERETKVNLAQAIFQKQQHQLQQQQQQQITQQQQQQLEQQNYYTYIQQQQECQQQQLEPPNGVVKRNAYKPGVVMTTPVKQQQ
QLPPPPSPLPMQTMQYRQDPATPVTKIEQPTTAVPVMPLNLSAKPKPTLVTVPVSSLSTSSLAPTPTTSTNPTSSSKTAPPPAQVNNSIIKNLLL
NARGLAVPIGEGDDAVYSCPICASEFRSADDLKLHNSTYCQDASSSAPMSPASSPFRSNSISLSLPELKSHMANSKNPLSLAKLAWSQLKTKRSS
LVLSRLSAAQTPARTSTVTAPTVTASAPAPAVATVTAPSSAPAPQIEALRFVDAPLPSPGPLLGKTPLVDYAQQSTPRKAQDSVVITKMHEDRQF
VIEAQPAKRIKTSDLVVASSSQQPTSFNFSFNNQNSSNSVPELQSSKEERLRRFTSSGGSMIPISECPDLDNSPKMIRTPLLSGGSFQDVSVKVN
NETGSSSKERKLMALVSGSGLLGVSSGPQHFQFPPINSITAFNPLTLPPMSGGDKTTPVTPIPHVPGMPGPGSLTPQMPLLPPPPQQLQLPIPSS
RGRSPNRKQPSPLLLGGGSGELKALSPFGGVQNVPSEFSRQPPTPAQRQALQWNSKEAPKKAPFNFLRMADNVKTTEPEVRHFNLENVISGKQQE
LPLTPLHVDTPNGNAPEETSPVASASASAKSKFLRPTSLPLKPGTFTPKRHHGITPTANTLPLISPETPRPSKSCVQLYLNGHAYTYLGLKCSTK
MFYCTVNCPQPSYVAGMHKLSMYSVWQVCEENQPHPLGFKLKQVMALYDSRQRMLGNGSSTAMAGSGKLSYNLVASQQIVSSPSTSSTSSAFYQG
PLKTPPTVTIAALSEANVAAKANEEAQAKKLETSPSGQPLVGGYESHEDYTYIRGRGRGRYVCSECGIRCKKPSMLKKHIRTHTDVRPFTCSHCN
FSFKTKGNLTKHMQSKTHFKKCIELGINPGPMPPDSEFLDVDMDFDQQSSTSAGGRTSSMAGESDSDDYSDNESESSDTDESKSRQKEHEAARGL
LSLSMTPPIPQSVSPYPQLQDTPLPAASPANSIGSSGSQPKRLVCSFTSPKPPFDYQKQEQYYSNPEESKPKRSVANEESAPMDLTKPRGSILLI
SPSPVSVPAHDLPKSQAQQMHDVIFGTSGNESGFMKTLISVSDKVRISAEMEEQAKHEAEGEDVQLQTYIKEHALHQAKIKQSQFSRSYLINTLY
TAASPVMSSSSTLFTANSRPVMSVNEVPSIEVHEVKTPEAIESPRSAPEQAPVILAQIAQEENEEPNIAEPHNANLPAAVQQPDVNEFTGVLGNP
TAPPTSSVTATSVSTTTAAPVAPSSTANSTQPAQRTVIVGEDGFKSSTPTSKSGDLQHVSYGRGVPPAPIAGDARPTCTMCSKTFQRQHQLTLHM
NIHYMERKFKCEPCSISFRTQGHLQKHERSEAHKNKVMMTSTFGVPTTSNPRPFECTDCKIAFRIHGHLAKHLRSKTHVQKLECLQKLPFGTYAE
IERAGISLTEIDTSDCENSLISLKLLAQKLQEKDPGKLSSYTTPSGMMQLAQDAAGPVSQDSASEDGFSAAIASAIASLDNDSAGNTPKRASSMS
EDETVANGLNHSLKRRLPGSFSSTGEESDNPPESSGEKRARSGQELPVPVAVPVAASAAASN*
(SEQ ID NO: 876)

Name: schnurri
Classification: transcription_factor
Gene Symbol: shn
FlyBase ID: FBgn0003396

Celera Sequence No. : 142000013384684
CACATACGCTAGCCAAATGCGTGGGACCCTCGAATATTCGGTGGTCCATTAAGTAGCCTAAGAATTGCACCACTGACCAGTATCCAAATATTATG
ATCTTATTTATCTAAGCCTAACAACAGAAAACACAAGCAAGTAATTATTCTCTCTACCAGCTAAGATATGAAACGCAATAAAGCCTAAACATATT
CATATCACCACAGACTTTCGTTCTGCCCAGAGGAATGCAAAGCTGATCGGTCATTAATCAACGTACAGGATTGCAATTGCAGTGGCACTTTGAAT
GGCCGCTTGGCCAGTCGAGGGTTAACGAGCTAGGCCAATTGCCAGTTGCAGTGGCAGTTTCCGTTGCAGACAGTAGCCAGCGGGTCTTAGTAGTT
GCAATTGCATCCCGCTTTGTGGGTAATCGGAGGGTTGGTCAAAGGCCACTCATAAATCAAGCAGCAGGACGGCTACTGAACATAACTGAAATTGG
ACCTCAGTGGGTCACGAAGCTTTACATATCATTAGGAACTACTTTCTTTATGATGACTACACTACTTTCGCATATGCGGTTGTAAACTTTCGTGC

CGAAAATTCCACTATCAGCATGCGAAAATGGATCACATCCAGAGAAAACTTACCACAAAGCATCGTAGCATCCATTCCTGACCCCTTTTAACAAA
AATGCCCAAATACACATAAATTGCAAATTTTCACATTGGAAAGACACTTTTCCATTGAGTACACTTTAATAAGAATTTAAATAAATTAAAACCGA
TCATTATATTCTTAAACATATATAAAAAAACATAAATTAATGCAGATATGGAATCCCAATTGCTGGTCTTGACTAGCACATTTGAAAAGTGTTCG
GTAGAACGTAGAGCTTTGCAAATGACTCATTGGTGGGAAATTTGACCAAAGCGATGCAATTACTATTATCTGACAACCGTCTAACGAATAACATA
AGTTAAGGATAATAGATTACATTATTTACAAATACCTAGTAGCTAGCCCTTTAATCGTCGAAGAATAGTATTTCTAGGATCCGTTTCTGTGCACT
TTTCTTCCGTTCCTTGTTCATTTTCAGCAGTTCCGTGGTGACTAATTCTCCCAGCAAATGCTCAGACAACCGCTGCACACCCGGATGATTGGGCG
GCGCCTGGAATTTCCCGAAGTTTGCGGGATGCGAACTGCTGGCCTGATGTGGGAACTGCTGGTATAACTGGAAAAGGAAGTCCGTGTTTGACGGA
AACATGTTCTGGTGCTGTTGCTGCTGCTGGTTGTTGTGGCTATTATTGCCGCTGGGATTGTTGCTCCCGCTATTGCTGCTACTGTTATTCCCATT
TCCATTGCCCCGCTGCATGGGCATCGAATTGCTGTAGTGATTCTCCTGCTGCATCATAGCCTGCGGCTCCATCAGATCATGGCTGTTCTCATCGG
ATTCGTCGTCCGAGTCATTGCCAAAGTGACTACCATTGCTGGTCATCTGGTTATGGGCATTGCCATTTAGTTGAATACGGGGTTTCTTCATATGG
AAATGGCTCGATGACGAAGAGTCTAGACCATCGCCCTTGGGGTTATAGACATGTGACTGTTGCATCTGCAGAGTGGAACTGTTGCCGATGGAAGC
GCCCGTGGCGCTGGAAGAGGAATGTACCACCGGAAGCTGCTGTTCAGATGCCGGCGACTGTTGCTGCGCTTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGTTGTT
GTTGCGTCTGCTGCTGAGGATGATGGGATCCTGCCCCAATTCCTTGCAGCGGCGACGACAGCGGTGATTTCATCGAGGATGATGTTGAGGTCAGA
CTGCCAGCGCTGTTCTGGGCCCCGTTCATGCCCACGGAGCCATCCTTGTATTGATCCTGATAACCTTGCGAGGAATCAGCCATTACAGCTGCAAC
GGCCGCCGCCTGTTGCTGCATTTGTGACTGTGATATGTGCTGGAGCTGCTGTGAGGCCACGGCAGCCGCAAAATCCCTGAACACCTGGTCCGCCT
CGATCTTCACCTGGCCATTGACGTTTTCCAGCGCAGATGCAGCAACGTTACTCAGAGCACTCATTGCGTGTTGCTGATCCGGCTGGTGGTAAAGA
TGACTTTGCCCTGAGCTGCCAAACTGAGACACATTCTTCATGGAGCCATTGGACTTATCAACCTGGTATTCGTTGTAGCCGGAGCTGTTGGCGGA
CTGTGGAGATGTTAGGAAGTTCGGCACATGGCGGTAGGACTTGCGCGGCTGGATGTGCTGGTCCAAGAACTTCATTTTCTCCAGGTATGGACGCG
ACAGGTGTTCGTAGACAGGTGGATCGCCCTGCTTCCGCTGCGACACGTAGCGTTCGCGTAGGTACTTCCACCGCTTCTTGCACGTGTCCACTGGA
AAGGAGGGCAACATTTATATAGAGGATCTGCCGGAGGAGCGCGTCTTCCTCACCATCCGTGCGCAGCTTCATCGCAATCAGCTGCCAGGCCTCGT
CCTTCGTCTCGTACTTGCCACCATTGGCGCCGCCGTTGAGGTAGTACTTCTGCCGGTTGTAGATCACTCCGTGCTGCGCTACCTCGTCAATTAGC
TGCTCATCCATCATTTTAGTTTAATTCGTGTTTTCAGCTGCCAATTTGCCTTTGGTGTATGTCAGGCCATTTCCAACACTGTTCATGGGACATCG
AAACAGTGTGACCGAAAATGTAGCAGCAGAGTGTCAAATATAATTTGAAGATATTGATATCGAAATATATTCGACAATTTGCATCATGTTTAAAT
TCGTCAGCATTTTGATTTATATATAGTAATGCATTTAATTAATTAACACGCAATAAAATTAATAATTTCAGCAAAAGTAAATCATTTGCTGTTCC
TGAATTTACTAAATAAAAATGTTTAAAAATTTAACTTATAAGTTACCTTCACAAAATTCTCGAAAAATAAAAGTCAGCTATAAAATAGTTGCTAT
AAACGTATTATGGTTATTTGAAATTTTAAGGTGGGTTCTTTTGCGAACCGAGATTCAGTCACACTGGCAATTTGGTACCCGAAGTTGAATTGCCG
TTTTGTGAAGCGGATAGTTACCTGCCGATAATCTTAAATAAAAATGTTTAAACTGGCCCGTATGCTCCTGCCGCAGCAGCGGATCCTGGCCAGCC
CGCTGCGCCTGCAACGCCTGATCTCTACCAGCGACGAGGTCAACGCAGAGCCCATCATCAAGTCCATGGACACCATTGGCGGCCTCCCCACCGAA
CTGGTCAACGAACAGAAGCTGAAGAAGACTAGCAGGTAATCAATCTACCGGTTTTCGCACTTGACCTTTGCCTTGCCTGTTTGTTTTGTTTACAT
TTCGACCGGTATGGGCATGGGCATGGTATGCATGTATCGGAGGCCTGTTTTGGGCGTGATTTTCGAAAAGGAGTTTCGGGGTCTTTTTTTCTTGA
TTTCAAGTGGGGGAGAAAGTTTGTATCGAGCCGCTTATGCAGTCACGTAGACCATAGATGCGTGCATGTGTGTGTGTATGTATTTGTGCCTGCCT
GGTGGTGTCAGTTATGGGCTCTATTGTTCTTGACTTTTGTTTTGTCCACAGAACCTTATCGACGCTCCAAAATCACTCGGTTCCCATTGCCGCTC
GCGTCACGGTGTCGAAAGATG
(SEQ ID NO: 877)

Exon: 2631..2429
Exon: 2370..1001
Start ATG: 2579 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT23567
CCTGACATACACCAAAGGCAAATTGGCAGCTGAAAACACGAATTAAACTAAAATGATGGATGAGCAGCTAATTGACGAGGTAGCGCAGCACGGAG
TGATCTACAACCGGCAGAAGTACTACCTCAACGGCGGCGCCAATGGTGGCAAGTACGAGACGAAGGACGAGGCCTGGCAGCTGATTGCGATGAAG
CTGCGCACGGATGTGGACACGTGCAAGAAGCGGTGGAAGTACCTACGCGAACGCTACGTGTCGCAGCGGAAGCAGGGCGATCCACCTGTCTACGA
ACACCTGTCGCGTCCATACCTGGAGAAAATGAAGTTCTTGGACCAGCACATCCAGCCGCGCAAGTCCTACCGCCATGTGCCGAACTTCCTAACAT
CTCCACAGTCCGCCAACAGCTCCGGCTACAACGAATACCAGGTTGATAAGTCCAATGGCTCCATGAAGAATGTGTCTCAGTTTGGCAGCTCAGGG
CAAAGTCATCTTTACCACCAGCCGGATCAGCAACACGCAATGAGTGCTCTGAGTAACGTTGCTGCATCTGCGCTGGAAAACGTCAATGGCCAGGT
GAAGATCGAGGCGGACCAGGTGTTCAGGGATTTTGCGGCTGCCGTGGCCTCACAGCAGCTCCAGCACATATCACAGTCACAAATGCAGCAACAGG
CGGCGGCCGTTGCAGCTGTAATGGCTGATTCCTCGCAAGGTTATCAGGATCAATACAAGGATGGCTCCGTGGGCATGAACGGGGCCCAGAACAGC
GCTGGCAGTCTGACCTCAACATCATCCTCGATGAAATCACCGCTGTCGTCGCCGCTGCAAGGAATTGGGGCAGGATCCCATCATCCTCAGCAGCA
GACGCAACAACAACAGCAGCAGCAGCAGCAACAAGCGCAGCAACAGTCGCCGGCATCTGAACAGCAGCTTCCGGTGGTACATTCCTCTTCCAGCG
CCACGGGCGCTTCCATCGGCAACAGTTCCACTCTGCAGATGCAACAGTCACATGTCTATAACCCCAAGGGCGATGGTCTAGACTCTTCGTCATCG
AGCCATTTCCATATGAAGAAACCCCGTATTCAACTAAATGGCAATGCCCATAACCAGATGACCAGCAATGGTAGTCACTTTGGCAATGACTCGGA
CGACGAATCCGATGAGAACAGCCATGATCTGATGGAGCCGCAGGCTATGATGCAGCAGGAGAATCACTACAGCAATTCGATGCCCATGCAGCGGG
GCAATGGAAATGGGAATAACAGTAGCAGCAATAGCGGGAGCAACAATCCCAGCGGCAATAATAGCCACAACAACCAGCAGCAGCAACAGCACCAG
AACATGTTTCCGTCAAACACGGACTTCCTTTTCCAGTTATACCAGCAGTTCCCACATCAGGCCAGCAGTTCGCATCCCGCAAACTTCGGGAAATT
CCAGGCGCCGCCCAATCATCCGGGTGTGCAGCGGTTGTCTGAGCATTTGCTGGGAGAATTAGTCACCACGGAACTGCTGAAAATGAACAAGGAAC
GGAAGAAAAGTGCACAGAAACGGATCCTAGAAATACTATTCTTCGACGATTAA
(SEQ ID NO: 878)

Start ATG: 53 (Reverse strand: CAT)

MMDEQLIDEVAQHGVIYNRQKYYLNGGANGGKYETKDEAWQLIAMKLRTDVDTCKKRWKYLRERYVSQRKQGDPPVYEHLSRPYLEKMKFLDQHI
QPRKSYRHVPNFLTSPQSANSSGYNEYQVDKSNGSMKNVSQFGSSGQSHLYHQPDQQHAMSALSNVAASALENVNGQVKIEADQVFRDFAAAVAS
QQLQHISQSQMQQQAAAVAAVMADSSQGYQDQYKDGSVGMNGAQNSAGSLTSTSSSMKSPLSSPLQGIGAGSHHPQQQTQQQQQQQQQQAQQQSP
ASEQQLPVVHSSSSATGASIGNSSTLQMQQSHVYNPKGDGLDSSSSSHFHMKKPRIQLNGNAHNQMTSNGSHFGNDSDDESDENSHDLMEPQAMM
QQENHYSNSMPMQRGNGNGNNSSSNSGSNNPSGNNSHNNQQQQQHQNMFPSNTDFLFQLYQQFPHQASSSHPANFGKFQAPPNHPGVQRLSEHLL
GELVTTELLKMNKERKKSAQKRILEILFFDD*
(SEQ ID NO: 879)

Celera Sequence No. : 142000013384668

CGCACGCTTCACAAGGATCTTCGTCTTCCTCTGGCTTGCAACGAACACAGTACGCAGTGGGATACCACCGATCATTGCCGGACGTAGATCTTTCA
TGGTGCACACCTAAGAACTCTTCATTTGGTGGCTCAGGCTCTAGAATCATCTTGTAGAAGGTGTACCCGCACCTGGTTTCACTGCAGCTGGGACT
TAAAAAAGCTAGAGGCGATATGAATGTGTCCTCCGAAAAATTGGGTGGGAAATGTCCTTCCTTAATGGGACAGTTAGCTTCCTCCTGTGTAAAAA
TAGAAGATAATGGTTCACTATTCAATATCCAGTGCAAAAACCATCCACTCACCTCCAAGTTTCCCAAGAAATGCAAGTCCTCGAAGTAGGAGTAC
CTTGGACTATAACTATAACCCTCAATTTGACTATTTCGGATGGCGGCCAATTCCTTGGAGTAGTAGTGCCGCAGACCGAGCACCTGCAGCTCCAC
CTGGTCAGGAGTCAGGCCGCAGTTCATCCGCCGGGTGATTTGTCGCCAGGCGTCATCCTTCGCAGAACCACTATGGAAACCAGGTGACTTTGGAT
TCCAGAGGCACTCGTTCGATCGATAAAGTCGGATGAGCTTCTGCGTCTTCTTCAATCGCTCCAAATTCAAATACGACGTAATATCCTTCTGTGCC
ATCGTGCCCCTCTGTTCTCCACAATCCTTTCCAGCGACTCGGTGATCAATCTTCCATAGCGTTTTCCTATTGAACCTACAGAGGTTGTATGCCTA
GTTTGGAGCTATATATTGCGCCCAAGCCGAAATATTTGGACAGGAAAAACAAAAGTGACAATAAACAAGCAATTTTGAATAATTTTTGAATGATT
TTTAAACGGTATCGCTTAATTAGGAATATTATATGCCGTTACCATTTTCAAGATCTGCAGGGTGTCTCATACATTCGAAGCTTTTGAGAGTATTA
ATTCAGTATTATTGTGCAATTAAATGGCGATTGGTATTTAGCTGGGCGAGCAGAACGGTCACACTGGCGCACAGTAGCGAAAATAATAGTCGAAT
AATAAAATAGTTTTGAGTGCAACTAATTCCGACCTACTAACGTATGCGAGTGCATTTAGCGGCTGCACTTAATCATTCCGGGCAAAAAAGTGCAA
AACAGTACGACGCGGAGCAGTCAGAATCGAGGTTGCGCTCCAGCGTTATCGCCATTTGACCAATTCAACTTTTGTGTCTGGTATAACCACAAAAT
TTTCACTGCATCTTCTTATTTGAGCCGCCCCCAACCCAATTTTCGCGAGTGTGTCGGAATCAGCAGAGAATCGGAACAAAAGGGGCCAAACGGAG
TACCAGAATCGGCACAAGCAAACAGTGAACAGCAGATAGTGCGGACGATAGCGAGTCCGTTGATTATCCACGTAAACAGTGAGCTGCATGCGCAG
AGGTCGCGCCCAGAGCTGCAGAAATCCAACAATCTCCGCCAGAAAGATCTATCTCCGCCCTGTAAGCAATGTCCGCGGAACGAGAGATTCCCGCC
GAGGACAGCATCAAAGTGGTCTGCCGATTCCGACCGCTGAACGACAGCGAAGAGAAGGCCGGCTCCAAGTTCGTGGTCAAGTTCCCCAACAATGT
GGAGGAGAACTGCATATCCATAGCGGTATGTGTTCCAGATCTATAGTTTTCGCCAGCCCCCAGTGCCTTTTCCCTATGTGTTATGCATTAATCTC
GGCGTGCCGCGCCATGACGTCATGCCTATTAGCGTACATTACCCTTCCCCAAAATTGCCGACCAATTGGAATGCCAGGCGATAAAAAGAGAGAGG
CACTAAAGTTACCCATGAATAATTGCACAAAACAAAACTAGATGTACATATACATGTATATGATGAAACCAACTAACTTTACTCCAAATCAATAT
TGCTTTGCACCAAATTGATTTTCCCCCAGTCGAAAAAGAATAGGGTGTGTAAATCGAAAGAAGCGCGATGACGGGGTGGAGAAATGCCACCCACT
AGACGGTTTTCTGCTAAAAGCGGGTGTTCCATTCTTTTGGGCCGCATAAATATGCGCTTTTCTAGTTTCCAGTCCGCCTTCAGTGCTTACCTCAC
TTACATTTCCACACAAACACATACACACATTGACGGTAGCCCCCGCTCCACTTCCACTCCCCTGTCCGCGCGCCAATGAGTCATGCACGCAAAGC
ATACAAAAAAAAAAAAATATGAGGAAAAACAATAAGAGCAACTTTGGAGGCAATGGAATTTGGCTGTATTGCTTTTATGCCACATGAAATGTTATT
GCTTTGTATGCTATGCTGAATTTCCCGCTTTTCCGCCAGGTGTAATCCGTCATATTCCTGGTAAAGCTTGGGCAATTGAACCAGTTCCAAAAAAG
TCAGCACTAATATAGTGCCTCCATACACAGACATTATCATTACGCTCTCTCTCTCTCTCTGACTAACTCTATCTATCTCTCTTTCGCTGTGGCTT
TCTTCTGGCGCTCGTTATTCACTATTCTTCCCCCTTCCACTTAACATGTCTTAATGCTCATAATTACAATCTGCTTCGCGGCCATGCGTTGAAAA
TGATTCAAAGGCAGTCAGCGGGAAAAGATCGGGGACAGGGGGAATGAATCTCCGAAAGAAATTTCACCGCAACTGACACCAGTTTATAGCTAATG
TAACTGGCTGCTATGTACTAAAGAAAAAAACACATTATACTAAACCTAATCTCCATCGTCTGCAGGGCAAGGTGTATTTGTTCGACAAGGTCTTC
AAACCGAATGCATCCCAGGAGAAGGTCTACAATGAGGCGGCCAAGTCCATTGTTACGGATGTCCTGGCCGGGTACAATGGAACGATATTCGCATA
TGGTCAGACGTCCTCCGGAAAAACGCATACGATGGAGGGCGTGATCGGGGACTCCGTAAAACAGGGTATCATACCACGTATCGTCAACGACATTT
TCAATCACATCTACGCGATGGAGGTGAACCTGGAGTTTCACATCAAGGTCTCCTACTACGAGATCTACATGGACAAGATTCGAGATCTGTTGGAC
GTCTCCAAGGTGAACTTAAGCGTGCACGAGGACAAGAACCGGGTGCCGTACGTCAAGGGCGCTACGGAACGGTTCGTCTCGTCGCCGGAGGATGT
TTTCGAGGTGATCGAGGAGGGCAAATCCAATCGTCACATCGCTGTGACAAGTGAGTACTAATTAAAATCGATGGTCAGGACCATTTCAGCCAAAC
AAGTCTAGGAGTTATTCCAGCATTCGCTCTGACCTCGATTGTAGTGTTTCATGTACCAGATCATCTTTTATAACGATTTATCCATCCTTTCAGAC
ATGAACGAGCATTCTTCGCGATCCCACTCAGTATTCCTTATCAATGTGAAGCAGGAGAACCTGGAGAACCAGAAGAAACTATCCGGCAAACTCTA
CCTGGTGGATTTGGCCGGTTCCGAGAAGGTTTCCAAGACTGGAGCGGAGGGAACCGTTCTTGATGAAGCCAAGAACATCAACAAGTCGCTGTCGG
CCTTGGGCAACGTAATTTCAGCCCTGGCGGACGGAAACAAAACGCACATCCCCTACCGTGATTCCAAGCTCACGCGCATCCTGCAGGAGTCGCTG
GGAGGCAATGCACGCACAACCATCGTCATCTGCTGCTCTCCAGCCAGTTTCAACGAATCTGAAACGAAGTCAACGCTGGACTTCGGTCGTAGAGC
CAAGACAGTGAAGAACGTGGTCTGCGTTAACGAGGAGCTTACTGCCGAGGAATGGAAGCGACGCTATGAAAAGGAGAAGGAAAAGAACGCCCGAC
TAAAGGGTAAGGTGGAGAAGCTGGAGATCGAGCTTGCGCGCTGGAGAGCGGGTGAAACTGTTAAGGCGGAGGAGCAAATCAACATGGAGGATCTC
ATGGAGGCAAGCACGCCCAACCTGGAAGTGGAGGCAGCACAGACGGCGGCGGCCGAGGCCGCTTTGGCCGCCCAGCGAACGGCTCTCGCCAATAT
GTCCGCATCGGTTGCCGTGAACGAGCAGGCCAGGCTGGCTACAGAGTGCGAGCGTCTCTACCAGCAGCTGGACGACAAGGATGAGGAGATCAATC
AGCAGAGCCAGTACGCCGAGCAGCTCAAGGAGCAGGTGATGGAGCAGGAGGAACTCATCGCTAACGCTCGGCGTGAGTATGAGACTTTGCAGTCG
GAGATGGCGCGAATCCAACAGGAGAACGAGTCCGCCAAGGAAGAGGTTAAGGAGGTGCTCCAAGCTCTCGAAGAGCTGGCTGTAAACTACGACCA
GAAATCCCAGGAGATCGATAACAAGAACAAGGATATCGATGCCCTCAACGAGGAGCTGCAGCAGAAGCAGTCTGTGTTCAACGCCGCCTCCACAG
AGCTACAGCAGCTCAAGGACATGTCCTCACACCAGAAGAAGCGCATCACGGAAATGCTAACCAACCTACTGCGCGACCTTGGCGAAGTGGGCCAG
GCCATTGCCCCCGGCGAGTCCAGCATTGACCTCAAGATGAGTGCTCTGGCTGGCACGGATGCCAGCAAGGTGGAGGAAGATTTCACCATGGCGCG
TTTGTTTATCAGCAAGATGAAGAGGGAGGCCAAGAACATTGCCCAGCGATGCTCCAACATGGAAACACAGCAGGCTGACTCCAACAAGAAGATCT
CCGAATATGAGAAAGATCTGGGCGAGTACCGGCTACTCATTTCGCAGCACGAGGCACGCATGAAGTCGCTGCAGGAGTCGATGCGGGAGGCAGAG
AACAAGAAGCGCACGCTCGAGGAACAAATCGATTCGCTGCGCGAGGAATGCGCCAAGCTCAAGGCCGCCGAGCACGTTTCCGCCGTTAACGCCGA
GGAGAAACAGCGGGCTGAGGAGCTGCGCTCCATGTTCGATTCTCAGATGGACGAGCTACGCGAAGCCCACACCCGGCAGGTGTCCGAGCTCCGGG
ATGAGATTGCCGCCAAGCAGCACGAAATGGACGAGATGAAGGATGTCCATCAAAAGCTGCTCTTGGCGCACCAACAGATGACGGCCGACTACGAG
AAGGTGCGCCAGGAGGATGCCGAGAAGTCCAGCGAGCTTCAGAACATCATCCTCACCAACGAGCGTCGGGAGCAAGCGCGCAAAGACCTCAAGGG
CCTGGAGGACACGGTGGCCAAGGAGTTGCAGACGCTACACAACCTGCGAAAACTTTTCGTTCAGGATCTACAGGTAAAGTTTAAGCAATCCTATC
TATTATTGCTACGTACAGATCTTAAAATGTATTTCCCTTGTGCCAACAGCAACGAATCCGAAAGAATGTCGTAAACGAGGAGAGCGAGGAGGACG
GTGGATCACTCGCGCAGAAACAGAAGATTTCCTTCTTGGAGAACAACCTCGACCAGCTGACCAAGGTGCACAAGCAATTGGTGCGGGACAACGCC
GATCTGCGGTGCGAGCTGCCCAAGCTGGAGAAGCGTCTACGCTGTACCATGGAGCGGGTGAAAGCTCTGGAGACAGCGCTCAAGGAGGCGAAGGA
GGGCGCAATGCGGGATCGCAAGCGCTACCAATACGAGGTGGACCGCATCAAGGAGGCGGTGCGACAGAAGCATCTGGGCAGACGTGGCCCACAGG
CACAGATCGCCAAGCCGATCCGGTCCGGCCAGGGTGCAATCGCCATTCGTGGTGGTGGCGCCGTTGGAGGACCATCCCCGCTGGCCCAGGTTAAT
CCTGTCAACTCGTAGATCCAATCACCACCTGTCGCCGCCCAGTTCAGCTCCGCTTTAAACTAAACTAAATGGATTACGTTATACATACTTAACAT
AACTGATAATTGCCTTCGCTTAGATGAGATGTGTCGCGATCATGTGCAGCGCTTTAAATATACATACATATAATTTAATTAAATAAATGAAAGGA
AACCGGAAATTAACTAAATTTTACAAACCGAAAATAATAAAACCCACAGATATGTAAGGACATCTATATACGTTAAGAGTATTTATAAACTTTTC
AAACATAAACCTAAATAAAAGTCGCAGACAAATTAAGGTCTCTTTAGTTTGATTCTTATTGCAGTTCAAAAAAATTATGCCGATTATTTGGCTAT
TGGTTGTTATTACATCGTCTGCTGTTACAATCGCATGTTGTAACCTGTCCCGCGTGTTATGGTGCTCCCAATCGTCTGGAGAATTGACCACCT
GCCATTCGTACCACACTTTGGTTGCATCCACGCATCGCCAAAACTGGATGGATATAGTCTGTCCCTCCCTCAGAGTTCTTGGACGCTGAGTAGTA
AAAATATATATTAATGTAGCAGTTATCAAAGGCTAACTAATCACATCACACGTACCGTTGCGAAGAACATGGGGAACCAGGAGAACATGCCAGGC
GTATGGGTCAGAGGATTGATGCTTAGGCAGATGTCCTTGTACAAATGGGTATCAAAGTATCCGCCGATTCCGTGCAGCACGCAATCTTTATTGAC
TTTAAATGAAACCGTCTTGCAGCGAGTATTGTCAATATTTTCCGCTCGATTAGGATGTACGAATTCAAACAGAGCCTGCGGCTCGTCAATATGGT
AAATATTCTTTAGCAGCGACACATAGCCGTAGTCGAAGGCAGGATAGGTTGGTAACAATTGGCAGACATTTTGGTGCAGCACTGCTGACATCAGT

GGATTAATGTAGGAGGTGGATTTGTAGGGTATACTGATTCCATCCGGTTTGAGCAGCTTCAGTGCTCCATCAAGGCACTCGGGCGAAAGTTCATT
ATCGCCAAAGGAACCAAGTAACTCCGAAACCATGATGTCAGCCAGCTCTGGAGGGGAAAAGTCCCGCATGTCCTTTGAAAAAATGTGAACATCTG
AAAGATTTGTTGCGGATTAAGACTGGATTAAAGCAAGGTGTTTTTTTTTTTCTTATTCTTACCCTTATCGGCCCAAAGCGTTTTAACCATGTTGG
AGAGGGTGCGGATGGCATTGGGATTCTTTTCTATGATGTAGAGGCGAACTTTGCGCTTCGTTAACTCGGCAGCATTGAA
(SEQ ID NO: 880)

Exon: 1001..1640
Exon: 2726..3185
Exon: 3324..5203
Exon: 5275..6014
Start ATG: 1494

Transcript No. : CT23616
CAGAACGGTCACACTGGCGCACAGTAGCGAAAATAATAGTCGAATAATAAAATAGTTTTGAGTGCAACTAATTCCGACCTACTAACGTATGCGAG
TGCATTTAGCGGCTGCACTTAATCATTCCGGGCAAAAAAGTGCAAAACAGTACGACGCGGAGCAGTCAGAATCGAGGTTGCGCTCCAGCGTTATC
GCCATTTGACCAATTCAACTTTTGTGTCTGGTATAACCACAAAATTTTCACTGCATCTTCTTATTTGAGCCGCCCCCAACCCAATTTTCGCGAGT
GTGTCGGAATCAGCAGAGAATCGGAACAAAAGGGGCCAAACGGAGTACCAGAATCGGCACAAGCAAACAGTGAACAGCAGATAGTGCGGACGATA
GCGAGTCCGTTGATTATCCACGTAAACAGTGAGCTGCATGCGCAGAGGTCGCGCCCAGAGCTGCAGAAATCCAACAATCTCCGCCAGAAAGATCT
ATCTCCGCCCTGTAAGCAATGTCCGCGGAACGAGAGATTCCCGCCGAGGACAGCATCAAAGTGGTCTGCCGATTCCGACCGCTGAACGACAGCGA
AGAGAAGGCCGGCTCCAAGTTCGTGGTCAAGTTCCCCAACAATGTGGAGGAGAACTGCATATCCATAGCGGGCAAGGTGTATTTGTTCGACAAGG
TCTTCAAACCGAATGCATCCCAGGAGAAGGTCTACAATGAGGCGGCCAAGTCCATTGTTACGGATGTCCTGGCCGGGTACAATGGAACGATATTC
GCATATGGTCAGACGTCCTCCGGAAAAACGCATACGATGGAGGGCGTGATCGGGGACTCCGTAAAACAGGGTATCATACCACGTATCGTCAACGA
CATTTTCAATCACATCTACGCGATGGAGGTGAACCTGGAGTTTCACATCAAGGTCTCCTACTACGAGATCTACATGGACAAGATTCGAGATCTGT
TGGACGTCTCCAAGGTGAACTTAAGCGTGCACGAGGACAAGAACCGGGTGCCGTACGTCAAGGGCGCTACGGAACGGTTCGTCTCGTCGCCGGAG
GATGTTTTCGAGGTGATCGAGGAGGGCAAATCCAATCGTCACATCGCTGTGACAAACATGAACGAGCATTCTTCGCGATCCCACTCAGTATTCCT
TATCAATGTGAAGCAGGAGAACCTGGAGAACCAGAAGAAACTATCCGGCAAACTCTACCTGGTGGATTTGGCCGGTTCCGAGAAGGTTTCCAAGA
CTGGAGCGGAGGGAACCGTTCTTGATGAAGCCAAGAACATCAACAAGTCGCTGTCGGCCTTGGGCAACGTAATTTCAGCCCTGGCGGACGGAAAC
AAAACGCACATCCCCTACCGTGATTCCAAGCTCACGCGCATCCTGCAGGAGTCGCTGGGAGGCAATGCACGCACAACCATCGTCATCTGCTGCTC
TCCAGCCAGTTTCAACGAATCTGAAACGAAGTCAACGCTGGACTTCGGTCGTAGAGCCAAGACAGTGAAGAACGTGGTCTGCGTTAACGAGGAGC
TTACTGCCGAGGAATGGAAGCGACGCTATGAAAAGGAGAAGGAAAAGAACGCCCGACTAAAGGGTAAGGTGGAGAAGCTGGAGATCGAGCTTGCG
CGCTGGAGAGCGGGTGAAACTGTTAAGGCGGAGGAGCAAATCAACATGGAGGATCTCATGGAGGCAAGCACGCCCAACCTGGAAGTGGAGGCAGC
ACAGACGGCGGCGGCCGAGGCCGCTTTGGCCGCCCAGCGAACGGCTCTCGCCAATATGTCCGCATCGGTTGCCGTGAACGAGCAGGCCAGGCTGG
CTACAGAGTGCGAGCGTCTCTACCAGCAGCTGGACGACAAGGATGAGGAGATCAATCAGCAGAGCCAGTACGCCGAGCAGCTCAAGGAGCAGGTG
ATGGAGCAGGAGGAACTCATCGCTAACGCTCGGCGTGAGTATGAGACTTTGCAGTCGGAGATGGCGCGAATCCAACAGGAGAACGAGTCCGCCAA
GGAAGAGGTTAAGGAGGTGCTCCAAGCTCTCGAAGAGCTGGCTGTAAACTACGACCAGAAATCCCAGGAGATCGATAACAAGAACAAGGATATCG
ATGCCCTCAACGAGGAGCTGCAGCAGAAGCAGTCTGTGTTCAACGCCGCCTCCACAGAGCTACAGCAGCTCAAGGACATGTCCTCACACCAGAAG
AAGCGCATCACGGAAATGCTAACCAACCTACTGCGCGACCTTGGCGAAGTGGGCCAGGCCATTGCCCCCGGCGAGTCCAGCATTGACCTCAAGAT
GAGTGCTCTGGCTGGCACGGATGCCAGCAAGGTGGAGGAAGATTTCACCATGGCGCGTTTGTTTATCAGCAAGATGAAGACGGAGGCCAAGAACA
TTGCCCAGCGATGCTCCAACATGGAAACACAGCAGGCTGACTCCAACAAGAAGATCTCCGAATATGAGAAAGATCTGGGCGAGTACCGGCTACTC
ATTTCGCAGCACGAGGCACGCATGAAGTCGCTGCAGGAGTCGATGCGGGAGGCAGAGAACAAGAAGCGCACGCTCGAGGAACAAATCGATTCGCT
GCGCGAGGAATGCGCCAAGCTCAAGGCCGCCGAGCACGTTTCCGCCGTTAACGCCGAGGAGAAACAGCGGGCTGAGGAGCTGCGCTCCATGTTCG
ATTCTCAGATGGACGAGCTACGCGAAGCCCACACCCGGCAGGTGTCCGAGCTCCGGGATGAGATTGCCGCCAAGCAGCACGAAATGGACGAGATG
AAGGATGTCCATCAAAAGCTGCTCTTGGCGCACCAACAGATGACGGCCGACTACGAGAAGGTGCGCCAGGAGGATGCCGAGAAGTCCAGCGAGCT
TCAGAACATCATCCTCACCAACGAGCGTCGGGAGCAAGCGCGCAAAGACCTCAAGGGCCTGGAGGACACGGTGGCCAAGGAGTTGCAGACGCTAC
ACAACCTGCGAAAACTTTTCGTTCAGGATCTACAGCAACGAATCCGAAAGAATGTCGTAAACGAGGAGAGCGAGGAGGACGGTGGATCACTCGCG
CAGAAACAGAAGATTTCCTTCTTGGAGAACAACCTCGACCAGCTGACCAAGGTGCACAAGCAATTGGTGCGGGACAACGCCGATCTGCGGTGCGA
GCTGCCCAAGCTGGAGAAGCGTCTACGCTGTACCATGGAGCGGGTGAAAGCTCTGGAGACAGCGCTCAAGGAGGCGAAGGAGGGCGCAATGCGGG
ATCGCAAGCGCTACCAATACGAGGTGGACCGCATCAAGGAGGCGGTGCGACAGAAGCATCTGGGCAGACGTGGCCCACAGGCACAGATCGCCAAG
CCGATCCGGTCCGGCCAGGGTGCAATCGCCATTCGTGGTGGTGGCGCCGTTGGAGGACCATCCCCGCTGGCCCAGGTTAATCCTGTCAACTCGTA
GATCCAATCACCACCTGTCGCCGCCCAGTTCAGCTCCGCTTTAAACTAAACTAAATGGATTACGTTATACATACTTAACATAACTGATAATTGCC
TTCGCTTAGATGAGATGTGTCGCGATCATGTGCAGCGCTTTAAATATACATACATATAATTTAATTAAATAAATGAAAGGAAACCGGAAATTAAC
TAAATTTTACAAACCGAAAATAATAAAACCCACAGATATGTAAGGACATCTATATACGTTAAGAGTATTTATAAACTTTTCAAACATAAACCTAA
ATAAAAGTCGCAGAC
(SEQ ID NO: 881)

Start ATG: 494

MSAEREIPAEDSIKVVCRFRPLNDSEEKAGSKFVVKFPNNVEENCISIAGKVYLFDKVFKPNASQEKVYNEAAKSIVTDVLAGYNGTIFAYGQTS
SGKTHTMEGVIGDSVKQGIIPRIVNDIFNHIYAMEVNLEFHIKVSYYEIYMDKIRDLLDVSKVNLSVHEDKNRVPYVKGATERFVSSPEDVFEVI
EEGKSNRHIAVTNMNEHSSRSHSVFLINVKQENLENQKKLSGKLYLVDLAGSEKVSKTGAEGTVLDEAKNINKSLSALGNVISALADGNKTHIPY
RDSKLTRILQESLGGNARTTIVICCSPASFNESETKSTLDFGRRAKTVKNVVCVNEELTAEEWKRRYEKEKEKNARLKGKVEKLEIELARWRAGE
TVKAEEQINMEDLMEASTPNLEVEAAQTAAAEAALAAQRTALANMSASVAVNEQARLATECERLYQQLDDKDEEINQQSQYAEQLKEQVMEQEEL
IANARREYETLQSEMARIQQENESAKEEVKEVLQALEELAVNYDQKSQEIDNKNKDIDALNEELQQKQSVFNAASTELQQLKDMSSHQKKRITEM
LTNLLRDLGEVGQAIAPGESSIDLKMSALAGTDASKVEEDFTMARLFISKMKTEAKNIAQRCSNMETQQADSNKKISEYEKDLGEYRLLISQHEA
RMKSLQESMREAENKKRTLEEQIDSLREECAKLKAAEHVSAVNAEEKQRAEELRSMFDSQMDELREAHTRQVSELRDEIAAKQHEMDEMKDVHQK
LLLAHQQMTADYEKVRQEDAEKSSELQNIILTNERREQARKDLKGLEDTVAKELQTLHNLRKLFVQDLQQRIRKNVVNEESEEDGGSLAQKQKIS
FLENNLDQLTKVHKQLVRDNADLRCELPKLEKRLRCTMERVKALETALKEAKEGAMRDRKRYQYEVDRIKEAVRQKHLGRRGPQAQIAKPIRSGQ
GAIAIRGGGAVGGPSPLAQVNPVNS*
(SEQ ID NO: 882)

Name: KINESIN HEAVY CHAIN

Classification: motor_protein
Gene Symbol: Khc
FlyBase ID: FBgn0001308

Celera Sequence No. : 142000013383872
ATAAGGTGAAGAATGCGGCGCGAAAGCAAAAAGAAGAGGAAATCAAGGACGGCATTCGAGAAAAGTCGCGGTCGCCAAGTCCGATTGTGCTCGAG
AAACCCCTACCCAAAAAGAGCAACAAGCGAGTTTATCGGTGAGTGTTGGTTTTCCATCAAAAATTTTCACACAAAAACTAGAAATATTTGCACTT
ATTTTCTTGCGCAGATCCAAGAGTCGCAGTCGCTCCCGCTCAAAAACGCCGCCCCATCGAGATAGATCGTTGTCTCGCTCCCGATCCCGCTCGCG
ATCCATGGAGCGCTCTTTAACGCCGCCACCGATGAATCGGAGCAGGTTGGGCGGTGGTAACAACCGCAAGGGTCGCAATCGATCTCCTCGCCACG
AACGGGACAACAACAGCGGCAGCACAAATACCAGAGAGGGCCGTGGTGATCGTGGCAATTCCAATAGCCGAGACAATGGCAACAGCACCAACCTA
AGACGAGTGGACCGCGACAGATCTCTAACACCTCCGAGCTTTCTGTAAATCATGGCTATAGTACAATTTCATGACAGTCGGACCAATGAGCTATC
TTTGTTTTTCCAGGGGAAGCACATTTGCCAAGCCAGCGGATTTCATCGAGGAATCGAACAAGGGCCACCAAATGCTCATGAAAATGGGTTGGGCG
GGCACGGGAACTGGACTGGGCTCAAAGAATCAAGGCATCGACACGCCCATTTCGGGAGGCGAGGTGCGCGATCGTCGAGAGATGTACAAGGTGAA
GTGGCAAGAGTGCGCAAGAAAGGACAACTTATAATTTTCTATCCACAGGGAGTGGGCGCTAATATGCACGATCCCTTCGAGAGCTTTCGGAAGAA
CAAAGGAGCTGCCTTCGCGCACCGGATGCGATCGCGAGACGACAAGAGTTAGGATCTGCCAACGGTCATAACTTCCCAGTTTTTTGTTTCCTTTA
GCCCAGAAAATATACATTTTTATAAAAGCGAACTGAATTTTTATACAAGATTAGGCTATAACATTAAAGCTGGATTGAGCGGCCTTGGCATTTAC
TTTTTCCAGGACCTGGACCAGGCCCTTGCCAGGACCGCATTCGAAGGTGCGTGGAAAGTCGACGCCCTGCTTGCGCTCGTACATCTCGTGGAGAG
TCTGCTCCCACTTGACGGGCCTCACGATTTGCTTGGGCAGCTGCGTTAGGATGTGCTTGGCATGGCGATAGGGTTTGCCATCCACATTGGAGTAC
ACTCTAATGACGGGGTCCTGAAGTCGCACCGTTTTCAGGGCTTTGGTAAATGGCTCCACGGCGCTTTGCATTAGAGGAGTGTGAAAGGCGCCACT
GACAGCCAATCTCTTCATCCGCCGGATTTTGAAGGACTTGGCATTTTGTTCCAGGAACTCCAGGGCCTCTACGTTGCCGGCCACTACCTTGCAGT
GCGGATACATGTAGTTGGCGATGCCACAGTAGGGCGACTCCACTCCTTTGTCCAGACACCATTGCTGCGCACGAGCGCAGGCCTCTCCCAGATTG
GTATCCGGTCCGTAGAGAGTCATCGCCATGGCTCCGGCTGCCTGGTCACATGCCGCCTGCATGGCGGTGGCCCGCACCTGCACCAATCGCAATGC
CTTGTCGAAAGGCAGGGCATCCGCGTACACCAATGCGGTAATCTCGCCCAAACTAAAGCCTGCGGCAGCTACACACGTTTCAATGGCCTTGGGTC
GCTCCTCACGCAACTGCTCCAGTGCTGCCAGCGAGGATACCATCACAGCCAGCTGAGCGTGCTCCGTGCGATTCAGTTTCTCACGTGGTCCCTCC
AGGCAGATCTTGAGCAGATCGTATTTCAGCACCTCGTTGGCCAGCTCGAAGATGCGACGGGCGCCCGGGAACCGGAGCAGGTCTTTGGCCATGCC
CACGTACTGGGTGCCCTGACCGGGAAAGAGCATCACACTTGTTTCCTTGGGATCGATGGCGGGCCGGCCTTTCTGTTCCAGCGGCTCAGAAAGCT
CGTTGAGCAGTTGCTGCCGCTTCTCCGCGTTCTGCAAAAGGGCGGAGGTTTCTGTTGTGGCCTTCGCGGCATCGCTGCTCCAGCGGGACCAGCTT
AGGGCACCGGTAATCCGCGGTGATCGTAGTAATCTGCGGGCGGCCAACATTTTTGTTGAAGGAGTTCGCGGCATAACATAACAGCTGATTGGAGC
AGAGAAAAGTAGATCATATCGATAACTGTAATGCGGCCATCGATAGCTTTAGTACTTCGATGATTTTAGTACAATTGTATTTTGAATTTTGGCGG
CTTATGCTCAAAAACAATATGATCTTAAGAAATGGAAAACATTCAGTGCATTGTGATAATCGACACTTTATTGTAAATCTTAATTATTAAAGTCA
ACATGCTATATACGCTATTAAGTGGTTCAAGTATTTACTATTAACTTTAAATAAATCCAATGGCCAATTGGAATTGGTAAAAAGATCAAAATTCC
CAGGTATTTTATTTCCCCAGACATCTTAGTCATGGTCTGCGGTCTTTTTCCACTATTTATAGCCAAACTTGATTTATGTTGCTAGGCTCTTATTT
AGTCGTTGATGGTCATGACGAAATAATGTTGGTTGTTTATTCATGAGTCACTGACTACATAGAAACTGAGCCAAGTTTTTAGTTGAGTACAGAGT
AACAAAGTTACTGTGCTTAGTAACATTTCATTTAAGATACTATTTTAAAATATTAATAATTTTTTTTTTTTTTGGTGTAGCCTTTTATTTATTAT
TTAAAATCTGTCCTAGTGGACAATAATTAAATTTTATGGAGGGAAACATTAACGTAAGGGGAGTACATCGAGTGTACTTGGGTAGGGGAATATTA
ATAATGACAATATTTTTCTGAAGAAAATTTGGAAGCTAAGTTACGACTTTTCGTTTCATTTGCATTGTATTCTATAATTTACGTTTTCTAAAGTC
AGACCTTAAATATCTATGAAAATTTAAAGAAATAATAGCTCTTTATATGTTTAAATTCAAAGACATAAGATTAAAACCCTGCCAAGACAAAAGAG
TATTTTTTGGCCATGTGCTATTCGGAACCCCCGAAATAAGAGTTTCTAATTTGAAATGCGATCCCAGCAAGGCAATCGCAGAGTTTTTTGAACCC
AGGGCAAAAGAATAACC
(SEQ ID NO: 883)

Exon: 2152..1001
Start ATG: 2140 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT23794
CCTTCAACAAAAATGTTGGCCGCCCGCAGATTACTACGATCACCGCGGATTACCGGTGCCCTAAGCTGGTCCCGCTGGAGCAGCGATGCCGCGAA
GGCCACAACAGAAACCTCCGCCCTTTTGCAGAACGCGGAGAAGCGGCAGCAACTGCTCAACGAGCTTTCTGAGCCGCTGGAACAGAAAGGCCGGC
CCGCCATCGATCCCAAGGAAACAAGTGTGATGCTCTTTCCCGGTCAGGGCACCCAGTACGTGGGCATGGCCAAAGACCTGCTCCGGTTCCCGGGC
GCCCGTCGCATCTTCGAGCTGGCCAACGAGGTGCTGAAATACGATCTGCTCAAGATCTGCCTGGAGGGACCACGTGAGAAACTGAATCGCACGGA
GCACGCTCAGCTGGCTGTGATGGTATCCTCGCTGGCAGCACTGGAGCAGTTGCGTGAGGAGCGACCCAAGGCCATTGAAACGTGTGTAGCTGCCG
CAGGCTTTAGTTTGGGCGAGATTACCGCATTGGTGTACGCGGATGCCCTGCCTTTCGACAAGGCATTGCGATTGGTGCAGGTGCGGGCCACCGCC
ATGCAGGCGGCATGTGACCAGGCAGCCGGAGCCATGGCGATGACTCTCTACGGACCGGATACCAATCTGGGAGAGGCCTGCGCTCGTGCGCAGCA
ATGGTGTCTGGACAAAGGAGTGGAGTCGCCCTACTGTGGCATCGCCAACTACATGTATCCGCACTGCAAGGTAGTGGCCGGCAACGTAGAGGCCC
TGGAGTTCCTGGAACAAAATGCCAAGTCCTTCAAAATCCGGCGGATGAAGAGATTGGCTGTCAGTGGCGCCTTTCACACTCCTCTAATGCAAAGC
GCCGTGGAGCCATTTACCAAAGCCCTGAAAACGGTGCGACTTCAGGACCCCGTCATTAGAGTGTACTCCAATGTGGATGGCAAACCCTATCGCCA
TGCCAAGCACATCCTAACGCAGCTGCCCAAGCAAATCGTGAGGCCCGTCAAGTGGGAGCAGACTCTCCACGAGATGTACGAGCGCAAGCAGGGCG
TCGACTTTCCACGCACCTTCGAATGCGGTCCTGGCAAGGGCCTGGTCCAGGTCCTGGAAAAAGTAAATGCCAAGGCCGCTCAATCCAGCTTTAAT
GTTATAGCCTAA
(SEQ ID NO: 884)

Start ATG: 13 (Reverse strand: CAT)

MLAARRLLRSPRITGALSWSRWSSDAAKATTETSALLQNAEKRQQLLNELSEPLEQKGRPAIDPKETSVMLFPGQGTQYVGMAKDLLRFPGARRI
FELANEVLKYDLLKICLEGPREKLNRTEHAQLAVMVSSLAALEQLREERPKAIETCVAAAGFSLGEITALVYADALPFDKALRLVQVRATAMQAA
CDQAAGAMAMTLYGPDTNLGEACARAQQWCLDKGVESPYCGIANYMYPHCKVVAGNVEALEFLEQNAKSFKIRRMKRLAVSGAFHTPLMQSAVEP
FTKALKTVRLQDPVIRVYSNVDGKPYRHAKHILTQLPKQIVRPVKWEQTLHEMYERKQGVDFPRTFECGPGKGLVQVLEKVNAKAAQSSFNVIA*
(SEQ ID NO: 885)

Name: malonyl coenzyme A-acyl carrier protein transacylase-like
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384534
GTTTGTGCAGGTTTCGGCGGTTCCTGCAAAAACAAAAGAAAAATGAATGATAAGTATGAATCAAATATAAAGTATATGCATAGATTCTAATGATT
TAAGTAAAATAGATAACGATTGATTACAAATCATTGATTATACATCCTTATCCTTAGTTAAAACAACTTCAAAAATTGCAAATTATGATATATTA
GGTTTTTAAGAGCTTTATCTGGAATTTAAGTTAATTAAAAATCTCTCTAGAACTTTAAATATAGCATCAAATCTAAGGCAAATGTGTATGTTATG
ATCAAAAGTAAAGTTGCTATGAAATAGCGCGAAACCCAATTAAAATTAGTTAACGTAAATGTCATCCTAAGAACTAAATAATAATAATTCAAAAG
AATGTTTTTCCAATCAGTAAATCCGTGTTTACCGCTCTGCAGTCGCTGCTGCGCTGAGCCCGCTGCCGGCGTCGCAGTCGGCGTCGCTGCAACGT
CATCCTGGGCGAGCGGCGCCTTTTGCTTCTGCTCCTCCTGCTGCTGATGATGCAGTTCCTCCACTCGGCTGCCGGTGACGTCGCCGCGAAAGCGC
AGCTGACGCTTGCCGCCCGCGGAATTGAGTGTGGCGTTCATTAAGTACGGTGTGCGGAGTCCATAAAATTAACAATAACAACGAGCTACAAAATT
TCGGGGTGAAACAGCAGTTATATGAAAATGTACTAACGCGTGCCGAAAATACCCAAACGTAAACAGTGTGTGTATCGAATGTACAGAACTATCGC
CTAAAGTAACAGCTTAGTTTATATTATATTAACATGGTTAATATTTGCAATGATTTTTATTCTAAGCTTAAAGAATAAGTTCCCGTTAGGGCCAT
GAGAGAAATTGATATATAAGTATACAACGAATTTTAAAATAATATATTTTTGCTACCCAGTAAACTTTTTATGCACTAGCTCACCGATTCATATT
TCAAAGTGCTATCGAAGTATCAGTCAATAGAGTGCCGTCACTAAATAAAAGCAGAGAAAATATTTCAATAGTTTGTAGCTGAAAAATATGTTCGC
ATCTGTGGAATTAAGCTCATATCGCGATCAGCACTTCAAGGTGAGTACATCCGAAGGCGCCACAGCAGATCTCCGACTCAATAAACCAATTGCAG
GGCTCGCGCTCCGAGCAAGAGCGATCGCTCCGCGACTCGTGTACACTTTACGTGGGAAACTTGAGCTTCTACACCACCGAGGAGCAGATCCACGA
GCTCTTCTCCCGCTGCGGCGATGTTCGTGTGATTGTGATGGGCCTGGACAAGTATAAGAAGACGCCCTGCGGCTTCTGCTTCGTGGAGTACTATG
TCCGATCGGAGGCGGAGGCGGCCATGAGGTGAGCCATATCCATCTCTCCACGCTAGAAAAAGCCGCCTTTTTTCCGGCATTTGTAGAAGTAATCA
GATGGGGTATCATTATCTCTTAACTAACTTCAACACTCTTTTCTTCTCCCACAAAAGATTTGTGAATGGCACTCGCTTGGACGACCGTCTGATTC
GTGTGGACTGGGACGCCGGCTTCGTGGAGGGCAGGCAGTATGGACGCGGCAAAACCGGCGGACAGGTGCGAGATGAATACCGCACGGATTACGAT
GCCGGCCGCGGGGGTTATGGCAAACTGTTGTCACAGAAGATTGCACCCAACACGGACAATCGCTAGTTATTAGATAAAATGACTGTAAAGACTAT
AAGCCCCCCAATTAGATATTAAAGCATACCCCTTAGACATAACATCTCTAATCGCATATATATTGTACGTTTTACATAGTTCTTTTGAAGACGTA
ATTGATATCATTGCGGCCTAGCATTAGCATGTATGAGTTTCTAGTGTTTTCGGGCTGACTGGATTCCATTTACTTCTTGCCAATGTTGTTGGCCA
GCGAGCAGCTGAGTCCGGTGCCATCGGGCTCGACATTCAGCTCGGTCACCTTGCCGTTCTCCACCACCAGCGAGTAGCGCTTTGAGCGCACGCCG
CCAAGTGGTGGCAGATCGATGGTCACATCCAGGGCCTTGGTGAAACCGCCGGCGGGATCAGCTAGGAGGCGCACCTTGCCCGCGGCTCCGTGCTC
CTTGCCCCAGGCGGACATCACAAAGGGATCGTTGACCGAAACGCAGACAATCTCGTCCACGCCCTGCTTGGACTTCAGCTCATCGGCGGAGCTCA
CATAGCCGGGCAAGTGGGTCTGTGGGTGTGGGGAAATGCATTATTCAGTTGGAATACATAAGCTGCATAAATTACACTATACTGCTGGAAGTTTC
TACAATATTCGGAAACTCAAAGCAGATGACTTTGCAACTATGCTACCTACGCACCTTTGAGCAGCCTGGAGTGAAGGCGCCGGGAACGCCGAAGA
TGATCACCTTCTTGCCATTGACGAGATCGCCGGTGTTGATTTTGTTGGCTGGCGAGTCCTCGAACAGATCCACCGATGGCAGGGAGTCTCCTACC
TGGAAATAAAGTGGGAGGCAGACAGGCGTACTTAGAGAAAAGAGGCAGCAAGATGGAGGCGATAACCTTGAAACGCTGTAATTTCTGGGTGCCGC
CGCAATCAATATTTATGCAGCTCGGCACCGGCTTATGTAATGGAATCCGGACTGCCGCACAGCCGGAAATCCGCGTTTGCCGGTCAACCTGCACT
TACTTTCACCATAGCTGCACTGGTTTTGGACAGGGATCGCAGTGAAATGATTTGTTGGGGCAGCGCGGAGTTAACAACTCGGCCAA
(SEQ ID NO: 886)

Exon: 1001..1085
Exon: 1141..1358
Exon: 1483..1746
Start ATG: 1038

Transcript No. : CT23846
GCAGAGAAAATATTTCAATAGTTTGTAGCTGAAAAATATGTTCGCATCTGTGGAATTAAGCTCATATCGCGATCAGCACTTCAAGGGCTCGCGCT
CCGAGCAAGAGCGATCGCTCCGCGACTCGTGTACACTTTACGTGGGAAACTTGAGCTTCTACACCACCGAGGAGCAGATCCACGAGCTCTTCTCC
CGCTGCGGCGATGTTCGTGTGATTGTGATGGGCCTGGACAAGTATAAGAAGACGCCCTGCGGCTTCTGCTTCGTGGAGTACTATGTCCGATCGGA
GGCGGAGGCGGCCATGAGATTTGTGAATGGCACTCGCTTGGACGACCGTCTGATTCGTGTGGACTGGGACGCCGGCTTCGTGGAGGGCAGGCAGT
ATGGACGCGGCAAAACCGGCGGACAGGTGCGAGATGAATACCGCACGGATTACGATGCCGGCCGCGGGGGTTATGGCAAACTGTTGTCACAGAAG
ATTGCACCCAACACGGACAATCGCTAGTTATTAGATAAAATGACTGTAAAGACTATAAGCCCCCCAATTAGATATTAAAGCATACCCCTTAG
(SEQ ID NO: 887)

Start ATG: 38

MFASVELSSYRDQHFKGSRSEQERSLRDSCTLYVGNLSFYTTEEQIHELFSRCGDVRVIVMGLDKYKKTPCGFCFVEYYVRSEAEAAMRFVNGTR
LDDRLIRVDWDAGFVEGRQYGRGKTGGQVRDEYRTDYDAGRGGYGKLLSQKIAPNTDNR*
(SEQ ID NO: 888)

Name: RRM-type RNA binding protein
Classification: RNA_binding
Gene Symbol: Cbp20
FlyBase ID: FBgn0022943

Celera Sequence No. : 142000013384534
ATGTGGCCGCTCTGTTGACTATGCTGTCCGCCAGTCTCTCCAGGTCGTCCAGGCTCTGCTCGTTGATTTTCCGCTCGAAGTCGGCCATAAACTCA
TTGGTCATACGCTCAGCTAGGGGCTCCGAATAGTGCTTGCGGAATCCCCGCAGGATGCTGTCCCTTAAACAGGGCTTTATCACCACCAGATTGAG
TTTGGTGCCCTCCTTGATGTTGGGATATGACGCAATTGTCTGTTCATTGTTAAGCGGTCGCCCCAACAGCAGTAGCTTTTGATTTGTAGCCGATA
TCTGCAGTTCCGCCTCGATCTGGTGTTTCACCTCCAGAATCGTCGATGTCGGCGCCACCTGTGTGAAATATTACCATATTAGCGACCTCACTTGA
TTTTGGCAAGGTTCATTCTTACCTCGATGGTGCAGTCCTTGCCCTTCAGCACCTTGATTGTTATCTGCATAGCAATTGCCGTAAAATTTATTAAA
AAATTAAAAGTCAAACTCGAGAAGTCGAGCGATATAAACAATCTGTCTTTGGCGTTGCCACCTGTATTGCCACCAAGTGTCATTAGGCCAAGCGG
CCCTGGTTTGTAAAACAAGTGCCGCAATATTTGCTAATATATAATTTACAAAAATATTTCCTTATATTAATATATAGTACATATATATGATTCTT
GTAAATTGCCAAATGTTATTTAAAATTATTAATATTTTAATGCAGCTAGCACAAATTATGTACAAGCTATCGAAAACCACTCGAAGTTATTATTT
TACAAAATTAAAGAATAATGTGAGATCAACAATTAAATAACAGTTTGTAAACATTCGGTTTATTATAATTAATAATGATCTTTAAGTCTTTCGCA
TTTGGCAATAAGACAGTAGAGGAGAGTAAGGTATAAAGATAGTAAATATAAATAAGTAAATAGCATAAGCAAAAGCTCGTTTTAGCTTTTAAACG

GAGTCGGTAAAATCTTCCTAAAAGTAACTATCGAGGGTCGGCTGGGTCAGGCAACGCCGCCGCACGCCTGCAGCCCTGGTAACTCTATTTTCTAT
TGAGCACCGACAACGTTGCGTGTATAAGACAGTTTACATAAATTATTATTTACAATTGCACAGAGCGTTGATGTTGTGCGTTCTAAGCGAAAAGG
TGAACTTGACCCCGGTGCCGATAGACCGCCGAGCTATTGGGTGTGAAATTCGCGAGCGAGCCTTGTGGAATTCGCACGCGAAAATCGAAGCGAAT
CGCAGCGATCGAAGAAATTGCAGCGCAAATAATTCGTGTAGCCTCGACGACTGAATTTTAACGCGAGAGCGGGGTGTGCGTGTGTGTGTGTGCGC
TGTGCTGTGATTCTGTGTGCGTGTGCAAGCGTTTTTGTTAGAATTCGCATTTTACGCAAAGAACTAGCTTTTATCAGCAGTGAACTTGATGTTGG
CGAACCTATATCGCAGCAGGGCCAAATTGAACAAGTTCTTGCAGCTTCTGGCGGTAAATTGGCGAAATAAGACCCATTAAAAACCCCCCTCTGAA
AATATAACCCACAAATTAACCTCGCCCCTTGACATTCAAAGTTATATTTGTTTCCCCACTTATATATGTGCACATATATATATATAAATATATAT
ATATTTAATAATAATTGTGTGTTTGAGTCTTGGAAGTGCAACTACAACTATTAATCGTGCCTAGTACACATTTTACTTTTACGCTCTCGACTGTC
TCCGTCTCTCTCCCTCTCTGTTTCACCCCTTCCTTGCAACAACAAAACTTATGAGTACTTGCTGGGTGCCCCAACAATACTTGTGTTGATGATTG
CCCATCCTTGCACCTCCAAAAAGAAATGAAAAAAAAATTTGAAAAACACCAACACCACCCAAAAGCGCTCTTCCTTCCCCATTTCTATTGGCATG
TCTGGCAACCCTGGCAATTGGTCGACGGCCATTGCTTCTCAACTTGTTGCTCGTCTCGCTTGCTCTCCTCTCTCTCTACTCTCTTTTCAAGTA
CGCTCTCTCTGCGCCAGTGTTTTGGCATTTTTGTTACTTATTTTCGTTTCGAGTATAGTTTTATGCGAAATGAACAATGCCAAACAATGAAACGC
CTGAAGACCTGCATAAAGTGTTGATGCTAACATTTAAATGGGAATCCGAAATTCCACATCACCGACAACACCTGTCCACTTGGAAGTTACAGCAC
TAATCGGAGGAACGCTGCATGAACGTGTTTTCGGTACCGTTTAGAACCGGATTTTCTATGCTAGAGAATGAGAATATGATCGCGGTTCTGTGGGG
ACATCTTGTGACAACTTAGGAACTCCGATACGAAGCGGTTTTCCGCCATTAAGGCATTTCCAATTGGAAAGCGCGCAGCGAGAGATTCTTAAAGG
TTGCTCCGTTTCCCATTGGTAATGTGTTGTTTACAGTTATGGTTAAGTTAATAGCAGCGTGTTTATGTAATATATAGATAATTCGAGTTATGCAC
GTTCCACTGTACAGTGATCAAAGGGAAAAGAAACAGTATTGGAATTTCCATGAAGTTGCATAACAAATGAGGAATAGTAGTGATGAGAAGATTCG
TGGTAGATTTCAGTAAACCCTTAATTTACGTTGAGCGCCCCTCGAATGCGAATGTTAATGCGTGTGTGTGTGTGTGTGTCTGCTTGAGTGTGT
TGTTTTGTGGCTTAATTGCACGGTGTGTTGTGATGCTATTGTTATTTTTCCTTTAGTTATTGCTACGTTAATTTTTTTCTTTCGACCCTCCACAG
TGCAAATATAATTTTCAGATAGCAATCAACTGAGAGCGGTCCAGCCCGGCCTGTTGTATTTGTTTGTTTGTCCGGTTGTTTACGTTTTTTTCTCT
CGTTCTCGCTGCTTTTCATACGTATTTTATATTTTGTAAAAATAAAAAATCGTTATAAAAAACCAAAAACACACATAGAGGAGAGCACATCCAAA
GAGCCAAAAAGAGTCAGAACCGATTGCGTATTATGGATAACGAGGCGTTAGATCCAACAATAAAAAGCAGTACGTCGGCAGCGACGCCAACAGCA
GCAGCATCAGAAACGACAACAACAGCAGCATCTTCAGTTGTGGAAACCACAACAACAATCGCGGCGGCCACAGCCTCAGCGGCAGAATCAAAAAA
CGAAACAACGGCCACAAACAACAATAGCAACACAAGCGGCAGCATCAGCAGTAGTAGCAGCAACAATATAGTCATACCGGCATCGGCCACTAACG
GTATCAAAGAGAGTAACAGTAACTTAAGTACAACAACAACAGCAGCAGCAGTAGCGGCAGCAACAACTGTAGAAGGAGTAGCTCCAGCAATAACG
TCCACAATCGTGGTGACCGGCGGCACTCCTCCATTGAGCAGTTTGGTGAGTAGCTCTCCCCCAAAACACTAGCCCTCCCCACCACACTCCCTCAC
TCACTCTCTTTCTCTTGCTGTCTTTAAGCCACAGTCTCTCTCTGTTTCTGTTACGATCTCTCCCTGTCTTTCACTTGTCGCCCTATTTGCATGCC
TACCGTTATTTTGGCGTAACGTAAACCTCACTCGTAATGCTTACACGCACACTGTGCATTTGTGTGTGTGCCTAAGCCTTATCTTATCTAATCAG
TGCTAATGATGTGTGTTATTGTATCGCTGCTTCACCTTACCCCGCACGATTCAAGTTAGATTGACCAACACCAATTAGATTCACAATGTTGCCAA
TTGTTAAATGAGTGTATGTCGTTCGGATAACAAATCGAATCGTAATTGTATCGCAAGTGCTTGACAAACCGATATTCACTTTCCCCCTTTTCCTC
ATCTCCAATTTGACCAATTCGTTAGTCCTTAGAGAGATAAACTTATTAGATTTTAATTTTTTTAATTTTAAAAAATGATTTTTTAATTAATTTCA
TAAGTTTTTTTATACGAAATATGATGCATTTAATTATTTCTTTAAATAGAGGAAATACTCTTTATTTAACAAACGATATAAATAGCATTTAATGA
CCTTGTAAGTGGTAACAGTAATCTAGCAATCTTTATTGCTTTTCAATTTTGGTTTACAAATCGTTATCGTTTCAATTATATTACCTTGGGTTCTA
CTTTCTGATAAGACTTTTGCGATTGAATGAATAGATTGCCCTAAATCCTAGATTTTATACGATTTCCCGAAAGTTTTGTGTCAACAAAAGACGGA
GTTGATTATACAAATCTTTATACTCACATGCCTGTTATTAACTAGAAGAACTTTTAATGAAAATTTTTTACATTTTTGTCTCTCCAACGACAAAA
ATATTGAACATTTGCAATAAAACATAAAGTATAAGGCGAGCACTTTGCTTTTTGAAACTGCCAAAAAATTGCCCAATGAAATGCTTTAAAAAATA
CATAAATGTTAGTGCCTGGAAAATATATACATATATGCCACCACCTGATTCCCTGGTAGATGCCAGCAATATAATCCTATACGTGTATGGAGAGC
CTACGGAACTCCAGCTTCCTGATCCCAGAGCACATTTCAATGTTCGGCATTACTAAACTCAGACTAAAACACACCCACAGGCAGCTCAACTTAGG
CGTCAAGGATTCGCACAGTCCAAGGTAAAAGCGATGGCCGGCCAAAATGGCAGCGAGGGACCATCCCGAACTGAACTGCTTTGCTCTGATTTTGC
AAGTGCTACGTTTTGAGTATGCTTTTTATTTGACCGCATATTGCTTTGCATTCGTTGTTAAAATTATTTTCATTTACTAAGCATAAGCCAAACCG
TTGACATGGGAAAAGATAATCAGATAAGTGTCATTTATGCCCCTTTGCAGGCTAACAAACTCAAGGACAACACACCACCGTACGATGCACCGCCG
CCCACGCCGATCAGCAAGGTCCTGAACATCACCGGCACCCCGATCGTTCGCAAGGAGAAGCGCCAGACCAGCGCCCGGTACAATGCCTCCAAGAA
CTGCGAACTGACGGCCCTCATTCCGCTAAACGAGAGTGAGTAGCCTTGGAGTAGATCCTACTACTTAGTATATTACTTTATAATACATGTACTGC
CAGCTGTTCAGATCGATATCTCTTAAGCCTGCAGATCGGTTGCATGGGGTAGAACTTGGTCGTAGCCATGTCGTAGCATACATTTTAGGGCAGGG
TTCCGTTTAGGCGATATAAAATTACCTTTCTTACTGTCTACCAACATCGTCAATTAAGTTTTTATGCAACTATACACTCAAAACAGATTGTATAA
ATCGTAGTAATTCCCATTAACGATGCATAATTACATATATTATGTCAATTAACTCCGGTAAATTTCCATGATTATAAGTTCAGCTTTAACTTACA
AGAGGCATTCTCTGTAAAGTGTACCTACGACCTGCAAGCTTGTTGGGAATATTGATTGGCCGGCGCTTGATTAATTTCGCTCAGCTGTTGTAATT
TGTTTATTATTTGTTAAAGTTAAAGGTCAAGGGAGTGTCGTCTGATTAGGTGGGTGGCAACACTGACGCACGGCCACTCACACATGTGAACCAAG
CAGCCGCATCAATTCACACCTCTCTCCACCTCTCTCACTCACCGGAATTTCAACACATGCGCTCTCTCCGCAGCCTCTCATTACACTGGGAGAAA
GCATCGTTAGAGGATTTCTCAGACCGTCTTAAATTTCATATATACACCGGCATTTCTTTATGACACAAATGTATTCGATTGATTTAAACTTGTGT
ATACAAATAATTAGAAAAACTGTATCCTGCAGGGAATTAATTTAAAAAAAGCAAATTCAATATTTTTGAAAATCATATATGTACATATCTGCGC
GTAATGATTATGAAATTGCTACACTTTTTTTTTCTGTGCAGCATGAATGTCATCGCATTGCGTTATTCACATACCTTTCTGCTAATTGCTTGGGC
GGTTTCGACTCACAAATCGAATAAACAAATTTCGCTTGTTCAATACTATTTTATTTTATTAGGTTTTATTGTTATTGTGGCTCGCTCGCCCAC
(SEQ ID NO: 889)

Exon: 1001..1139
Exon: 2929..3370
Exon: 4801..4983
Start ATG: 2978

Transcript No. : CT23882
GCAACGCCGCCGCACGCCTGCAGCCCTGGTAACTCTATTTTCTATTGAGCACCGACAACGTTGCGTGTATAAGACAGTTTACATAAATTATTATT
TACAATTGCACAGAGCGTTGATGTTGTGCGTTCTAAGCGAAAAGAGGAGAGCACATCCAAAGAGCCAAAAAGAGTCAGAACCGATTGCGTATTAT
GGATAACGAGGCGTTAGATCCAACAATAAAAAGCAGTACGTCGGCAGCGACGCCAACAGCAGCAGCATCAGAAACGACAACAACAGCAGCATCTT
CAGTTGTGGAAACCACAACAACAATCGCGGCGGCCACAGCCTCAGCGGCAGAATCAAAAAACGAAACAACGGCCACAAACAACAATAGCAACACA
AGCGGCAGCATCAGCAGTAGTAGCAGCAACAATATAGTCATACCGGCATCGGCCACTAACGGTATCAAAGAGAGTAACAGTAACTTAAGTACAAC
AACAACAGCAGCAGCAGTAGCGGCAGCAACAACTGTAGAAGGAGTAGCTCCAGCAATAACGTCCACAATCGTGGTGACCGGCGGCACTCCTCCAT
TGAGCAGTTTGGCTAACAAACTCAAGGACAACACACCACCGTACGATGCACCGCCGCCCACGCCGATCAGCAAGGTCCTGAACATCACCGGCACC
CCGATCGTTCGCAAGGAGAAGCGCCAGACCAGCGCCCGGTACAATGCCTCCAAGAACTGCGAACTGACGGCCCTCATTCCGCTAAACGAGAGTGA
GTAG
(SEQ ID NO: 890)

Start ATG: 189

MDNEALDPTIKSSTSAATPTAAASETTTTAASSVVETTTTIAAATASAAESKNETTATNNNSNTSGSISSSSSNNIVIPASATNGIKESNSNLST
TTTAAAVAAATTVEGVAPAITSTIVVTGGTPPLSSLANKLKDNTPPYDAPPPTPISKVLNITGTPIVRKEKRQTSARYNASKNCELTALIPLNES
E*
(SEQ ID NO: 891)

Celera Sequence No. : 142000013384543
GCTATTTCCAATTGTGCTATTAATCTGCCACATTTGCACTTCCGCGGAAAAGAGTCGGCGGGCGGATGTGATCTCTTTCGCTCGTCAGTTGGCTG
ACTCGCTCTGCAGGGGTGATTTGCGGGCGAGCGAGTGAGACAGAGCGAGGCAGAGTGGTAACGCTTGGCTAACCTGAAAATAGAAACAATCGAAA
TAAAAATACATTCTCTTCATGCTCTCGTCTAATAAAAAACCCCAAAAGCAAAACGTTTTCCATTTAAAATGTCGTCGCAACTGCCAGCGGGAAGT
GGACGTCGAGAGTGGCAAGTGTGTGGGGCAAACTCCGGCCAGCGGCCAATGGCGGTTGGCCGAGGCCACGCCCCGTGGCTCAATTACCGACCAGT
GCTGCCCATCGGCGGGCAGAGCGAAACCTGTTTCCACGAGCGAGAGGCAGTCAGGCGCATGTGCGATCAGAGCGGGATGGATGGCTCAAGGGTGG
ACCAACCAGAAGAGGCAGGTTGCTGGTATTATGGTAGGTTAGGTTCAAACAAGGTGGCAAACTGGCTCTTAACCGAAATAGGAAGGAAGTCGGCA
GCGGCGTCGACGTCGGGCAACTGGTTTGACTTGTTTCCGGCTCACTCCAACAGCCCAAACCCACCAGCAATCGGCAGAGGCAGCCAAGTCGGCAG
AGGGCAGGCAGAGCAGCGGCCGTCGGCACAATTTGATTGCATTTATGAAAAGCGTTTTCGCCCGCTAGCACGCGTCCGCTCCCAGCTCGCAATTC
GCCATCCGTAATCCGTAAACTTTAATCCGTAGACCGTAATCCGTGAATCCAAAGCAGTTCTCAGTTGGAATTTCCCGCAACGGGTAGTGCTTAAG
CGCGGAAACTGAATTGAAATCAATCGGACGATTAGTGTGTGCTTCGCGGTTGAAACACTCTACATCTAACTATTAAGAGAAAAGAGTGCCCAATA
AGATTCGAAAAGTGCAGTGAGCGAGCTCCAAATTGGCGCCACTAATTGCCAAAATGTCCAGCCACGAGGAGGATGACCATGAGCACGAGAACGAG
CACGGCGAAGAGGTGGAGGAACAGGAGATCCACGTGGATGTGGACTCGGACTCGCGGATGTCATGTGGCAGCGGATCCGATGTGGATATGGACGG
CGGCAGCTGCTACGACGAGTCCGAAACGCCATTGAGGTGAGAAGGAGAGCTTTTAAATAGAACCAGGAAGTAGGAAAAATGTCCCAAAAATATAG
ATATTATCAGTATAGATATACCATAAATAAGCAGATCTTCCAATTACAATAAGACTTCTACATATACATACATATATTATTTTTTTAACTAGATT
GTGATAAAATGCTTTGGCTTCCGTACTACTTACTTAAAACTGAAGAGGCCTTTTTTTTTAAAATTCATTTTGGTAAATATTTTTCAAATATGAAT
AACGTCTGAATTTATGTACGTTGCAAAATCGAACAATAAAAAATATTTTTGGTTTAATTGTATCGTAAATAATCTGCTACACTAAACTTGAAAAG
AGATTGCATCTCTATTAATAATAATAATGGCTTTACTTTCAAATTATACGATGTACAAACATAATAATTGGTCTGAAACAATTCATTACGGAAAA
TCCCCAAAAAAAATATATTAAAGAAAAAGCTCAGTTTTTCGTTTACTCTTGATGGTTATGATCATCATGCAAATTAATAAATATTTTTTTGTAAG
TACTGGGCTTGATTTAGTTGGCCACATTATTCGTTAATTACTCATAAGTCAAAATTTAGATCGACAGCAATTTGATCGACTAACTGAGAGAAAAA
GATCTATAAGCTATAGTTATAATAGTTGGCATACAGTCTTATTTTATTGCCCTATAAAAGTCAAACAAGTATTGTGGCGGAGAAAAGCTATTTGC
ATTTGTTATTACGAGCTCATAACTCCCACTGTTTTACGATCTTTAACATTGTCACTCATAATGCTCACAAATCCTATTTTTCGAATCGTGGCTCA
ACGCCATTGAAATGCGTTGATGTTTAAGCCCCATTGTCCGCTCTTACAAATGGTCCCATTTTCCAGCGACAAAAGGGGATAACAAGATGCCAGAG
CATCCAGCAGACCGTGTTAACTGATCCCATTCAAGCGTTTGTGCGCTTAGAAGAACAGTGTGAACAAACCTCTTAAACGCTAATGAATTGACCAC
AAAGCCACCAAAAGAATCAAGTCGAAATGTCCCATAAAGTGCCAAAGAAACTCCCTGAATTTACATAGTTCACGGATGGCCAGGGTTTCCAATAG
ACGACGACGATAAAACGCACATTAGTAAGGCGCCAAAAACGGGCTGTGATAAGACATTGGGGTCCATTTGGGGCTCAATCTGGAGTTGGATCTTC
GGCTTGAATGCCGGACAAAGACGAAATCGTTTGTCGGATTAACATTTTAATAGAGATCGTCATAAAAAATGCCATAAAACCCGCGTTCCAGCGAAT
GTAGATCACCAGATAGCAGCAAGTTTTGGCCAGTGAAATAATATGTGTTTGCTCATAACTTTTGATATTGGAAAGTGTCTGTGTGTCGGTGGTTG
GCGATTTGAGATCATTGTTCCGATACAATTCCATTCCTGTTCCAAATGGGTTTTTACTTTTTGGATTTATAAATTAAATGCCGTGCGTGACTTGT
TTTCGGTGCGTCAGTTGATGGCATTTGATGATTTATGGGCGCGTATTAAATGCCTCTAACGGCCGTCAGCATTTGCATAATTACTTCATTTCCAG
CCGCATTGCGTATACGCAGCGGTGGCCACACGGGTTCTGCATGTCATGTCGTCAACTCGGCTTATCCGCTCGCGTGGGCTTTTGGTTAGTGGTTC
CGAGACTGGTACGCACTGCAACAGACTTAATTATAGTCAATGTTCTCAGGCTTTCCCGCTTATCGGGCGACACATTTTAATGAGCCCGCACCTCC
AGAGGGCTTCTTTCCCTTCGATTCTGATGTCTTTTCTCCGGTTTTTATTCCCAGCGAGTCCCTGCAGTCGGAGCAGACGCGCTCCTCGTCCAGTG
AGAATCTGCCCTTCAGCATATCACGCCTGCTATCCAAGCCCTTCGAGACGAGTCACCACCACCACACAACAACCACCTGCTCAGCAGCAGT
CCGGGCTCCAGCAGCAACAACAACAACAGCGGCGAAAAGGGCGAGGAGAAGGAGCTACTGCAGCAGGAGGACCACGACCTGGCCTATAAGCTGGC
CACCAGCATCGCCAACTCGACATACGGAAGCGCCGCAGCACTATACTCGTATCCGCATCTCTATCCCTCAGCGGCCGGCGGTCATGTGCTACGTG
TACCGCCCCAGAGAACGCCGCTCACCTGGGCACTACCGCCACTGCATCACGCGGCGCTGGCACATCAGGCGGTCAAGGATCGGTTGGCAGGTGAG
TGAATAGCAGCGAAGTCAAGAGGGTTTGCCAAATCCAACCCATTCGGGGCCCCCATGTCGGGATGGCCCATGTTCGCCGAGATCTTTCGGGGGAG
CGATCCTCCAATGACCCGCGGTGGCAATTGCTACTGTTCCCCAAATAAGCACGATCAGAGAAGACTTTTAAGGCAACATGCCTATCGGCATGTCA
TTGTTGGCCAACACATTCGTGCACCAAGAGAAAATGTGGCATTTGAAATAAAAGAATTGGTAACATTAAGAATAAAAATGTTATATATGTGCCTA
CATAACGCGTAGTTGGATGCATTCAATTGTGCAATAGGGTGTAGGAACATAATTTTAAACTTCTTGATAAAACATATTTTTGTATATTCATTGTT
GAAAATAAGGTGCGAAGAACGTTGTCTAATGGTCTAAAAGGGCTTACTTACATATTTCCTTATAATATAATTACGATGGTCTATTAGATGGTATT
TTCTGTGGGTAAGAAACAGCTTAAGGCTAGAACACAGGTCTCATAATACGAATTTTCGCTCAGTGTACACTCACTCTGGTGAGCTTGGGATGCTA
AAGTATAAAAACATGTTTGCCTTCAAATGCGCAATCGCAGCTTAAGTTAAAAACTTAACGCTGAGCCGCCGCCCAGAAGCGACTCAGGAATGAGA
TGCGCCTTCTTATTTGCATGCGCATGCGCAGTTGAATTTGTATCTGTATCTGTCGCTGGTCCTCTGAATCCGTATCCGAATCTGTATCTGTATTC
CATCTGAATCTGCAACTTCACGTGCAGCTGGGTCTTCTGGCTCCCTTTTTGTTAATTTGTTTACATTATGAGCTTCACTTGTAGCTACAAGCGAT
GGGCACAGCGCGAGCCCTTTGAAATAATGAGACGGCGTTGATTTTATTACGCCTCGGCAGCCGAGGGATCTTCAATGGTGTGGAAGGGGGATCCC
GATAGGGTTCGGATCCTATAACTCATAATATTCGGGCCTTTTTCGGCCTTGTGATGTGGAAAAGCTGCTTAGGAGCAGCGCAGCCCGGCAATCTG
ACGGGCTTTTATGGCCGACATCCGCCCAGTGGTTCTGGTTAGCTGTTTGGCCTTTTTCTTCATTTTAGTTATTTTAATGAGCTGGTTTACATGAC
TTTTTAATTTCGCGCTGCGCTCGAAAAGGAATTAATTACGCATTGGGCGGTCGCTGGGCTCAGCGAGTGAGTTTTCTGTCCTCGCCGGCTTATTT
ATCGCCGCATACCGCACTTCACATTTGAGTCCAACTGACATGGTCAGCTTTTAATTAGCCAGTCGAATGCTGGCGATCCGAGGGCTGCATATCCA
TATCCATACTTGTGTGTATATCCGCCGAGGAGGGGCATTCGATCGAGTGGATCGTATAGAATGGAATGGGATCGGATCAGTCACTTCGAGTCGAC
TATTCCACCTGAGGGGCACACTTATGAGCCCGCCGGGTGATCCAAGCTTCTGCCGCTCGGTTTCGTTTTGTCAACATCTTCGTTTTCGTCTTGGT
CTTGGTCTCGGCCAACGTCTGTGTCTTTTTGTGTTTATTGTGTCGCTTGCCTTGTGGCTGATAAGCTGGCGCCTTGGCTTTTTTCATTAACAAGA
CAAACGAGCGTCCAGGGTGCGGATCCGATCCGATCCGATCCGATCCCTTCCCGCGACCAAAGTGCTCCTCTCTCTTCCGCCGGGGCCCTTAGCGC
CATATGATTAATAACCATCGCATGTTAATTCTCGTTATTTTTTGGGAAACTACGTCGCAGCAGGCGCCAATTACTTTTCGGCCATGCACGCCCTA
ATGCAGTTTCATAACAGCCATAATAGCCTGATTGGAAGGGAGTTGGGCTTTTGTCACGACACTTGCCCACACGAATGTTACCAATCAATGGCGGA
GTAGGATCTATAGGCTAGTGTATAGAAATTCCCTTTACTAGGGAGCTCCTTTAGTAATTTAGTATTTAATATTAAAAAATGATGTAAACTCCGTG
AGACTGTATACTAATTTGCCATTTAACAGTTCCCATTTGCATGCGCTTTGATTGGTTACGTGCTAGTCTTGAGGTAACTAGTATATAACTAATCC
AAATCACTAGCAAAGGTCAGAGTGCAGCACTTTTGAAAAGAGACCAAAATAGCGGAGTGGGAGGAAACCAGTCCCAGCCACAGGCCGTCATCAAT
AATGCATGCTAAAAGCTTTTTGCATTATTTTAGGTATTTCTGGTGAGACTTCTCGGCCGCAGCCACACACTCACCGCCATCTGTATCTTAAAGAT

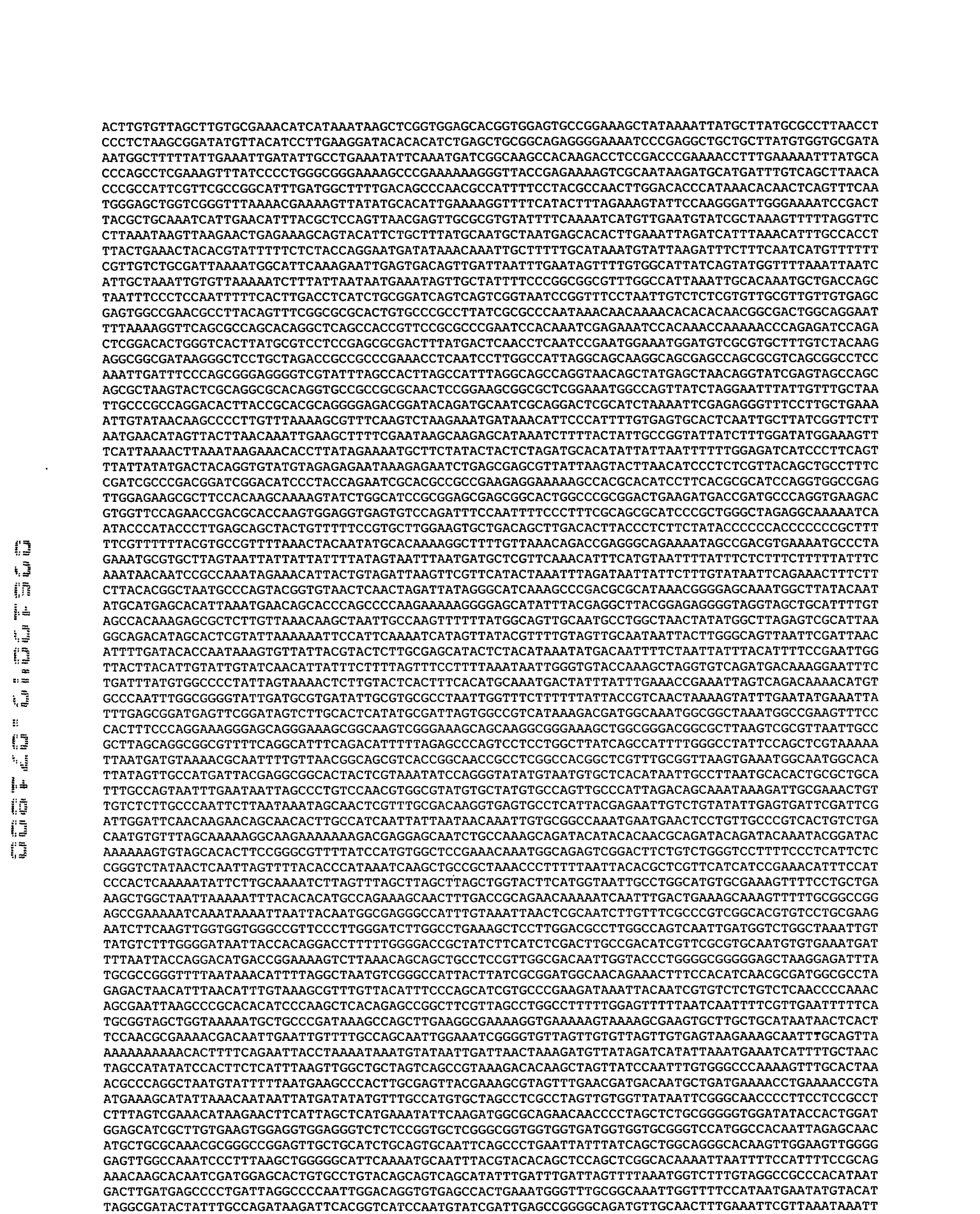


FIGURE SHEET 482

CAATCCGAACCCTATATCCTATACTTCCCATAAGCAATTTCGTAGTAATTAGGGGGAATATGTCAGAATTTAAATGTTAATCAAGGAAATGAATT
AAGAGTGGATCAAACTATCACAATTTTTAATGTATTCTAGCAAACGTCACCACTTTCATTTTCTTTGAACAACTTAAGTTTCATAAAAAGCGTAT
AGTACAGAACTTCCAAAGAGAACTTGAGCCTTACGAAACACAAGTTATCCTTATTAAGCCTTAAACCATATTTCAATAATATTTAAATAGATTCT
TAATGAAAGTTTTATCCATGACCTGGCCAGTTACTTACCATTACCTTCTTTTTCTCCATTTCAGACGACAGACGGCCGAGGAGCGCGAGGCGGAG
CGGCAGGCGGCGAACAGACTGATGCTGTCCCTCCAGGCGGAGGCCATCAGCAAGGGATTCGCGCCTCCTTCGGCACCCCTGGGTTCCCAGGGGGG
CGTGAACGGGGCACCGCTGGCTGCGTTGCACGGACTACAGCCGTGGGCAGAGGCGTCGCATGCGGCGGGCTGCTAATCGGGGCGCCATCGGCGGA
CGGAGCCTGAAGTTTGGCGGGAGCTGGTTTATTTGTGATACACTTCGCTTTGTACATAGTTCGGATGAACGGACAGTTTGCACTGTACTGTACAT
AGGAAAGAGGGGCGTCGCCTCGAGCGCCCACTGTAAATACCTAGCTTTACTCTGTAGTGACGCTTACCTAACCGATGCCGGGATGACGAGGATTT
GCGATGGTGACCCCGAAACAGCGCTTTAAGTTTGTGTAGAATCTGGAATTTCCGTTTTGCGTTTCGTAGCGGTGCATTTAGGATCTTAGTTATTG
TTCGACAGTTTCGACAGTTCGGCAGAAGCAAACCGCATCTCAAAACGTCGCAGTGAGCTTGGAAGCCACATTTAGTAATAATATATTTAATATAC
AAAATTATATACGGATTGTAATTGTAATGTATTGTAATTGTAACATCTGTCTGTAGGCTTAAGCGAATGGCATTACCTAGTATTATAAATTATGA
ACCCTAAAAACATGTACGATTATTGAAAAGTAGAGAGGATGAGCAATGAAAATAAACATATTATTGAATCAAAGAACAGAGGTATTTGGTTTTGG
CTTTTTTACAATAGTATAGAACTGGATCTTTCAGTTCTGGAGAATAAGTTTCTTTTGGTTATTTGACCACATCAATTCTTGTTTGGATACCAAAT
AGGTAGCAATTGATAAAAAACTCCCCCAAAACAAACGAAATCAAAAGTCAGGGGATGTTTCCCTGCCTTTTCAGTTGAGTTCCGCATTTAATCGG
CTCTGTCTCAACCCTTAACTAGTACAAATACCCCATTGAAGATGATTTATAGACGCTTATTGACAGGACTGGGTGTTTCGATCAATAGACCAATT
TTGATAGAAACCTGCTCCTCAACCGGATACCATTCGACGTGCTAATGACTGGGATGCTCATAAAAAAATCAGCCATATGCTCGACCCCGAAAAAC
CAACAACAATTAGCGGCGAATATCCGAGGCCGTTCATTATAAGTGTATTACGTGTTTTTGCGCTGAAAGCAAAACAAACAGGCGCCGCCGGACAG
GTAGCCCTATACTTAGAG
(SEQ ID NO: 892)

Exon: 1001..1176
Exon: 3000..3415
Exon: 7877..8105
Exon: 12795..13078
Start ATG: 1103

Transcript No. : CT23946
AAAATGTCCAGCCACGAGGAGGATGACCATGAGCACGAGAACGAGCACGGCGAAGAGGTGGAGGAACAGGAGATCCACGTGGATGTGGACTCGGA
CTCGCGGATGTCATGTGGCAGCGGATCCGATGTGGATATGGACGGCGGCAGCTGCTACGACGAGTCCGAAACGCCATTGAGCGAGTCCCTGCAGT
CGGAGCAGACGCGCTCCTCGTCCAGTGAGAATCTGCCCTTCAGCATATCACGCCTGCTATCCAAGCCCTTCGAGACGAGTCACCACCACCACAAC
AACAACAACCACCTGCTCAGCAGCAGTCCGGGCTCCAGCAGCAACAACAACAACAGCGGCGAAAAGGGCGAGGAGAAGGAGCTACTGCAGCAGGA
GGACCACGACCTGGCCTATAAGCTGGCCACCAGCATCGCCAACTCGACATACGGAAGCGCCGCAGCACTATACTCGTATCCGCATCTCTATCCCT
CAGCGGCCGGCGGTCATGTGCTACGTGTACCGCCCCAGAGAACGCCGCTCACCTGGGCACTACCGCCACTGCATCACGCGGCGCTGGCACATCAG
GCGGTCAAGGATCGGTTGGCAGCTGCCTTTCCGATCGCCCGACGGATCGGACATCCCTACCAGAATCGCACGCCGCCGAAGAGGAAAAAGCCACG
CACATCCTTCACGCGCATCCAGGTGGCCGAGTTGGAGAAGCGCTTCCACAAGCAAAAGTATCTGGCATCCGCGGAGCGAGCGGCACTGGCCCGCG
GACTGAAGATGACCGATGCCCAGGTGAAGACGTGGTTCCAGAACCGACGCACCAAGTGGAGACGACAGACGGCCGAGGAGCGCGAGGCGGAGCGG
CAGGCGGCGAACAGACTGATGCTGTCCCTCCAGGCGGAGGCCATCAGCAAGGGATTCGCGCCTCCTTCGGCACCCCTGGGTTCCCAGGGGGCGT
GAACGGGGCACCGCTGGCTGCGTTGCACGGACTACAGCCGTGGGCAGAGGCGTCGCATGCGGCGGGCTGCTAATCGGGGCGCCATCGGCGGACGG
AGCCTGAAGTTTGGCGGGAGCTGGTTTATTTGTGATACACTTCGCTTTGTACATAGTTCG
(SEQ ID NO: 893)

Start ATG: 103

MSCGSGSDVDMDGGSCYDESETPLSESLQSEQTRSSSSENLPFSISRLLSKPFETSHHHHNNNNHLLSSSPGSSSNNNNSGEKGEEKELLQQEDH
DLAYKLATSIANSTYGSAAALYSYPHLYPSAAGGHVLRVPPQRTPLTWALPPLHHAALAHQAVKDRLAAAFPIARRIGHPYQNRTPPKRKKPRTS
FTRIQVAELEKRFHKQKYLASAERAALARGLKMTDAQVKTWFQNRRTKWRRQTAEEREAERQAANRLMLSLQAEAISKGFAPPSAPLGSQGGVNG
APLAALHGLQPWAEASHAAGC*
(SEQ ID NO: 894)

Name: C15
Classification: transcription_factor
Gene Symbol: C15
FlyBase ID: FBgn0004863

Celera Sequence No. : 142000013384668
AGGATTATGACAAGTGCTGGCAACTGGATTTCCGAGGAGCTGGAACCAGCTACTCTACTGTCGATTCAGGAGGATAATGGTATTGTTACCAAGGT
GTACGTGGCGCCCTGTTTGCAGCCGATAAAAGAGGAGAAAGTTTCCTGGAGGACAACACGCAACGCTTCCACTGTCCGCTTTGCTCTAATGTGA
TTCGCACGGCCGGTGCCTACAAGGTCCATCTGATGGCCTGCCAAAGACGCTTGGCACGCATGATGAAGGATGTGCCGGACGTGTCCCAGCATCAG
TGCAACATTTGCAAGAAAATCTTCTCCTCGGTGGATGCCCTGATCGGCCACAGGCTCCTGCATGGAAGCCCATCAATGAATCGCACCTGTGCATC
CTGCCATGTCAAGTTCGGGACGGATCTGGAGTATCGCACCCATTTGGAGAGCCATCTGATACCGTGCGAGTCCACGGATGAATCCTACGAAGGGG
CGTACACCATCACCAAGACCTTCAATTGCGTCTTTTGTCGCACGGAGTTCAAGGCCTGCTTTAAGCCTGGCCAAGTGACCCGTCGATACGCGTGC
GACGCATGTATCGTAAGGCTGAAGGCCCAGGAGGAGGAGAAAAAGATCTTAGGGAAGAGAAGGCCCGAATTAATCTGTGATCGTTGTGGGAAAAA
GTACAAATATGAGGGTTTCCTTCACCGTCATCTGAAAACTTGCCAGATGCCGGATAAATGCAAAAGAAAGCGTGAGATTGAAATCACCGAGGTCA
GCGAGGTAACATTTACAGAAGTTGTGCAAAGTTTTAATAATTGATTATACAAATTCGCACATTTTAATTTTAAATTAAATAAATATATTTTTTAA
TTGTAATATTTTTTATAATTTTCAAATTATGGCGCCCATCCCACCGATATCTATTTCGATCTGCTATCGATGTGGTCACACTTATCGATAAATCC
ACCGTGGCGTGGTATTTTTGATTTAAAGCGTTAGTCGATTTCCCGCCCAGCTGCACGTGTATATTTTTTTGCGGTCCAAAGAAAAGTTCGTAAAT
AAACGAATTTGCGTGCATTTCCAGCGAACACGATGAGTTCAGACGAGTCCAGCGACGGTTTGGAGGAGCTGCAGAGTCTGAAGGCCCTCTACGGC
CAGCAGGAGCAAGAGAAACCGGCAAAGATCAAAAGGGAACGTTATATTCCAAAGGCCTCGCAGGCCAAGGAGCTCAACTATGTGGAGGTGCCCAT
GGAAAAGGTGCTCTTCGGCGACAGGCAGCGACTGCTCACCAATCTAGCCAAGTCCGTGGGACAAAAGTTGCCGAACGATGACGAAGACGAGCAGG
AGGAAAATCCCGGCCAGGCAAAGCCAGGCGACAAGCGGAAAGCCGCCTGGTCGGATTCCGATGACGAGGACCTGCAGGTGGGCGATGTCAAGAAG

GCCACAAAGCACACGGGTCCACTGAACCACCTGCGCAAGGATAAATCGTACAAGGAGTATCTTACGGCGCGATTCCAGCGCACGCTTAACCAACC
CAAGTGGGCGGAAAAGAAGGTCAAAAATGAGGACGACGAGGACGTATCCTCCGACGAAGAACTGCTGCGGACGGTTGGCTTTATCGATCGTAAAG
CCCGGAACAGTGATCTGCCCCAGAAGACTCTGAATTTTAAACGGGTCAAAGACCTGAACAGGGCCACATATGCCGAGGGTAATGCCACCAGCATT
CAGTTTCATCCAACCAGTACTGCTGCTCTAGTGGCGGGCATGAATGGCCTAGCCACCATCTACGCCGTGGATGGGCAAAAGAACGAAAGGTTGCA
CAACATGCGCTTCAAGAAGTTCCCGCTGGCGTGCTCCAGAATTGCTCCATGCGGCACAAGGGCGTTCTTTGGTTCTGTGAAACCATTCTACTACT
CCTACGACTTGCTGGAAGCCAAGGAATCGAAGCTAAAGCTGCCGGGCGCAATGGAATTTATGCACCGCTTTGAGGTGTCTCCATGTGGCAAATTT
ATCGTCACTGCTGGCAAGTTTGGAGCCATTCACCTGCTCACGGCCAAAACAAATGAGCTGCTGCACAGCTTCAAGCAGGAGGGCAAAGTGAAGGG
ATTCACATGGTCTAGTGACTCCAAGAGGATCCTCGTCTGCGGTTCCACTTCCAATGTCAGCGTGCTGAACCTGCGCCAGAACCTCATCGAGCACA
TCTTCATGGACGACGGCTGTATACATGGAGAGTCCATTCAACTGTCTCCCAACCAACGCCTACTGGCCACCGGCAGTCAAGAGGGCGTGGTCAAC
ATCTACGACTACGAGAGCATTTTCGCATCCAAGGCCCCACAACCCGAGAAGCGCTTCATGAACCTACGGACTGCCATCACGGATCTCCAGTTCAA
TCACTCATCTGAGCTACTGGCGATGTGCTCCAGTGAGGCGCCGAATGCTTTTAAGCTGGCCCATTTCCCCAGCGCCACTGTGTACTCCAATTTCC
CGGCACAGAACGAGAAGGTTGGCTTTGTGACCTCCATGGCCTTTTCGCCGCACAGCAGCTTCCTGGCCTTTGCCACTAAGGGCAAACAGGTGCCG
CTCTTTAGGCTTAAGTACTTCAAGGGTTATTAATTGAAGGCAGTATGATGTTTACAATAAATTCTTAAATAAAATCATTACTCTTTCTGTGGTTA
CAATGGAACCATCTTTATTTAAGTTAACAAATTAAGGGGACTTATCTTTAGAAAGGAGCTCGGAAAATATCGCGTTTCTGGGAGTCTTGAATCTT
GCCAATGTCTTCCAGCTTCTTGCTGATGTTCGTCGACTGCGATTCGATCCACTGCAACGAATTCATATGGGCATTAAGGATTTTTCCGATCTGTA
TGATGGGATCAGTGGTGTCCTGGCCCTTGTTGGCCTCGTTCAAGTTGTCTATTATCTCCTTTAGATCCTCGGACATCTGCTTCAGTTGTGTGTCC
AGATTCTCCACCATCAGGTAGGTTTGGCTGCGTTCCATGTCCACCCTCGGGAGATTAACGAATTCCTTCTCAAGCGGTCCCAGGCTGTCCTCAAG
CTCTTTTTGCTGCGTGGCTATAAACTCCAGCTCCTGGTCCAGCACTTGCTGATCGGTTTTCACTTTTTTCACGGCATCGTTGAGCTCGACGATCT
TCCCGTTGTTGCTGATGAGCAGTTTGTCCCATGCGTTGATCTGAGTGGCCTGTTCGGTGAATACCTTTTCCTGTTCCTCGAACTCGAGAGTCCAC
TTGTTGATATGCTCCTCAAGTTGGTGGTAGGACAATTGGGATGCCGTGGAAACGGCCGATGAGTCTGTGGTCTTGGTTTCGGTAGTGAGATTGGC
AAAAGCACCACCAGTACTTAAAGTTGGGGCCGGTGCAGCTCCCTGCGTGGAGGCTATGGCCGACGGAGCTGCAGTCAGAGTTGTGGACGCAGCGG
CCGTGGTCTTGGGAGCTCCCAATCCAGACCCGCCCAGCAATCCAGTTGTGGTAGCTGCGGTGTTGGGTGCACTGGTTGCTATAGTTGGCACCACA
GATGCCGCTGGTTGAGCCGTAAAGCCTCCGAAGGCGGGAGGAGCAGCAGAGGTTCCAGTCGCGGTCGCAGAAGTGGTGGACGC
(SEQ ID NO: 895)

Exon: 1001..2598
Start ATG: 1078

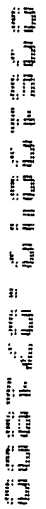
Transcript No. : CT24010
CTGCACGTGTATATTTTTTTGCGGTCCAAAGAAAAGTTCGTAAATAAACGAATTTGCGTGCATTTCCAGCGAACACGATGAGTTCAGACGAGTCC
AGCGACGGTTTGGAGGAGCTGCAGAGTCTGAAGGCCCTCTACGGCCAGCAGGAGCAAGAGAAACCGGCAAAGATCAAAAGGGAACGTTATATTCC
AAAGGCCTCGCAGGCCAAGGAGCTCAACTATGTGGAGGTGCCCATGGAAAAGGTGCTCTTCGGCGACAGGCAGCGACTGCTCACCAATCTAGCCA
AGTCCGTGGGACAAAAGTTGCCGAACGATGACGAAGACGAGCAGGAGGAAAATCCCGGCCAGGCAAAGCCAGGCGACAAGCGGAAAGCCGCCTGG
TCGGATTCCGATGACGAGGACCTGCAGGTGGGCGATGTCAAGAAGGCCACAAAGCACACGGGTCCACTGAACCACCTGCGCAAGGATAAATCGTA
CAAGGAGTATCTTACGGCGCGATTCCAGCGCACGCTTAACCAACCCAAGTGGGCGGAAAAGAAGGTCAAAAATGAGGACGACGAGGACGTATCCT
CCGACGAAGAACTGCTGCGGACGGTTGGCTTTATCGATCGTAAAGCCCGGAACAGTGATCTGCCCCAGAAGACTCTGAATTTTAAACGGGTCAAA
GACCTGAACAGGGCCACATATGCCGAGGGTAATGCCACCAGCATTCAGTTTCATCCAACCAGTACTGCTGCTCTAGTGGCGGGCATGAATGGCCT
AGCCACCATCTACGCCGTGGATGGGCAAAAGAACGAAAGGTTGCACAACATGCGCTTCAAGAAGTTCCCGCTGGCGTGCTCCAGAATTGCTCCAT
GCGGCACAAGGGCGTTCTTTGGTTCTGTGAAACCATTCTACTACTCCTACGACTTGCTGGAAGCCAAGGAATCGAAGCTAAAGCTGCCGGGCGCA
ATGGAATTTATGCACCGCTTTGAGGTGTCTCCATGTGGCAAATTTATCGTCACTGCTGGCAAGTTTGGAGCCATTCACCTGCTCACGGCCAAAAC
AAATGAGCTGCTGCACAGCTTCAAGCAGGAGGGCAAAGTGAAGGGATTCACATGGTCTAGTGACTCCAAGAGGATCCTCGTCTGCGGTTCCACTT
CCAATGTCAGCGTGCTGAACCTGCGCCAGAACCTCATCGAGCACATCTTCATGGACGACGGCTGTATACATGGAGAGTCCATTCAACTGTCTCCC
AACCAACGCCTACTGGCCACCGGCAGTCAAGAGGGCGTGGTCAACATCTACGACTACGAGAGCATTTTCGCATCCAAGGCCCCACAACCCGAGAA
GCGCTTCATGAACCTACGGACTGCCATCACGGATCTCCAGTTCAATCACTCATCTGAGCTACTGGCGATGTGCTCCAGTGAGGCGCCGAATGCTT
TTAAGCTGGCCCATTTCCCCAGCGCCACTGTGTACTCCAATTTCCCGGCACAGAACGAGAAGGTTGGCTTTGTGACCTCCATGGCCTTTTCGCCG
CACAGCAGCTTCCTGGCCTTTGCCACTAAGGGCAAACAGGTGCCGCTCTTTAGGCTTAAGTACTTCAAGGGTTATTAA
(SEQ ID NO: 896)

Start ATG: 78

MSSDESSDGLEELQSLKALYGQQEQEKPAKIKRERYIPKASQAKELNYVEVPMEKVLFGDRQRLLTNLAKSVGQKLPNDDEDEQEENPGQAKPGD
KRKAAWSDSDDEDLQVGDVKKATKHTGPLNHLRKDKSYKEYLTARFQRTLNQPKWAEKKVKNEDDEDVSSDEELLRTVGFIDRKARNSDLPQKTL
NFKRVKDLNRATYAEGNATSIQFHPTSTAALVAGMNGLATIYAVDGQKNERLHNMRFKKFPLACSRIAPCGTRAFFGSVKPFYYSYDLLEAKESK
LKLPGAMEFMHRFEVSPCGKFIVTAGKFGAIHLLTAKTNELLHSFKQEGKVKGFTWSSDSKRILVCGSTSNVSVLNLRQNLIEHIFMDDGCIHGE
SIQLSPNQRLLATGSQEGVVNIYDYESIFASKAPQPEKRFMNLRTAITDLQFNHSSELLAMCSSEAPNAFKLAHFPSATVYSNFPAQNEKVGFVT
SMAFSPHSSFLAFATKGKQVPLFRLKYFKGY*
(SEQ ID NO: 897)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384534
TTGCAGGATGTACTCCTTACGCCGTTGGATGACTGCCGCATCGAATCTCTTGAAATATGTGCTATCTGTGGGCACTGGCAACTTGCCGGGTAGTT
GGAGACTCTTGTGGCGCCGGCTAAGCTCGCGATGCAGCCGCTTGACATCGTGGAACCGTTTCCACACCACCAGGCAGGTCAGAGCTTGAGGTACC
GACCTTGGGAAGACCTAAAAGTGGGTGAGGTTTACTATTTGGAACAGTTCATCTGCCCCCAAAAAAAACGACTTACAATCGAGGTGATTTTGTAT
ATTGTGTACCCGCCCTTGTGCTCCTGGGTGTCCGTCACTGTGAAGCTGTGGATCCAGCCGCCCAGGTTGAGAGTCATTCTGGTTTCTGCTGCAAG
ACCTGGTGGTTTAGTTTCTAAACATATTTCCCATATCAAATGTCGTTGTTCCCCAACTTTTTTGCAACATTAAAGCTAGTGTGACCAAAGGACGC
CAAAATAACCACTTCCGGACTTCGAAATTAAATAAGAGCATTTAGTAGCTTATTTTTTTAACTTAGAAGGATTAAATTAAACCATAAAAATATTA
ACTGTTTTTTAAACACTTTTATTTAAAATAAAAAACGGTCACATTTTAAAATTTAAAATTTATACTCTAATCGAAAGTATCATAAGTATCGATAG
TCTGCAGTGCATGTGGGTTATGTCATGACTAATGACAAATTGAATTGCACAGAAAAGGTGGAAGTCCCTGCTAACGACATTGCTTCATGTGTTCA
TTTAATACAACATATTTATAGCTATAGCTTTTTTAAATGTGTCAATTTACTATAACATTTTAAAACTTCCGAATAAAAGCTTCACACAAACGGAT



TTTCACAAGTAATATCCAGATAGAAATACCATTTTAAAAAGAAATTTTTCCGATTTTACCACCATCGCTTGCGCATGCGCACGGAACGCGTGATG
CGTTTTTAAGTCCGTCATTAGGCCATCGCCCATCAATTTTAGTGTTTCAACCGCCGCCCGATACGGTCACACCGCTCGAGAAGTAGAGAAAAAAG
AAGGCGACGAACCACAGGCAGCAAGCAAAATCGACGCCGCACGTACCGGGAGCATTTAAATAATTTTTTCTGTGGATTAATTTTACCGAAAAGGC
TTCAACACAATGACTGAGCGCGAGAACAATGTGTACAAGGCAAAGCTGGCCGAACAGGCCGAGCGCTACGACGGTGAGTAGTGATTCCGAAAAAA
AATGGTAGCAAAAATGGTAGAAAACGGTAGACAAATGCTAGTAGAGTAGGGAAAAAATTTTCTCGACTGAGGAGCGCCAACGTTTTTGGGGAGGG
GTCGCCTGGGATTTTTTTTTGTCTTCCCGATCCATTGCGTCGTCGCGTGGTCGTTGAAAAAGTCTAGAGCTCCGCTTTTCGTCCGAATGTGCCAA
TTAAAAGGTTTTCTTCCAGAGAAAACGATGGAAATTTTCAATTTTCATCGCTGTAGCTGCATTCGAAGCGACGCAGCGTCGCGATGAGTAGTATT
TCTTGCGAAAAGAACGGGAGATGGAGGAAACAGTAAGAAGAGGAAGAAGCCGAAGAAGAAGCAGAGCGTCGGAAGAACGAAAAGAGATGAATAGA
GTGTAAAACCTGATTTTTACCGGCAAAAATTCGCGTGGTTTTGCACAAAAAGAGAAAGAAACGGAATTGCGTATTATAATTTACAGCAAATAGTT
TGCTCCGCTCTTTCTTTTTTGGAACTATATAGTATTAGTTTAGAAGGGGAAAATTTTGTGTATTTGGCGTTGCGAGCAAGGGCTGCGCGGCAGCT
AGCATTTTATTTTCTTCCTTGGTTGCTAAGGGCTGTTTGCAGTTGATTCCAGTTCGCGTTCTTTTTTTTCTTTCTTAGTAGTTGTCAAGGCGTA
ACTTTCTAGAAACGACACATTTTTTGGGGATTCTAGTTTCTTAAATACACTTATTCCACACCCAAAATCAATGATTGTGGGGCAGGGGTAGGTGC
AGTCCTCTCTTTCAGACCCCCTCCCCCTTTTTTTCCACGAAATGTGCTTTTCATGCGCAGCAGCGGCGTCGTCACCATGCCGTTGCTGCGAAAAA
TCGATGAATGAATCGATTGTGTCGCCGGCTGTCTCCCTCTCTCACTTTCTGCCTATTGCTTAATTCTTTATTTATGCAAATTAGTTGCGGCTAGT
TGCAAGCAGTTATGCGGCCACTTGGCAACCCTATCTGATAATGCGAAAAAAGGAAATATAAAATTTTTCTGTGCTTCTTCTGTTACTCTCGCATT
ACTCATGCTTATGCGCATGTATGCATGCGTGTGTGTGTGTTTGTACGGAGGTGTGCGTGTGCCGATGAGTGTCCGCCGGGCGGTTTTTATTGT
TGCTTCTTCTGTAGCCTTTGCTTATATTTAATTAAAAATACTCCAATTAATTAAAAAGCCAGCTCAAAATGCAAAGAAAGTCGCAGTGGGAGGGG
GACGGCAAATTCGGCATTTGCAAAAAGCGCGCGCTTAACCAATTGCCATAAACGCTGCGTGCGCCAAAACGAGATGGCTAGTGTGTCGAAGTGTC
GGCGACGCTGCACAGTGGCTGTAAAAAGTTAACAAACATTTGGCGATTCCTCTGTCTGCCGTTCCTTCCTGCTGCTGTACTTGGGCAGCGACTAT
AGCAACAATAATTGCAAACGGTACTCTGCACCTAATTGCCTGCAAAACTGACAACATTAACGGGCGGTGGCGGCGGCAAAGAAGTCAATCAACTA
TTAGCACACACAAACAGGGCATACATGCATACATACACCACTGGTGGGGATATTTGTGTCTGTATCACATGTTTGTCTTCTTATTTTCGCCCATC
GGTGTGCGTTGGTGTGCAGCACTTGGCGTTGGCCTTGTCACACTCGGACATTTTGCGGTGGAGCTCATGCTGGAGCACCAATACCATTGCGCGCG
AAGAGAGAGAAAGAGCGCGGCGGAGAGCGAAGCGGAGCGGCAAAGCCGCCAGCCGGCAATGTCTGCGCCCCCAATCTGAACTTGCCTCGCCCTCT
CCGCCCCTGATCTCATCTCCTCTTCAAACCCCTGCTCCCCTTTTCTGCACACATTAACGTCAGCCTTTAAGTGTGCTTTCTCAGGTGCTGCCCCC
TGCGCCCACCATCCCCCGCTCCATGCTCTTTCCATCTTGCGCTCTCTGCGTTCTATCTACATTTTTTTCGAGGTCGCGCGCTGCTTTTTCCGTTG
ATGTTCGTTCTCGTCAATGTCGTCAATATGCGCAAAAGGCAGACAAAAAAAAAATGAGTGGAAAAAGTAGCATACATACGGTTGATTGATGGGCG
GTGGGTGGCGGTGGTGTTAGGTGTGTTTTGTTTGTTGCTCGCTTTTTGCTCAAATTGCACCATTTTAGGGGCTGTTGTTGCTGCTTCCTTTGTCT
AATTACACATTCTCTGCCCGCTGTAACGGTATGTGCGCATGTTTTTTCAGCTGCTGCGCCCTTATGCGACTCACACACACACACATACACACACA
CACAAAACCACGCGCACTCATACCCACACGAGCGCAAGACACACCCACAGGCGTCTCATAAGGGAGGGGTGGATCTCTGGGGGCGTGTTGGTAGG
AGGGGGTGGAAAATCCTGCCCATTCCTTTTGCTCCCTATTTCGTCCCAATATTTCATTCCAGCTCGCGTGACTTCTTTTTACTTTTGGGTGGTGG
TGGATTGCCTTTGCAGGGTTGTCGCTAGTTTATCAAATTCCAATACTTATTTCTTGGAAAAACAACACAATTGAGATGACCACGCTCATCTTTGC
AATCAACTTGTTTATGAAAAAGATTAATCATTTTTTATAATAAAAAAGATGAATACTTTTCAAATGTAGTTCAACTACTCACGAATCTACTTAGA
ATCTATTCCATACTATTTTCGCCAAATTTGCTAGACTTTCGTGAACTTTGCACTTTCTACTGAAAGTTCATATGATTCGAGAAGTTTCCATACAT
TTCTTTTTACCACTTCGTGGTTCCGCAAATGATTTATCATGCCCGCGGGACTTGGCTCTTTATTTTTGGGACGCGTTTATTGATTTTCGCCTTGC
TATATGTACATGATTTAGTGACTGGTCTGACGCGCATGTCTCATAATTGGTTGTGGATTACTTACTACTAAGCAACATGTGCTGTATACTTTTAA
AGTTGCAAGGATCCCAGCCACCCTTCACCACCCAACTGCGCTCCCCCTCCCCCTCCCCTACCCACTCTCAAGTTCATTTTTTATGCGTAA
CTCAGCATAGCTTGCAAGCGTTGTAAAATGCGTGTGCACATCATCATCCACATTGGTTTCAAACAGCCCGCCAATGCGAACAACAATGTTTGAAG
TTCAATCACAGCCACAAATATTCGTGAATCATGCAACTTTATTGGCAATTTTTCACAAATACGTGCTACAACAAAAATCGCACTAATAAGCAGAC
AGTCGGCAAATGTCCCGATGTCTTTGTGTGTGAGTGCTAGTGTGTGTGTATGTATGGGGGTGTTGGTGTGCGAAATACGTCAGCAGCTGACGGGC
AGCGGGTGCGAGCGAGAGAGGGCAGACAGTGCAAGTCAGCAAACGCGCTACAATTACAATATTTTGAATAGTAGTGTAGTCTAGCTCTGTATTGT
TATCAGCCACCAGATATGCCCGAGATAGTTAGCCTGCAACTGGCTTTACCCAGACAGGCAGCACTGCAATGATAATTTAGATGATTTGGTTCGGA
AATATCTTACATTTCCTTTGGTCAGATATCAAAAACTAATCTTGCATAATTCCAAATACTAATCATATGCCCGAAAAGCATTTAAATGAACTTCG
AAATATATTTAGACTTCAATTGACTGACTCGAAAAAGGAAATGAAATGGCCAAATGATATCAGCTCTTAACCTACTCACTTTAATTTGATAAACG
AGCTCCTTGTTTGCTTCCGTGTTGAGTTCCGAACATGTGATTCATGACGCAGTTTTAGATGGTGATGCAGACGCAGATAGAGATGCCCCCGATGG
GGACGATAGGATTGGGTGCAACAATGTGGCGGAAGCCCTTATCACCGGCTGATTGGATGGCCCCGTATTGGTATTGGTATTGGTATTGGTATGAC
AGAACCAGCTAAATCAGGCGTAGACGCAACGCCACCTTATGCATAAATATATCTGCATAACTTATATATCATCGCGGATTGGGCGTGTCGGCGAT
AAGAAATGGAAAATAGGTAGTCTAGGCTGTCGCGAGGGGACAAGGACAAGCGGGAGGAAAGTCCAGATAACAAGCCTTCCATACCTTGGATAAAT
TTATCTACGCAAAATGTATATAATGTATGTATCTTGTTGGCTTTCCAATTGAAATGTTTGGTTTTTATTTTTAATCTTAACATGAAATATATGAA
AGCAATTCAAAAATTATATGAACAATCAAACAAACATTTGTATTCTACGAAATTGTTGATAAAATAGCGTCCGATAGCATTGTTTAAACTACATC
ATAAACATTACTTCTTACTCACTCAAATGAAGTATTTGTTTAATGATGTATATTTTCCTTAGGCATTGCAGAATGAATATACATATATGCGAACT
AATGATTAAACTAATCGTTAGTTAATGGGCAATCCCTTAAATTTGGTTTGAGATGTTACACTTGATTATTGTAAACATTTACTCTTATATACTAA
AGACCACACCTTTCATTTGTTATGTCCTCTTTACAGAAATGGTGGAGGCCATGAAGAAGGTCGCCTCCATGGACGTAGAGCTGACCGTCGAGGAG
CGAAATCTGCTGTCGGTGGCGTACAAGAATGTGATTGGAGCACGCCGTGCCTCGTGGCGCATCATCACCTCGATCGAACAGAAGGAGGAGAACAA
GGGGGCCGAGGAGAAATTGGAGATGATCAAAACCTACCGCGGACAGGTGGAGAAGGAGCTGCGCGACATCTGCTCGGATATACTGAACGTGCTCG
AGAAGCATCTCATTCCATGCGCCACATCCGGCGAAAGCAAAGTATTCTACTATAAGATGAAGGGCGACTACCATCGCTACCTGGCCGAATTCGCC
ACCGGCTCCGACCGCAAGGATGCGGCAGAGAACTCGCTGATTGCCTACAAGGCGGCCAGCGATATTGCCATGAACGATCTGCCACCAACACACCC
CATCCGTTTGGGCTTGGCATTGAACTTCTCGGTGAGTGATTGTGAAGAGACACGATGTCGTCATATGTTTTCTATATATATATTTTAAAATCCTT
GCAGGTGTTCTACTATGAGATTCTCAACTCGCCGGACCGCGCTTGCCGCTTGGCGAAAGCCGCTTTCGATGATGCCATTGCCGAGTTGGATACAC
TGAGCGAAGAGAGCTACAAAGACTCGACACTCATCATGCAGCTGCTGCGCGACAACCTCACATTATGGACGTCCGATATGCAGGCAGAAGGTAAG
TTGTAATATCACATCCACTTGTTCGGCTCCGTTATTAAGTTCTAAATATTATACTAAGAAGTAGACCCCAACGCAGGTGATGGCGAGCCCAAAGA
GCAAATCCAGGATGTTGAGGATCAGGACGTGTCGTAATTTAAGTAAACCCCCGCCCTTCCATTTAAAACACATTATATACCTTCTAAAGTAAATA
TAATACCATATAATATATATGCATACAACAACAACAACAAAATCAACAACAACACGACAACAACTTCAAGAACAACAACATGGAACCAATGCGGC
AACAACAACCATAGCAGTCGATCACCACAACAGCAGCACCCGTATGTGTATCAACATATTTGCAACATGATAACAGCAAGCAAAGCAGCAGGAAC
ACAAATTGTCATCCACAATAAACAGCATGGAAAACAACAGCACAAAAACAGAAAAAAAAAACAACTATCCAAGCAAAATGTTTGAAAATTGGGCG
GCCTGGTGGGCGTGGCGCGGCTGTTGCTGCGGCCCAGAATCGAATCGCAACATAAAAAATTCGCGGTACTATTAAGTTGGCGTCGCTTCGCAATT
TGGCTCCTTAACGTTAGAAAACTGCAACATCAAGTCTACTACATTTGAATTTTTTGCATTCGAGAAACCAAGCATTTTATTATATTTGAATAAAT
ATTATATTTAATTATGAGAAGCAAAAACGAAACAAATAAAATTCATTTAAACCACAAAACACATTAAAGCACAAGCAGAAAAAGAACGAAAGTCG
AAACACTAAACGAAAATTGAGAAACAATCACACGAGAGTAAATCACAAAGCAAATTTCATCGAGTTGGCATGCATTAATTTTTAAAACAAACTTT
AAATACGACAGCAACACGTAAAATACAACTTTAATTTTAAGCCAATAATAAACGTGAGAACGAGGTAATAAAAATGAAAAACGATTTAATAAGCG
CAAACGTAAAAGTAAAACATAAAGTCGAAAATGTAAGGAAAAAATACAGCAATTAATTTAAATTTAATACATGAATAAAACGTAAATGGAGTAAA
CGAAACGAAATGAGCAAACAGAATGAAAGACGCAAAAAGCTAAAAACTATATTAAATGAGAAAAAGGAATGTTAGTTAAGCGAAATTCAAAACGA

ATTCTTAAGCTTAAATTTGTATGTATGTAAGTGTACTGTTCAATAACACCGACACACCCTCACAGACACACACACACACGCGCAGACTAACACAC
ACCCACCACCCACACAGACACCCATATTACGCATACGAGCCGTTTGTTTTCTCTTAGCGTTTCCTTGCTCTCTCACACTCGCACTCATATTCACA
CTCACACACCCATGCATGGTCAAATCACATGAAACGAAACCGAACAATCGAACGGGAATTTGGTGGATTTCTGTTTTTCGCCTTTCGTTTTGAGT
TCTCCATCGCAATCGCAAACAATTTTCTTCATCATCTCTTACCTTGCGCAACAAAGAAACATATTAATAATATAGAAAAGTATTTGTAGTTGCTA
AATACAAGAAACAAAAAGAATACAAAACAAAACAACGGTACATATATATACGTATATATATATATATATATTGTATACATATATACTTGTATATT
TTCTATGCCTACCACTTATGTAATTTGTAGAGATTTCGAACTTTTCGCCCCACCACCCAACTAACCATCTCTCCAGAGATTCCGATTCCAAAACT
CCC
(SEQ ID NO: 898)

Exon: 1001..1213
Exon: 5737..6206
Exon: 6275..6455
Exon: 6525..7173
Start ATG: 1150

Transcript No. : CT24092
CCGCCGCCCGATACGGTCACACCGCTCGAGAAGTAGAGAAAAAAGAAGGCGACGAACCACAGGCAGCAAGCAAAATCGACGCCGCACGTACCGGG
AGCATTTAAATAATTTTTTCTGTGGATTAATTTTACCGAAAAGGCTTCAACACAATGACTGAGCGCGAGAACAATGTGTACAAGGCAAAGCTGGC
CGAACAGGCCGAGCGCTACGACGAAATGGTGGAGGCCATGAAGAAGGTCGCCTCCATGGACGTAGAGCTGACCGTCGAGGAGCGAAATCTGCTGT
CGGTGGCGTACAAGAATGTGATTGGAGCACGCCGTGCCTCGTGGCGCATCATCACCTCGATCGAACAGAAGGAGGAGAACAAGGGGGCCGAGGAG
AAATTGGAGATGATCAAAACCTACCGCGGACAGGTGGAGAAGGAGCTGCGCGACATCTGCTCGGATATACTGAACGTGCTCGAGAAGCATCTCAT
TCCATGCGCCACATCCGGCGAAAGCAAAGTATTCTACTATAAGATGAAGGGCGACTACCATCGCTACCTGGCCGAATTCGCCACCGGCTCCGACC
GCAAGGATGCGGCAGAGAACTCGCTGATTGCCTACAAGGCGGCCAGCGATATTGCCATGAACGATCTGCCACCAACACACCCCATCCGTTTGGGC
TTGGCATTGAACTTCTCGGTGTTCTACTATGAGATTCTCAACTCGCCGGACCGCGCTTGCCGCTTGGCGAAAGCCGCTTTCGATGATGCCATTGC
CGAGTTGGATACACTGAGCGAAGAGAGCTACAAAGACTCGACACTCATCATGCAGCTGCTGCGCGACAACCTCACATTATGGACGTCCGATATGC
AGGCAGAAGACCCCAACGCAGGTGATGGCGAGCCCAAAGAGCAAATCCAGGATGTTGAGGATCAGGACGTGTCGTAATTTAAGTAAACCCCCGCC
CTTCCATTTAAAACACATTATATACCTTCTAAAGTAAATATAATACCATATAATATATATGCATACAACAACAACAACAAAATCAACAACAACAC
GACAACAACTTCAAGAACAACAACATGGAACCAATGCGGCAACAACAACCATAGCAGTCGATCACCACAACAGCAGCACCCGTATGTGTATCAAC
ATATTTGCAACATGATAACAGCAAGCAAAGCAGCAGGAACACAAATTGTCATCCACAATAAACAGCATGGAAAACAACAGCACAAAAACAGAAAA
AAAAAACAACTATCCAAGCAAAATGTTTGAAAATTGGGCGGCCTGGTGGGCGTGGCGCGGCTGTTGCTGCGGCCCAGAATCGAATCGCAACATAA
AAAATTCGCGGTACTATTAAGTTGGCGTCGCTTCGCAATTTGGCTCCTTAACGTTAGAAAACTGCAACATCAAGTCTACTACATTTGAATTTTTT
GCATTCGAGAAACCAAGCATTTTATTATATTTGAATAAATATTATATTTAATTATGAGAAGCAAAAACGAAACAAATAAAATTCATTT
(SEQ ID NO: 899)

Start ATG: 150

MTERENNVYKAKLAEQAERYDEMVEAMKKVASMDVELTVEERNLLSVAYKNVIGARRASWRIITSIEQKEENKGAEEKLEMIKTYRGQVEKELRD
ICSDILNVLEKHLIPCATSGESKVFYYKMKGDYHRYLAEFATGSDRKDAAENSLIAYKAASDIAMNDLPPTHPIRLGLALNFSVFYYEILNSPDR
ACRLAKAAFDDAIAELDTLSEESYKDSTLIMQLLRDNLTLWTSDMQAEDPNAGDGEPKEQIQDVEDQDVS*
(SEQ ID NO: 900)

Name: diacylglycerol-activated/phosholipid dependent protein kinase C inhibitor
Classification: enzyme_inhibitor
Gene Symbol: 14-3-3epsilon
FlyBase ID: FBgn0020238

Celera Sequence No. : 142000013384504
CCAGCGACCTATGGATTTCTATTGCATAATTTTCCAACTACAGTCCACCGCTCTACCAACTGAGCTATCGAAGGTTGAGTTCAAACTTGGCCGTT
GTTCGTTTTATGCATGCGCACAAACGAAATGCACCGTATTTGGTTATTTATTTTTGATTTTTACTTATTTAGGTCAAACAAAATTGATCAACTTT
CTCTATTCAGTCCATTGCAGTAAGCCTATAGTTTCCAAGCCTAATAGCCTAGGCGCTTTTCACAAACTATATCAATTTAGTTACGGTTTATTTCT
TCCAAATAAAATCCTTCTTATATTATTTAGTTTAAACAGCTCAGTTATATTCTGAATGTCTGTAGATGAATTAAATTGATTTAAATTGTGCACTA
CAAAATATATAAAAAAAAAGGTATGTGCACTACAAAATATATAAAAAAAAGGTATTTATATCTTTTCGATCCTTCGAGCCGGATTTGAACCAGCG
ACCTATGGATTTCTATTGCATGTTTTTCCAACTACAGTCCACCGCTCTACCAACTGAGCTATCGAAGGTTAAATTCGCTTGCGGCTAATTCACCT
TTTGTTCAGGAGCGAGGTGGGGAAAGTGACAAAAAGAGAGGGCACTTCTCTTAAACACCGCTGCTCTTTAATACTCGCGGCCAGAAAAATAGGAC
CTTAAATTCTTGTAAACTTATATTAAATACTAAAGCATTGTAAATCTTAATGAGAAAATATTCAGGTACAACTGTTCATGGCTTAATTTTAGACC
AAAATTGTGCATGAATTTAGAAAGGCAGCAATGCACTATTTGAAACTAACTAGTTACCCACCCACAGCTGTGCACCGATAAAGGGGTGGTGTGCG
AGCAAAGATGCCATATTTATACATATATCCATCTCGTTCCAGCGCCGACGATAGACGATACCGATACTTTGCGAGTCCGCTCCCAAGATTGAGCC
CCCACAGCGTAAAAGCGACCGAAGTGCCGGCGACGAGAGCAGTTCGTTCCCAGAAGCCGGCAGCAGTGGTCCGTTGATAACTCCGACTCGAGCTA
CTTATCCACCACGTCGATACTCTTGTCTGTCTATTGCAAACATAGAGGAGTCACCCTTTGGCTAACGAATCCGAAACTCCCGAGTTTTGTTGTGC
AACATATCAAAAACCGCATTTGTTCGGATCCAATTTACATTCGCATTTCAAAGATGTCGTACCACAAGCCCGAAGCTAAGACCGTCCAGGATCTG
AAAGATCTGGCCCAGAAACTGCGAATTCACTCTATCAACGCCACCCAGGCCTCCAAATCGGGGTAAGTTTATCAATAACTGAAAGTCCATAGGCA
TATTAAAGTGTGCGTATTTAGATTTGTTTGTGTAGATGTGAATTTTAAAAGTTGTGCACCTTGCACTTGTTGCTTCAAAGGTGACCCCCTCCATT
TCCAGGGTGGGTGCGAAAAAGTTTTTGAGGGGGCTGCTAAATACATACATACATATGTATGTGTTTTGAAACATTACAAAAGAAAATAAAACAAA
AATAGTTACGCATATACATAGTTATGCATCTATGTTTGTATGAATGTGAGAAGTAAAATATGGGAAGACCGGTTCCTTTAGTGACCCCTCCTGGG
ATTCAGTTGCCAACCCACGTGTTGTCCAGTAGCTTTAGTGAATTTGCGAATTTGTTGCCCTGCCTGCGTGCTCAGTGATAAGCCGCGTTCACCTA
CCTTAAATTGTGAGCTAATATTTTTTGACCTTAGACAACCTTGAAACGTTAGGTTTTTCTTACTGCCTTTTAATTTCTTTTGCTTTTGTTTTGTG
CGTGGCGTTCAAAACGCCGAAAGCACATACATATGTACATGGGGTAAAAACAAACATACTTACATATCAAACAGAGGCATTTAATATACGTATGT
ACATATGTACATACAAGTGTTGGAAAGCACAGCTTGTGACGGGAGTGGAATTGGAAAGAGAGGGATGAGAATAGTAATGGAATGATCCCCTACAC
TTGAGATTTACGACTGTATGGCTTTTAATGTAATTATATCTCGGATAGACGCGATCAAATTATTACTGCAACAGTAAATAAAAAAGTTACTATGC
TGATAAGGAAAACACTTTTATCGCCTCCATTAGTTTTTCCATTCTGTTTCGTTTTTTTTTTTTTTTGTGACGGTTCAAGATAAGATCTGCTCTGT

TTGCTCTAAATGTGACCTCTGCCGACGAGATAAGCCCGGTTTGGTTACTCATTGACCACGATATGACCGATTAGAGGTGACCAGCTCAAGTGTGT
TCCCCGCATGATAATCGAAAATCACTGAAAACTGATAAAAAAAAAAAAAAGCGCGCCGGGTCACTGCTAACACTCCGTATCACCTTCAATAGTTCT
TGATATGGCTGCAGGAAACGGGGACGCACTTCGGAACTATCTAGAAGCACGTGCGTTCACAAAGATCGCCATGCAACACAATCGTGGAAGCCAAG
AATTTGGTTTTTAAGGCTATTATTTAGGTTTTTTGGTGATCAGAAAAGTTCAAGGTCCCAGAAACCGGTGAGGAATTGCGATGGACTCACGTCGC
GACAAACACACATATCACACCATATAACGCCAATAAATACATATGCATGTACTCGTTATAGTTTATTTATATGTCTGGGGTAAGACGAGCCCCCC
ATTTTGTCTGGGGTTGCGTGTTTTCTTTGCGGTTGGAGTTGTGCCAGATCTGCGATTCAAAGCAATTTTTTTTGGAACACGATCGCATGGGAACA
TTGAATTCCAAGAATGGATCTTATCTTATTTATATGTACATTGCAATTGGATACTCGAGAAATCTTCATTTGAAATATGAACAGAGGGGGGGGGG
GGGGTTTAAATAAAAGCTTCAATAGACAAATGGATTTCTTTTATTAAACAACGTTTTTAACAAGTATGCACAGTGTTCAGTTCCACTTTTCCTTT
GTTGATCGGCCTTCACTTACCCACCGTGAGGTCGACTTCTATAATTCATTAGGCACTTACCTTAACCTAGAACTACATGCAAACGAAATGCCTTG
TCACAATCTAATATTTTGCCTACTTTTCCCTCTTTATAGCCATCCCACATCATGTGCCTCGATCGCTGAGATCATGTCCGTGCTGTTCTTCCAGC
AGCTGCGCCTGAACCTGAAGCACCCACGCGATCCCTCCAGCGATCGCTTCATCCTGTCCAAAGGACACGCTGCTCCCATTCTGTATGCCGCCTGG
GCTGAGGCTGGTCTCTTCCCCATCGCGGATCTGAACAACCTGCGCAAGATCGACAGCGATCTGGAGGGTCACCCGACGCCTCGTCTGAACTTCAT
CGATGTGGGCACTGGATCCCTGGGACAGGGTGTCGCCGTCGGCGCTGGCATGGCCTATGTGGGCAAGAACTTCGACAAGGCCGACTACCGCACCT
ACGTGGTGGTGGGTGATGGTGAGTCCGCCGAGGGTTCCATCTGGGAGTCGCTGCACTTTGCCGGCCACTATAAACTGGACAACCTTTGCGTGATC
TTTGATGTGAACCGCTTGGGCCAGTCGGAGGCCACCTCCCTGCAGCATAAGCTGGATGTTTACCGTGATCGTCTGGAGGCCTTCGGCTTTAATGC
CGTCGTTGTCGATGGTCATGATGTCGAGGAATTGAGCAAGGCTTTCCATTGTGCTGCAATCACCAAGAACAAGCCCACCGCCATCATTGCAAAGA
CGTTCAAGGGCAGGGACTTCCCCAACATCGAGGATTTGGACAACTGGCACGGCAAGCCACTGGGCGACAAGGCCGCCGAAGTGGTGAAGCATCTG
GAGGGACTGATTGTCAACAAGAACGTCAAGCTGACCCCTAAGCCGGTGCCCAAGACTGGTGCTGCTCCCGACGTGGACATCAACAACATTAAGTT
GAGCTCGCCACCCGCCTACAAGCTGGGTGATTCCATTGCCACCCGTTTGGCCTATGGAACAGCTCTGGCCAAGATTGGCCAGAACAACCTGCGTG
TTGTTGCCCTAGACGGAGACACCAAGAACTCAACTTTCTCCGACAAGCTGAAGAACCTCGACCCGCAGCGCTACATTGAGTGCTTCATCGCTGAG
CAGAATCTTGTGGGAGTGGCCGTTGGAGCCGCCTGCCGTCGCCGCACTGTGGCCTTTGTGTCCACCTTTGCCACCTTCTTCACCCGTGCCTTCGA
TCAGATCCGTATGGGCGCCATCTCGCAGACGAACGTTAACTTTGTGGGCTCCCACTGCGGCTGCAGTATCGGTGAGGATGGTCCTTCGCAGATGG
GTCTGGAGGACATTGCCATGTTCCGCACCATTCCGGGCAGCACCATCTTCTATCCCTCCGATGCAGTGAGCACGGAGCGTGCCGTCGAACTGGCC
GCCAACACCAAGGGTGTCTGCTTCATCCGTACGTCCCGTCCCAACACCTGTGTGATCTACGACAACGAGGAACCCTTCACCATTGGCCGCGGCAA
GGTGGTGCGCCAAAAGAGCTCCGACGAGGTGCTTCTGATCGGAGCTGGAATCACTTTGTACGAGTGCCTGGCTGCCGCCGATCAGCTGGAGAAGA
ACTGCATCACCGTCCGTGTGATCGATCCGTTCACCGTGAAGCCATTGGACGCCGAGCTGATCATCGAGCACGGCAAGCAGTGCGGAGGACGCGTA
GTCGTCGTGGAGGATCACTACCAGTAAGTGTTCTTTGTAGTCTTTTTATTTGCCTCCTTTGCTAACTTGAAATTTACTTAATTTCTTATAGGCAA
GGAGGCCTGGGTGAAGCTGTGCTGAGTGCCCTGGCTGGCGAGCGCAACTTCGTTGTCAAGCACTTGTACGTGCCCACCGTGCCACGTTCGGGTCC
TCCGTCGGTACTCATCGATATGTTCGGCATCTCCGCACGTCACGTCGTCAACGCCGTTAACGAGATCCTCAAGGATTAGGGGACCAGTCGTGATC
TGGCTACATTCATTTACCGCCTACAGGAATTCCCCCAGTTACTACTTACTTCCAATATTACCATTCCCTCTAAGATTGTTAATTGCTTCATTGAT
TTGAACCTTACATCATGGAAATAAAATATCTTTAATAAAAATAGTTAAGCCGAACTATATACCTTATTTACATATTATATTACTTATTTACTATA
TTACTTATTACATGTTAAGCATGCCTTTAAAATGGCTGGACGATTTCATTGCGTTTGCCTTTGGTTTGCTTTAGACTTGCTTTGGTTTGTTTTTA
GTTTGCTGTGGTTTTGCTTTGGTTTATCTCTGGATTTGCTATGCGCTTGATGTTGATTTGACATAGATACTGAAATAAAGATAAGATGAGAAAAT
GAATAAAATTATAAATTTTTTAAATTTAAGCATACTGCATACTTTTTTAATTTACAAATTTTTAATATTTTTCTAAAAAAAATCGGAGCTTAAAA
CTAACAAGTTGGCAGTACCCTTCCAATTATAAAGGGTTATCGATAACTCTGCTGTAGCTATCGGTGCTGCCAGCTGATTATAGTGCGGCATGATT
ATCTAAACATCAATTTGTTTCAGCCGATCCCGAAAACTATTCAAAATGAACTTAAGCACAAGAGTTATGCTGAATAGGTTGACACAGCAGTGTGT
CTACAAGCGGATTGGTAAGGAGAGACGTTTTATCTTGTGCCACACATTCAGGAAACGTATTTTCAGTGACCTTCTCCACCAAAACTGCGGAACAT
GTAATTGAAAATCAGGAGGAACAGAAGAAAGAGGCTCCGCCAACCACGCCGACTTCACCGGTGAACCGGAAGACAATCATTCCGGCCAATTATCG
GTTTGTTTACCCAGAATTCCTGCCCGATCCGAAGGTGGAGTGGCGCAACCTCGTGCGCGAGAAGCTGGAGCGACTGGACATGCTGGATCGCCGCA
AACAGATCGACCTGCCCGAGTTCTACGTTGGATCTGTGCTTGCGGTGACAAGTTCGGATCCCCATGCCGCTGGCAAAACCAGTCGATTTGTGGGT
ATCTGTATCAATAGGGATCGCTGTGGACTGCGCGCCCGTTTCATTCTTCGCAACGTGATTGATCACCAGGGAATGGAGGTGGTCTACGAGCTGTA
TGATCCTACCATCCTAAAGA
(SEQ ID NO: 901)

Exon: 1001..1297
Exon: 3080..4678
Exon: 4747..5100
Start ATG: 1194

Transcript No. : CT24118
CAGAAGCCGGCAGCAGTGGTCCGTTGATAACTCCGACTCGAGCTACTTATCCACCACGTCGATACTCTTGTCTGTCTATTGCAAACATAGAGGAG
TCACCCTTTGGCTAACGAATCCGAAACTCCCGAGTTTTGTTGTGCAACATATCAAAAACCGCATTTGTTCGGATCCAATTTACATTCGCATTTCA
AAGATGTCGTACCACAAGCCCGAAGCTAAGACCGTCCAGGATCTGAAAGATCTGGCCCAGAAACTGCGAATTCACTCTATCAACGCCACCCAGGC
CTCCAAATCGGGCCATCCCACATCATGTGCCTCGATCGCTGAGATCATGTCCGTGCTGTTCTTCCAGCAGCTGCGCCTGAACCTGAAGCACCCAC
GCGATCCCTCCAGCGATCGCTTCATCCTGTCCAAAGGACACGCTGCTCCCATTCTGTATGCCGCCTGGGCTGAGGCTGGTCTCTTCCCCATCGCG
GATCTGAACAACCTGCGCAAGATCGACAGCGATCTGGAGGGTCACCCGACGCCTCGTCTGAACTTCATCGATGTGGGCACTGGATCCCTGGGACA
GGGTGTCGCCGTCGGCGCTGGCATGGCCTATGTGGGCAAGAACTTCGACAAGGCCGACTACCGCACCTACGTGGTGGTGGGTGATGGTGAGTCCG
CCGAGGGTTCCATCTGGGAGTCGCTGCACTTTGCCGGCCACTATAAACTGGACAACCTTTGCGTGATCTTTGATGTGAACCGCTTGGGCCAGTCG
GAGGCCACCTCCCTGCAGCATAAGCTGGATGTTTACCGTGATCGTCTGGAGGCCTTCGGCTTTAATGCCGTCGTTGTCGATGGTCATGATGTCGA
GGAATTGAGCAAGGCTTTCCATTGTGCTGCAATCACCAAGAACAAGCCCACCGCCATCATTGCAAAGACGTTCAAGGGCAGGGACTTCCCCAACA
TCGAGGATTTGGACAACTGGCACGGCAAGCCACTGGGCGACAAGGCCGCCGAAGTGGTGAAGCATCTGGAGGGACTGATTGTCAACAAGAACGTC
AAGCTGACCCCTAAGCCGGTGCCCAAGACTGGTGCTGCTCCCGACGTGGACATCAACAACATTAAGTTGAGCTCGCCACCCGCCTACAAGCTGGG
TGATTCCATTGCCACCCGTTTGGCCTATGGAACAGCTCTGGCCAAGATTGGCCAGAACAACCTGCGTGTTGTTGCCCTAGACGGAGACACCAAGA
ACTCAACTTTCTCCGACAAGCTGAAGAACCTCGACCCGCAGCGCTACATTGAGTGCTTCATCGCTGAGCAGAATCTTGTGGGAGTGGCCGTTGGA
GCCGCCTGCCGTCGCCGCACTGTGGCCTTTGTGTCCACCTTTGCCACCTTCTTCACCCGTGCCTTCGATCAGATCCGTATGGGCGCCATCTCGCA
GACGAACGTTAACTTTGTGGGCTCCCACTGCGGCTGCAGTATCGGTGAGGATGGTCCTTCGCAGATGGGTCTGGAGGACATTGCCATGTTCCGCA
CCATTCCGGGCAGCACCATCTTCTATCCCTCCGATGCAGTGAGCACGGAGCGTGCCGTCGAACTGGCCGCCAACACCAAGGGTGTCTGCTTCATC
CGTACGTCCCGTCCCAACACCTGTGTGATCTACGACAACGAGGAACCCTTCACCATTGGCCGCGGCAAGGTGGTGCGCCAAAAGAGCTCCGACGA
GGTGCTTCTGATCGGAGCTGGAATCACTTTGTACGAGTGCCTGGCTGCCGCCGATCAGCTGGAGAAGAACTGCATCACCGTCCGTGTGATCGATC
CGTTCACCGTGAAGCCATTGGACGCCGAGCTGATCATCGAGCACGGCAAGCAGTGCGGAGGACGCGTAGTCGTCGTGGAGGATCACTACCAGCAA
GGAGGCCTGGGTGAAGCTGTGCTGAGTGCCCTGGCTGGCGAGCGCAACTTCGTTGTCAAGCACTTGTACGTGCCCACCGTGCCACGTTCGGGTCC

TCCGTCGGTACTCATCGATATGTTCGGCATCTCCGCACGTCACGTCGTCAACGCCGTTAACGAGATCCTCAAGGATTAGGGGACCAGTCGTGATC
TGGCTACATTCATTTACCGCCTACAGGAATTCCCCCAGTTACTACTTACTTCCAATATTACCATTCCCTCTAAGATTGTTAATTGCTTCATTGAT
TTGAACCTTACATCATGGAAATAAAATATCTTTAATAAAAATAGTTAAGCCGAACTATATACCTT
(SEQ ID NO: 902)

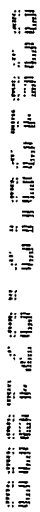
Start ATG: 194

MSYHKPEAKTVQDLKDLAQKLRIHSINATQASKSGHPTSCASIAEIMSVLFFQQLRLNLKHPRDPSSDRFILSKGHAAPILYAAWAEAGLFPIAD
LNNLRKIDSDLEGHPTPRLNFIDVGTGSLGQGVAVGAGMAYVGKNFDKADYRTYVVVGDGESAEGSIWESLHFAGHYKLDNLCVIFDVNRLGQSE
ATSLQHKLDVYRDRLEAFGFNAVVVDGHDVEELSKAFHCAAITKNKPTAIIAKTFKGRDFPNIEDLDNWHGKPLGDKAAEVVKHLEGLIVNKNVK
LTPKPVPKTGAAPDVDINNIKLSSPPAYKLGDSIATRLAYGTALAKIGQNNLRVVALDGDTKNSTFSDKLKNLDPQRYIECFIAEQNLVGVAVGA
ACRRRTVAFVSTFATFFTRAFDQIRMGAISQTNVNFVGSHCGCSIGEDGPSQMGLEDIAMFRTIPGSTIFYPSDAVSTERAVELAANTKGVCFIR
TSRPNTCVIYDNEEPFTIGRGKVVRQKSSDEVLLIGAGITLYECLAAADQLEKNCITVRVIDPFTVKPLDAELIIEHGKQCGGRVVVVEDHYQQG
GLGEAVLSALAGERNFVVKHLYVPTVPRSGPPSVLIDMFGISARHVVNAVNEILKD*
(SEQ ID NO: 903)

Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013383969
GTGCTGGAATTATATCCTGTTCCATATTTTCGTGATATTCAAAACATTCATCTCATATCTCTGCCGAAAGTTTGACTTGAAAAGAAGGAGCATTA
TGTATGTACATACATAAGTAACGAGTGGGATGAGCTTAGGAAATTTTTATTAATTTGGCCTAGAGCTAAATGTTTTTTTTTTTTTCGAAACCAAG
GCTAGAAAACATATGTAGTAGCAGTAGTTCAAGATCGTAATCGTATTAAAAACGCCATTCTAATTGGCCTAGAAACCGTATTCATAGACCAACGC
CAAACGTTTCAGGTTTTAGGGAATTCCACCATCGTTTGCTCGCTTTAAATTAAAATGGCTAGTTCGGCGGCTGATACTCGTGAATATTGTGTTTT
CCAATTAATCAAATCACACTTTGCCCCACGGTGGCGTTGTCGGTCGATGGCAAAATCAAATTCTAATCGTCGACGCTATCATAATGTATTTATGA
GTTGTGTTATTTGTTTTTGGTTTTCGCGTACCGTGCGTATACGTAATGCGCTCAGTACGGAGTTATCTGTGTGTGCGCCGATGTCCGTGGGTGTG
TGTGGTGCATATGTATGTATATACATACATATGCCCATATTTGCCGCTGATAATCGGGTCTGCGACGACAAAACTAATTACAACAACAGTAAAGC
AAATACAGTGGTAACACGGAATAATGCCCTTATCAAAAAACGCGGCAAGGCGGCGCAACAACAAATGCAAACACAGGCGAAAAAGAAAGAAAAAC
AAAAAAAAAAAAATTGGGAAGATGAGGCGGAGCGAGCAGGAGCAACGGTAAAGGTGAAGCTACAGCCGAAGCTAAAGACCAAAATAACACGCACA
CAACGACAAACGGGAGAAGTGGAAACAAACGGCGAGCGGGCCATTGCATTGATGTGTGCCAGTGTGTGCGTTGTGTTTGGCTGTTTAATACTATA
ATTCACAAAATTGTTCAGTTCAGTTCGCGCTGGTGAACGTAACGGAAAAGTCGTCGCCTGTTGAATATTTACATTAGTTCTATATATGTTTTTAT
ACAAATATATATATTCTATTTACTTGAATTGTTTTTGTCGCCGCCGCCGCTCGTTTCGTTTTGAATTCTTCATCTTCTTCTTTTAATTTTTTTTT
TTTGGTGCTTTTGTTTTTGTTATTGTTTTGTATCTCAACTTTACTGCAGCATAACAACCACAACAACAACAGACGACGAAGGAGAGGGGAAATCA
TTTACAAAAATAAAACGTACGGCCCAAATACATAAATATATGTACATATATTTATATGTATATATATATAGTGTGTGTGTGAGCGTTAGCATTTG
TATTTAAGTTTAGTAGCAATTAGCACTAGAGCAGCAAACTAAATGATATATTTTTTTTTACCCGAAGCGCGCGCTTTTCGCGAGACACGTGCGCC
ATACTGAATAATATGTGGGGCGTATGTAACGCAAGTATCTGAAAGATACTTTCTCGAAATGGATGTGAACTTCAAAAGACGTTTTTCGAACACCT
TCGCCATGTGATTACAACTCACCAAAATCACTTCTAATGGTGAAATTACCGGTAAAAACAATTTGATATCAGATAGTCAAATATTCTTGGAATTC
CCAGTGTACATATTTTACGTGTGTCTTATCAAAGTTTGCGAGTTTCAAGTTTATGATTAACAAAAAATCAGATACCTATGGTGCAATACATCATT
TGTAATGAAGGTCTTTTGGAAATCTAGTTATTGCAAGCAATTTCACCACTTCATTATTATATATTCAGATATATTTTATAAAAATAGTCGGTTTA
TTGTGAAATGTCGACGACGACATGGGATGAAATAATTTTGAGCGTTACGTATCATTTCGATAGCGGTGCATACGTGCTGTGCTATTCTCCCGCCA
ATCAATCAATCAATCGAATATCAATCAAAGTGGCTACTCCTCTCAAACGGAGCGATTTCGCCTCATAGATACAAATGTATGTACGTATGTATGTA
GAGCCACAAACCGTGGCAAACAGTGGCTACCAAAAGGCAGTCTACCGGCCGTAAATGTTTTTACGGCATCATCTCCATTCCCGACATCTTTGTTA
GGCCAATGCAAATACTCCTTTATGGTGTGTGAATATAATCATCATACCCCTTGCCTGATGGGTCGGAACGGAAAGTGAATGGTGGGAGGGGGGGG
GGAGGGGGGGTAGTCATATAATGCGGAAAGCTCTAATTATACAAATGTTTGTGTTTGGCTTTAGACGGCTCTTGATCGCCTTAAACGACGCGTGT
TAATCAAGCACTTGAGGCACCTGGAGTACTTAGATGGCTTTTCCGAAACGCTAATCTTAAATCTTGAATTTTGATACTAATGAATGTACATACAT
ACATATGTGCGAATAAACCAAGTAAAAAACAAACATTTAGGAATGTTAATTATCCTCAAGTTTCTTTGTGGAAAGTGATAAAATCAGGAAACGAC
AGTTAATCAGCGGTCAAAGTTTACACATCGAATCGATTCACAATTAGCTGATTATAAAAATTGTATGATTTCATTACGCAAAAGCACTACAGTGG
TTTAAAGTATTATTATTTGATTATTTATTGTTTGAAAAACAATGAGTAGCAGCTGTTCATTCGATTATATTTGATGTGTGTCAACTAAATATGTA
TATCTGTTTCATCTCTGTAGCCTTTCCAGTCATTGTGCAACAAATGTAATTATTCACATGAAGATAGACTTAATTGAATTACGTGGGTACAACAA
AAAAGATACAATTGAAATAATCTGATTGGTTAATCTGATAAACGAATTTCACTGGATTTCCAAACAAATCTCGCAACAAGAACTAGTTTCGAATC
ATGATAATTCAATTATCCCATTCAGTTATGCATGCTCATAACTCACACCACAAGATGGCAATTAAATATGCATCTTAAAGTGCGTTCTTTTCTCT
GCGTACTTTTTCCTTCTTAGGTGCAAAACCTTATCACTTATCACGTGTGTCTTGTCTTGCCGTTATGACCAATTTCTGCCATGTGCCTGCTGATG
GATGGATGGATGATTGGCATTGAAATATTCCACAGTTGTGGTCATAATCATATCCACTCTTGCTTCGATAACGCAACGAGCTGATTTACTTGGAC
TGAAAAAACTGAAAGCTGAGGTCAATTAGGCCTATTATATGCGGTTATATCGAGTACCGAAACACACTTCGATTGATAAGCACTCGTCGCAGAGT
CAAAAGTCTGATCCTACCCACTGTGTGTTTGTTTGGCATGCATAGAAATGTGTATGTTGCTGATTGCCTGGCAATTAAAAAGCACTGTAAAATTG
CTATATGAACAGCGTTTTACTGGCCAACTAACTTGTTCCGTGTGGCGCGACCTTTAGTACAAGCCGCATACCGCTTTCTTAGTGTATCCGCCTAC
GAGTATAAGGCGAACTTTGCCAGCGAGTCTTATCACTTGCCCCCATATATTTTTGCAGTGGTCATTCGCGGATCGGGTTCGTTTGGGTTCGGTTC
GGCTGGGTTCGGTTCGGTTCAGCTGCTGGAGCAGCTGTCGCCAGACCACTGGTGGCCATTCGGAGTGCGATAGAGCAGTGAGTAAGTGGGACAGT
GGGTGCTACGAGAAAAACTCGAACACAATTCCATAAACATTGTTTGTTGCAATGATGTGCGGAGTGGAATTAAATATATAGTTTAGTTTAAAAGG
AGCAATGAAGCGACATTGCAGTTGTAGTACAGTGATTCCGGCAATTGATTGTGGTTGTGTAAACCCTTGTGTGGCGGATATAACCGAGGTGCTAC
AATCTAATTAGACGATATCGGCGCGGGCAAAGGAGTGCGCCTTATCACATGGTACCCCCACCCCCACCGCCACCGCCATATGATCTCATTTAAAG
CCCCACATGCCGACAGGCCCTGATACATGTCATACATTCATACATATACATATGTATCTCGATGATTCGGTGCCTTTGTCGCCCAAGTTGGCTCA
AGTATTTACGATGGACACTTCTGACTTCTGGTCAGCAAACTCTCGGATACGGGTTCCGAATTCGAGAAAAAAGCAAATAAAGTTCGTAACTTTTG
CTCTCCGAAATGAAATCGCTGGCGGTCGCGATAAGGCGGCGCTCTCCCGACCAACCAACCAACCAAACAAACTGACTAACTAACCAACCAAACGA
TCATCATCATAATCATCGCAAACGACAATCGAACCCATTGACGTTTTGATGAGACGTTGTTGGTTGGTGTTACCGTTTTTATATAATGGGTGCTA
AATCGATACTATTTACATACCTGTCGCTTTTAGGCAGTCACGTTTCCAGGCCTCCAAAAATTTCACCCGCCCGCCCTCGAAAAAACTCAAAAATA
TCAAATCGTTTAGCACACGATGAGTGAGAGTTGCCAAAAATATTACGCAGCCCGATTGATCAGTCAGTCGAGGTTGTGGCTTTCGTCCCGCCGCC
TCGCAACATCTTGTTCCGATCTAAACAAAAAAAAGAAAAAAAAAATTAATAAAAGTCCAATCAATTGAGGCTGTAAACGGCTGTCTGGCTGCCTG
TGTAAAAAGTTCAATTATTGCTTAGTTTTATTTCCTTTATTCTCTAGTTAATATAAAATTACATTTGAAATATTTTCATGAGAGCGAACACTTTA
AATGAATAAGCAATGAATGTGCAAAATGAAACTGAACTCAGCATGCCGAAATAAATAAAGTGATGTTTAATACAAAACTAATTTAGATTCTAACG
ATTCCACTAACGAAGTTTGCAATCTTCCCGCTTTTCAATGCACAGAATTGCAATCACTGGTTCCAGCATTTGATCGCACCCATCAATCCGATTCG

Celera Confidential



AGCAGTAATGCAACAACCGGTCAAGAGCCCGCAGCGCTAAACCAATCCAAGCCCCACGCTCCAAGTTCCAAGCCCACCTAATCCTAGTCCAGGAC
GCCTAGCCGTATACACAGTTCCAAGATGACCGATAATGGGAACAATCATAACAACAACAACAACAACAACAACGATGAGGCACTCAGACTGAGGC
TACCGGAAGAGCAGGCAGAGCAGCTGCTGCCCAAGAATGGATCAGCCGGCCAGACCAAGATAGCGCCACCTACGCATACTCATTCCATAGCCGCC
GCTTCGGTGCCACAGAAGGTACCAGCGAAAAAAAAGCGAGACAAGAGCGATCTGGGTGAAGATTTTGTGGCGCCCGACGGCGGATGGGGCTGGCT
GGTGTCCGTCGCCAGTGGCGTTAACATTGTGAGTGACCATCGCATTTACTCGCCTGTCTGCACATAGATATTCACTCATGCCTCTTTTTCTTCAT
TCCCATTCCCATATCCATTCTCCACGCCAGCTAGTGACGTTCGCATTGGCCCAGCAGTTTGGCATCCTTTTCCGCGATCGCATGGCTGGTCTAGG
AATCTCCAGCTCCGAACTGACCACCATTATCAACACACAGATTGCTGTATCCGCATTTACAGGTGAGACGATGAAAACCATATATACGAGATTAT
AGAGTGATAGATACAGAGAGATATTCAAAGCCATGAGCAGCCGTAACTCACATTTGTATGTAGTCCACGTAGTGACGAATCGCAACGAGGGTGTG
ACTATAAGATTTATAATATCGCACTATATCACAATTTTTTTACGATTCTCTGATGAAAAAAATCGATAGTATTTTAAATTGAGTAAGTTTTGAAT
ATTAAATATAAATAGTTCACATTATGAAGCCAAAATACTACTTCTTCACAAATTTAAACTACGTGACAACAATTAAATATTAATTTCTTAATCAA
AGGTCTGCTGAACGGTCCGCTTTTCCGACGCTACACATATCGAGTGGTGGCCCTGGTGGGATCCGTGCTGACCTTTCTGGGTCTCTTCTGGATGG
TGTTCGCCGACACCTTCGCCGTCTACATAATGAGCTTCTCGATCTTGTACGGATTCGGACGAGGACTGACGGTATCCGCATCCTCGCTGGCGGTC
AATACATACTTCAAGGTGAAGCGACGCACTGCCACAGCTTTTCAGTTCGGAGTAGCCGGCCTGGGACCAATTGTGTGTCCCTACTTTGCCACCTA
CATGCTGTACGAGTTTGGTGTCCAGGGGACGACACTACTCTTTGCCGGCGCCTCACTGCACACCATCGCCTGCTCGCTGATCTACCAGCCAGTCA
AATGGCACGTGGTGAAGCGAGATCGCGATGCGGAGGCACTGCAGCAGGTCCAGCCACTGGCAGAGCGTGAGGATCAGGACGAGGATATTATCAAG
AATGTTGTAGAGCCGGAAACCCCGGTGCTGCCACGTGCCAATGACGGTTGGTTTGGCTCGCGGGCCTCGTTGAACAGCGTGGGCACTCGGAATCG
ACTGAACACCTGGGAGAAATCGGACAGCAATGGCCACGTGGAGCTGAAGAGGCTAAGCAGTAAGGACTCAAATCCGGGACGCCAGCTGCGCAGCA
TATCCGTGAGTCACAGCATTAAGGAGGAGGAGGCCACTGGCTACAATTCTGACCACGAAGTGCAACACACCGAGCTAACGGAGAAGGAGAAGCAA
GAGCTGGAGGATGAGAAGGAGCGCCAGCGCCGCAAGAAGCTGCCATTCTACATGAAAGTGGTGATATTCTTTGATATGGATCTGCTGAGGGATAT
CACGTATGTCAACCTGGCTGTGGGCATCACACTGATCAACTTTGTGGAGATCAACTTTGCCATCCTGACACCCTTCATCCTAAGCGATTTGGGTT
TCAATAAGGATCAGATTGCCCTGGCCATGTCCACGCTGGGATTCTTCGATCTGGTTGTTCGATTCCTTATACCCCTGATCACGGCCAAAATCAAT
CTAAGCAACCGTACCTTCTTCGTTGTGGGCATTTTGGGCATGTGCATTGGCCGCATGTTCCTCTCGATGACCTCCAATTTCTACGTCATGATGGC
CATCTTCCTGTGGCTGGGCCTTAACAAGGCCTTCCGCACGGTCTTCTGGTCCCTGATCATACCCAGTTATGTGCCCCTGAAGAGATTGCCGGCGG
CAGCTGGGCTGCAGCTGCTGATGTCCGGCACCTTTTCGATGATCTTCGGACCGCTGATTGGTGAGCAATAGATATACATAGACCAATATAATTGC
AATTTCTAATCTTCTAATTGTGTAACCCAACGATCATCCAGGCTTAATCCGGGATCACACCAGCTATGCGGTGACCCTCAACCTGCTGAATGCCC
TTTGCGTGATGGCCTTTGCCGGCTGGTATCTGGAAGATTTCATCCGCGCGCGCAGCCGGAAATCGCCACCGGTCAAGTCAATCAACTGATCAACA
TACGATGGCGTAGTTTTACTCAGTGCCAGCGAATTCCAGGACCAACACCGTTCCCCCATCCATCCTAACTTTAGCAAAATGTTATTCTTGTTATC
GCATTTGCCCAGTGCTTTTTTTTTTATCTGTATGTTTATGTAAACTATATTCAGCGTGTACATTGTGTATATACTTTTCGAGTGTAGCAAATTGT
ATTAGATATTGATAATTGTTAAATAATATGCGTAAGCTGCCAATACTTAAACCTTAAAACAAGCGTTTCATTGAATGTTATCTTCGAATGTTATA
CCTAAAGTTATCTAAGATCTATGCGACAATTTATAGCGTTTGAAATATTCTAAACCATCGGACAACCACAGACTGTCAATTTTTCTTGTGGTGCG
ATTCGTTACTACGTGGCCCTGGTAAACGATCAGTCTCAACATTATATGATCCAATCTCTTGTGGCGCAGCAATAAAGTCGAATTAAAATCTGTTT
GTCCATCCGTCTGACAGCATCCAAAGTTCAACATCTAACAAAAATCTTATGACACAACGGAAGAAAGTCCAACTGAATTGGAAGGAGCACGTGAA
TATCACGAGTCTACTCATCATAACATCCAAATCAATGATCAATGACACTGAGAATTGATGCGGAAAAAAAAATTGAACAAACACTGGTGGCAAGT
TGACTTCTGAGAATTTATATTTATACCCGTTACTTGTAGAGTAAAAGGGTATACTAGATTAGTTGTAAAGTATGTAACAGGCAGAAGGAAGCGTT
TCCGACCATATAAAGTATATATATTCTTGATCTGGATCAAATTCTAGAAGGTTGAGATTCAACATACTGATTCTAGAAACAAAGACGCAGCGCAA
GTTTGTTGACAAACCGTACAAAACTGCCGCGCCCACACTTTTGAAAAATGAGTTGATATCATTTCACATTTTTATAAGTCTCGTAAATTTCTATC
GATTTGCCAAATAAAACTTTTTGCCACGCCCACTCTAACGCCCTAGGCCGTTGAACCGTTCACGTCCACACTTTGAAACAATTTGTATATTTTTT
CTCATTCTATCTCATTATACTGAGTAGGCTGAGCACTTGACTAATGAACATCGGAAGCTCGGAAATAAATAAATAAATAAATACCTAGATATAGA
TATCCAGATATAACGGCGTGAAAGGTTAAATCAAACCTTTAAAACATATTAGATTTGATTGAAACTGTTATCAATGCAAAACACCCACACTGAAT
GGATTTGTAAAATTATTTGACCAAACAATTAAATTTGCAAAATTTGACGCGTGCTAAAGAATAAACCAGTTTTGGTCGATGACAACAAAACATAC
AACAATGAATGGGTTAAGAACCGGGAATCAAAATGATATGTAACTCCGCGCCAGCGGAAAGTTACAGGCTCAAAAAAAAGTGTTTAAAAACAATC
TCATAACGAGGCGATCAGGTTGAATGCACCGCGGTGCTTATCAAATAGATCGAGAGGAAACATACTGAAAACATATGCAAAAATCGGGCAGGAAA
CTCGGGCCAAGTTCACTGTCTCTACCAAGTCAATGGCAAATAAATTTGTCGCAGTCGGTTTTTGTAACCACGAGTATTGCTGTCGCCATCAGCGG
AACTAAATGGAAAAAAAATCTGAGTGAATCAAACCAAATCGACCAGCTTGGGCATACCGAACACTCTTTTCATTTCAAAAAAGAAAAAAACCAAT
TAAATCCAAATTAACTTATTATATATTGTATGTATCTAAACATATAGTGTAAGTACTAACAATTTTTTAAGGTGTTTCGTGTGGGTCAGTGATCC
ATTGCGCGCATAGTGGGTGGTAATCCATCTTTCGCACAACTGAACCTTCGCCCTACTAAATCCTCTTTTCATCAGAGATAAACGAAGGCACACAT
ATAAAGCCACCCACTTGTGGGCATCCCACCCACAGAGAGTAGGTGGCGTAATCAACTGAGCAACAAGTGGAAACAGGAAACAGGACTCAGCAGCT
GTGCTGCCCATCTAGCCTTTTTATAGCTACAATTTCAATACCATATATGTTGGTGTACGATTTGTTATTATTTAAAATAAAAATTTTTTTTTTAA
ATATAAGCTCAATAATTCATTTTGGTAATGTCAAGTTTGACCCTAAAATTGTGCGAAATTAGATTTTACACATATTTTTTTGCCAATTATAGAAA
ACGGGCCTGTTTTCTAGAAACGTTTAAAAAAATTCGAGTTTATTTTGCAAGTCCTAACAAAATAACTCACTGCACGGATGTGTGGCGCCAGGACT
GCCTAGTTTGTTCGAGATCGGGTCAATAGACTGTTAGCAGGTGTGTAACCAATAGGGGTGGTTTAGTGGCAACATCGTACAGCAAATCAACAATC
TGTTGCCGGCAGTTTCAGCTTCAGGTACTCGCATGCAAATGCCACGTGGTTGTGTGCGGTGTCATTGCCCCACTTCTCAACTATCCCCACAGGAA
CTCCAGCAATTATCGATTATTTGTCAATCTTTTGGGACACCGCCGTGACCTTAGATATACAGTTTAATATCCTTAATTAAAAATAAATACCAATG
TTGGATAAAAATGTACACATGACATACATGATTTGCAAACAAAAAGAACTAACAAACAAAATCCAGATACAATATTTAAAATCTCCTGATCTCAT
TTACGAGGGCGCACTGTTATCACTCTTTAACAAAGACGCAACAAGTTAACAGAAGAGAAAAGAGTGAGCGAGAGTAAAGAGCGAAGAGCTGAAGA
GAGAGCTGGCTCATTTGCGCAACTGCAGCAGCGTCAAAAGGCCAAGTGAAGAACGTAAAGAGGAGAACGAGAGGAGAGGAAGAGCCTGCGAATGC
AGCGCAACAACTGCAGACAAAGAACGAATGTAAACAAAGAAGGAAGGCGCATTGTTTGTAGATTTTGGCAAGCGAAGTAAGCGACTTCTCTCACT
CCACGTTTTATTTCTCTTTCGATCGGCATTAGAACGCGATCTTGAAATACTGCAACACCGACACACACACACACACACACACACACACACACA
CACACACACACACACATGGACATGGGGACTCTCTCTGAATGAAACGACACTGTGGCACAGTGGGCCCAAATGTAACCACTCTACTCCAATTTCAT
TTGAACCAGTTCCGATTTTCATTGTTTAGTAAGAGATCGGCAGGCTAAATATATCTAGTATCAAAAAACCGATAGTAATTCATAAGTTAATAATA
ATTAGTAATTCCCACCTTGCAGCCTTCTAATTTTTCGCGTTCTTTACAAAAGTGTGATCAAAAGTTCTAGAAATCTGGATCACCAATACCCATTG
CTAGCTAGTTAACCAATTAATTTGGCCCACTGTGCGACGACGGTAACGGCGACTGAGACAGCGGCAGCGACGGGACGGCAAACGGCGACGGCAGT
CAGTGTTCAGTATTCAGTATCGATTGAACAGCCGCGCGTAGCTCATCGAAATCGAGGAAGGAAGAGACGCGACGAGAGAGCGAGCAAGACGGACA
GGCGACCAGACAGAGACAGCGACAGCAGGGAAAGGGAGACCAAGACGGAGACCGAGAAGGAGACATTGAGCGCCTGCCGCCCCCTCTTTTGTAAT
AAATAGCGCTGTGCGAAGCGACCACACTACCAAACGGCAAAAGTCCGCTGAGAGCGACGCAACGCAGGCCACAAAGGCCCGCCCCCCTCCCCCCT
GCGATAGACACAACAGAACAGGAACAACTATTGCAACAACACTATCACACACACACACACACACACCCGCAGTCAACAACACCCCCCTG
AACGAAAGGGAGAACAGTGAAACAGCTGGAACAAGAAACCAGAAAACAAAACAGGCTGACAAAACAAATGTCAAAATTAGCGACTGACCAAAGGG
AATTTTAATCAAAAGTTAATACGAAAAAACCAACAAACCACCACGCGTTTCTCCACCAAGTGCCTTAAAAGAAAAAAAAAAAACAGAAAGAACAT
AACAAACAAACACCGATTCAAATGAATTTAAATAACAAATTCCAATGTGATAAAGCTGAAATAATCGTAAAAACCTAACAAACAAGAGTTCACGT
CTGTTCTTTTTTTTCGAATTTTTTTCGTAAGTGTGTTGTCTAAAAATCAAAGAAATGGAAAAATATAATTAGAACATCAGAAACAACAAACCCCA
CGGAGACGGCGGGCATAAATTAAGAAAATCGAAAAACACAAAGCCACAACGTAAAAAAAGTATCCATAAATCTATATGTGTGCTACACCTCATAT

ATAGAGACCTAAAATAAAACCAAAACAAAAACAAAGCAAATCCAGGAAAAGCAGACAACCGAGGAGAACTCAGCACAGCACAGCACAGCACAACA
AAGCAGAAATGGCAAGCAAACAACCCAGAAAAGTGGCGCCCGACGGTGGATGGGGATGGGTCGCTTGCTTTGGCGTTAGTTTGGTCAACGTAAGT
TCAAATTTCCAGTTCTTAGTTGCCAGTTCACTGATTAATACTAAATAGATTCACCCAACGACACAACATTCCAATGCCAATTAGCTAATACGTAT
TGGCCAAGCTTTTATCAAGCAATTCCCTTCGGCCATCTCACTTACTTTCCCCATTTGCACTTAGGATAGGTTAGTTCCAAAAGCCCATGGCATTT
CATAGTTGTATATTTTTATATGGCTCGTGGTAAACGTGTTTTCACATCGACGATAAGATTCAAATGAAATATGACGAAACTCAATATGCTTCTGG
TCCTACCCGCATTCTCACATGTTTGTACACGGATTTATGATGGCTACCTGTAATATTCGTATGTTTGGTGTAGGGGCGGCATTTAGACCATTTTC
ATTAATAATAAATCGTCAAATGGACGTGTTTTGGTCAGCAAAAAGGGGAAGAGGTTATTGGAAGGGCGATGTTGGTGTTTATCAAATTTCAAACG
CCCTTAAAATCACTGCATATC
(SEQ ID NO: 904)

Exon: 1001..1251
Exon: 4796..5253
Exon: 5351..5477
Exon: 5798..7090
Exon: 10702..11276
Start ATG: 4966

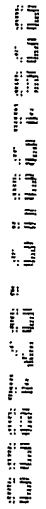
Transcript No. : CT24124
TCGTCGCCTGTTGAATATTTACATTAGTTCTATATATGTTTTTATACAAATATATATATTCTATTTACTTGAATTGTTTTTGTCGCCGCCGCCGC
TCGTTTCGTTTTGAATTCTTCATCTTCTTCTTTTAATTTTTTTTTTTTGGTGCTTTTGTTTTTGTTATTGTTTTGTATCTCAACTTTACTGCAGC
ATAACAACCACAACAACAACAGACGACGAAGGAGAGGGGAAATCATTTACAAAAATAAAACAATTGCAATCACTGGTTCCAGCATTTGATCGCAC
CCATCAATCCGATTCGAGCAGTAATGCAACAACCGGTCAAGAGCCCGCAGCGCTAAACCAATCCAAGCCCCACGCTCCAAGTTCCAAGCCCACCT
AATCCTAGTCCAGGACGCCTAGCCGTATACACAGTTCCAAGATGACCGATAATGGGAACAATCATAACAACAACAACAACAACAACGATGAG
GCACTCAGACTGAGGCTACCGGAAGAGCAGGCAGAGCAGCTGCTGCCCAAGAATGGATCAGCCGGCCAGACCAAGATAGCGCCACCTACGCATAC
TCATTCCATAGCCGCCGCTTCGGTGCCACAGAAGGTACCAGCGAAAAAAAAGCGAGACAAGAGCGATCTGGGTGAAGATTTTGTGGCGCCCGACG
GCGGATGGGGCTGGCTGGTGTCCGTCGCCAGTGGCGTTAACATTCTAGTGACGTTCGCATTGGCCCAGCAGTTTGGCATCCTTTTCCGCGATCGC
ATGGCTGGTCTAGGAATCTCCAGCTCCGAACTGACCACCATTATCAACACACAGATTGCTGTATCCGCATTTACAGGTCTGCTGAACGGTCCGCT
TTTCCGACGCTACACATATCGAGTGGTGGCCCTGGTGGGATCCGTGCTGACCTTTCTGGGTCTCTTCTGGATGGTGTTCGCCGACACCTTCGCCG
TCTACATAATGAGCTTCTCGATCTTGTACGGATTCGGACGAGGACTGACGGTATCCGCATCCTCGCTGGCGGTCAATACATACTTCAAGGTGAAG
CGACGCACTGCCACAGCTTTTCAGTTCGGAGTAGCCGGCCTGGGACCAATTGTGTGTCCCTACTTTGCCACCTACATGCTGTACGAGTTTGGTGT
CCAGGGGACGACACTACTCTTTGCCGGCGCCTCACTGCACACCATCGCCTGCTCGCTGATCTACCAGCCAGTCAAATGGCACGTGGTGAAGCGAG
ATCGCGATGCGGAGGCACTGCAGCAGGTCCAGCCACTGGCAGAGCGTGAGGATCAGGACGAGGATATTATCAAGAATGTTGTAGAGCCGGAAACC
CCGGTGCTGCCACGTGCCAATGACGGTTGGTTTGGCTCGCGGGCCTCGTTGAACAGCGTGGGCACTCGGAATCGACTGAACACCTGGGAGAAATC
GGACAGCAATGGCCACGTGGAGCTGAAGAGGCTAAGCAGTAAGGACTCAAATCCGGGACGCCAGCTGCGCAGCATATCCGTGAGTCACAGCATTA
AGGAGGAGGAGGCCACTGGCTACAATTCTGACCACGAAGTGCAACACACCGAGCTAACGGAGAAGGAGAAGCAAGAGCTGGAGGATGAGAAGGAG
CGCCAGCGCCGCAAGAAGCTGCCATTCTACATGAAAGTGGTGATATTCTTTGATATGGATCTGCTGAGGGATATCACGTATGTCAACCTGGCTGT
GGGCATCACACTGATCAACTTTGTGGAGATCAACTTTGCCATCCTGACACCCTTCATCCTAAGCGATTTGGGTTTCAATAAGGATCAGATTGCCC
TGGCCATGTCCACGCTGGGATTCTTCGATCTGGTTGTTCGATTCCTTATACCCCTGATCACGGCCAAAATCAATCTAAGCAACCGTACCTTCTTC
GTTGTGGGCATTTTGGGCATGTGCATTGGCCGCATGTTCCTCTCGATGACCTCCAATTTCTACGTCATGATGGCCATCTTCCTGTGGCTGGGCCT
TAACAAGGCCTTCCGCACGGTCTTCTGGTCCCTGATCATACCCAGTTATGTGCCCCTGAAGAGATTGCCGGCGGCAGCTGGGCTGCAGCTGCTGA
TGTCCGGCACCTTTTCGATGATCTTCGGACCGCTGATTGCGGCAGCGACGGGACGGCAAACGGCGACGGCAGTCAGTGTTCAGTATTCAGTATCG
ATTGAACAGCCGCGCGTAGCTCATCGAAATCGAGGAAGGAAGAGACGCGACGAGAGAGCGAGCAAGACGGACAGGCGACCAGACAGAGACAGCGA
CAGCAGGGAAAGGGAGACCAAGACGGAGACCGAGAAGGAGACATTGAGCGCCTGCCGCCCCCCTCTTTTGTAATAAATAGCGCTGTGCGAAGCGAC
CACACTACCAAACGGCAAAAGTCCGCTGAGAGCGACGCAACGCAGGCCACAAAGGCCCGCCCCCCTCCCCCCTGCGATAGACACAACAGAACAGG
AACAACTATTGCAACAACACTATCACACACACACACACACACACACACACCCGCAGTCAACAACACCCCCCTGAACGAAAGGGAGAACAGTGAAA
CAGCTGGAACAAGAAACCAGAAAACAAAACAGGCTGACAAAACAAATGTCAAAATTAGCGACTGACCAAAGGGAATTTTAATCAAAAGTTAATAC
GAAAAAACCAACAAACCACCACGCGTTTCTCCACCAAGTGCCTT
(SEQ ID NO: 905)

Start ATG: 422

MTDNGNNHNNNNNNNNDEALRLRLPEEQAEQLLPKNGSAGQTKIAPPTHTHSIAAASVPQKVPAKKKRDKSDLGEDFVAPDGGWGWLVSVASGVN
ILVTFALAQQFGILFRDRMAGLGISSSELTTIINTQIAVSAFTGLLNGPLFRRYTYRVVALVGSVLTFLGLFWMVFADTFAVYIMSFSILYGFGR
GLTVSASSLAVNTYFKVKRRTATAFQFGVAGLGPIVCPYFATYMLYEFGVQGTTLLFAGASLHTIACSLIYQPVKWHVVKRDRDAEALQQVQPLA
EREDQDEDIIKNVVEPETPVLPRANDGWFGSRASLNSVGTRNRLNTWEKSDSNGHVELKRLSSKDSNPGRQLRSISVSHSIKEEEATGYNSDHEV
QHTELTEKEKQELEDEKERQRRKKLPFYMKVVIFFDMDLLRDITYVNLAVGITLINFVEINFAILTPFILSDLGFNKDQIALAMSTLGFFDLVVR
FLIPLITAKINLSNRTFFVVGILGMCIGRMFLSMTSNFYVMMAIFLWLGLNKAFRTVFWSLIIPSYVPLKRLPAAAGLQLLMSGTFSMIFGPLIA
AATGRQTATAVSVQYSVSIEQPRVAHRNRGRKRRDERASKTDRRPDRDSDSRERETKTETEKETLSACRPLFCNK*
(SEQ ID NO: 906)

Name: monocarboxylate transporter-like
Classification: transporter

Celera Sequence No. : 142000013384832
GACTGATAACACACAAAAAGAACACGCGTCTATTGTACAAAAAAGAGAAATCGATACGAAGAAACAATTTATTTACCTATTAGTGAGAGATTATT
AATGGAAACTATCAGCGGAAACAATTCCCAGCCCCAAAAACTACTAAAGGAAACTGTAGCGAACATTTTACTGTATTGCTGTAAATAATCATGAA
ACATTGGGCAAAGGACAGAGTTAGAAACCATTGCGGCCGAAACAATACACTGAATACAACCGAATTGAAGAACTTGCGAGTTCAAAAACTAGCTA
AAGAAAACACAACACGAATATTATATTTCTATTAACTAGGCGAATGCAAAGCATCTTGGAGCATTGAACATTGAATTTGAATTCCAAATCGAAAC
TGACTTAGCCACAATAAAATGCGCATAGCATATGAATGTACGTTGAGCGTAATGTTGAGTTTGAAATATATATTTTATGGTGTTTGGCCAAAAAC
ACGAAAATAATTAGAACTCAAGGCGAGGACTCGAAATGCAAAATTGCAACTTGAAAGCGGAGGTGCAAAGAACACACTTTGTAAATGAAGAGCAT



AATTTAATTTATATTTATTCATGTATGATAACCGTAAAACACACAAATTATACAATATGCATACAGAATAAACTAAACTAACCAAAATCCCGCGT
CTTCTTCTTTTTAATCAACACGTATCTGGACCTAACTTCCCGGGGATTTCCCTTCTGGACGTGTCCTTTGGAAAGATAAAAGAGGAAAGCTTAAA
GATCGCTGTAAGGTGCTTGCACCGATTGAGAAGGCTCAATGCAACCGTTTTTATAGATGATGCATCCTATGGCCTGCGAAAATATTTAAGTTGTG
CATTTTATTGTTTGATTATAGTAAATGACTTTTTAAAAAGTAACGTTAAATACCATTTCCAATGATTGGTATTTCTACAAACTGAAATGGTATAT
AACGCCATTTTCTGCCAGGTCCGAAGGAATTCTTATCGTTTGTAGCACGGTCACACTGCTCAGTTATTTCAATTGTTTGTCCCGTTTGCTCGAGC
ACTTGTTCCCAACGTAAGTCTAAAAAGACTTATTTTCCGAGATAATAAATCGCCGTGGCTGCGCATTATGTAAAGTGGAGTGGTTCCGTGCCGAT
TTCGCTGCGTTGGGGCCGTTCCAAACATATGGAATCTAAACGCAGCGTATTTCACTCCTGCTCGTGTGTGTCTGTGTGTTTATGGTTGTAGTG
GGGCTTCCGTGTCGCAAGTGGAAAACAAATGAAATTGAGTTCTCGCTTTGAGTCATATTCGAGTGACAAATAAAGCGCGTCATGCGTTGTCCATT
GAATTACAGTTTAATTTGATTACAGTTTAATTTGGTACCGCCAAGACATGTACGTCCAACCACCGATCGATCTGTGAGGGCCTCAAATATAGACA
TGGTGTACCCGCACAGGAATGAAGATGCGGGAGCATCTCTGGCGTGTTTGTGTGCTAATTAATTAATTGCTCATACTTGACCTGGACACTAAGCA
GACGCTGTTGAAATCGACAATACATATAACACTTTGTGCTCGCGTAGATGAAATGGGCGAAAATAGTGCGTGCTTGGTTCAAGTTACGTGAGCCC
CTCGCTTCGTGTGTGTTGGTAGGGAGCATTCAATGCGCGCGAGTGTGTGTGAGCAGCGGTGTGGGGATGGGCACCTCCTCTTTGCTTGTACCTAG
GTGGAATAGTTTGGTACCCGTGACTTTCCCAGGAAAAGAGCATTTTATAAAGTTTCCCTATTCTTTTGTTTTGTAAATTACTGTGAACATTGGGT
GATTTATTCAAAGTTGATTCAAAATAAATTACTAAGTACTAAGGAAACTTACAGAATAAAATATTTCTGAAACATCTCCTCGCGTTCGGAAATGT
AGGAAGCATGACTCAATTTGTATTCGTGAAATCATGAACCCACAATGCAGTACCCGAGGTTCAAAGAACTAGTACCCTCCACAGCAGTGTTTAAG
CAGGGTTTCTCTCAGTAGCGCAGTTCATTTGGCTTAATTTCTCTTTATTTACACTCGGTTCGCACAGATCAGGTTTTGTTCGCTGCTCGACGGGG
CAGCTGCATTCTTTCTCGCTCCCACCCTGCCCCTGGATTCCCCTGCACCTGTTCGTTCTCGAGGTGCGAGCGAGAGGCCAAGAGGCAGAGGTAGA
GCGGCACTTGCCACGCTTGACTTGCAGCAGGTCTGCAGGCGACGCGGAAATGCCACTAGAAGGTCCAGCTACAGCCGCCGATAGACACCAGTTCC
AGTCCCGATAAGGAAGCGATAGACTGAAGTAGACAGCTAGCTGGAAAGACAGATAGCGACGGGGAGAGTGGATTTATTTATTATTCAAATTCTGA
ATGGAATGACGATGTGATGGGCTCGTGCTCGTGTACGCGGCGACACTTTTTGCTGTCAATATGCTTCCTGCAAGTGGTGAGTAGACCGCGATCCG
AATGATTACAATTCGAAATCTACAGCCGTTCCCCATAGATAACGATTATCGAGCGCCAGGTATTCGACTTCCTCGGCTACATGTGGGCGCCTATC
CTAGTGAACTTTTTCCACATTTTGTTCATCATATTCGGGTTTTACGGCGCCTACCACTTTCGCGTTAAATACATCATCACCGTAAGTGCCCTGAT
TACCATATCTCTGCGATAACCCCATTTTATTTTGTGTGCCCGCCTGCAGTATCTAATATGGAACTTCCTGTGGATCGGGTGGAATACCTTCCTCA
TTTGCTTCTACTTAAATGTGGGGCAGTTGAACAGGGTGAGTTTCGTGGCTCCACAATAGACATATCTCTTCTTAACTAGAAGGAAATCTCTTCAC
AGGACAGTGACCTGCTCAACCTGGGCACTGGCAGCGTCTCCTGGTTCGAGGCGAATGGGTACGGTTGCAAGCCCACCTATAACATGGCCGCGGAC
GATACGTTCCGTCCCCAGCGGCCGGAGCGCGTGGAAGGCTGCCTGCTGGACTACCCGCTGGTGGAGATCACCCACTCGGGGGTACAGTGCGCTCT
GGCGGTGAGTGATCTACTAGCTTAAGTTCCCTGAATTGTGTAAATTGTCTCGCCCACTCCCACAGCTGCTCGGCATACTCGGTGCGATTCTGATT
AGTTGCATATTTCTTGACGAGGACGACAGATGTAAGTGGCGCTCTCTGAATGCGAATAAGAAACATGCTCGCCTGTCATAAACACCACTAACCGG
GAACGGTCATTGCTAACCCCTCTCATCCCCATAAGATCTTTCACTTTCGGGTCTGTGCACTGAGGTGTATGTTTTCTTTTCTCACAAAACCTAAA
ATAATACCCTATGTGTAAGCAATGTTTGTAAAGTTATCATCGAGAATTTGGCCAATGGCTTTATATTATTCTCGATTGTATAAGGCTCTCGATAA
GAAGTCTCTTGCCTCCCTACCAAAAAACCCGCAACCTGGAATGCGACTGTACCCCCAGAAAATTATGGTTTCGATTTAAACATAAATTGTGTCCT
ATATTAACCATTATGACTTGTCCATTTGAATTGTGTGCATCTATACACATGCCCTTTAAAACATTTTACTCACATACCACATAATCGTATTGTTA
TTCATGTTATGTATATGTCATTTACTCATAATCAAGAAATCAGAAACATTGTATTTGCATATGGGCAGCGACACTGTGCAGCTCTAAACCATGTA
AGACGACATTGAGATAGGTGCTCCGAAATGAATATAATTAATTGATATGAAAGTATGTAAATGTAAAAATGTAGACAAAATGAGCAAACAATATA
AAAACATATTTATTTACACAAATAAGAAGCTAAATCAATTACTCTTGACTAGTTCTATAATTAGTAAAAAGCTTGTGGGTGCTGCACGGTGTCCT
GCTGCCTCCGATGTTTTCCTCTGTTTATTGTTAAAGCATCTTAATCAATTTCTGGTTTTCAGTCGATTTCATGAACGGCGACGCGAAGAGTCCAC
AGCATACCGTGGTGCACCCAATGTACGTGAGCTATACAAGTATACCCACAACATCCGCAAGCGCCACCATGCAATCAAATAAGCATCTGCAACTG
CAGCACCAGCAGCCGCAGCAGAACTCACTGAAACTCTATCATCATCAGCAACAACAGCAACCCAAACTACACCACTTCAATAAGAACTACCAGTT
GAGCGGCAGCAACAATAATACACTGAATAATAATCTCCACCAGCGTGCGCCTGCGCTGCTGCCGCCAAACACAACAAATAACCGCAGCGCATCAT
TCCAAACTCAAAGTCACCCTTCAAACAACCATGTAACTCAACGCACAGGCGGAGAGGGGAGCAACTGCAGTAGTCTACGCCGCCATCGACAACAC
CATTCCAAGGCACTCGTCAGCCCCAGTCCCATGTCACCTCAGACCACGCCGTCGCTTTCGTACGCTTCCCTGCAAAACTCGAGTCCCTACCTAGC
CGGAAACTCCCTTAGCAACAGCAACTACAGCATATTCCAGAGCCCCGACTCGCTCCAGGGCAGTTCTCATTTCGCCCGTATTCATCACAAGCCCA
AGCCGCCCAAATCTGATTATCCTGTTTCTGGAGAATTCAATCCGGGCGGGAATATATCCTCGCCTGTCCGTCCGCTCGATCGCCTGTCGCGCAGT
CTCGAGGACGACGAAGACAACTTTTCGCTGCAGAAGTTCGCTCCCGGCGAACACGGTGTCACCTACGTCCCTTTTCAAAGTCCTACTCCAAACAG
CCTTTTTCTGGGCGAGAACAACAACTCCCAGCCCCACCTCGTCTTTCACACCAACTCTCGGTCTAGTCCCAACAACAATGCTTATCCCTACGACC
AGAGCGGTTTGCCCTCTTCCCTCCGTATGGGGTCAAACTCCAATGCCCGACGGCCGACTCACATTCCTCTGCCCACGGTTCCCATGCACAACTGC
CAGGAGGTAGAAAATGATGAGGACGCAGATGGCGAATCCGAGCAAGATCACGATCAGATGCTGACGCCTCCGCCTCCGCCGTTAGTGCGGCCTCA
CATCCATCAACGCTTGGGTCAGGCGCCCTACCTCGATCTCTCTCCGGAAGTGGCAGAGCGCTATGCGATTCCCAGCAAGCTTGGACCCAGCCTTC
CCATTCAAGTGCCACTCCCCGTCCCACATGGTTCGCCCATGGTACGTCGCAGTAATCGTCGACCTAGGCCATCCAATCCCGTGAACTTTTGCGAC
CAGATTCGCGCTACACCTCCTGGTTATGTGGTACGCGCCCAGAGCGACGACCGTCTAATGGAGCAGGTCGAGGCTGATGCAGCACCGCACGTGAA
TCGTCGGAGCGGTCGCGGCGGTAGCGGTCAAAAGACCCGTCCTCGGTCGTTCTGCAACTCGATAGTGGGCGTGCAGGGTTAGACTTAAGTACGTC
CCGCTGCACTTGCTCCTCTCCTCTCTCTTACTCACGCTTTCTGCCTAGGCAGGATGGCTGTTACTAACTCTACCAGGATCACTCGATCCCTAAAC
ACATACAAAAAATTTCATATACATAGGTGTTGCTGTTTCTTTGTTGTGCCTAACCAGCCGGCTAACCTGGCTAAGAACAGGTCCTAACCATAGCT
TCCCATGCAAGCGTTTATCGATTTTAATGATACCTTGCAGAGCTGACTTTAATTGTGTAAATCTAATTAATAATTCAGATACGTGCGATCAGTAG
AGACTTTCCTCGAATTGTGATAGAAGGCGTGGAAAGTCGTGACAGAATGCAAGCCTAACAATTTTATGTTGATCTGTGATAACTGAAAACAAATA
TGAACGACAAACGATAATTTGAAAAACGAAAATGTCACAAAATCATTATCAAGAAAAGGATATGACAATTTGTTGAGAATACGAGCGATAAATGA
AATTTTGAGCCAATTGCAACCAGATGCCTTGGATGTATGACGGAATAGAGATTAGAATATACAACATACATATATATACCGATGTTATGGGCGGG
AGAGCCCAGCCTCCCCAAGAGTTGCCTTTGTTGTTAACTAATAATACATATGAATGTATATTTGCCCTTAATAACGAAATGTACTACGATGCAA
ACTTTAGTTGTCGAACACAAACAAGAAGTTGCCTATTCCGTTAAGTGAGAGATTCGTTATACAAGCGCAAGCAAACGTAAAAACGTTTAGAATTA
CGTATAGAAATGTTAAGCCTAGTATTAAGCTTGAGGCCACAAAACGCAAGAGCAGAGCAGATCTAAATCCATTTAGCGTAGACACTATTTACTGT
TTTAGATAGATCCCTCATATTTAGCCATGCGAATTGTGCGTAGACTGGTGCCAATTCTCGAAGAGATTGAACGCGTTTCCAATAAAAATGTTCAT
TTACACCATAGTACGGGTAATCTTTCTCTGTCTCGGAAGCTTTTTTCGTAGCCGATCCTTCTATCTTCCTAAGTTGCTCTCTTACTGGTAGTTGG
CTTTTTGTAGCAATTGTGCCTCTAACCAACCGCTAACTATTGATTCTCTCCGAACGTAGCTAATCCAACTTGATTAACAGCTCCAATCACAAAAG
CACACTCAAAAGCAAGCCAAGGTAACTTTGAGCATTGTATCCGCGGCTTAACGGTCTAAACAATCTTCCACTGATCCTATATTGTTCTCTCCGGC
GCAGTGAAGCATATTAGGAAGCAGTCTAAACACCGCCAGTCGCTGTACTCCATCGAATTCGGCAGCAGTACCGACACCATCCGGCATGGCGGCCA
CTCCTTGGGACTGGGCGATCCTCGGGGCGACCAAGATGGCGGCGAACTGAGTCCTAAGCCGATGACACCACGACGCGTCAAGCGGCGATCGGTCA
TGGCGCGCGGCACACAAGGAAGGCAGTCAAATGGAGGAGGCTCTAGCAGGCGCTCATACCACGGATCAAGCGGCACCCTGAGATCCAAGCACGGA
CATAGTGGACGTGGAGGCGGAGCAGACAGCAGTAGCGGAAGCTATGTGAGGAGCAGCACTCGAAGCTCTCGCCGGAAGTATCATCAGAATCCAGT
GACTAAAATCATCGATCAGCAGCTTCAGCAGGAGCAACCTCACCTGGGTTCCTTCCACCGACAGGATAAACTCTCGCTGACTGCCTCCAACCTGC
AATCACTCAACAATGACTTTGTGAACAACACCAATGCTTCCGGCAGTCAATTGGGAAGTCTCGGCAAACCCAATGAGCACTACTACCACAGCTAC
CGCAAAAACATTCCGCTGGATCCCATTTACTACAATACCAACGGTCTAGGAGCGCTGGAGGAACCACCGAGCCTTCCACCGCCACCACCTCTGCC

ATCTGCAGCTGGAGCCTCAATCCTGCACGCGGGCGGTGGAGGCCACTACAACCCCAGTTACCAACACTCCACGACGCACCTAAACGACGTTGGTC
ACGCTCCCGATGAAGTATACAACAATCGACCGCCCTCGGTGCGCTCCAGTTACTCGAATTTTCATGGCTCACGGCCACTCTCCACCGCTTACGGG
AATGCCACTGGTGAGAATGTATTCGCTGGACTGAACGGAGCCAGCGCCAGCCCACCGCAGGCTCCTTGTACGCCACCCCTCTACCAACAGCATCC
CATGCAACTACAGCAGCACCAACAGCAGCAGTATCCTCCACCGCCGCCAATGGATCCGGCGCCTGCTTACGTCAGCACCATGTCGTTCTCCAAAA
GAACTGCCTCTCGGGAAAGCATTCGCTCAATGGCCTTTCTCAACAACGGCCCGCCCGCCTACAATCTGAATTACCACACGCCGCCCGACTCGGAG
ACGACCATGTAATTTGGTTCGCCCTTTGTCTTTACCGTCGCACATGGATCTTGAACTATAACACAATCATCATCAAGCCATCAGCCCATGCCCAA
CACATATTATATCTTGTGCAACAAGCCAAGGCTACCACTTGGTGCTTTAACCACATGGATAGCATATACTTGATCAGTAAAATAACGATATCTGT
AGTGCTTAATTTATACGTAAGTTTCTGTCGTTTTACCAAAGTGCCTTTGTAAATAAATACTTAAAATAATGGATCGGTTATTTAAATATCAGAAA
ATATTGTTAATACTTGATTGTTTATGTTCATTTATATTTCTTCTTAGGTAATTGGCTTATAGTTTTATACCTGTAGATAAGTACGTGCTGTACTT
GGTATCTTAGTCCCTTCGACACACTGTAAGATGTACGAAAACTTAGGAAACTGCAAAAGTTGGATATTTGCTCCAATACTTACATTCATCTGCAT
CCCAGCCCGGCTCGATGTCCAGTTGCTTGTTGCGCTCCTTCAGCCACGTGAAAAGTGGGGCAAAGTACTCAAGGATACCGCGTCCGCTCAACTTT
CGTTCACCGGTGGCTATCTCCATGACATCCCGCCAATGTCGAGTGGCTCCCAGCTGCATCATGTCGCGAATCTTTTTTCCTGCTTCTTTGCTGTC
GTAGAAATCGCAATTGTGAAGTGGGAAATTGGGATCACCGGGCTTGTACTGGCCACTTGCCAGGCAAAAGGAACGGTAGAACTGGAATCCCAGGA
TCTCGGCCAGGAATTTTCTGTGGGTCCCGGGGAATATGAAATTCATGATTATCAAAAACAAATTATGGAAACTGACTTGGTATTGGAGGTTTCCG
GATTTAGTCCTCGATAGAACTTGAAATCCACATCAAAGTCCTTGTTAAGACGTTGTAATGGCGGCTGAACTCCGGCGAATTTGTCCTGGAGGCCC
CAGTAAGCGCAGTTATAGTCCTTTACTCCGATTCGCCCGTCCATTACGTCCACGAGGAATTT
(SEQ ID NO: 907)

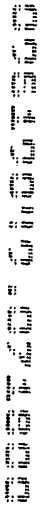
Exon: 1001..1058
Exon: 2063..2451
Exon: 2509..2646
Exon: 2710..2790
Exon: 2853..3044
Exon: 3106..3166
Exon: 3958..5397
Exon: 6655..7802
Start ATG: 2392

Transcript No. : CT24170
TCACACTGCTCAGTTATTTCAATTGTTTGTCCCGTTTGCTCGAGCACTTGTTCCCAACATCAGGTTTTGTTCGCTGCTCGACGGGGCAGCTGCAT
TCTTTCTCGCTCCCACCCTGCCCCTGGATTCCCCTGCACCTGTTCGTTCTCGAGGTGCGAGCGAGAGGCCAAGAGGCAGAGGTAGAGCGGCACTT
GCCACGCTTGACTTGCAGCAGGTCTGCAGGCGACGCGGAAATGCCACTAGAAGGTCCAGCTACAGCCGCCGATAGACACCAGTTCCAGTCCCGAT
AAGGAAGCGATAGACTGAAGTAGACAGCTAGCTGGAAAGACAGATAGCGACGGGGAGAGTGGATTTATTTATTATTCAAATTCTGAATGGAATGA
CGATGTGATGGGCTCGTGCTCGTGTACGCGGCGACACTTTTTGCTGTCAATATGCTTCCTGCAAGTGATAACGATTATCGAGCGCCAGGTATTCG
ACTTCCTCGGCTACATGTGGGCGCCTATCCTAGTGAACTTTTTCCACATTTTGTTCATCATATTCGGGTTTTACGGCGCCTACCACTTTCGCGTT
AAATACATCATCACCTATCTAATATGGAACTTCCTGTGGATCGGGTGGAATACCTTCCTCATTTGCTTCTACTTAAATGTGGGGCAGTTGAACAG
GGACAGTGACCTGCTCAACCTGGGCACTGGCAGCGTCTCCTGGTTCGAGGCGAATGGGTACGGTTGCAAGCCCACCTATAACATGGCCGCGGACG
ATACGTTCCGTCCCCAGCGGCCGGAGCGCGTGGAAGGCTGCCTGCTGGACTACCCGCTGGTGGAGATCACCCACTCGGGGGTACAGTGCGCTCTG
GCGCTGCTCGGCATACTCGGTGCGATTCTGATTAGTTGCATATTTCTTGACGAGGACGACAGATTCGATTTCATGAACGGCGACGCGAAGAGTCC
ACAGCATACCGTGGTGCACCCAATGTACGTGAGCTATACAAGTATACCCACAACATCCGCAAGCGCCACCATGCAATCAAATAAGCATCTGCAAC
TGCAGCACCAGCAGCCGCAGCAGAACTCACTGAAACTCTATCATCATCAGCAACAACAGCAACCCAAACTACACCACTTCAATAAGAACTACCAG
TTGAGCGGCAGCAACAATAATACACTGAATAATAATCTCCACCAGCGTGCGCCTGCGCTGCTGCCGCCAAACACAACAAATAACCGCAGCGCATC
ATTCCAAACTCAAAGTCACCCTTCAAACAACCATGTAACTCAACGCACAGGCGGAGAGGGGAGCAACTGCAGTAGTCTACGCCGCCATCGACAAC
ACCATTCCAAGGCACTCGTCAGCCCCAGTCCCATGTCACCTCAGACCACGCCGTCGCTTTCGTACGCTTCCCTGCAAAACTCGAGTCCCTACCTA
GCCGGAAACTCCCTTAGCAACAGCAACTACAGCATATTCCAGAGCCCCGACTCGCTCCAGGGCAGTTCTCATTTCGCCCGTATTCATCACAAGCC
CAAGCCGCCCAAATCTGATTATCCTGTTTCTGGAGAATTCAATCCGGGCGGGAATATATCCTCGCCTGTCCGTCCGCTCGATCGCCTGTCGCGCA
GTCTCGAGGACGACGAAGACAACTTTTCGCTGCAGAAGTTCGCTCCCGGCGAACACGGTGTCACCTACGTCCCTTTTCAAAGTCCTACTCCAAAC
AGCCTTTTTCTGGGCGAGAACAACAACTCCCAGCCCCACCTCGTCTTTCACACCAACTCTCGGTCTAGTCCCAACAACAATGCTTATCCCTACGA
CCAGAGCGGTTTGCCCTCTTCCCTCCGTATGGGGTCAAACTCCAATGCCCGACGGCCGACTCACATTCCTCTGCCCACGGTTCCCATGCACAACT
GCCAGGAGGTAGAAAATGATGAGGACGCAGATGGCGAATCCGAGCAAGATCACGATCAGATGCTGACGCCTCCGCCTCCGCCGTTAGTGCGGCCT
CACATCCATCAACGCTTGGGTCAGGCGCCCTACCTCGATCTCTCTCCGGAAGTGGCAGAGCGCTATGCGATTCCCAGCAAGCTTGGACCCAGCCT
TCCCATTCAAGTGCCACTCCCCGTCCCACATGGTTCGCCCATGGTACGTCGCAGTAATCGTCGACCTAGGCCATCCAATCCCGTGAACTTTTGCG
ACCAGATTCGCGCTACACCTCCTGGTTATGTGGTACGCGCCCAGAGCGACGACCGTCTAATGGAGCAGGTCGAGGCTGATGCAGCACCGCACGTG
AATCGTCGGAGCGGTCGCGGCGGTAGCGGTCAAAAGACCCGTCCTCGGTCGTTCTGCAACTCGATAGTGGGCGTGCAGGTGAAGCATATTAGGAA
GCAGTCTAAACACCGCCAGTCGCTGTACTCCATCGAATTCGGCAGCAGTACCGACACCATCCGGCATGGCGGCCACTCCTTGGGACTGGGCGATC
CTCGGGGCGACCAAGATGGCGGCGAACTGAGTCCTAAGCCGATGACACCACGACGCGTCAAGCGGCGATCGGTCATGGCGCGCGGCACACAAGGA
AGGCAGTCAAATGGAGGAGGCTCTAGCAGGCGCTCATACCACGGATCAAGCGGCACCCTGAGATCCAAGCACGGACATAGTGGACGTGGAGGCGG
AGCAGACAGCAGTAGCGGAAGCTATGTGAGGAGCAGCACTCGAAGCTCTCGCCGGAAGTATCATCAGAATCCAGTGACTAAAATCATCGATCAGC
AGCTTCAGCAGGAGCAACCTCACCTGGGTTCCTTCCACCGACAGGATAAACTCTCGCTGACTGCCTCCAACCTGCAATCACTCAACAATGACTTT
GTGAACAACACCAATGCTTCCGGCAGTCAATTGGGAAGTCTCGGCAAACCCAATGAGCACTACTACCACAGCTACCGCAAAAACATTCCGCTGGA
TCCCATTTACTACAATACCAACGGTCTAGGAGCGCTGGAGGAACCACCGAGCCTTCCACCGCCACCACCTCTGCCATCTGCAGCTGGAGCCTCAA
TCCTGCACGCGGGCGGTGGAGGCCACTACAACCCCAGTTACCAACACTCCACGACGCACCTAAACGACGTTGGTCACGCTCCCGATGAAGTATAC
AACAATCGACCGCCCTCGGTGCGCTCCAGTTACTCGAATTTTCATGGCTCACGGCCACTCTCCACCGCTTACGGGAATGCCACTGGTGAGAATGT
ATTCGCTGGACTGAACGGAGCCAGCGCCAGCCCACCGCAGGCTCCTTGTACGCCACCCCTCTACCAACAGCATCCCATGCAACTACAGCAGCACC
AACAGCAGCAGTATCCTCCACCGCCGCCAATGGATCCGGCGCCTGCTTACGTCAGCACCATGTCGTTCTCCAAAAGAACTGCCTCTCGGGAAAGC
ATTCGCTCAATGGCCTTTCTCAACAACGGCCCGCCCGCCTACAATCTGAATTACCACACGCCGCCCGACTCGGAGACGACCATGTAA
(SEQ ID NO: 908)

Start ATG: 388

MGSCSCTRRHFLLSICFLQVITIIERQVFDFLGYMWAPILVNFFHILFIIFGFYGAYHFRVKYIITYLIWNFLWIGWNTFLICFYLNVGQLNRDS
DLLNLGTGSVSWFEANGYGCKPTYNMAADDTFRPQRPERVEGCLLDYPLVEITHSGVQCALALLGILGAILISCIFLDEDDRFDFMNGDAKSPQH
TVVHPMYVSYTSIPTTSASATMQSNKHLQLQHQQPQQNSLKLYHHQQQQQPKLHHFNKNYQLSGSNNNTLNNNLHQRAPALLPPNTTNNRSASFQ
TQSHPSNNHVTQRTGGEGSNCSSLRRHRQHHSKALVSPSPMSPQTTPSLSYASLQNSSPYLAGNSLSNSNYSIFQSPDSLQGSSHFARIHHKPKP
PKSDYPVSGEFNPGGNISSPVRPLDRLSRSLEDDEDNFSLQKFAPGEHGVTYVPFQSPTPNSLFLGENNNSQPHLVFHTNSRSSPNNNAYPYDQS
GLPSSLRMGSNSNARRPTHIPLPTVPMHNCQEVENDEDADGESEQDHDQMLTPPPPPLVRPHIHQRLGQAPYLDLSPEVAERYAIPSKLGPSLPI
QVPLPVPHGSPMVRRSNRRPRPSNPVNFCDQIRATPPGYVVRAQSDDRLMEQVEADAAPHVNRRSGRGGSGQKTRPRSFCNSIVGVQVKHIRKQS
KHRQSLYSIEFGSSTDTIRHGGHSLGLGDPRGDQDGGELSPKPMTPRRVKRRSVMARGTQGRQSNGGGSSRRSYHGSSGTLRSKHGHSGRGGGAD
SSSGSYVRSSTRSSRRKYHQNPVTKIIDQQLQQEQPHLGSFHRQDKLSLTASNLQSLNNDFVNNTNASGSQLGSLGKPNEHYYHSYRKNIPLDPI
YYNTNGLGALEEPPSLPPPPPLPSAAGASILHAGGGGHYNPSYQHSTTHLNDVGHAPDEVYNNRPPSVRSSYSNFHGSRPLSTAYGNATGENVFA
GLNGASASPPQAPCTPPLYQQHPMQLQQHQQQQYPPPPPMDPAPAYVSTMSFSKRTASRESIRSMAFLNNGPPAYNLNYHTPPDSETTM*
(SEQ ID NO: 909)

Celera Sequence No. : 142000013383969
CATAGAGCGGCTCTATAAAGATCTATTTTCCCCTTACTCTCTGTCTCTCTCTCTCTCTCTGTCTGTTTGTAGCTCTCTCTTTTTTCCCATAAGAT
GATTTCTGAACGCAGATAATTATTCTTATTCTTATTATATTTTTGTATTAATTTGAGCCAATAATTTTGCCTTTTTCCAAAATTAGTTAAGCATA
ATAATTTCTATTATATTTCTTATTAATTTAGAAACGTGTTCAGCTCAAAGCTAAACAAAAACATGTCAAAAGAAACGGAATTTTTGTTCAGTGCA
ATAAGATCTCTGAGCGGATCTATTCAACAGTCCAAGTTCTACGTCGTCATCATGATGGTGTAAACACATTTGCCAAATCACATCACAGCCCACTG
TTGAGCCGGTCTTGTGAGAGTGCGATAGAGAGGGGTCGCCCAGGCCAAGACAGAGACAGGAAAGAGACAGGTGGAGAGAGAGGGAAGGCTAT
TGCCCGGCAACTGCTAATTGGGATGGCTAAATGCTGCATTGCATCCTCTGCCGCGATTCCTGCTGCACTTACGGTGCATCGTCGTCTATCCTGGC
GCTGCCCACGCACGAAGAGAGAAGTTCACACTCTTCCCGCCTTCCGCCGGCGGTACAGAGCAAAAAAAAATTTTATTAATTTCGGTTAATTACAA
ATTTGTACCAGGGACTTAAGCTAACGAATTTCAGAACCGAAACATTCATAAGCTTATGCTTAACAACGTAATTATATAAAATAAATAAAATTGGG
AATTTGCTAGCATGCCAAGCATGTGATGTGTAATGTGATCCTTGGTCAAGAGATTTACATTCTCTCTTGCTTGCCCAATGCAAATTTCTCTCAGT
GTACGGGCCAGCTCTCTCCGACCATCTCGCTCTCGTTCCGCCGTTTTGCTTTGCCAGTGACTTTGCTTTGCTTTGGCGTAGAGAATGCTATAAAG
CAGACCGCAGCAGTGGAATAGCAGCAAGTCGACTGCTGGCCGCGTAACAGTAAACACACCAACGAGCGGACGTACACGGAGCGAAAGAAGAAGTT
GGCTACCACGAAAGAGTTATTGTTTGTTAGAAACACCAAGCGCAGCAGCAGCAGCAGCAGTACAAATATTATTGTGTGCCGTCCGAAGAGAACAG
CTGAGCCACACGCTGTTTTTTAACGCTGTTCCGTTCTGCGGCACTTGCTGTTTGTTATCCGTATCCGTCGTGTTTCGTCGTCGTATTTGAACTCT
CTTTTTGTTACTGTGCATATATTTTTGAAATCTCTGTGCTGCACACAGCGCAGGGGGAAAAGTGCTAGAATTAGCAGATCATCAAGACATCTGGC
TAACCTGTGATTTCCAACACACCCGAAGGCAAATTGGCAACAAGTTACCACCGTAAGTCTCGTGTCGATCAACAAGTGAAGATGTTAGTTAAGTG
TGGCAAAAGAACTGAACAAGAATTTATTGCATTTGCAAATATACATATGTACTATACCGATAGGAACGCGTTTTAAGAAAGTAATCATGCTTTTA
ATTTACGTGATGTGTGACTGTTATTTGTGATTCAATATAAGAAGATTAAGAAGATTAATAAGATTTTGTGAAATTTTCAAACTATGCCCAAGACA
AATGTAGCCCACTGTTTTGGGGGTAGGGGATTTTCAGAAGCTTTGCTTTTGAGCATAAACCGTAATTAGAAGGCATTAAAAACGTGTGATTTGGA
AATTCGTGAATTAAACCTTATAGGATTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTGTGAGAGAGTGTGAGAACCCAAATTGAGTTTAAGAATTAGCTGAAGTTT
CCATAATAACCACTGGCCAAGTGATTAGTTCACATGGTGGGTGGAATCCGTCTAGTCCAAACCATAATCCCCTGCCCAGTCTGATCTGATCCCGG
AACCAAATTGAGTTTTGCCAAAGGTTTCAGCATTTTTCATGTGCATTTTTTTTTCATCTAACCATCGACGGGGAGCAGAAAATGTTTACCAAATT
GAATTACACATTTTTATGATGTGCTGGTGCCTTGCTCTTCCCCCTTCCTCAAAGCCACCGCCACCCCGCCGCCTGACAGGCCTCAGGTGCTGTCC
TGAATCTGGAAATCCGTGTGTCCGGGTGCCGAAGCCGGAATGGAAGGAGTCCACGTTTTCGAGAGCGGGAATGCATTTATGGCGCCGCCATTAGG
GTGGACCAGTAAATTAGGTTAATTGTAGAAAGTAATCGAAAGCTTTAACAGCACCAAATTGCATATTCTGAATCAAGGAGACTGTATTTTTCCCA
CACTGCAAGTCACATTTCAATATGTAAGTGCTGCATTGAATATGTACATGTTCAACTTATAAATGTGTATTCTATATATATATATATATAGGCAC
ATAATCTATAATCTGTTTTGTAATCACTACTGCTTTTTGCAACTTTATGGTAAAAAATACTTTGTAAATCCTTTGGTGTGCACCAAAATGAGCAT
GAATGCATAAGCAAACATAAGCGCTTAATTATGAAAACATACCGATTTAACTAGAGTCCTGGATTATAATTGACCGATTATTTGATTAAAAGGCA
TCCGAGGCATTCAAGAGCAACCAAATATTGTTGGCCGTTGATAACCATTGCTGGTTGCCAAGGTTTCCATAGTATTTGCAATCGGCTCAGAAGTG
AAATGCTCTGTCTGAAATTCCGACTTAACTCCCCACCAGATAACCTGTTGCATTTCGCAATGGGGTAAACAATGGAATCACCTGTGCGCCCCCAC
ATTTTGGCCTTCATATGGAAGCACATTCGTGCGCATTCATCTGGAAAATTGATGGTAAATTTCGCATTTAGTTTGATTCTCAATTGAATCAACAG
TTCTAAGCCTACTGCTTACGTGTTTGTGCGATGATGATGATGATGTATAATGGTCTATCCACCTTTCGCAAATTTGCAATGGACAAGGAGGCGGT
GCAAAGGTCTGTACATAAGTCCAGAATCTCAAGGGGTGATAAGCCTAAAAAAAAAGGCAGACTGTTATATGTCAGATACTCGTAGATAGTTAGAGG
GGTTTTTCAATGAAAAACTTAGAAGTGTTATTTTGCCTTCTGACACTTCACAATGAATATTCAGAAAAAAAAAAAATGGGGAATTAACAAAGCAAT
ATGATTATGATATGATATTATATCAATAGTTTTATTTATCAACATTCAGGTGTGCACTAATTTCTTGCCGCCAAAAACAAAGCCAATCAATAATT
TATGTAGATAAGCATTTTGCTTATAACCATGCATTTTCATTATTGAATTGTCATTTTTTATCTTAGTTGAACCCAACTCCGCCTCCTCCGCGTAG
ATCGTGTGTCAGCCACTTGTCTTGTTTGACAGCACACCCAAGTGGCATTAGCATTTGGGGACTGAAACTGGAACCATTGGCCAGTTTGCCCAAGA
GAATTTCTGGGATTGGTTTTGGGTTTCTCCAGTGCACCGCAGTGCACTCCTCTCGGGCCACCACTTCAGTTCACGGAAGGCACCACTTGGTGGGA
GTCGGCTTGAAGTACGTGAGTTTATTTGGCTGAGCACAAAAATCAGAGACTCGAACAACACACAAGATCGAAAACAAAAAACAAAATTAAACAAA
AAATATAATAAAATAAAAGAAGTGAAGTGAAGAGCAGGGTCGAGAGGAGAGGAGGGGAGAAGTGCCTAGAAATGGTCTGAAATGTGCATTAAACG
CTTTGCATAGGAAAGCGACATGGACATGGTATGGGGATTGCGCCGGAGATTGACATTCCCATTCCCATTCCCGTTCGTATTCCTATTCCATTGGG
CTACCCACTCCTATTTCCATTTCCCATTCCCTAACCCAAATCCCTACTATACCATTTTCACTTCGAGAATCGCAGAGAACACACAAAACACACAT
GTGAGAATGTGCCGGGTGTTGGGATTATTTTGTGGCCGGGTGAGGGGCCTTCAGGCCTTCGGGCAATAACAATCATTCGAAATGCGC
CTTAAAATAGCAAACACCAAACACGTTGCTCATAATCTCCGATGCAATTGAGTGCTGGCAGCCAGCACATGAATGATAACTTTGTCCAGGCCCGC
TGGAGTATTAATAGCCATTTCTAGTCCCTATTGAAAGCGAGCATGACGCCCGCTGCCATGCCAACCAGCATCCCCATTGAGCTCCTAACCATGGC
CGACCAACCAACATCGTCCGAACCTGCAGAACAAAGCCGAAAAAACGTCTCTAAGCCACAGTCCAACTTCAGTTTTGGTTGTCGCCACCAGGTGT
CAATGCTTTAAATTATGTTTTACATTTCCACCAAAAAACACATCATCAGCCAACCAACAACACCATCATTTGCACTTGTTGTTGGCTAATTAGCG
GCGAGAAGTTTTTTCTAACACAGCAAAGCCCATCCATTCACCCAACCGTTTGTTCGAGTTAGCGAAGTTCAACTGTATGGCTTGGTGCCCGAAAT
TTTTGCCCACTCCTGGGATTTGGTCTTATGCATTTTGCAATTTGTTTTCCACCACGAAAGTAGCAGGCGCCAAAAACTCTGGGTTCGGAATAAAG
GCCATAGATTCCGTGAAACCAAGGGGGTCTTCTTTATTAGAGTTTACGATTCGATGCGTTTATATTACCGAAATAAACCCTAATTGGACACATTG
ATGCTGCAAAACGCAACACACATTTGTGCTTTTGACTTTCCTCCTCCCATCGACGTTGATCTCTAAAAACCGGTTTTCCAGCCTTATATGCATAC
AAATCACTTCCTCTAAACAACGATTCAACGATTTCAGCGTCATTATACCGTCAATTAAAGAGTACGCCCCTAAAAACGAGAGTTTGACATATTTG
TACATATGTAAACCCGTTTTGAACGAGGAACTATTTTAGTTAATAATAGGTATGTATATAACTACAGATTTCTAGCCAACAAAATGACTTCCGAA
ACAAATAATTAAGTAAAAAGTATTCTATAGAACTCTATTGTTTTGATAGCTAGATTAGTGCGCAGGTATAAAAAACTGAATATTTCCTCTAACAC
ATTTTCTAGACACTCAACTTGAAAGCATTGTGGCATTATTTGTTTTCGCCTTCCTCGAATACTAAATCATTTAATAATGTTCCTCAATCAGATCA
AAGCGGAATCCGTTCTTATTGTAATCTTCTGAAAAAGAGGTAAGCTCTTCGGGCAAATATGTATCTCATTGATAGATGGATGATATCTCCCATAT



AGTATAGCCATCCATACCAGTGGGTGATTATAATAATTATATTTACAACGAAGCGTTCAGTTCACAAGTCCGATGTTGCCCTTTTCCCTTCTCAA
ACTTTAAGTACACCTCCAACCAGATTGTACATATGTACATACATATATGTACATACATATATGTTTGTTCTCTTATTTGATCAGCTGAATGTTGG
GCGTTCTCTTACTTTTCTCATTAGCAGCGAATCAATTACGCGCGTATCGCTGGGTGTTTAATCAATTCTCATTGACACAATTTAATTGAAGCGTT
TGCTTGTGAAATAAAACGATCTGAGCGCCAATTCGTTGACGCCTCTCGTTGCGCATACCCATGTATTCACTATATGTTGTGAATGAATATACTCA
TATACTCATATGTTGTATATATACGATTCGATTCCGTTTATTACACACAAAGCAAACCGATTAATCTCAATTAGGGGCCAATTGGCTGAGCGAAA
ATGCTGGAGAAAACTTCCGTTGCGTGTGTAAACACTGGGAGAAAATCTTGTACGTTAGAACTGAAGAAGTGATCGTAATAATATAATATAATATA
ATAATAATAATAATAATAATAGCATAATATGATAACGTATTTATATTATTATTGTATATAATTAAATTATTTTATGTGTGAATAATTGTTAACAC
AATTGATATGTCTTTCTCTGAGTGTATCAATGGGAAGCTTGTTTGATAGTTGTTCGCCCATTAGCTGCACCTGTTCTACACGCTTGCTCCTTGTA
TTCTTTTTTTGTCATCTGTGTGCCTGAGTGGGCATGTCGTGAACTCGAGAAAGTACAAGTGTTTCCAGCACTTTGTTCTCTGGCTCCACTTCGTC
CCGCCCAGAGATAACCGGCGATCGGCCTAATCAATAGTGCCGCGCCATCGGGGCCCTCTATCTATATATTTATCTTTCTATCTTTCCGAGCGTAT
GACTCATCACAGGCCCGACCGTTTGCCATTCCGGGTGCGATAAGGCCTAGAATTTGGTAGACCCGTTAATTGGTGCACAGAGAAAAAAAAATGAT
GTCATTGGTAAGCCGCATTCCTTGATACACAGTATCAAGCTGCTCTTCACTCCGAAGCCTTGCTCATTTTGAGATTGGCTTTTCAAGAGCAATTC
TTTGAAGATTCATCTTTGATTCCACATTACATCATGGCGGAATCGAAATCTTCGAAAAACACCATTTACCGATGCGGACTTGAAAAGAAGATAAT
TTGGGATTTGGAACTGCGTTTTTTTTTTTTGGCTTTAGTCTTCCAATTTTTGCGTTATCTTATCTCATAAGTGACATGATCGTATAACCACCAAT
ATTCCAGTTTGCATGCAAGTTTCTAGACAGACAGATTCGCGATATATATGTACATATATAGCACGTGCTTTTTGGCTGTATTCGATTCTATTATC
TGGCCATTGCGAAAAGAATTTGCCAATCCTTGGGCGCATTCGGTTCCTTTGTCCGATCGCTTGGGGAACACTCCGGCTTTCCATTCGTGGTGGCC
CGTCTTATCGTTTATAAAAGATAACACCATTCGACGGCAATAAGCCCAGCGAATCCCTTGTTTATTGACTTCTTATTCACCGGGCCCCGGTCATT
AAAATGCAAAATTATAGGCGGCACACAAGCGTCTTATCGATGAACGGGTTATCCAAAAATAGGTTTCAACCATCCAGACAAATTGCGATTTGTAT
TTTATTGCATGTTGGCAAATCGAAATGTGCGCGAATTAAAAAGAAAAAAATTAAATAATAAAAAAAAACATAATTGTGAAATAACCAATTGTCAC
CAACTAACCCAACCAAACAACAGCCAGCACTTACCAACATTATCTCAGCAGCTATTTGTATTTGTTTTTTTTTTTTCACAAAAAATTGTTGCCCA
TGCGGCATGACGGCGCAAAATACATTGTCATTTATAAGAAAACATCAACGACAAATTGCGGAAACCACTCGGCAAATGCCCCACCGTAACCCGAA
GCCCCAAAGACCGGAATATGGTGGATCGATCGATGGAGATTGGGCGATCTCTCGAACGCTCCAACTTGCTCGATATTCCGACGACTCAGAGAGAA
AGTATCGCCACTTAATGCTCTCACGATAGCGTAGAGCCATATTGAATATGTGGAATGTCATGCGATGAGTTTGCAAGTACAGTGTAGCAAACTAG
TCGAGTGTGTTTGTTTTTAATCACTTCTAGTCGATAATGTTAATAATGTAGTGGCATAATTTTAATGTTATCGCATTGGAAGTGTTGTAGTTCAT
GGAAAAGACTTCAGTTTTATCGAAAAGGTGTCTAAAAGTAGGCTACAACATCTTACAATAGGCGTACTACTTAACCAAGTAAAAATGTTAGAAGT
TAGAAGAATACTTATGCCACCACATGGTAACCAAATTATTTGTTTAAATACATAATTCCTTTAAACTTTCTTTAGAAACTGCATTGCTAATACAT
TAACTTCCGTAGAAATGTTAACACAATCAATTCCTCTTAACTTTTGTATATTCATTAACTCATCCTGTGCAGATGGCCAGACTCTCATCCAGCTT
TTCTCAGTTGATCGATGGCTTGGAACTTAGAGTCTGCTAAGTGCCATCGTCGGGGGTTTTGTACTTCTGGTTCTACCCCTTCTGCCCTCGATCCC
AGACTGACTGCGTCAGCGGGCGGGCGTCAATTTATGGCACGCTTCGATGAAGTTCCATGGATGATGATGATGATGATGGATGGAGCGT
TGATGATGGGACGGGGCTTCCGGGGAAGCACTGTCTGAATGAAGACATATCCCCAGTGCACCAGCTGTACTCGTTCCCGCATTATCGATGCATAA
ATAAACGAGATGCCGAGGTTGTGCGATGCCACACGATCCACGATACGCGATCCGCGATCCGTCGAGCTATGCTTTTATTTTTAAAACTTGTCCTT
TGATTATCGCAAGAACCGAACGATGACAACACGTTGGTGTCTCGCATTGCCGCATTTTGATGGTCCGGTCTGGCGGCTTTCGCACTCTGCTCCAA
TCTCCCAATCAAAGCACACACACCCGCTAAGTGATTTCCCTTCAAGATCACCAAATTGCATCAGTTTTTTTTTAGCGGTACAGGCAGAGCGTGCC
TTGCATAACCAAGCTCCGTGCGCTGTGTGTCGCACCCATGATAAAGGCAAATCAAAAAAAAAAAAAACAAAAAAAAGAAAAAATAGAACTATCTAT
ACGATGGAGCCACTCGATCGAGTGGTCTATCGACCCCACCCCGTTCATAAATGCCTATGACTGTCATATAAAAATGACTCCAGCAATTCCAGCTA
TCTGCTGCGATCCCAATTAGCAATTAGAGCATTATCTCCCCCGTCACCACCCTTTACCACGTTACCACTGCAAAGAGTCGTTAAAGGTGTGTCGC
CGATTTATATGATATTGCCGATGGAGTCTGATACCTTGTAATTTGGAAAATCGCCGGATGGGCATATGTTGTCCCAAGTGATGTGCATTTGTAGA
TTCGTTAGATCGCTGGCATTGGTATGGGTTGAGCATTTAACGCCTGCTTTAGAACTTATAACGCATTGTGAGAGAGGTCTCAGGAAAAATAGGTG
TTACCTAATGAAAAGTGTGGATGCCTTTTAATTTACACGATTTACTCAGCAATTTGCACTTTAAAGTGGTGGGAAATCGAAGTCAAGCACTAAGA
TTCTTGAAGTACCACAAATTAGGTACATAAATAAAGCGCTTAATAGTTGTAAGTAGTTAAACCCTTTACAAGTTGGTATATGGGCTCACCTGCAA
AGTTGCTAATTTCTGCTGTTTCGACGAGAGCACCAACTAATTTCTTCGAAAAATGTGACATTTGCTTATCATTTAGCCTTGTATGTACATACAAG
TATTTATTCAATTAGCACACTATCGAGTAGATCATTAGTCGCATTATAGGATGGTTTCAACAGCGCAAAATTCCTACTCCTTAAATATTAAATCA
GTGAATACTACTATAGTAGGCCCAGTGTGTTCTGCCTTCAGCGACAAATTAAGGCCTGAACTAAAAAAAGAAACGACCCAGGCAGTGCCATTAAT
CAACGTCTTTGCCCTTTTCAGGATCAAATCTCGCCACAATGGAAAAATCCAGCTTAACGGAGAAGAATCACACCCAAGTGTACAATGACACAACG
AAGCCAAAGAAGCCCAAGCGTCGCGACAAGAGCGATCTGGGTCCGGATTTTGTGGCGCCCGACGGGGGATGGGGCTGGGTGGTCTGTCTGGCAGC
CGGTTTGAATAACGTAAGTGATATATAGCGTGGCCGAATTGCAGCAGTCTGGATGGTGCATAATAATCTCCCTATCCTCATCCTCACATTCCCGC
ACAGTTCTTCCTTTTCCCGGCTCTGCAGCAGTATGGCCTGATCTACAGGGTGCGGATGCAATCGCTGGGCTTCGATGCCAAGCAAACCACGACCA
TTGTGAACGTGGTGATGGCAATCTCCTCGCTAGTGGGTGAGTTTCACCTGGCCAACGTTCAATCGATTATGCATTTACTGATATATATATATATA
TACATTAAATTCTCCGTGCATAGGCATTGTCAATGGCGCCATGTTCCGGCGGTTCACATTCCGTCAGGTGGCCCTGACCGGCACCAGTCTGGCCT
TCCTGGGCGTCTTCTTGTCGGCCTTTTGCACCACCTTCTGGCAGTATATCATCTGTCTGTCGGCGATATTTGGTATCGGTTTGGGTCTTGCCATG
GCCGCCACCTCACTGGCGGTCAATACGTACTTCAAGCTGAAGAGGCGTCGTGCCACGGGTTTCTCGTGGACGATCACTGGCCTGGGACCCATATT
CTTTCCGCAGGTGTCTACCGTCCTGTTGGGCTACTATGGTGCCCAGGGCACCATTCTGATCTATGCTGGAATCGCCATGAATGCCATTCTCTGCG
CTTTGACCCTGCAACCCGTACTTTGGCATGTGAAGAAGCCCGAAAAACCAGTTCACAATACAATCGAGGGAATTGCCGAGACGGAGAAGCTGCAA
CCAGAACTTTTGGAGGCCAATGGCAATCTGTTGTCGCCCAGCAATGATCCGTGGAAGGATTACGAGTGCAAGTACTGTCAGTATCAGAAACGTTC
TAAGCGAGGCCTTTTCTCGTCCCAATACCTCTTCAATGTCGATGATCCCGAGAGGCCGGGGTACGAGATCACCGAGCCAGGAACTCCCATGTTGG
CTCGCGCCAATGACGGTTGGTTCGGGTCGAAGCTCTCCCTGACCTCGGAGAGCGCGGGAGGAGCTCGCTCTCGCACTCGTCAAGCTCTGATGCGT
CAGGTTTCATCCAGAAGTCGTGAGAATCTCGATAGACTGGAACAGAATCGTCATGACCAGGGTCCAGACACTCCATCCGCTGCGGCCTTGTACAA
GCCAAACTACTTCAATCGGGAGCGCGAGGATCTCGATCGCTATGCCAGCAAGACGAGCGTGTATTCTCGGCCTGGTCAGGATGAGCTGCTGCGCT
GCACCTGTGCAGAGGACAAGGCACTGTTGCAAAAGACAGCCGAATCGCTTCAGGTGAACCTGTTCAATAATTCGGCCGACAACACGGAGGCCGAG
GAGGAGGCCAAAAGGCGCATGACCTTCTTCCAGAAGGTGAGCAAGTTCTTTGATTTGGATCTACTGCGGGACTTTACATTTGTCAACCTGGCCGT
TGGCATGAGCATCATGATGTTTGGCGAGATGAACTTCTCGGTGCTGACACCATTCATTCTGAACAGCTTTGGGTACACGGATACACAGATCTCGC
TGGTGATGTCGCTGCTGGCCTGCATGGATATATCGGTGAGATTTCTCGCTCCGCTCGCCTTGGAGAAGGTGAAGCTGGATAACCGTGTGCTGTTT
GCCTTCGGCATCCTATGCATCGCCGTGGGCCGCGTGGTTGTGGCCTTTACCGACTCCTACGAGATCATGATCGGCGTCTTCCTGCTGATCGGCTT
TGGCAAGGCATTCCGCACCATCTTCTCACCGCTGATAATACCCAGTTACGTTCCGCTCAACCGCTTGCCAGCTGCATCTGGTCTGCAGCTCATCT
TCAACACAATATTCTCGTTCGCCATGGGCCCAATTCTTGGTGAGTTTAATGTTAATTAGATTGTGTCTGAAACGTAAATGACCTTTACTATTTTC
CTTAAAGGTATCTTGACGGAGGCCTACGGTTATGCAGCCACCATTCATACCATCAATGCACTCACCCTTTTGGCTTTACTCCTTTGGTTAGCTGA
GTCCGTGGTGCGCCGCATTTTGGGTATACCCTCCAAAGGATTGGGCCAATAGAAGAGGCATTCATACTAATCCGATTTGAAATTGCGACGAGTGT
GAGCTGAAAACCTTCGTCGGAACTGAACTACTTGCTATATGTCCATCCCAGTGTGCGAGATCATGGCTAACTTGGAGCTGTAGACATAACCTAGT
CCATACTTCCCGATTGATGTGTGCGAATAGTATTAATTGAGCGTAAAGATACCTAAGAAACATATCTCTTAACTAGCTCATAATCACCCATCGCT
ACATAAAATTTACGGTCCATTTTTTTTTTTAGCTTTTGATACTCGTACTAGAATAATTGAATGTACTTAGTGATACGTTATAAGTGTAATAATAT
TGTTCTGCAGTTGATAAAGAAATATATATATGTATATTAGTTAGAAAAAAGTTAATGCACTATTGGTAAGGTGACTTAATTGAAATACACCATAT

GGTTTGAACATGTGAGTCAGCATATTTATAAAATGGGAAATTGAACTACTTTTGTGTGCTTCGTTTATACATAAATGTAGTGATTAGAGGGTAGG
TTTAAAGGAAATGTTAAAGCATATCTCAATGTTTGGGGATGATTTCATGATGAGTTCATACTACATTTAGTATGCACTTTACTCAAAGATTACGT
AGAAGAAATAAATATTTACCAGAAATTCGAGGGCTTGTTCAATATTTGTCAAGGTTCTAATTAAGATATCGGCCAGTTAAAAATAAATACAATCT
CAAGTTTGTTTTGTTCTACAATATATGTGCAAATGCAGCTTGTTGAACTAGCTTATTAAGATTACTTACAATCTTTGTGTATGTAAAGTTAAAAA
CTGTGAGAAACTATTTTCAATAGCTATAGTCGGTGTTTTCCATTTGAGAACGATTTAATAAAGTTCATATAATAAATTTGCCCGTTGGTAGAATA
TGTGTAAACATTTTTATTTGCATATAAAGCTTAACAATAAACCAATAAATAGATAAGTAAATGTTGTGTACGTTTCTGGTTCGATATTGAATATT
TAAAATG
(SEQ ID NO: 910)

Exon: 1001..1382
Exon: 9332..9513
Exon: 9600..9726
Exon: 9809..11344
Exon: 11408..11547
Start ATG: 9349

Transcript No. : CT24172
TAAACACACCAACGAGCGGACGTACACGGAGCGAAAGAAGAAGTTGGCTACCACGAAAGAGTTATTGTTTGTTAGAAACACCAAGCGCAGCAGCA
GCAGCAGCAGTACAAATATTATTGTGTGCCGTCCGAAGAGAACAGCTGAGCCACACGCTGTTTTTTAACGCTGTTCCGTTCTGCGGCACTTGCTG
TTTGTTATCCGTATCCGTCGTGTTTCGTCGTCGTATTTGAACTCTCTTTTTGTTACTGTGCATATATTTTTGAAATCTCTGTGCTGCACACAGCG
CAGGGGGAAAAGTGCTAGAATTAGCAGATCATCAAGACATCTGGCTAACCTGTGATTTCCAACACACCCGAAGGCAAATTGGCAACAAGTTACCA
CCGATCAAATCTCGCCACAATGGAAAAATCCAGCTTAACGGAGAAGAATCACACCCAAGTGTACAATGACACAACGAAGCCAAAGAAGCCCAAGC
GTCGCGACAAGAGCGATCTGGGTCCGGATTTTGTGGCGCCCGACGGGGGATGGGGCTGGGTGGTCTGTCTGGCAGCCGGTTTGAATAACTTCTTC
CTTTTCCCGGCTCTGCAGCAGTATGGCCTGATCTACAGGGTGCGGATGCAATCGCTGGGCTTCGATGCCAAGCAAACCACGACCATTGTGAACGT
GGTGATGGCAATCTCCTCGCTAGTGGGCATTGTCAATGGCGCCATGTTCCGGCGGTTCACATTCCGTCAGGTGGCCCTGACCGGCACCAGTCTGG
CCTTCCTGGGCGTCTTCTTGTCGGCCTTTTGCACCACCTTCTGGCAGTATATCATCTGTCTGTCGGCGATATTTGGTATCGGTTTGGGTCTTGCC
ATGGCCGCCACCTCACTGGCGGTCAATACGTACTTCAAGCTGAAGAGGCGTCGTGCCACGGGTTTCTCGTGGACGATCACTGGCCTGGGACCCAT
ATTCTTTCCGCAGGTGTCTACCGTCCTGTTGGGCTACTATGGTGCCCAGGGCACCATTCTGATCTATGCTGGAATCGCCATGAATGCCATTCTCT
GCGCTTTGACCCTGCAACCCGTACTTTGGCATGTGAAGAAGCCCGAAAAACCAGTTCACAATACAATCGAGGGAATTGCCGAGACGGAGAAGCTG
CAACCAGAACTTTTGGAGGCCAATGGCAATCTGTTGTCGCCCAGCAATGATCCGTGGAAGGATTACGAGTGCAAGTACTGTCAGTATCAGAAACG
TTCTAAGCGAGGCCTTTTCTCGTCCCAATACCTCTTCAATGTCGATGATCCCGAGAGGCCGGGGTACGAGATCACCGAGCCAGGAACTCCCATGT
TGGCTCGCGCCAATGACGGTTGGTTCGGGTCGAAGCTCTCCCTGACCTCGGAGAGCGCGGGAGGAGCTCGCTCTCGCACTCGTCAAGCTCTGATG
CGTCAGGTTTCATCCAGAAGTCGTGAGAATCTCGATAGACTGGAACAGAATCGTCATGACCAGGGTCCAGACACTCCATCCGCTGCGGCCTTGTA
CAAGCCAAACTACTTCAATCGGGAGCGCGAGGATCTCGATCGCTATGCCAGCAAGACGAGCGTGTATTCTCGGCCTGGTCAGGATGAGCTGCTGC
GCTGCACCTGTGCAGAGGACAAGGCACTGTTGCAAAAGACAGCCGAATCGCTTCAGGTGAACCTGTTCAATAATTCGGCCGACAACACGGAGGCC
GAGGAGGAGGCCAAAAGGCGCATGACCTTCTTCCAGAAGGTGAGCAAGTTCTTTGATTTGGATCTACTGCGGGACTTTACATTTGTCAACCTGGC
CGTTGGCATGAGCATCATGATGTTTGGCGAGATGAACTTCTCGGTGCTGACACCATTCATTCTGAACAGCTTTGGGTACACGGATACACAGATCT
CGCTGGTGATGTCGCTGCTGGCCTGCATGGATATATCGGTGAGATTTCTCGCTCCGCTCGCCTTGGAGAAGGTGAAGCTGGATAACCGTGTGCTG
TTTGCCTTCGGCATCCTATGCATCGCCGTGGGCCGCGTGGTTGTGGCCTTTACCGACTCCTACGAGATCATGATCGGCGTCTTCCTGCTGATCGG
CTTTGGCAAGGCATTCCGCACCATCTTCTCACCGCTGATAATACCCAGTTACGTTCCGCTCAACCGCTTGCCAGCTGCATCTGGTCTGCAGCTCA
TCTTCAACACAATATTCTCGTTCGCCATGGGCCCAATTCTTGGTATCTTGACGGAGGCCTACGGTTATGCAGCCACCATTCATACCATCAATGCA
CTCACCCTTTTGGCTTTACTCCTTTGGTTAGCTGAGTCCGTGGTGCGCCGCATTTTGGGTATACCCTCCAAAGGATTGGGCCAATAG
(SEQ ID NO: 911)

Start ATG: 400

MEKSSLTEKNHTQVYNDTTKPKKPKRRDKSDLGPDFVAPDGGWGWVVCLAAGLNNFFLFPALQQYGLIYRVRMQSLGFDAKQTTTIVNVVMAISS
LVGIVNGAMFRRFTFRQVALTGTSLAFLGVFLSAFCTTFWQYIICLSAIFGIGLGLAMAATSLAVNTYFKLKRRRATGFSWTITGLGPIFFPQVS
TVLLGYYGAQGTILIYAGIAMNAILCALTLQPVLWHVKKPEKPVHNTIEGIAETEKLQPELLEANGNLLSPSNDPWKDYECKYCQYQKRSKRGLF
SSQYLFNVDDPERPGYEITEPGTPMLARANDGWFGSKLSLTSESAGGARSRTRQALMRQVSSRSRENLDRLEQNRHDQGPDTPSAAALYKPNYFN
REREDLDRYASKTSVYSRPGQDELLRCTCAEDKALLQKTAESLQVNLFNNSADNTEAEEEAKRRMTFFQKVSKFFDLDLLRDFTFVNLAVGMSIM
MFGEMNFSVLTPFILNSFGYTDTQISLVMSLLACMDISVRFLAPLALEKVKLDNRVLFAFGILCIAVGRVVVAFTDSYEIMIGVFLLIGFGKAFR
TIFSPLIIPSYVPLNRLPAASGLQLIFNTIFSFAMGPILGILTEAYGYAATIHTINALTLLALLLWLAESVVRRILGIPSKGLGQ*
(SEQ ID NO: 912)

Name: monocarboxylic acid transporter; putative
Classification: transporter
Gene Symbol: BcDNA:LD28120
FlyBase ID: FBgn0028469

Celera Sequence No. : 142000013384504
TCTTCAGTTCGTTTCGTGTCTTTGAACTTCCCAGCTGAACCCTAAAGCTATGGTTTCTTATTTTACATCAGGCTGCCTGATGCTAACTTATGAAA
TACTACGTGAGCATTGACGAGTGCGTCCTTGGAAGAGCATTCCTCGGCGGCATGGCATCCTCCGCCTAACCGCAGAGATTCGCGATGGCCTGAGC
CGCATTAGCGGCTGCCACCTGTGGAGCGTCCTCTGCCGGAATGCGTTTGCGTCGGAATAGAATCACATGCGGCTCCGGCGCGTGGACCATGTAGT
GCACCCAGCCGGGGCTCTGCTGCACGCCCAGGTTGCGCCACTCCGTCTCGGTCATCAGATGAGCCTTCGGCACATGTTTGGCCAAATCCGGTGGC
AAGATAACATGCCTGCAGGGAGGGAAAGTGGTTTGTGTGTAAACAAACAGTTCACGGATGCTGAAACGCAAGTTGAACGTACCTGTATTCAAAGT
TGTCGTCGAAGTACTTCTCTGAGTATTGAATTTGATCGGCCGGCATTGCGAAAAGCCAGAAAACCTGAGGTAAATTAAGCAATTTTACCAAAATA
GGTCAATAAATTCAGATAGATATGCCACAACTGATTCGATTCTAAATACTATTGTTATCGCTGCACGTATCGAACATAAAGTTATCGATTTGGTT
ATCAGCTGTCCAGTTAACAGCACCTTTGGCGGTAAACTCAAATGTACTGTTTTTAATGGCACGATCTTAGCGGGCTTTAATATATTGAACATAAA
CTTTTTTCTGTATAACAATATTTTTGCAATGTTTAAAGCCATTTTAAAGCCATTTTGTTAAAAAAACGAGTACTTTGTAAAAAGATGCTGTTAGA

AAATGTTAACATATTTAGCGAATGAAAAACTCAATTGGATAATATGTGATTTCCAGTGTGACCGGAACTCGCAGGCTCGCACATTTTCCAAATGC
AATCGGCAATTTCTCCGTTACTCGCCCATGGCCACATTTGTGCATGTGCGTTTGAGGTTCCTTTCCTTTTTATATAAGCCCCTCGTCTCTTGCCA
ACAAACCAACAACAACAACAACCAGCCAGGCCAGCGGGCAACAACAACGCACAACAACGCGTATAAATAAACGTGAACGCATGTACTTAATATTA
GCATAGAGTTGTCGCCTGCGTGCATTTCATATACATAACATAACATCCACTTACTCCCATGACAACGGGACTTTAGACAGTAACGGTGGAGCAGC
TAGAAGAAGAGGAAAGGCGAAGTAGAACGGGAACAAGAAGAAAAAGCAGTGGAAGAGGTGAGGACGATACGTAAATACAGTCAAACTTCCATAAG
TAGATACGACTTTACTACTACAATAAAAAGTGTCCTTTAGTGATGAAGAAAATGGGTTCTAAGAACCTAAAACCTTTATGTATATGTACTCCCTA
TTGTCGCTTAATGAATTTACCGTTACGGTATGCTAGTAAATAAATGCATACAATGTACATATGTAGATACATAGGCACAGCAAAACCACCTATAA
ATTCGATTGATTTTATGAAGTTCTAGTTGAGGAAGTTTGACTGTATGTATGCGCGCATTGGTAAATACGAGCAGACCGCAATTAGCAAATATTTT
TCAGTCCAGCAGGTATCACTCACCACGTACCGCCCAAAGGTCCCAATGCTGGCGTAGAGAAGCCGAAACACCTGCTGCTGCCAGTGGAAAAGCGG
GAGGAGCTGCTCCAAACTGCCCAGGTGACATCCAATCATTTAGAGGCGACGCACCTGCCGCCTTGAGGAACTGGTCGCCACGCAGGAGGACACGG
ATACGGCAACGGTTACGGACTCGTTTCCGCAGTAGCGGGCACCATGAACGCCAGCCTCATCTATGAGATACTTATGTATCTGAACTCGTTCTACT
TTGGCATGTACGCCGCCTTCGAAGTGGGCGTGGGCGTTCTTAAGGCGATTAATCTAAACTACGGCGAGAACGCGTTGTCCCGGGAGGCCAGCATC
CTGCTCTCACTGTGCATCATCGAGACCGTGCGCATTGTCTTCGGGCGGAAGAGCAGTCTAAGCGATCGTGGTGAGTAATCCCCATGATCCCCATG
TTACTGCAAGGGTGGGAAAAGTCCACCGGCAGCGATGATGACATGGCGAAATTATTTGTTTGCCCGGTCACAATGCCCATTTCATGCCATCCCCC
TACCTCCGGGGCCATAACCCATAAACGTTTGGACGGGCATACATACATATATGTATGATGTAGCCCACTCGGCGTATGCGTAATTATGGTCATCA
CCCCGGATGAAAACACGCGTTTTATGGTGGCAGGGGAAAGGCGCCCTTCTGGCACATTAAGCAATATGCAAAGGAAATCTATCAAAGCGAATCAT
CGAAATGAGTTATTGGAAAAGCAATTGGAGCTGTTAATATTAATTATCGCAATGTGTAAACATGAAATTATTAGTATAATACTTTAAAACACTGA
ATCACTTTCAATCGAATACACTTAATTATAAACAAGTAGACGAACTATACGATTTTCCGTGCATCTGTAGCTAACATTTTCCTTGTTTTTCTCTC
TTTGCAGGCTGGCAAGCAACCGCATCCGTAATATTAACACTGCCCAGTCTTGCTATTGTTATCTACTTGTGTTGTTTTCAAACCTTTGTTCTCAA
ACTCGAAATTATTCTGAGTGCCTTAATGATCACCCTACAAGGTGCTGAACTAGTCTACGCCAGCATATTCATTTGTACAATGTGTCGCCCCGTCA
CATACACCTAGCAGTTGATAAGCCGCGTTGCCGCCGCCACGTCAACGACCAAGATCGAGATCAAGACCAAGCCAGCACTAACACTCCCACCTGGA
GGAGAAGGAGTAGAAGCATCCACAGCCGAGCGACGACTACGACGAAGACGAAACACTTTCCTCTGGCAATTTCACATCAAACGATTCGCCAAGGC
CTCAAAACTAAGCCACTTAAATGCACACTAAGCCACCGCACATAAAAACAAAACAAAAAATCTAGATCCTACTAGACCTCCTAGGAATCCGTGCC
AAGACAACCCGATAACATACCCAATGGCTGGCAGTTGAGGAGGACTTTCAACAAGGTACGTGAACCTTTATAAACTTATATAATCCGCACAGATC
ATTCGCGCCCGCGGAAATCACATCGCAGCGAAACACGACGCGTCCGATTCTATCAAAAGCAAAGCTGCATTTAATTTGCATTTCTTGGTTGCATT
CTTTTGCCCGGCCTTTGTGGCGTTGCCTCCCTGCTGGCGCAGTTGCTCCTCGGACCCGCTCGGTTCTGGTATTTTTATACGGCTCTGATGGTCTA
AAATTATATGCGAACTGCACGGCTCGTGCAACACCGCTGCTGTCCCCTAGGTGCAATGTACACTTCTAATTTGAATGTAATATACACGGCCCACT
GCGGGCAAGTTAGCCTGACTGTAATGGCCAAGATGAGAGGGCTCTCCGTTTGGTCTTTGGTCTAGTGAACATGCCCTGTACGATTCACAGGAGAG
AGATTCACGGGACTTTAGCGAGGCATAACGCTTTGAGTTTTTAAAAATAATTAAAATTCCAACAATGGTTTTCATATATTCACCCTAAACCTATC
CTGAATTTCAAGGTAACCATTTAATGGCCCTGGGCCCTGTAGAGCATAACGCCCAGGGAGTTTTTAGTAGTTTTTTCCCCCCAACTAGCCGCCAG
TGAAATCATTCTCCCCCACATTTCTAGGCAGGCGATCTGCCGGCCAATGCTGACCCAAACAGCGAGCAGAGAAAACAAA
(SEQ ID NO: 913)

Exon: 1001..1292
Exon: 1620..2065
Exon: 2573..2784
Start ATG: 1849

Transcript No. : CT24260
TTTGAGGTTCCTTTCCTTTTTATATAAGCCCCTCGTCTCTTGCCAACAAACCAACAACAACAACCAGCCAGGCCAGCGGGCAACAACAACGC
ACAACAACGCGTATAAATAAACGTGAACGCATGTACTTAATATTAGCATAGAGTTGTCGCCTGCGTGCATTTCATATACATAACATAACATCCAC
TTACTCCCATGACAACGGGACTTTAGACAGTAACGGTGGAGCAGCTAGAAGAAGAGGAAAGGCGAAGTAGAACGGGAACAAGAAGAAAAAGCAGT
GGAAGAGTCCAGCAGGTATCACTCACCACGTACCGCCCAAAGGTCCCAATGCTGGCGTAGAGAAGCCGAAACACCTGCTGCTGCCAGTGGAAAAG
CGGGAGGAGCTGCTCCAAACTGCCCAGGTGACATCCAATCATTTAGAGGCGACGCACCTGCCGCCTTGAGGAACTGGTCGCCACGCAGGAGGACA
CGGATACGGCAACGGTTACGGACTCGTTTCCGCAGTAGCGGGCACCATGAACGCCAGCCTCATCTATGAGATACTTATGTATCTGAACTCGTTCT
ACTTTGGCATGTACGCCGCCTTCGAAGTGGGCGTGGGCGTTCTTAAGGCGATTAATCTAAACTACGGCGAGAACGCGTTGTCCCGGGAGGCCAGC
ATCCTGCTCTCACTGTGCATCATCGAGACCGTGCGCATTGTCTTCGGGCGGAAGAGCAGTCTAAGCGATCGTGGCTGGCAAGCAACCGCATCCGT
AATATTAACACTGCCCAGTCTTGCTATTGTTATCTACTTGTGTTGTTTTCAAACCTTTGTTCTCAAACTCGAAATTATTCTGAGTGCCTTAATGA
TCACCCTACAAGGTGCTGAACTAGTCTACGCCAGCATATTCATTTGTACAATGTGTCGCCCCGTCACATACACCTAGCAGTTGATAAGCCGCGTT
(SEQ ID NO: 914)

Start ATG: 522

MNASLIYEILMYLNSFYFGMYAAFEVGVGVLKAINLNYGENALSREASILLSLCIIETVRIVFGRKSSLSDRGWQATASVILTLPSLAIVIYLCC
FQTFVLKLEIILSALMITLQGAELVYASIFICTMCRPVTYT*
(SEQ ID NO: 915)

Celera Sequence No. : 142000013384474
GCACATACAGACAAACAGGCGACATTTGAAGAAATAAAAAGTGAATAATAACCAATGCGTGGCCGTTTAGAGCATTTTACATTTAAATCTACGAT
TCGGCTTGTTCATTTTGCGGCCCCTCCGCCCCTTGTTGTCCTTGTCCTTGCGGATTTCGCGCACCAGTGTGTAAAATGCATCGTCCACGCCCATG
CGCGTCTTGGCGGATGTCTCAATGTATGGAATGCCGTACTGTTTGGCCACCTGAGAACAACCATAATTAACGGAATGTTCGCTCGGAACTCTGAA
GGCCGGTACTCACCTCTCTTGCCTGCTCGTTGTTAACGTTCCACGAGGCCAGATCACATTTGTTGCCCACCAGCACCATGGGCACCTCTTCGGCA
TCCTTTACGCGCTTGATCTGCTCACGGTAGGTGCCGATATCCTCGAAGGACTTCGCACTGTTGACGGCAAAGACCAGCAGGAATCCCTCGCCAGT
CCGCATATACTGATCCCGCATGGCCGAGTACTCCTCTTGGCCGGCGGTGTCCAGGATGTCCAGCAGGCAGGTCTCTCCATCTGCAGGGGAATATA
AAATGCATTTGAATATCGCAACTTCTTAAGGTCTCTTCTAGTATAAACGGGAAACCAAACCAGCGAAAGGGTGCAGAAATCTCTAGAGTATTTGG
ACCTGTGCAGCCCTAGCTTTGCCAGATCTAAGTACATATAACTCACCGATAACCACTTGCTTTCGGTAAGAGTCCTCGATTGTGGGGTCGTACTC
GTCCACGAAATGGTTCTGGATTAGCTGGATGGTGAGCGCGGACTTGCCCACGCCTCCGGCTCCAACGACGACCAGTTTGTATTCCGTCATTTGGC
TGTGGCGTCCGTTTTCGATTTGCCGTAGTCAAATGTCACAGTAACAGTCTCTTTCTCGCGATCGATGCTTACTCTCTTGTGAAGCGCCCGCAGAT
GCAGTCTCTCTCTCCGTACGCTTGTTGCGTGTGTTTGTGTGGGTGACTGTGCGTGTATGGGCTGCAAGTGGAGTAAATTATTAATTAAGATTGAT

TAAAATAAATTAAACGCATAATTAGGCAGGAATTAATGCACGTCACTGAGTCACTGTGACTAGGCGCTTACTCGCACAAACACACACGCACCACT
GCATGCACACAGCCAGACGGGCAACACAAAAAAAAATGGGAAAAAGAGATCAATGACTCAAACTAAAATTAAAACCCATTCGCTCAATGCAAATT
AGTTAGTCTCCCCCATAGCCGAGTTGTTAACTAGGTGAATTTGCTAATTCGGCGGCGTTGTTTTTAGCCCTTTTCTTTATTATTTTTCTTTTGCC
TGCCGGGGCTGCGGACCTTCTTTGTTGCTGCCTCTTCAGCTAGCTCCTCCTTGTTTTTCCGCTCCGCTCCTCTCTATCAATACTCTGCCTCTCTC
TTCTCGCGCGCGGCGCAGTTGCTGGGCACGTTTCACGTCACTTTCGCGGCTAACGGTGCGACAGGCGGTACTCCTCGATGGCACCAATTTAATTG
CCGTGCGGTAATTGCAATTAACAGCGCAGGAAAACAATAAATCCGTATGTGAAATGAAGATGAAATCTAGGCTGTACGTAGCTGTGAAGATACTA
GAGCTGGCACCAAGCCGATGGCACTATCGATAGCGATGGCTGCATTCTGGCCGGCACCATCGATGGACTTGCAATAGCGATTGCTATATGAAAAC
TAATCTAAAGAGGTGGATGCACTTCAGTCGACTCTCTATAATTTGCTTAAACTAATAAATGATTTGATCAATACAGCTTTCTGTAAAAACTGGCA
GACGCTTTCTGCTTTTAATAATTGTTAATTTAAGTTCAACGGGCTGGCATCACCGTTTCTTAGCACGGACTCAAGCCTGAGTCTATTATTTCAAC
CACCACTGTAACGAAAACAGCATGGACAGATTGAAATTCAATAATTTGGTAAATAAACGATTTTATTTAAAATTATAGAGTTTTAATTAAAAAGA
ACTTTTACAGGTGATATCCAACAAGAAGGTCATTCAAAAGGCACGCGCCCAGACCATCGCCAAAATCGTACAAAAGCTGCGAAAGACAAAAGAGG
CTCTGGCCAAAAATCCAGACAGTGAAAAGGAAAAGATTCGTTTACGCAAGAACACAGAATGCCTGGCCCAGTTGAAGGCTCTAAAATATATGGAT
ATGGTACGCCAGTCGCTCCTGCAGGAGGGCACAAATCCCAATGCGGTGATTGCTAACGAGCGCTCCACGCCGGATGAACTGGGCATTGCCATGCT
GCGGCTAAACAAATTGATGCACGGACTGGTGGACAAGTTTGTGGAAACCTTGAAGCTGAGCACCACCGATAAGGAGGCCAAGTGGCGTGAGGAGA
TCCTAGAGACGAGCAAGCGAAGGGCCAAAATAGAACGCACTGAGGAGCGGAAGAGGAAGCGCAAGGAGCTGAAGGAGCAGAAGGCCCAAACCAAA
AACCGACTGGAGTGGTTAGAGCAGAACAAAGTGGTGGATGCAGATGTTAATGGAGCAACTGCGGAAACGCCCACTCTTCAAGTCAGCAAAGTAAA
TGATCAGGAAATACCACAGTCTTTTGCAAAAACTGAAAATTCTCCAGTTCTCAAAGTCAAAAAGGAAAAGACACCTAAAACACCAGCCAAAAAAG
AAAGAAACCTTCAGAAAAAACAAGCTTTTGATGAGCAGATCAACCCGGAGATAACTAAGCTCAGTTCCAAAAAGCAGAATTTAAATACAATCAAG
GAGAATAATGCAGAGCCACAACTAGAAGGCAGACCGAAAGAATCTAAGCCAAAACCCTTCGAGAAAAAACCAGCCAGAGAGCAGAAGCCTAAGCC
ACGATTAGAAAGGCAGCCAAGTATCGATGAAGAAGAACCACAACTTGACAATAATCGTCCCACACATGTCGTTGATCCCTTCTTCATTACGGAAT
CAGGCCAGCCCTACTTGTCCAGCGCCGTGGTTCTTTCCGGGGACAATGACAGCGAAGCTGATGAGGAACAGGCACCGCCGCCAGTCAAAAGGTTC
CGCAATGAGGATCGACGGTCGAACACATATCGGGAGAAACCGGAAAGACAGCCAGAGTTCAAAGCGAGAAAGCCAACTGATGATCGTCATCCCTC
CTGGCTGGCTAAGCAACAGCAGAAACCAATCATTGGTGATTTTAGAGGCAAGAAGATTACATTCGGCGACGACGGCCAGGCGGCGGAAATTATTG
CTCCAAGTATCAATCAATTAACCGCTACTGCTGCTCCTTTGCCCACCGATGGCATGCACCCGTCTTGGGTGGCCAAACAGAAGTTTAAGCCGAAA
ATTGCCGCGTTTCAGGGCACAAAGATTAAGTTTGACGAAGATTAAAGATGATGTCAATGGTATTTTGTTGTTTTAATAACTAAATAACTGCAGCT
TTGCTGCTCACACGCCAACTTTGGGCACATAGTGACCACGAATCTTGTCCTCGTTGCGCAGCTTGTCCACGTTGACATCGGGGAACTGGCGACGC
AGCACATCCAGATCGAAATTGGGGTTGCGACGCAGGATCATCATGACTTCGTTGCGGGAGCGGCTGCAAAATAACAATTTTTATTGAGATATCCC
ATTTAACTAAGGGCAACATACTTCTTGGCCTTGCGCTTGGCATTGTAGAGTTTCTCCCTGTACTTTAAGAGGAATCTGTTCACAGCTCTGCCGCC
GTAGCCAATGTTGCGGGATTTAATCCATTTGAGGTTCATGAAGGGCGGCAGGGCGTGTTCGCATGCTTTGTATGAGACCTGCAGGCCAAATGCGT
TCTTCACCGCCTTCTGGGGCCGTTCACCCGTTTCACCTGTTTCCAGCAGGTGATACGCCTTGTTCCGCTCCCTCACTACTGTCTCCAGGTTTTCC
ATGGAGATTTTCACCTGCAATTCTAAAGTTTTAGAAAAGGATCTCCACCATCAAATATCGCCCACCTTATCGATGCGCTCCGGACTAGGGAAGAC
TTCCATTTTGTCATTGCACTCGTGCTCCATGGTCAGCAGCATGTTGCGCTCCTTGAGGAGCACGAACCACAGCTGGTGCAGCTCCTTGTTGGACT
TGATACGCAGCTCCTCCGTCCGCCAGGCGCGGCCCACCTTCACCTCATTCTCGCTCCAGTTCTTCTTGTCGTCGAAGAACTCCATAAGATCCCGG
CGAACAGCGGAAGTGTGCATTTGCATCGGCATTTGAACATGCGGCGTTTGCAGGGCAGCCGCACTACATATTACATAAAAACAAAGGCGCGTTTA
TATCGGTTACTCTGTGTAAAAGTCGGATTTGTGAAAGAGAACGGACCTGCACGACTGCCATGGCTGCTTGGGAGCTGCCAAAAAGCTCCTGACTG
TCGCATTTCCCACAGTT
(SEQ ID NO: 916)

Exon: 1001..1722
Exon: 1787..1948
Exon: 2006..3387
Start ATG: 1922

Transcript No. : CT24354
GCGTGTATGGGCTGCAAGTGGAGTAAATTATTAATTAAGATTGATTAAAATAAATTAAACGCATAATTAGGCAGGAATTAATGCACGTCACTGAG
TCACTGTGACTAGGCGCTTACTCGCACAAACACACACGCACCACTGCATGCACACAGCCAGACGGGCAACACAAAAAAAAATGGGAAAAAGAGAT
CAATGACTCAAACTAAAATTAAAACCCATTCGCTCAATGCAAATTAGTTAGTCTCCCCCATAGCCGAGTTGTTAACTAGGTGAATTTGCTAATTC
GGCGGCGTTGTTTTTAGCCCTTTTCTTTATTATTTTTCTTTTGCCTGCCGGGGCTGCGGACCTTCTTTGTTGCTGCCTCTTCAGCTAGCTCCTCC
TTGTTTTTCCGCTCCGCTCCTCTCTATCAATACTCTGCCTCTCTCTTCTCGCGCGCGGCGCAGTTGCTGGGCACGTTTCACGTCACTTTCGCGGC
TAACGGTGCGACAGGCGGTACTCCTCGATGGCACCAATTTAATTGCCGTGCGGTAATTGCAATTAACAGCGCAGGAAAACAATAAATCCGTATGT
GAAATGAAGATGAAATCTAGGCTGTACGTAGCTGTGAAGATACTAGAGCTGGCACCAAGCCGATGGCACTATCGATAGCGATGGCTGCATTCTGG
CCGGCACCATCGATGGACTTGCAATAGCGATTGCTATATGAAAACTAATCTAAAGAGCTTTCTGTAAAAACTGGCAGACGCTTTCTGCTTTTAAT
AATTGTTAATTTAAGTTCAACGGGCTGGCATCACCGTTTCTTAGCACGGACTCAAGCCTGAGTCTATTATTTCAACCACCACTGTAACGAAAACA
GCATGGACAGATTGAAATTCAATAATTTGGTGATATCCAACAAGAAGGTCATTCAAAAGGCACGCGCCCAGACCATCGCCAAAATCGTACAAAAG
CTGCGAAAGACAAAAGAGGCTCTGGCCAAAAATCCAGACAGTGAAAAGGAAAAGATTCGTTTACGCAAGAACACAGAATGCCTGGCCCAGTTGAA
GGCTCTAAAATATATGGATATGGTACGCCAGTCGCTCCTGCAGGAGGGCACAAATCCCAATGCGGTGATTGCTAACGAGCGCTCCACGCCGGATG
AACTGGGCATTGCCATGCTGCGGCTAAACAAATTGATGCACGGACTGGTGGACAAGTTTGTGGAAACCTTGAAGCTGAGCACCACCGATAAGGAG
GCCAAGTGGCGTGAGGAGATCCTAGAGACGAGCAAGCGAAGGGCCAAAATAGAACGCACTGAGGAGCGGAAGAGGAAGCGCAAGGAGCTGAAGGA
GCAGAAGGCCCAAACCAAAAACCGACTGGAGTGGTTAGAGCAGAACAAAGTGGTGGATGCAGATGTTAATGGAGCAACTGCGGAAACGCCCACTC
TTCAAGTCAGCAAAGTAAATGATCAGGAAATACCACAGTCTTTTGCAAAAACTGAAAATTCTCCAGTTCTCAAAGTCAAAAAGGAAAAGACACCT
AAAACACCAGCCAAAAAAGAAAGAAACCTTCAGAAAAAACAAGCTTTTGATGAGCAGATCAACCCGGAGATAACTAAGCTCAGTTCCAAAAAGCA
GAATTTAAATACAATCAAGGAGAATAATGCAGAGCCACAACTAGAAGGCAGACCGAAAGAATCTAAGCCAAAACCCTTCGAGAAAAAACCAGCCA
GAGAGCAGAAGCCTAAGCCACGATTAGAAAGGCAGCCAAGTATCGATGAAGAAGAACCACAACTTGACAATAATCGTCCCACACATGTCGTTGAT
CCCTTCTTCATTACGGAATCAGGCCAGCCCTACTTGTCCAGCGCCGTGGTTCTTTCCGGGGACAATGACAGCGAAGCTGATGAGGAACAGGCACC
GCCGCCAGTCAAAAGGTTCCGCAATGAGGATCGACGGTCGAACACATATCGGGAGAAACCGGAAAGACAGCCAGAGTTCAAAGCGAGAAAGCCAA
CTGATGATCGTCATCCCTCCTGGCTGGCTAAGCAACAGCAGAAACCAATCATTGGTGATTTTAGAGGCAAGAAGATTACATTCGGCGACGACGGC
CAGGCGGCGGAAATTATTGCTCCAAGTATCAATCAATTAACCGCTACTGCTGCTCCTTTGCCCACCGATGGCATGCACCCGTCTTGGGTGGCCAA
ACAGAAGTTTAAGCCGAAAATTGCCGCGTTTCAGGGCACAAAGATTAAGTTTGACGAAGATTAAAGATGATGTCAATGGTA
(SEQ ID NO: 917)

Start ATG: 858

MDRLKFNNLVISNKKVIQKARAQTIAKIVQKLRKTKEALAKNPDSEKEKIRLRKNTECLAQLKALKYMDMVRQSLLQEGTNPNAVIANERSTPDE
LGIAMLRLNKLMHGLVDKFVETLKLSTTDKEAKWREEILETSKRRAKIERTEERKRKRKELKEQKAQTKNRLEWLEQNKVVDADVNGATAETPTL
QVSKVNDQEIPQSFAKTENSPVLKVKKEKTPKTPAKKERNLQKKQAFDEQINPEITKLSSKKQNLNTIKENNAEPQLEGRPKESKPKPFEKKPAR
EQKPKPRLERQPSIDEEEPQLDNNRPTHVVDPFFITESGQPYLSSAVVLSGDNDSEADEEQAPPPVKRFRNEDRRSNTYREKPERQPEFKARKPT
DDRHPSWLAKQQQKPIIGDFRGKKITFGDDGQAAEIIAPSINQLTATAAPLPTDGMHPSWVAKQKFKPKIAAFQGTKIKFDED*
(SEQ ID NO: 918)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: Rlb1
FlyBase ID: FBgn0014022

Celera Sequence No. : 142000013384474
TTTATTGAGATATCCCATTTAACTAAGGGCAACATACTTCTTGGCCTTGCGCTTGGCATTGTAGAGTTTCTCCCTGTACTTTAAGAGGAATCTGT
TCACAGCTCTGCCGCCGTAGCCAATGTTGCGGGATTTAATCCATTTGAGGTTCATGAAGGGCGGCAGGGCGTGTTCGCATGCTTTGTATGAGACC
TGCAGGCCAAATGCGTTCTTCACCGCCTTCTGGGGCCGTTCACCCGTTTCACCTGTTTCCAGCAGGTGATACGCCTTGTTCCGCTCCCTCACTAC
TGTCTCCAGGTTTTCCATGGAGATTTTCACCTGCAATTCTAAAGTTTTAGAAAAGGATCTCCACCATCAAATATCGCCCACCTTATCGATGCGCT
CCGGACTAGGGAAGACTTCCATTTTGTCATTGCACTCGTGCTCCATGGTCAGCAGCATGTTGCGCTCCTTGAGGAGCACGAACCACAGCTGGTGC
AGCTCCTTGTTGGACTTGATACGCAGCTCCTCCGTCCGCCAGGCGCGGCCCACCTTCACCTCATTCTCGCTCCAGTTCTTCTTGTCGTCGAAGAA
CTCCATAAGATCCCGGCGAACAGCGGAAGTGTGCATTTGCATCGGCATTTGAACATGCGGCGTTTGCAGGGCAGCCGCACTACATATTACATAAA
AACAAAGGCGCGTTTATATCGGTTACTCTGTGTAAAAGTCGGATTTGTGAAAGAGAACGGACCTGCACGACTGCCATGGCTGCTTGGGAGCTGCC
AAAAAGCTCCTGACTGTCGCATTTCCCACAGTTTTTGCCAAATTTAAACATTTTATTAACGCCGAAGACATTTTTTCGACCGAACAAAACAGCTG
AAGCAATAACAATCGATACTTTTTTGTATCGATTTATTGGATTGCGTGCGTACTACATTTTTAGCCGGGCTTTACTCCATTTCAGGGCTGCCATG
CATTTCAACTGAAATTAGTCGATAGTATAATTTCAGCATCGACTTGTTGGCCAGCTCTAGTTGCGCTTCGCTCAGTGCTAATGAAAAATCGAATT
TTTCGCTTCAAATCGACTGAAGTTTACACGGGCTAAAGTATTACAGAAGTTTGGCTCAAGCCATTACACAACATGCAATAAGTAAATGTAAGTGA
AGTGGCCACTCCCCGAAAAAAACAACGCGCTGCACTGTCATCTTCTCTGTTCCATCCAATCCAATTTGTATGCCAAGGAACGCCAACTTAATGTT
TGGCTGTGTGCATGCATGTGTGATTGTGTGCTGGTGTTTGTGGGTTTCAGTACACAAATTTAAATTGATAAAACTCGACAAAGGCAGCGGTTCTG
AATTGCAGCGAGTGCAGGGAATGCACTGCCAAGTGCCTGTTAATTGTGCATTTATCACAGCGAATTCAAGCAATTCTGCACCTCGAAATGGGCATT
CAAAAACAAATTCATTGAAGAGTAACGCCAGGATGAAAAAAAAAAAAAACAAATGTAGAACGGTATAGTAACAGGACAGTGTTGCCGAGCTGCTCC
AAGTTCCCCGGTACTATTGCCGTGCAGCGCAGTGTAGCGTACATAAATATTTATCTCACTGCCTTATCAGGCAGCATTATTGTTGAAGCGACTGT
GTATCTGTGGGCATATTAATTGTTTGTTTGTCTGCTCTTAGCAAGTGTTATATAAAGTGCAGAACATCATTGAGTTAAAAGGTCAGCGAGTGAAT
TGATTGATCAATTTGGCAAGGGGAAGGCGCAATGTGGGGGCTACGGAGTAACTTGTAGGGTTTTCTTCGCTCGGCTTTCGTGCTTTTATCATTTC
CCCTTTCCCACTTTTCGAACAACTTTTCTGCTCACGGTGAACGCCCAAATAAAAAAAAAACACAAACAAGTCTTCTTGTTTGTACTGTCGCCATGC
GCGCGTGTGTGTGAGTGCTTCGGCTTTTTGTGACCAGGGGTTAATTTAACGGTGTCGCCTTAATTATCCGGGTTCTGCATATTCCTCCGGTGTTT
GCTTTCTCCGGACTTGTGCTGCCACTTGTTGCCCCTGTTAACGGCGCTGTTAGCTGCAATCCGAATCCCCCGGTTTCGTCGCCATATCGTGCGAT
AACCTTTCATTTGCCAATCGGTTGATTATCATGTTCTTAATGAAAGTAGCAACAAATAGCTGAATTTTCGCTTGCCCAAACTTACTCAGCGATGT
TTTAGAGGGGACCCTCATCACTACTCCTACAGTTTTTAGTTTGCGACGCCCATTGGTGATAAATACTTGTGTACATACATACAACATGTGATTAT
TTTTATGGAATGTGTTTATCTGGAACCCTCTCTATATGCGTCAACACATAATTGCACATGTTTAAATTTCCCGAAAATAAAATGTATATACAATG
CCTGCAGCTATAGCTGCTGTCATTGACTTTACTTTCATTTTAGCAGTGTAAGTTTTAAATTTTGTTTCCTCCCATCCAAGATATGAAACTGTAAC
TATGAAAACTCACTCCTGAGCTGCTCCGAAAATATCATGAATACGACAATTATGTGCACATCATTTAGTATACGTGATATTTTAGGAGCAGCTAA
ATTATATTTAAAGTTCCGTAATTTATTGCTTTCTCGTGATATACTAGGCAAATACATTCACATACACTGATAAAGAAACTCAGTTATCGTTTATT
TACAAACACAACCAGTGTTGACCTCAAGTTAAAGTTAAAGAATCGGTAAATGGCTTGCCAATGCTCGATTGCTTCATCAAACTCACCATTGCTTA
TAACAGTGCCAATTTTAATGCTGAAATCTTATCTACGAATATTAACTACAACCATTTCTCAGTTCTTTAGTCTAATGTAAACCAACTTAATGTAA
GCTACTTCTGTGTGTCTGGTAATGTGGAGGCAGTGAGTAGTTGTGCTGTATTCTCTTAAAGCTCTGCTCTATTCATTAAGATGTGCGTGTGCATT
GAGGAAGAAAGCCAACGAAAGTTGTTCGCCACATTACCGGCAATGTTGCAACATCGGGCGCGTTGTAATCGTGTGCAAGATGCGCGAAATCCAGT
CAAACGCGAACAGAAGAACGCGCCTCGAGGCGCAATGTTATTAAATAACAATGCAGAAAGAGCAGGGAGCACGGAGCAGCAGCCACCTCCTCATG
GGAAACATTACCAGGGTGCCAGTTGAAGAGTCTACAATGAACCACCTCAAACCACGATCCTTCTTTTTTCCTCTTTTCTCGTTTCCAAAGACAGA
GGAGCTAAAATGTCGCAAAAAGAATTGGCGGCTCTGGTTGCCACGAGAACGAGTCGCAAACGCACCATATCCTCGACCTCATTCTCTATTTCCAC
TCGCACTGATCCAAAATCCATCATAGAGATACACATATTCAATGACTCCTTGCCCATAAAAAGAGCTTGCTGCGAAGTGGAGAATCCAACTTTAA
AAGCGGAACAGCGAGTGCAGCAGGAAGAAGAGAGCCTGGGCCAAGTGCCGCCGCTGACCGAGGAAGAGCAGCAGCGGCACGATGAGTTCCGAAAT
AGTGGTTCGATATTCCTGCAGGATTTGCCCTGCTTTAAGCTGCAGCAGGCACAGCCGATAGCAGGATCATCACCCATTCCCAAGTGTCGGGAGTG
CAGAAGAAGAAATTTGGCTACAACAGAGGGCGAACCCAGTTCAGTTAGCGACGTTTACTGCCGGTTCTACGAGTTCCGACGCCTTCAGTTCAATG
AGAATGGAGAGCTGTGCGTGGTTGGCTTCCCAAATCCCTACAGCGAGCCCTCACCAGAGGACATCGCCATTTGGCAGCCGGATAAAAATACACCG
CCGACCAGCGGTTACATGGATATACAGGTTTGCAGGTACATCCTACTCCATGCCGGCGACCAGTTCTGCTATATTTGGCACCAGGAAGCAGAGGC
TTTAAGTTTGCATCAGAATACGGACGGAACCATTGCCTGGAAGAAGGCCGTAAAAGGAACACGAGAGATTTGCGACGTGTGTGACACCACATTGT
TCAACTACCATTGGACTTGCCGCAAGTGCGGCTTTGGAGTGTGTCTGGACTGCGTTAAAGATCGCAAGGAGGGATTGCGACTGCGGCGAGCGGAG
AACGCTGCCCAAAAGGGATGCGATGAGTACCACTGGCTGCTCTGCAGCGACCCCAGTGGCCCACAGGAGCACGTCCTTACCGAGCTGATGCTAAC
ACAGATCATAGCCGGAGATGCCCTCAACGTCTTGGGCAGGCTGCTGCACGAGGTTCGTACTTTGTGGCAGGTGCCACAGGTCTGCGGCTGCCTTC
TGAGCAAGCAAGCGATTGAAGATGCACAATCAAAGGAAGTGATCCAGGATATGATTAAGGAGTCTCAGCTGAAGCAGCACACCAGCTACTCGTCG
CTGGCCTCCGAGCAGAAGGTGCACCAGCAACAGCGCCTCGATCAACTGCACGCCACGAAGTTGGAGTTTGCCAGAGAGCTAGGTGTAGATTATGT
TCCAGGTCGAGTGTGGACCAAGGAAACCTTGGGAAAGGATCCAATAACAACGGCGTTTGATAATTTGAAGCACATTAATTTTCTGAGAAAGGGAT
TGGCCGGCTTGAGAAGGTTTCTTCCACCAAGGACCATGACTTTTGCTTACTCCACTCAGTTGGCTCCAGGAGTTCCTCACGAGTTTCTGTGCGAT
GGCAGACTGCTTAGACTCACCGATGCCATGCATCCGGATAATCGAGTTCTTTTCCAGGAGGTTTGGAAATGCGGCCAGCCAGTTATGATTTCGGA
GGTGGCTCGCTCTTTGAACTTAGACTTATGGCATCCACAAGCCTTTTGCCGGGACTTTGGCGACAAGCCCAATGATCTTATTAATTGCCTGAATG
GCAATCTGGTGCCCAATCAGCCAATGCGACACTTTTGGGAGGGTTTTCAGTGCATGACCAAGCGTCTGCCAGATGCATATGGCAAGCCAATGCTC
TTAAAGCTTAAGGATTGGCCGCCGGGTGATGATTTTGCCGAAATACTGCCCACCAGGTTTGCTGATTTGATGAAGGGACTGCCCATGCCGGAGTA
CACACTTCGCACGGGAAACCTTAACATAGCTAGCTGCTTACCCAAGATGTTTGTGCCACCAGACTTAGGACCCAAAATGTACAACGCATATGGCT
CAGCATTGCACCCCGACAAGGGTACAACCAATCTTCACTTGGACATTTCGGATGCAGTGAACATAATGGTTTATGTGGGAATACCCCAGGATGGG
GACACGAGACCTCAGATGGCGGCCACGCAGAAAGCCATAGAAATTGGCGGATGCGATTACATCACTAGAGCTCGTTGCCAATCGCCAGATGTATT
ACCCGGAGCACTTTGGCACATCTTTCCAGCTCGCGATGCAGACAAAATAAGAGATTTACTTAACCGCGTGACCCTGGAGAAGGGTTTCCGTCTGG

AGCCGGATCACGATCCAATTCACGATCAGAATTGGTACTTGGACGACAAGTTGCGAGCTCGTTTATTCAAAGAGTATGGCGTGGAGGGGCATCCG
ATTGTCCAGTGCTTGGGCGACGCAGTCTTTATACCAGCTGGCGCCCCACATCAGGTTCAAAATCTCCACAACTGTATTAAGGTGGCCGAGGATTT
TGTATCGCCGGAAAATATCACGCACTGCTATCATCTAACTCACGAGTTTAGAAGGCTTTCGCACTCGCACACAAATCACGAGGACAAGCTTCAGA
TCAAGAATATTATCTACCATGCCATCAAGGACTGTTGCACCATCCTGACCAGAGCTGTGGATGAGAGACTTAATGCGGAATTAACCAAGCTAAAT
GCAGATTAGAATTTTCTTACCTTTTAGTTTTTTTCAACTATTTAACATTTATTATTATTTTTTAAGATCAAAAATTGTCAAATATTCAATAAATA
CTTACTTAGAACTAAATAAAAGGTACATTTATTTATTTGTCATCCAGTGCATAATTAAGTAAATTTTCTATTTTAAAAACCTAAATAAATATCAA
TTCAAATTAATTGATTTAATTGAAATTTCTAGTATTTACATAGACAACACTAAGCCTAAGCAAGATACTCTCCAGCAACAAATGCCCATGCATGC
TGAGGACGGAGCTGAATCTGATGATGAGGAGTCCAGCCCAGGCAGACATTAGCATCGTAAGGATCATACTACTAATTTGGCGCCCATATAGAAGT
CAAGTCAATTACAACGCCAGAAAGCCTTTTATGTTAATCGAGAGTGGAAAGGGAAAATAATTTTTTTGCTAAACTAGCCTAGAGATCGAAATATT
AAGAATACAACTAAAATGACGGTGGATTTCAACGATTATTTTTGGGTGAGTTAAATAAGGTGCATATGGACGGATCATTGCTTAAATATATTCTT
CCATTTAATATCCAGGGGGAGAAGAACAATGGCTACGATGTTCTGTACCACAACATGAAGTTCGGCCTGATTGCCAGCAAGGAGTTATCCGAGTT
TCTGCGCGAGAAGTCTAACATTGAGGAGCAGAACTCAAAGATGATGTCCAAGCTGGCCCACAAGGCTGGTACACTAAATAGCACATTCGCTCCTG
TTTGGACCATACTGCGAACATCGGCAGAGAAGCTCTCCACGCTCCACCTGCAGATGGTGCAAAAGCTGACTGAGCTGGTCAAGGATGTTGCCAAG
TATGCCGACGAGCTGCACAAAAAGCACAAATCCGTCAAGGAGGAGGAATCGCAGACTCTTGAGTGTGTCCAAGCCATCCAGACGTCGACGGTGGC
AGTGCAAAAGTTGCGCGATCTGTACGCCAGCAAGGTCCAGGAGCTGGAGAAGCTGCGCA
(SEQ ID NO: 919)

Exon: 1001..1132
Exon: 3226..5804
Start ATG: 3240

Transcript No. : CT24376
CCAGCTCTAGTTGCGCTTCGCTCAGTGCTAATGAAAAATCGAATTTTTCGCTTCAAATCGACTGAAGTTTACACGGGCTAAAGTATTACAGAAGT
TTGGCTCAAGCCATTACACAACATGCAATAAGTAAATACAGAGGAGCTAAAATGTCGCAAAAAGAATTGGCGGCTCTGGTTGCCACGAGAACGAG
TCGCAAACGCACCATATCCTCGACCTCATTCTCTATTTCCACTCGCACTGATCCAAAATCCATCATAGAGATACACATATTCAATGACTCCTTGC
CCATAAAAAAGAGCTTGCTGCGAAGTGGAGAATCCAACTTTAAAAGCGGAACAGCGAGTGCAGCAGGAAGAAGAGAGCCTGGGCCAAGTGCCGCCG
CTGACCGAGGAAGAGCAGCAGCGGCACGATGAGTTCCGAAATAGTGGTTCGATATTCCTGCAGGATTTGCCCTGCTTTAAGCTGCAGCAGGCACA
GCCGATAGCAGGATCATCACCCATTCCCAAGTGTCGGGAGTGCAGAAGAAGAAATTTGGCTACAACAGAGGGCGAACCCAGTTCAGTTAGCGACG
TTTACTGCCGGTTCTACGAGTTCCGACGCCTTCAGTTCAATGAGAATGGAGAGCTGTGCGTGGTTGGCTTCCCAAATCCCTACAGCGAGCCCTCA
CCAGAGGACATCGCCATTTGGCAGCCGGATAAAAATACACCGCCGACCAGCGGTTACATGGATATACAGGTTTGCAGGTACATCCTACTCCATGC
CGGCGACCAGTTCTGCTATATTTGGCACCAGGAAGCAGAGGCTTTAAGTTTGCATCAGAATACGGACGGAACCATTGCCTGGAAGAAGGCCGTAA
AAGGAACACGAGAGATTTGCGACGTGTGTGACACCACATTGTTCAACTACCATTGGACTTGCCGCAAGTGCGGCTTTGGAGTGTGTCTGGACTGC
GTTAAAGATCGCAAGGAGGGATTGCGACTGCGGCGAGCGGAGAACGCTGCCCAAAAGGGATGCGATGAGTACCACTGGCTGCTCTGCAGCGACCC
CAGTGGCCCACAGGAGCACGTCCTTACCGAGCTGATGCTAACACAGATCATAGCCGGAGATGCCCTCAACGTCTTGGGCAGGCTGCTGCACGAGG
TTCGTACTTTGTGGCAGGTGCCACAGGTCTGCGGCTGCCTTCTGAGCAAGCAAGCGATTGAAGATGCACAATCAAAGGAAGTGATCCAGGATATG
ATTAAGGAGTCTCAGCTGAAGCAGCACACCAGCTACTCGTCGCTGGCCTCCGAGCAGAAGGTGCACCAGCAACAGCGCCTCGATCAACTGCACGC
CACGAAGTTGGAGTTTGCCAGAGAGCTAGGTGTAGATTATGTTCCAGGTCGAGTGTGGACCAAGGAAACCTTGGGAAAGGATCCAATAACAACGG
CGTTTGATAATTTGAAGCACATTAATTTTCTGAGAAAGGGATTGGCCGGCTTGAGAAGGTTTCTTCCACCAAGGACCATGACTTTTGCTTACTCC
ACTCAGTTGGCTCCAGGAGTTCCTCACGAGTTTCTGTGCGATGGCAGACTGCTTAGACTCACCGATGCCATGCATCCGGATAATCGAGTTCTTTT
CCAGGAGGTTTGGAAATGCGGCCAGCCAGTTATGATTTCGGAGGTGGCTCGCTCTTTGAACTTAGACTTATGGCATCCACAAGCCTTTTGCCGGG
ACTTTGGCGACAAGCCCAATGATCTTATTAATTGCCTGAATGGCAATCTGGTGCCCAATCAGCCAATGCGACACTTTTGGGAGGGTTTTCAGTGC
ATGACCAAGCGTCTGCCAGATGCATATGGCAAGCCAATGCTCTTAAAGCTTAAGGATTGGCCGCCGGGTGATGATTTTGCCGAAATACTGCCCAC
CAGGTTTGCTGATTTGATGAAGGGACTGCCCATGCCGGAGTACACACTTCGCACGGGAAACCTTAACATAGCTAGCTGCTTACCCAAGATGTTTG
TGCCACCAGACTTAGGACCCAAAATGTACAACGCATATGGCTCAGCATTGCACCCCGACAAGGGTACAACCAATCTTCACTTGGACATTTCGGAT
GCAGTGAACATAATGGTTTATGTGGGAATACCCCAGGATGGGGACACGAGACCTCAGATGGCGGCCACGCAGAAAGCCATAGAAATTGGCGGATG
CGATTACATCACTAGAGCTCGTTGCCAATCGCCAGATGTATTACCCGGAGCACTTTGGCACATCTTTCCAGCTCGCGATGCAGACAAAATAAGAG
ATTTACTTAACCGCGTGACCCTGGAGAAGGGTTTCCGTCTGGAGCCGGATCACGATCCAATTCACGATCAGAATTGGTACTTGGACGACAAGTTG
CGAGCTCGTTTATTCAAAGAGTATGGCGTGGAGGGGCATCCGATTGTCCAGTGCTTGGGCGACGCAGTCTTTATACCAGCTGGCGCCCCACATCA
GGTTCAAAATCTCCACAACTGTATTAAGGTGGCCGAGGATTTTGTATCGCCGGAAAATATCACGCACTGCTATCATCTAACTCACGAGTTTAGAA
GGCTTTCGCACTCGCACACAAATCACGAGGACAAGCTTCAGATCAAGAATATTATCTACCATGCCATCAAGGACTGTTGCACCATCCTGACCAGA
GCTGTGGATGAGAGACTTAATGCGGAATTAACCAAGCTAAATGCAGATTAG
(SEQ ID NO: 920)

Start ATG: 147

MSQKELAALVATRTSRKRTISSTSFSISTRTDPKSIIEIHIFNDSLPIKRACCEVENPTLKAEQRVQQEEESLGQVPPLTEEEQQRHDEFRNSGS
IFLQDLPCFKLQQAQPIAGSSPIPKCRECRRRNLATTEGEPSSVSDVYCRFYEFRRLQFNENGELCVVGFPNPYSEPSPEDIAIWQPDKNTPPTS
GYMDIQVCRYILLHAGDQFCYIWHQEAEALSLHQNTDGTIAWKKAVKGTREICDVCDTTLFNYHWTCRKCGFGVCLDCVKDRKEGLRLRRAENAA
QKGCDEYHWLLCSDPSGPQEHVLTELMLTQIIAGDALNVLGRLLHEVRTLWQVPQVCGCLLSKQAIEDAQSKEVIQDMIKESQLKQHTSYSSLAS
EQKVHQQQRLDQLHATKLEFARELGVDYVPGRVWTKETLGKDPITTAFDNLKHINFLRKGLAGLRRFLPPRTMTFAYSTQLAPGVPHEFLCDGRL
LRLTDAMHPDNRVLFQEVWKCGQPVMISEVARSLNLDLWHPQAFCRDFGDKPNDLINCLNGNLVPNQPMRHFWEGFQCMTKRLPDAYGKPMLLKL
KDWPPGDDFAEILPTRFADLMKGLPMPEYTLRTGNLNIASCLPKMFVPPDLGPKMYNAYGSALHPDKGTTNLHLDISDAVNIMVYVGIPQDGDTR
PQMAATQKAIEIGGCDYITRARCQSPDVLPGALWHIFPARDADKIRDLLNRVTLEKGFRLEPDHDPIHDQNWYLDDKLRARLFKEYGVEGHPIVQ
CLGDAVFIPAGAPHQVQNLHNCIKVAEDFVSPENITHCYHLTHEFRRLSHSHTNHEDKLQIKNIIYHAIKDCCTILTRAVDERLNAELTKLNAD*
(SEQ ID NO: 921)

Name: TESTIS SPECIFIC PROTEIN A LIKE

Celera Sequence No. : 142000013384474

TGCGGGGCTGTAGCTCCAGCTTATGACCCTCCTGCGTAATGTATTCCTGTAGAATTTTCGAGTCGGTGGTCTGCGGGTAGCCAAAGTCGAGCAAT
TCATCCAGCAGCTCGTAGATGATCACGAAATTGTCCCGAATGGACTCCTCCTCCAGCTCCTTGAAGTATTCCACAAAGACCTGCGCGATCTTGTG
CAGAAAGACGAAGACCAGAGCGATATTAACGTTCTTATTGCGCGGCGTCGTGGATACGATATAAAGATTGTTCGTTTTGATGTAGGCAAATGTAG
TCTCCGCCGTCTGAAGGATCGGAGTGATTAGGCCCTCCTCCTCGCGCTCCATCAGCAATGGCATGAATTTGTCGATCACGGCCATGTCGATGTTG
TCACCGCGGTAGTTCCGCGATATCAGCACCTTGCCCTTCACGTCCAGAACGAAAATGGCCGACGAAGACATGTCTCTTGGTTCCCAGCAGCTGCC
ACTTGTCCCAGGTGTAAAATTCCCAATTGGATCGAGTGGGAGGTCGCTTCGATGGTTCTACTGCTCGCGGCAGGCGTTGCGCGTGGAAGTTGGCA
ACTGTCGCGAGGTGGCGATGAGTGGGCTAGGTCTATCAATGGGCTGGATTTACATATTCCGTTTCGTAGACTGGAAAATGCGAATGAAAACTCCG
GAATTTCTTACGTCGCCTTTTCTGCTGCTTCTTTTTCTTATTAGTTGGCCCACCAGTGCTGTGAAATGTTCACATCAGGTGTTGGGCAGTGTGGC
CAGGTGAGATTGGTCTACTGCTGATTAACTAGCGAATTAAGCTTAAAGGAAATGAAAAATGTGCAAGGTGTAACATCTTAAGGTTTCTGTTTTTA
AATAAATACCTTTTAAATTATTTTCATTTTCCCATTGGTACCTTTAAATTCAAATCATAAATATATTGGAGAATGTAATCTAGCATCACTATTGT
GCCATCCGGCATTTGTGGCCATCCGCAGTACGGCCACACTGCTAGCCCAGACGCTGCTTTTGTGGAATTGTTAATTATTTATTTCGGCGAGCATG
CAAATGAACCCGAGCGTCACAATCGAGCGCAAACGCGTCGACTGCAGTGTCCTGCCAAAGGGATGGCAGCGCGACGAGGTCCGAAAGTCCGGCAG
CAGCGCCAATAACAACGCCAGCAGCAACAACAACAGCAGTGCCACAGCCAGCAGCAACAACAACAATAACAAGGTGGATGTTTTCTACTACAGGT
AAAGAAGAAGAGCAGAATTACTATATAGACTACTATATACCTAAAATCGGAACACTGCACGCTGTTTAATCGGATAAACGTTTATAATCACTTTC
ACTACCTTTCTGTTATTACATCCGCATAACCACACACACACACCATATACACCACACACGCATACGCCTATGTATACACACGCACACGAAC
TACCACCTAACCCACCAAAAATATCCATCCACCGCCGTGTCTGTTCAGCAGTCCCACAGGAAAAAGGGCGGAGGGAAAGCCACAGGACATTGCAA
TCCCTGATTTCCAGCCTGGCAAAATGCCGCACTGCGCCCTGCCCTCGCCCTCCATTTCGCTGTACCGCTGCAGCGCCATGCCGCTGCCTATAGCA
AGCGGGGGCGGTAATGGGGCCACCAGCGGATCGGCGGCCAATGCCCTCAAGCGCAAGTTCGCCCGGAGTCAAGGAGGCAATGCTGCAGGAGCAGC
AGGAGCTGCTCCTCCGGCAGCGACCGCCTCGTCAGCAGCAACAGCGACAGCAGCATCTGCTTCACCATCAACGGCCAATCGCCAGCAGCAACAGA
TCGAACTCAGGTAGAGCCAAGTGGATGAGCACTTGACTCTTGCATGTCAGCGTGTCATGTCTTGTTTGCCAGGACGCAAGGTCTACAGCCTGCGG
CAATTAAAAAGCATCAAATGAAAAAATACCCAAAGAAACACACAATTGGCAAAACAATTCGTAGTTGTCTTCAAAAACGCTGTAGCTCTGTGCCA
CCTGAGATTTATGTTCCACCATCTCTGCATGCTAAAGCTTTACTTTACGCTTTGTCTAATGTGCTGTTCGGTGTTTTAGCTTTTTGAAGGCGTTT
CTCTAATACATTTCCAATCTTTAATCCCTTACAGCCGAGCCCTGCGCACTGATGTCTCCCTGGTGCCTCCCATTCGACAGACTGCCTCGATCTTC
AAGCAACCGGTGACGGTGATTCGCAACCATAAACAGGATCCCGCCAAAGCGAAGAATGAACCCAAGCATGGCACTCGGGAGAAGCCGAAACAGCT
GTTCTGGGAGAAGCGACTGGAACGACTACGCGCCTGCCACGACAGTGGCGAGGAGCTAGACGACATCTCACTGCCCAAGACCATACGCACCGTTG
GCCCCAATGTCAACGAACAGACCGTCCTCCAGTCGGTGGCCACGGCCCTGCATATGCTCAACGCCGGCGTACACGGCCAGAGTTCTACGAAGGCT
GATTTGACCAAGAATGCCATGGCGTTTATGAATCCTGAACAACCGCTAATGCACGCGGTGATCATTTCGGAGGACGACATACGCAAACAGGAGGA
TCGGGTCGGAGTTGCGCGGCGAAAGCTGCAGGATGCACTCAAGACATGAGTTCAATGGTTAACCCCCATGCATCTACCAATTCCATTGTAGGCTC
TAACATCTCTATCGTATTGACCCCTATTCGAAATCTACATTTAAGACTAGTGTGTAATAAACCAAATCCAACTCCAATCGAGGAATTCTGGTTTC
TTATTGGACATCGAGAAAGCTTCGCTTGTCTTTTCCATGACAACAGGGCTCTGTTATCCAATTTTATTACGCTCAGATGACTTTAAAATGCTATT
TTATACAAGACAGTTTAAAAACGAATTCGAACTATAATACATAAACCGAATTTTCATACTTAGTCGATTTGTTTGGCAAATCCTTGGAACGAAGC
GTTATCTACGACGAGGGGATCATTACCTGACGAAATTTTCGGTCCAAAGATTTATGGCCAAGTAAATCGATCTCCTTCAGTGTTTAGGTAAACCT
TTAAAGCTGGACAGTTTTTGTGCTTCATCCCCACATTGTATTTTAAAATATATATACTATACACATAGATATCGTTGCAGAGATGCGATTAGTCT
AGGCCCTCCTCCATCTCGTCATCCTCGTAATCTATGCCATCGTAGTCCGTCGAAGAGCGTGTCGTTAGCTGCAAGGATGAATCAATCGGAATTTG
CAATTAACTGAGAATTTTGCACGTGCTCAAGCTGAGGCTGTCTACAAGAGTGTCTGGAGCCAACAGAAGACATTGAACCAGAACTATCGAATAAG
CTCCATCAAGTCAAGAGTAAAGAACTACAAATTTCAGCCAAAAATACCCACCTGGTTGTAAATCCCACGCCATGCCGCAAACGCTCCCATGGCCA
AGACGGCTCCCACGCCGGCTACTATTTTGGTGTTCAGCTCGGAGTCTAGGAACTTGCGCTCCGAGGCCGTCAGACTGGCCTCCGTGCCACTGGGT
GTCTTTGTGAGCTTGACGGAACTGTATCCCTCGATGCGGAATATGTCCTTCGTGATGCGGTTGATAAAGTTCACTAGGTTTTGGCAGCCCTTAAT
GTGATTCTGCAGTGGATTGTTAGGCAGTGCGATCTTAAAGATGATGGCAAGATAGCTGTAGACAATGGCATCAAACTCGCTGTAGGTGTCGCCAA
AGAACCACACCTTGCGACCCAATTTCCG
(SEQ ID NO: 922)

Exon: 1001..1233
Exon: 2125..2733
Start ATG: 1043

Transcript No. : CT24429
ACGCTGCTTTTGTGGAATTGTTAATTATTTATTTCGGCGAGCATGCAAATGAACCCGAGCGTCACAATCGAGCGCAAACGCGTCGACTGCAGTGT
CCTGCCAAAGGGATGGCAGCGCGACGAGGTCCGAAAGTCCGGCAGCAGCGCCAATAACAACGCCAGCAGCAACAACAACAGCAGTGCCACAGCCA
GCAGCAACAACAACAATAACAAGGTGGATGTTTTCTACTACAGCCGAGCCCTGCGCACTGATGTCTCCCTGGTGCCTCCCATTCGACAGACTGCC
TCGATCTTCAAGCAACCGGTGACGGTGATTCGCAACCATAAACAGGATCCCGCCAAAGCGAAGAATGAACCCAAGCATGGCACTCGGGAGAAGCC
GAAACAGCTGTTCTGGGAGAAGCGACTGGAACGACTACGCGCCTGCCACGACAGTGGCGAGGAGCTAGACGACATCTCACTGCCCAAGACCATAC
GCACCGTTGGCCCCAATGTCAACGAACAGACCGTCCTCCAGTCGGTGGCCACGGCCCTGCATATGCTCAACGCCGGCGTACACGGCCAGAGTTCT
ACGAAGGCTGATTTGACCAAGAATGCCATGGCGTTTATGAATCCTGAACAACCGCTAATGCACGCGGTGATCATTTCGGAGGACGACATACGCAA
ACAGGAGGATCGGGTCGGAGTTGCGCGGCGAAAGCTGCAGGATGCACTCAAGACATGAGTTCAATGGTTAACCCCCATGCATCTACCAATTCCAT
TGTAGGCTCTAACATCTCTATCGTATTGACCCCTATTCGAAATCTACATTTAAGACTAGTGTGTAATAAACCAAATCCAACT
(SEQ ID NO: 923)

Start ATG: 43

MQMNPSVTIERKRVDCSVLPKGWQRDEVRKSGSSANNNASSNNNSSATASSNNNNNKVDVFYYSRALRTDVSLVPPIRQTASIFKQPVTVIRNHK
QDPAKAKNEPKHGTREKPKQLFWEKRLERLRACHDSGEELDDISLPKTIRTVGPNVNEQTVLQSVATALHMLNAGVHGQSSTKADLTKNAMAFMN
PEQPLMHAVIISEDDIRKQEDRVGVARRKLQDALKT*
(SEQ ID NO: 924)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: methyl-CpG-binding-domain-like-protein
FlyBase ID: FBgn0027950

Celera Sequence No. : 142000013384654

TGATGATGAGGACTGTGCAAGCATGCGAAGCAGTTCGCCGTCAACACAATCCGAGATGCTAGTGGTACCGCCACTTTCGGTGCAACCCACGCGGA
AAAACAAGGCCGTTGTGGGCCGCATTTAGAGCTGATGATGATGATGACTCCACAGTCAAATTGTGTATTCCATTTTGGAAGTCTCTTTTTGGAGA
GACTCGCTTGCAGTGCTATTCCTTGAGCATTGGTCGCCCATGTCCGAGTGCATATACAAGCTTCGAATTCGTAATCTCACAACACAACCAGAAAC
AAATTATCGAGCGTCCAATATTGTTTAGATTGTAAAATGTATTGTTAAGTTGCACCTGTCGATAGGAAGGCTCGCAAATGTTGAAGCGTTTGCCC
GAGCTGTCGATTGATCATGATTAACTTGTAAATAGTTCTCCATATGTGTACTCCCGTGCCCGTATAATTGTGTCGCGTCGCTAAATGTAATCAAC
TACTCATTGCAGTGACTAGGGATCGAATTCACGCACGCACCGAACGATCGATTCGGATGGTTTTCGGTCGGATGATCGCCACACCGCAACAAGCT
GTGAATGTTTACTGAGTAAATTTTTTAAAAACCCTATCTTACCATATTGATTATAACTCAACGATTTTGCTTGAGTAGGCAATTACGACCCTAAG
TCGTAAGGCGTTCAAAGCATGAAGATGTTTAAGTTAATATATGAACAATGATTAAAGGAAAACATTTTTAAATCAAAGCATTTTTTATTCTTAGC
TTTGAAGCTGCAAAGTAGGCAACGAATTACACAAACTTCGACAGTTACCACAATCTCACCCGAAAAGATGCAATTGTTGCGCATAGAAAATTAGG
TTTTTAATTTAGTCTATAGAACAATTTTGTAGGGGCAATTCCAAGTAAATATTCATATACACCAAGCCAATCATATCTTCCACACTTACGAATCT
GGTGTACAAAAATAAAAATATACTAACGTAGAGGACCTAAACAATCGCTTTCAGAGTGTATAAACCGATTTGACGCCCGAATTGAATTTGGACAT
TGCATCGGAATGAAGTTGATACTGCAAACTATGCGATTGCAAATGAAGGAGTATCTTCAGCTTCTGGCCGATCTCCAGAATGGCCATTTCGTTAC
TCCCGTTGGCAGTCCAAACCGCTGTAATAGATACAGTTTTTTATCAATGTGCAGAACACATTTGATAAACTTACAGATTTTGTTGCTCTTGTTAC
GTATATTGATGACAGCTCCGCAGATCTCGTCGGAGTATTCAAAATTTTGGCCCACCATCAGCAGTAGAATGTCCAGCCAAATTTGATCCAATTCC
GCTTTGGCACTCTTACTCACGGTGACCAGCCAGCGACCACCCTTGATGTTGGCTTCATCCTCCCACATGGGTCTTTGGGAGTAGAGGATTTAAGT
TAGCATCTCTCAATGAACAATGATTTATTCGTACTTTATGCCCTTCTTGAACACGGAGTAATCGCATCCAATCTTCAGCTCCGCTGGGGTCTTGA
TGGTATGGTACAAGCTCCAGAAGGTCTCCACACTGTCAATCTCGGTAATCTCGTTTAGCATGTCCTTCCAGTGCTTGGTGCGATCGTTTTCCAAA
TACCACAAAGTCCACACATGCTCCAAAGGATGCTTGTACTCGACTTGGTATATCTCTTCATCGATAGGTTCTGGGCTATTGCTCTCCAGTGGAAC
ACCTTCGTGGTGATGATGATGCTTATGGATACTATTCAGCTGATGTTGCTGATCCTGCTGCTTCATAATATCAAAACTTTGCACTTGTGCACTGG
CCATGTTGTTGGTTGACTTGTTTTTTTTTTTTCGATACGAACAGGTAACCTTAATTTATTTGCTGACGGCTGTGTTCTCAACGAATTTTGTCGCG
ATTCGAGTGGGAATTGCTTACTAATAACCAAAAATACTTTAGCACATTTTTCTAGACCTAAACGAAACCTGTCGAAAAGAAGGAAATGAAATGAC
AATGACACCTGGGTGTAAGCATACTATGCTGGTTTTTTCTTTTAATATAAATTATTTTTATTCATTTATAAATACTGCAAAACTTAAGACAAATC
AATTTACATATTGTTAACATAGAAATGCGCGCTTGGTCCTTAAAAAAAAAAATAATAACATACAAAATGAAAATGTATGCACTCTATTCCAATGG
TCAATTAAACACTAAGCGGAGGCACTAGAGAAAACAAATCGAAACAGCTACGGGGTGTTCAAAATAAAAAAAAACACGGTTTTCGTAACCATATT
TGAAAAGATTCTCAATTCTTTTAGAAATACGTTAATAAATTATCTCAAGGCTGGTTTTGAATCATCCACCCGTCTAGACCCATAAAACAGCGGCT
GCATCCTCGTTGGACAAAGTGGAGAAGCGCTGGTAGCGATTCGCATTGCGATAGGTTTTCGAGGGCGATGGAGCGGTTGATATCTGAGCTTGAAC
CTGTACTTGAACTTGAGTCTGATTTTGCATGGGCAGCCCCACCATATTTAATCCGGACTTTAGTGTGGAGTTCCTGCTGTCCGAGGACATGGACA
GGCGTCGCTGGTTTCCATTCATCAAGGTGGAACTCAGGGGCAAGCCGACATCGTGAAAGGAGCTAATCGAACTGAAGCCACTCTCATCCTCGGTA
CTGGAACCGCTCTGCTTATTGCTGGTGGTTTTGTTATTGCTATTGCTGATGGCTGTGTTGCTGGCGGTGGTCTGTGTCTGCGTCTCCTCATCCGT
TTCCACTTTCGAGGAGGAGGATGCCGTCGACGAGATGGTGGAATGCACGGAACTGTCGGTGGAGCTGCGCAACGATAGCCTCGAGTCGCGCATGT
TGTTGGCCCGCAGAAAGATGAGTTCCGCATTTGATTTCCCGCCCGGTGATGGAGTCTCCAGTGTGGCACTCATGATACTGGTGGAATTGTGCAAT
GGTGGCGTCAGTA
(SEQ ID NO: 925)

Exon: 1958..1460
Exon: 1402..1215
Exon: 1161..1001
Start ATG: 1776 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT24507
GGTCTAGAAAAATGTGCTAAAGTATTTTTGGTTATTAGTAAGCAATTCCCACTCGAATCGCGACAAAATTCGTTGAGAACACAGCCGTCAGCAAA
TAAATTAAGGTTACCTGTTCGTATCGAAAAAAAAAAAACAAGTCAACCAACAACATGGCCAGTGCACAAGTGCAAAGTTTTGATATTATGAAGCA
GCAGGATCAGCAACATCAGCTGAATAGTATCCATAAGCATCATCATCACCACGAAGGTGTTCCACTGGAGAGCAATAGCCCAGAACCTATCGATG
AAGAGATATACCAAGTCGAGTACAAGCATCCTTTGGAGCATGTGTGGACTTTGTGGTATTTGGAAAACGATCGCACCAAGCACTGGAAGGACATG
CTAAACGAGATTACCGAGATTGACAGTGTGGAGACCTTCTGGAGCTTGTACCATACCATCAAGACCCCAGCGGAGCTGAAGATTGGATGCGATTA
CTCCGTGTTCAAGAAGGGCATAAAACCCATGTGGGAGGATGAAGCCAACATCAAGGGTGGTCGCTGGCTGGTCACCGTGAGTAAGAGTGCCAAAG
CGGAATTGGATCAAATTTGGCTGGACATTCTACTGCTGATGGTGGGCCAAAATTTTGAATACTCCGACGAGATCTGCGGAGCTGTCATCAATATA
CGTAACAAGAGCAACAAAATCTCGGTTTGGACTGCCAACGGGAGTAACGAAATGGCCATTCTGGAGATCGGCCAGAAGCTGAAGATACTCCTTCA
TTTGCAATCGCATAGTTTGCAGTATCAACTTCATTCCGATGCAATGTCCAAATTCAATTCGGGCGTCAAATCGGTTTATACACTCTGA
(SEQ ID NO: 926)

Start ATG: 183 (Reverse strand: CAT)

MKQQDQQHQLNSIHKHHHHHEGVPLESNSPEPIDEEIYQVEYKHPLEHVWTLWYLENDRTKHWKDMLNEITEIDSVETFWSLYHTIKTPAELKIG
CDYSVFKKGIKPMWEDEANIKGGRWLVTVSKSAKAELDQIWLDILLLMVGQNFEYSDEICGAVINIRNKSNKISVWTANGSNEMAILEIGQKLKI
LLHLQSHSLQYQLHSDAMSKFNSGVKSVYTL*
(SEQ ID NO: 927)

Classification: translation_factor

Celera Sequence No. : 142000013384654
TATATTGCTCATTTAATTGAAAGAATTTATTTATAAATTATAAATTTATTTATAAATTTATTTATATTTATTTATAAATTTATATTTTCAATAAA
TCGAATGAATTATTAGCATTTATTGAAGTTCCCGCAATATTTAAATTACGCTCCATTAATTTATGATGTGTAAGCCACTGTAAATCCTATTATTA
CATTTTTGTTAGCTTAATTGAGAACTAAATTTGATGAAAATTTTCAAGAACATTTTTATTTACAGCTTACTACCCATTTTTTTTTTTTGTGCTAA
GTTACCCCGATGCAACTTTCAATTCCACTTGATGTTTGCTGGCAAATTCATTGAGACACTTAATAAATGTTACATATACGCCTTTCAACCACTTT
AGACCCCCAACTATGCCCCCTTATCACCCTTATCAATGCCAAGTGAAGTTTACTCTCCAATTTCGACCCACACACGACACTTTTCGCACATAAAT
CAAGTTGACCTTAAAAAAATCAGTGAAACAAAAACTTTGTCATATCATGGCCAGCAACAACAACAATAATAACAACAACAACTGCAAGACGCCAA
AGGAGGCGAGGATTTTTGTGGGCAGAAGAGGGGGTAGTGGGGTTGTTAAGGGGAGGCTGTCAAGGCTACGTGACAAACAACAAGGTGACATAAAT
ATCCAGTTGCTCCAAAAAGGAAACTGAACTTTTTTCTTTAATGCCAAGGCAACATAGCAAAGTTTAAGGGAGCCGGGGGATGTGGGGCAGAGTGA
GAGGGGAGACGGAGACGCGTTCCAAGCAAAGAAAGCATAAAGTGATACAGTGGGCACTCGCGTAACAGAACTTCAGGGAATTCCAAGTCAAAGAA

AAGTGAACTTGAATTCAGAAAAAGTTGTTAATTAAATATGTACATAGTATTAACTGTTTTTAATATTGTTTGTAAATAATTTTAACAAAATATTT
GAAAATCACGTTGTTTCTATAAATTTCCCTTAACGCATATACATATGTACTTAATTTTTTTTGTAGCCCAAGCATTTCCTCATAACGTTAAATGT
TGGCATTACTGCGGAATTTAAATTCCGAGAATTCTCGTTTGGCGCAAAGATTACTGTACTAACCTGCTGCTGTGTTGGCTGATGTGTCGGTTGCA
TTGGCCAGACGAGATTGAGATTCCTGGCGGATTGTGCCGGTGGTTGTGGATGCTGAGGGGGATGGGGCGGCTGGGCGGTGAGCAGCTGATTAGAG
GCGCCAAAGTGTATCATGTTGGCGGTGTGACGTCGTGCTGGCAGAGCGGGGGGCGGGGTGGCGCAGGGGGAATCCTGTTCGTTGTCTCTCTCTAG
CGATTCCTGATTCTCCAGCTGCTGCTGTTGTTGTTGTTGTTGTAGTTTGGCCTCGTTTGTTGGCGGCTTCTTGGGCAATGTCAAGGCATTGTTGT
TGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGAGCGAAAGCGAACGCGCAAAAGAACTTTTGAAATAGCGACACGGCATCTGGAAATCA
AAGTCAAGATCCGTTGTCTGCTGCATGTTTGTTGTGGTTTTGTGCATTTCTATTGGCTAAAACGGGATTTCTTTATTTATATATTTGAATTTTCC
CTTGTGCTGCCTCTTTCTCTGCTATTTTTTTTTGTTGGTCTCTTTTAAATTGGCATTGTTGATGTTTTCCTCTTTAGCGGTATTTCCCTTTGGAT
TATTGCATTTTTTCACGCACCCATAAGTTCACTTTCACACACTCACGCACAAATCAATTAGTTTTTGACACTCGAAGGATTTTTTTCAATACAAT
TTAATAGAAATTCAATGGAAATCAATTTCTGGGATTTATTCGCGCGCGCATAACACAAACAAAATTCATAAAGCCGCAGCTAGTTTTCGTTTGCG
CCCGAATTGATGAGTTTTACTGTACTAAAATCCAGAAAAATTGGGAAATATTGATTCGTTGAAATGTTGTTGGGTTTGAATTTTAGTGCGAACTG
TTGTTATTAAATGTTCAAGAATAATGTTCTACTAATAAATAGCTTGTTTTTCAACTTTACAACAGTTTGCTGCTTCTCGTAATTCACGCGACTTT
TCCCGGCCGAGGTGGAAACCTAACTGGAAGACCAACTGTATGTTACCGCCAAATTCGCAGACAGTTTGTGCTTGGGTCACCCTGCTTGGGTTATT
ATTTCGATCTCCAATGTTAATGTTAATGTTATTAACAGTAAGCTCGTTCTCTCTGAAATAAATGAATGAAGAAGTTACCAAGGCAACCGAATAAA
ACAGAGTCTGCAAAGAATGTCTTAACAGCTAGCTATTCTCTTAATAACAGTGCAACAACAGTAAAAAAAATATGCTTAAAAGTATGCTAAGCATT
TTGTTAAACAATCGTTTTTATGTCATAAGATCAGATCGTGAAACCTAAATTTAACAAATTAAATGAAAGAAACGTCTTGAACGTATACATTTAAG
TGATTTTATAGAGACTTTTTTTTTAGCTTATAGCATTTAGTCAATAGCTTAGTTAACTGCACAAGAGTCTATAATAATAAAAGTCTATAAATACA
TTAAATTCGTTAACATGTTTTCAAATGTAGAAATGTTAATGATTTGGCGCGCCAAGAAATTTGAAAAATGTAGATTGTATTTTACAAGAAAATAT
GAAAAAGTATATTAAAAAGATAAAGTTTATTTTTGTTCTTCTTTTAGTTAAATAGATTGCATCTTAGTATTCATTATAAATATTATTCCAAATGT
CTTAAAATTAATTAGTTTTTATATTTTATCATGAGTAAGAAAAGGGTTTTTTTCCAGTGCAAATTTTGTTCAACGAAACTAATAATATCGGTTGA
GAAATGGAAATTGTTTTACCATTCCCCCTTCTAAGGAGGCATTAGCATTCGTTCCTCCGCTGACTAATCCCCGGCCTAATTCCCATACCTTATGT
GGTATCTATATTGGGGAGACAGCTTGCCAATCAATTTGATTGCGCTGCGCTGATGTTTGCCCCTGTTTATCTAGCTTAGGGGAAGGATTTTCAAG
CTTTTATCATAACAGAAGTGCTTTAATTCCCTTTGATGAACATTTGTACATAACCCCCTTTTGA
(SEQ ID NO: 928)

Exon: 2104..1001
Start ATG: 1546 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT24537
CACCTCGGCCGGGAAAAGTCGCGTGAATTACGAGAAGCAGCAAACTGTTGTAAAGTTGAAAAACAAGCTATTTATTAGTAGAACATTATTCTTGA
ACATTTAATAACAACAGTTCGCACTAAAATTCAAACCCAACAACATTTCAACGAATCAATATTTCCCAATTTTTCTGGATTTTAGTACAGTAAAA
CTCATCAATTCGGGCGCAAACGAAAACTAGCTGCGGCTTTATGAATTTTGTTTGTGTTATGCGCGCGCGAATAAATCCCAGAAATTGATTTCCAT
TGAATTTCTATTAAATTGTATTGAAAAAAAATCCTTCGAGTGTCAAAAACTAATTGATTTGTGCGTGAGTGTGTGAAAGTGAACTTATGGGTGCGT
GAAAAAATGCAATAATCCAAAGGGAAATACCGCTAAAGAGGAAAACATCAACAATGCCAATTTAAAAGAGACCAACAAAAAAAAATAGCAGAGAA
AGAGGCAGCACAAGGGAAAATTCAAATATATAAATAAAGAAATCCCGTTTTAGCCAATAGAAATGCACAAAACCACAACAAACATGCAGCAGACA
ACGGATCTTGACTTTGATTTCCAGATGCCGTGTCGCTATTTCAAAAGTTCTTTTGCGCGTTCGCTTTCGCTCAACAACAACAACAACAACAACAA
CAACAACAACAACAACAACAATGCCTTGACATTGCCCAAGAAGCCGCCAACAAACGAGGCCAAACTACAACAACAACAACAACAGCAGCAGCTGG
AGAATCAGGAATCGCTAGAGAGAGACAACGAACAGGATTCCCCCTGCGCCACCCCGCCCCCCGCTCTGCCAGCACGACGTCACACCGCCAACATG
ATACACTTTGGCGCCTCTAATCAGCTGCTCACCGCCCAGCCGCCCCATCCCCCTCAGCATCCACAACCACCGGCACAATCCGCCAGGAATCTCAA
TCTCGTCTGGCCAATGCAACCGACACATCAGCCAACACAGCAGCAGGTTAGTACAGTAATCTTTGCGCCAAACGAGAATTCTCGGAATTTAAATT
CCGCAGTAATGCCAACATTTAACGTTATGAGGAAATGCTTGGGCTACAAAAAAAAATTAA
(SEQ ID NO: 929)

Start ATG: 559 (Reverse strand: CAT)

MQQTTDLDFDFQMPCRYFKSSFARSLSLNNNNNNNNNNNNNNNALTLPKKPPTNEAKLQQQQQQQQLENQESLERDNEQDSPCATPPPALPARRH
TANMIHFGASNQLLTAQPPHPPQHPQPPAQSARNLNLVWPMQPTHQPTQQQVSTVIFAPNENSRNLNSAVMPTFNVMRKCLGYKKN*
(SEQ ID NO: 930)

Celera Sequence No. : 142000013384474
AATGAAGGCTTCTGTGTCCGCAGCGAATGCCAAGCCCAAGCTAACGCGACCGTCGGACTCGATTTTAGTTGAGCAACTGAGCGCCGCCGTTTTGT
CACATTCGGTGCTTAATTTTGGCTAGCAGCGAACTGGGAACGGGCAGAGCTGTTTTACCACCTCTCATCGACGTTCTCGCAGGCAAGCCGGTTTC
TTGACTCAGCCTGATTTCGATTTAAAAAGCTTAACTAAGCATTCATACATTTAACGGATTCGCAATACGATAATTAACACTTTTGGCTTAGTGCA
AATATTGGGAAGAAGTTACTATGAAGGCTAATAAACTTTTTATTACTTGTCAATAACTATGCTATTATATTTATTGTATTATATTTATGTACTTC
TTTGTTAGATAAGCATAATTTAAAGATACAGTATCTCACCTGTTTCATATTCAACTTAAGCTGCTCCTTGATTTCCTGGCATATATTTTCAAGTA
CCGAGTAATATGTGAAAGTCTGCCATATCAGAAGAGACAGCATAAAGGATAGTATTATATTCACACTTAGTCTGTTCATGTCTGCAATAAATATA
CCAACTAGTAACTACGTTTTCCATATCAAACTAATTTGCATGGCCAATTTCACGGAAGCGTTTAAAATACAATTATTTGCTTTATTTGAGTCTAA
ACGGTGTAGCGCGAACTATTTAAATGCAATCGATTGGCGACTGTGGCTACAGTTATCGATAGATTTTACTTTTAAAAACCGTGACTCAATGAATC
TAAATTATCAACTATGAATTATAATGAATTACTATTTTCAATTTCTTGTTATTTTATTAACAACATAACTTTGCTTACCTTTCATTTATAAATAC
CGTGATCGAAAATTGGAGTCACTAAAGTCACGGCAGAAAAGTTCATCTCTATTAAGCCAAAGCCAAACAAAGAAGCACACAAAAGTTTATACCAT
AGTTTATTGTTTACCAAAAATATGACCTGTAGTTAAACAGCAGTTAAGCAATGGAGGACCTGTGTCGAATTTGTGGCGGGGCCTCGGAAAACATG
CTGGGCATTTTCGACGATCAGGTGGAAGAATATGTTGATGGAGCCAAGCTCGCTGAGATGGTGAAGACATGTGCCGACGTGCAGTTGGATCCCGA
CGACGCTATGCCCCAAAAAATGTGCATTTCCTGTGTCCACGATGCACGAACTGCTTACGGATTCAAGCGAAGATGCGAAGAGAACTACAAGAAGT
TCTATTTGGCGATATTAAATGGGCAGGTCATCAAGGACGAGCCCAACGAGGAGGATTTCCTATTCATTGAGAACCCAGACAAAGGCAATCTGGAA
GCAAAGAAGAAACTCAACAAGGAAATTAAAAAGACACATCAAACAGCTTCCAGAACAACCAAGTCTTCCATAACAACCAGTAGAGCTGGCAGACA
GCTAAGGAGTATAAAGAATCAGACTTTCAAATGCGAACTATGCATCAAACAGTTCAAGCGCCAAATAAACCTCCTGGACCACATGAAGTAATTAC
AATCAATACATATGATTTCACCTGTTCTTAAAATTGTATATCTCATTCCACAGGGTTCACAGCAATTCACACGTATGCCAAAACTGCGAAGAGCG
TTTTCTGTTCAAGGCCGATCTGGATAACCACCAATGTTATCGCAATAGCAATTCCACCGTCGAGTGCCCGGAATGCTTAAAGGTCTTTTCAAGCA

CCCAGAGCCTGGACAGCCACAAATGCAAGGATATGCAGGAGCGTTCGCCCTTTCAGTGCCCCCACTGTCAGCAGGCCTTTACTCGCGAACAAAAC
CTCAAGGCGCACCTGTTGATCCACGCGGAATCGAAACAGGGAAACGGACCCCACAAATGTTCATACTGCCAAACGGGATTCTTCAACAAGTCGGC
CCTCAAGGTGCACATCCATGCGCACATGGGCGAACGGCCGCATGCCTGTCCCTTCTGCGTGTCCAACTTCCGTTCCAAGCAGGCCCTTAAGGTCC
ACATCCGCATACACACGGGCGAGAAGCCCTACCAATGCCCCCACTGCCCCAAGACTTTTTCGGACAACAATAACCTGGCGAAGCACCGACGACGC
CACTCGGATGAACGGCCCTACAAGTGTTCCATCTGCCTGCAGGACTTCCGGGAGAAACATCATCTGAAGCGGCACTTTCTGGGCAAGCATCGGGA
TGGAGATCAAAAGCTAAAGCTAAAGTGATACCTTAAATTCTTGACCAAATACCACGGCTTACTCGAATAAATAAATTAGGATTCGGTTATGTTTA
TATCTCATTGTTTCTATAGTTCATATTGGGATTTAATTGAATTTAGGATTTATATTTTCGTAGAATTCGAACAGCACTTTGAAAACCATTTGGAG
TGGCAACACCGTTTTTCTGTAAATCAAAATTCGATGTAGACACGACGATATAGACAGCGTTGCCATTCGGCCGTGATTTGTTCACGTGGCACCAC
CATTTTGATAAACAAGCTAAACAACCCTTAAATCGCTCGAAAAGAGCAATGGAAAAAAACAACAAGTTGTATGTTTATAAATTATAAGTCTTACA
AATTGTAATTGTGGTTTCCGTTTGCTTAGAACATCAAAGCAGCTACCAACACACAAAAAATACCGAATATTTCTCGACGTAATTTTCCCTAGACG
TCCTTACAATTCGTCGTGTTCGCTTTGATCTTTGTCTTGCTTAGATTCATCATCCTTCTCCTCATCGTCATCATCCTCGTCCTCATCGTCCTTGT
CGGAAGCCTTTTTCGCCTCCTCCTCGTCCTTCTTGCGCTGCACCTCATCCTGGGCCTCCTTCATTTTCTTCTCGCCCGCCTGGGTGTTCTTGACT
TCGGCAGCAGCCTTAGCGGCCAGCTCCACGTCGTCCGTGATCAGGACGTTGTCGAAGATAGTGCCGGACTTGACCTGCCAGAGATCGAAGCCCAG
GGTGCAGATCTCCTTGCGCAGATACAGCTTGTCGTCGGGCACATACTCGGGATTGGCGATCTCGGGATGCTCCCAGGCGCCCTTGTAGTTGGGGT
TGTCCAGCTGCTTTGGCTGCCACTCGCCCTTGAACTCAGGGTTGTCGATCATCGGTGGCTCCCACTCGCCGTCCATCTCATCGTCCCAATCCTCA
GGCTTTGTGGCATCTGGGTCGGGAATGTGCTCTGGTTTGTCCCAGTCCTCGGGCTTCTTGTCATCGGGATCGGGAATG
(SEQ ID NO: 931)

Exon: 1001..1512
Exon: 1574..2213
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT24575
ATGGAGGACCTGTGTCGAATTTGTGGCGGGGCCTCGGAAAACATGCTGGGCATTTTCGACGATCAGGTGGAAGAATATGTTGATGGAGCCAAGCT
CGCTGAGATGGTGAAGACATGTGCCGACGTGCAGTTGGATCCCGACGACGCTATGCCCCAAAAAATGTGCATTTCCTGTGTCCACGATGCACGAA
CTGCTTACGGATTCAAGCGAAGATGCGAAGAGAACTACAAGAAGTTCTATTTGGCGATATTAAATGGGCAGGTCATCAAGGACGAGCCCAACGAG
GAGGATTTCCTATTCATTGAGAACCCAGACAAAGGCAATCTGGAAGCAAAGAAGAAACTCAACAAGGAAATTAAAAAGACACATCAAACAGCTTC
CAGAACAACCAAGTCTTCCATAACAACCAGTAGAGCTGGCAGACAGCTAAGGAGTATAAAGAATCAGACTTTCAAATGCGAACTATGCATCAAAC
AGTTCAAGCGCCAAATAAACCTCCTGGACCACATGAAGGTTCACAGCAATTCACACGTATGCCAAAACTGCGAAGAGCGTTTTCTGTTCAAGGCC
GATCTGGATAACCACCAATGTTATCGCAATAGCAATTCCACCGTCGAGTGCCCGGAATGCTTAAAGGTCTTTTCAAGCACCCAGAGCCTGGACAG
CCACAAATGCAAGGATATGCAGGAGCGTTCGCCCTTTCAGTGCCCCCACTGTCAGCAGGCCTTTACTCGCGAACAAAACCTCAAGGCGCACCTGT
TGATCCACGCGGAATCGAAACAGGGAAACGGACCCCACAAATGTTCATACTGCCAAACGGGATTCTTCAACAAGTCGGCCCTCAAGGTGCACATC
CATGCGCACATGGGCGAACGGCCGCATGCCTGTCCCTTCTGCGTGTCCAACTTCCGTTCCAAGCAGGCCCTTAAGGTCCACATCCGCATACACAC
GGGCGAGAAGCCCTACCAATGCCCCCACTGCCCCAAGACTTTTTCGGACAACAATAACCTGGCGAAGCACCGACGACGCCACTCGGATGAACGGC
CCTACAAGTGTTCCATCTGCCTGCAGGACTTCCGGGAGAAACATCATCTGAAGCGGCACTTTCTGGGCAAGCATCGGGATGGAGATCAAAAGCTA
AAGCTAAAGTGA
(SEQ ID NO: 932)

Start ATG: 1

MEDLCRICGGASENMLGIFDDQVEEYVDGAKLAEMVKTCADVQLDPDDAMPQKMCISCVHDARTAYGFKRRCEENYKKFYLAILNGQVIKDEPNE
EDFLFIENPDKGNLEAKKKLNKEIKKTHQTASRTTKSSITTSRAGRQLRSIKNQTFKCELCIKQFKRQINLLDHMKVHSNSHVCQNCEERFLFKA
DLDNHQCYRNSNSTVECPECLKVFSSTQSLDSHKCKDMQERSPFQCPHCQQAFTREQNLKAHLLIHAESKQGNGPHKCSYCQTGFFNKSALKVHI
HAHMGERPHACPFCVSNFRSKQALKVHIRIHTGEKPYQCPHCPKTFSDNNNLAKHRRRHSDERPYKCSICLQDFREKHHLKRHFLGKHRDGDQKL
KLK*
(SEQ ID NO: 933)

Name: zinc finger protein
Classification: transcription_factor

Celera Sequence No. : 142000013384474
CGCGATGACTACCACTTACCGTTGTCGAAATTCTCCTTCAGATAAACCTCGGCACTAATAAAGCCGACTGTCGCCAGCAACACTATCACTGTTTT
GCACCACATCATGTGAACGATCCCGCACCACTTTTTGGACTGACTCTTCCAACTCCGATGGTTGTCCGAACTCGGTTAAAGTTAAGTACTAAATG
CCGGCAAGAAAGTGCTATTTATTTATTGCATCTAAATCGTGCGTGTCGGAGCGGGACGGCTTGTTACTGAAATTGGTTTGCTGGAACGTTTTCAT
TGGCCCAAATCAGGCCAATCAGGGATGTCTACGTATTCTTTTTCACCGGCCAGGGCTGATTTCGATAAGCAATCGCATGCTGCCCTGTCGCTATC
GATTGCTTGAGCTGGAATTAGAAACACTAAAGTGACCGTTTGCTAATTAAATTAAATTATAAAATATATAAAATTAATATATTCTGGCATACAAT
TAATCACTTGCAGCAGGCTAAGCTAAGAAAACATAAAATTACTCCAATAACAATTCTTCTACTACTTAACAATTGTAGTAGTTACAGGAAGAACA
GTTGTGCTTCCAGAACATTCCTAAGCTTTTTAACGGCTTAAGGGTTTTGAAAATTTTAACTCACACTTACATCACATGTTAACAATTAAGTTTTC
ACCCGATAAAGTTCATAGTATTTAAAAAGTTAGAATGTTAATTATACATTATAATACAAATCAAAAACAAATAAAGGAATTCCAAAACTTTGCAC
CTGTATTTCGTTAATTTTAGGAACTTTTTTATCTATAAGTGCTAACTTTTACATTTGACTTTATTACATTAAAAAATTACAATTTTCGCTGGAAA
TGTATTATATTAATAAAAAAGATAAATAGCCAGAAATAGAAAAGTGAAATTAAATTAATTAAAACAAAAAAGCTTTGGTATTTATACCAATAGAC
CTTCTAAGGTATTTTTTAAGACCTAGCTTTGTGGCAGATACGGTAAGTTCGTGTCGAGCCCACGTGTTGAGCCAATCTTATCAAACGCCGATTCG
AATGCGGCATTAAACAAATGGATTCCCTTAACAACGGATGGTTCAGCGAACTGCAGGCCGATCTCTGGCCCGGTCAGTCATTCTCCCTGAAAGTC
AAGGAGGTCATCCACAAGGAGAAGTCCCGGTTCCAAGACATCCAGATCGTTGAAACGTAAGATAAATAATAGATAAACAAATACTTGGACACACA
ACCCCATTTGTTTACATCCGAAATTCCTCAGTCTAGACTGAAGTTTGAAGATAGATGTCAAAATAAATTAGCTTAGATTGAGATTAAAAAACTAA
ATTAAAATCATTATAAACACGCAAGTCACACAAATCCGAAATTTTTAACAGCTTAAGCTGTTGAGATTTTAAGGACTAACCTACAATAGCCTAAT
CCCATATGTATCCTACATTGAAGGTCCCTAAATCATAGATTGTAGAAATCGAAAATTTTCCACTGGTTGTTCAAACACAAATTGCCCAGCCAGCA
TTTTCGGACCCTTTGGTTTTCGTGTGTTTATTCTTGATCTGCACCAACAGCCTTATCGATGGAGTCATCTAGGGCCAAAAACGACAGACAGAATA
CTGATAGCAAGTCAGCTCGTCTTTCAGGTTTGAGTTCCTCCAGTCGAACATTGGGTACACTTGCGCCGCTGAAAAAATCAATAATTCGATAATTC
TATTACAGCGAAACCTATGGACGGTGCCTAATTCTGGACGGAATCATTCAGTGCACGGCCAGGGATGAGTTCTCGTACCAGGAGATGATATCTTT

CCTGCCGCTCTGCGCCCATCCCAATCCCAAAAAGGTCCTGATCGTGGGCGGTGGCGATGGCGGCGTTGCTCGCGAGGTGGTAAAGCATCCACTGG
TCGAGGAAGTGCATCAGGTGGAAATCGACGACCGTGTCGTCGAGCTGTCCAAGCAATATCTCCCAGCGATGGCCTGTGGTTTCGCCAACGAGAAG
TTGAAGCTTACCATTGGCGATGGATTCGACTATATGAAGAAACACAAGAACGAATTTGATGTCATCATCACCGACAGCTCGGATCCCATTGGTCC
GGCAGTGAGCCTGTTTCAGGAAAGCTACTACGAGCTAATGAAACACGCGCTGAAGGATGACGGAATCGTGTGCTCCCAGGGCGGTAGCTTCTGGC
TGGACCTGGACTACATCAAGAAGACCATGTCCGGCTGCAAGGAGCACTTTGCTAAGGTGGCCTATGCCGTCACCTCCGTTCCGTCCTATCCCTGC
GGCCACATTGGCTTCGTCATGGGCTCCCTGAACAAAAACCAGGACTTCGCTACTCCCAAGCTTGGAAAGTCCGAAATCGATTCTATAGACCTAAG
GTACTACTCCTCCGAGGTTCACTCCGCCGCCTTTGCCTTGCCTCGATGGGTGCAGAAGCACTTTTACGAATGACCAGGTTGCGGAAAGATTCGTG
TGTATCTGTTTGTTAAAAATAAATATGATAATAATATGACTTGTTTATCATCGCTTCTTAAATTCTTGGATATTTTCAACAAATGCTGACTCTTG
CAATGATTCATTTTTAGTCGAATTTTTGTAGCCTGAGTATTTTCCTTCCAATCCGACTACCATCTTTCAGTTATTTTACTGTTGAAAATAGAACA
AATTGTAATGTTTATTACGTAATGATATATACAGTTGGCTCTATTTAATTTTTGTATTTGTAAGTGGATGCTGGGTTAACATAATGAGACTTATT
GCAATATTTTACACGACCGAATGTTACTCTCATTTATATATCGCATATATTGCAAAACTTTGAAAGGAAGCGTTTCTTATATGCAAAAATGACCT
TAACTGCATGTGAATAATTAACTAAAAACTGATATTCAATTTCAATAACTTAATAGAAATTAAATCTTCAACCTGTTTAATGACTAATTAAATAT
TGTTATAGTTAGGAAACGCAATTGATACATAATTACAAAATTAGATGTAAAATATGTACAATCATTTAATATTGGTTTTTATTTTCTCGCCTATT
CTAAAGTTAATTATCATTTCTTTTGTGTCGGATAGATTTTGGTGTCTAATGTGCGTGTTTTTATGTGTAATAAATATAATGTATGTGCATTGCGA
TTTTGGTAGCCGAGCTCCAGTTTTCGAAAAAGTCGAATCATTTTGTGTCCAATTGAGAACTATTTCACATTTTTCGAAATAGATGGATAAACTAA
TTATTGTGTGTGTACGAATACTCCACTCCTTTGACTGGGTAAATTTGAATAAACCTATAAAAATTCCTAATTCAAGTATAATAATTTTGTCTAAA
TAAATCAATTTGTAAATGTGTATTCCAAAAAAAGAATCACGAGCAGTTGGAAAAAAATTAATAATAATGGTTTTGAAAACCGGAGCTTGACTGTG
TATAATTTGTTATGCGATTGATTTTGTATAGGGAATTTCATGTCTTCGCGATTACATTTGTTATAGCGTGTTTTATATTATCAAT
(SEQ ID NO: 934)

Exon: 1001..1196
Exon: 1719..2505
Start ATG: 1063

Transcript No. : CT24589
GTGTCGAGCCCACGTGTTGAGCCAATCTTATCAAACGCCGATTCGAATGCGGCATTAAACAAATGGATTCCCTTAACAACGGATGGTTCAGCGAA
CTGCAGGCCGATCTCTGGCCCGGTCAGTCATTCTCCCTGAAAGTCAAGGAGGTCATCCACAAGGAGAAGTCCCGGTTCCAAGACATCCAGATCGT
TGAAACCGAAACCTATGGACGGTGCCTAATTCTGGACGGAATCATTCAGTGCACGGCCAGGGATGAGTTCTCGTACCAGGAGATGATATCTTTCC
TGCCGCTCTGCGCCCATCCCAATCCCAAAAAGGTCCTGATCGTGGGCGGTGGCGATGGCGGCGTTGCTCGCGAGGTGGTAAAGCATCCACTGGTC
GAGGAAGTGCATCAGGTGGAAATCGACGACCGTGTCGTCGAGCTGTCCAAGCAATATCTCCCAGCGATGGCCTGTGGTTTCGCCAACGAGAAGTT
GAAGCTTACCATTGGCGATGGATTCGACTATATGAAGAAACACAAGAACGAATTTGATGTCATCATCACCGACAGCTCGGATCCCATTGGTCCGG
CAGTGAGCCTGTTTCAGGAAAGCTACTACGAGCTAATGAAACACGCGCTGAAGGATGACGGAATCGTGTGCTCCCAGGGCGGTAGCTTCTGGCTG
GACCTGGACTACATCAAGAAGACCATGTCCGGCTGCAAGGAGCACTTTGCTAAGGTGGCCTATGCCGTCACCTCCGTTCCGTCCTATCCCTGCGG
CCACATTGGCTTCGTCATGGGCTCCCTGAACAAAAACCAGGACTTCGCTACTCCCAAGCTTGGAAAGTCCGAAATCGATTCTATAGACCTAAGGT
ACTACTCCTCCGAGGTTCACTCCGCCGCCTTTGCCTTGCCTCGATGGGTGCAGAAGCACTTTTACGAATGACCAGGTTGCGGAAAGATTCGTGTG
TATCTGTTTGTTAAAAATAAATATGATAATAAT
(SEQ ID NO: 935)

Start ATG: 63

MDSLNNGWFSELQADLWPGQSFSLKVKEVIHKEKSRFQDIQIVETETYGRCLILDGIIQCTARDEFSYQEMISFLPLCAHPNPKKVLIVGGGDGG
VAREVVKHPLVEEVHQVEIDDRVVELSKQYLPAMACGFANEKLKLTIGDGFDYMKKHKNEFDVIITDSSDPIGPAVSLFQESYYELMKHALKDDG
IVCSQGGSFWLDLDYIKKTMSGCKEHFAKVAYAVTSVPSYPCGHIGFVMGSLNKNQDFATPKLGKSEIDSIDLRYYSSEVHSAAFALPRWVQKHF
YE*
(SEQ ID NO: 936)

Name: spermidine synthase
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013383927
GCCCTGGTCGACTTTGAGAAAGTCAGCGTCCCAGGATGAGATGTCATCAGTGCGCTTCTCCTTGTTCTCAACCTCTTCGGTAACCACAGGATCGT
CCTTGTGATAGGTGGCCCAGTGGAGCACTTTCTTCAGGATCAGCGAGTTGACATTCGGCAACGGCAGCACACTGTTGTCGCTCTCATCGCCCAAA
TCCTCTATTGCAATGCGAATCGTTTCCGAGCACTTGGCGATCTCCTGATCCGTGTCAAAGATCTCCTTGTCCGCAGACTCCAGCCGAATGATGGG
CATCTCTGCGTAAAAATTTTTATTTTTGCTTATATCTATATTTTCAATTTTATTCGTACACACCTCCTGCTGATTTGGATCCCAAGATTTGATAC
GAAATCGGTTTGATTTATTTGCAGACGCAGCCAAACAAAATTTTTAGACACAACACGATGTCACTTAGCTGTGGCCTACTGGCTAAAAATAATAT
TCCCTTGCCTTCAACTTGAACCGGACTGGTGCGGCGGCCGCCTGAGAACAGAGCGTTTGTTAAATAAAGAACTTGGCTGCCAATAATTCCCCGGA
TTCTTAGAAAACTAGAACGTCGTACGATTTGAAGAGGAAATTTGTTAGTGAAACGGCCGCCAGTGTGCACATACTCGGAATGGCTTTAAAAGATG
GCGCCTATTACAGTTAATGGTGTGGAGACACTGTGACAGCTAGCGGTAAACAAAAGCTCAGTTATATTTTTTTATAATGTATATATATATATTTT
TTTTAAACATATATATTTTGGCACAATTCAAGCGTGCTGGGCGTTGTATTATTTAAACAGAAACCTACAAAATTCTGCCTTTATAGTTAGTTTTT
ATCCTGTTTTTATTTAATGAATTTCAAATTTCAAATATTTTTGTAAACAATTTTAAGCTAGGCCAAGGGTTTGTGTCGCGGCTAGTGCAAGCAGT
CAACTTGCGGCATTTTTTAGTACATTTCCCTCTGTGCTGGGTTATATATTCGCAGGCTATACTCCACACTGCTTCCAGCGGAATCGTCAAAAAAA
TAACATTAAAATCGCCGTGTGCATAATTAGAATATTTCCGAATAGTAATCGCCCGTGAAATCGCTAATTAGCGGTCAGCACTTGCGCCAGTTAAA
GAAATCGCGGCACCGGCAGTGGGCCAAAAGAACATTTTTTCCGGCTGAAAAAAACAGGCGGCGGCGTCGACACGCGGACCGAACCAAAGGATCCG
AAGCCATCCGATCAGATCTAATCCGATCCGGAGAAAATTCCAGGACACTAAGGACTTCCGAAACTACCCCGCACAAGAGATGGACGTGTACGACG
TGAGCGATGATCTGATAAAGAAGCTGCAGGACTGGAAACTAATCGGCATCATATCCGGCAAGTTCAACGAGCTGAAGGAGAACCATCGCAAGGTT
GACTTCGTGATGCGCGCTCTTATTGACTTCAAGTACATTGAAAAGATATTCCTGAATGTAACGCTTCGAGAGGACAAGTGCAACAAGCGGAGCGT
GGAGTTCCGTATGCTGGGCAACGAGCAGTTTTCGCTCAAGAACAGGAATTACTTCCAGGTAATCATTGCCCCCTCAATCGGCAAACTTAAGCTAA
TCCCTGCGACTCGTTTCAGGCTCTAGAGCTGTACAACAAAAGCATCTGTTATGCCGAACCGAATTCGGAGCACCTGTCCATCGGCTATGCTAATC
GGTCGGCGGTACTATTCGAGTGGAAGCGCTATCGGCAATGCCTGGACAATATCAAGCTGGCAAGGCAGGCCAACTATCCGGCGAGACTGAGCCAC
AAACTAGACAAGCGAGAAAGGGACTGCCAACAGCTACTCGATCAGCAACCGCCGGATGTGGTGCCCTATGAGTTCAAGCTCAGTTTCGAACCGCA

TGCCCAGGTGCCCTTCATCGCCGACTGTTTGGAGTTGCGCGAAACCGCCGCCGAGGGTCGCTTTGTGGTGACCAATCGGGATTTGGCCGTTGGGG
ATCTTGTGTCCGTGGAGGAGCCCTTCTGCTCCACACTGCTGACGCCGATGCGATACATTCGGTGTGCCACCTGCAAGCGGGAGAACTATCTGACC
CTCATACCCTGCGACAGCTGCTGTTCCACGATGTTCTGCTCCGAGGAGTGCAAGTCGATTGCCATGCAAACCTATCACCGCTACGAGTGCCCCAT
CATTGACTTTCTGAACCGCATGTTCAACAAGATCCACTGTATCGCACTGCGCACCACACTGGTCGCGCTGAATATCTTTCCCAGCATCGAGGAGC
TAATTGACTTCTGTGAGCAGGAGCAGAACCAGGACAAGTGCGCCTTTGACCTCAACTACAACGAGCTGACGCCGGAGGAGCACTACCGGGCCATC
CATGGACTGGTGACAAACCAGCACCTGCGCTCCGTCTCCGATCTCTTCCAGCGCTCCGTGGTCTGTGCTGTGCTCAAGCACTTCATAATCGAATA
CACACCCGTCAAGGAATATTTGGGCGGCGAAGAAGGCGTGAACTTCTTCACGGACCTCCTGTTCCGACATCTGCAGACATCTCCCTCGAATATGC
ACGGCATCGACCTGGTCGAGCAGGTTAACGAGACCAAGGACGACCAGACGCACTCGTCTGGGGCGTACGCCTTCCTCTCGCTCATAAATCACTCT
TGTGCGCCGAATACTGTAAGGATATACGAGGGCACCAAGGCGTACATGTTCGTCCTGCGGCCTATTAAGGCGGGAAATGTGCTCTACGACAATTA
CGGGTAAGTAGTAACCAAAGCATTCTGACCACACCACTTTAGTTCAAGCTAATAGGGGTCCAAGTCACTGCAGCTCTCTTCAAATACTAAAACTA
ATAGATATCCAACTTTTTAGTGCTCACTTCGCCATCTGCAGCAAGGAGCAGCGTTTGAAAAGGCTGTCCCTGCAGTACCGCTTCGACTGCAAATG
CGAGGGCTGCGAGCTGAACTATCCTATGTTCGGAATGATGCCGCACAAGGCGACGGTGCCATCGGTTACCGATGACACGGAATTGGCACTGAGCT
CCTACAACTATGATTTCGCGGTGAGCAACTATCGAAAGTACTGCGACTTCCTCACGCAATACGGTGACGACTATCCGTGCGAGCAGATTAGCTCC
GCGGAGGAGTGCCTAAAGATGGCCCTGCATATCATGGCGGACGCAGTGCCGCTCAAGGCGAAGATGTAATCGGATCCTGCCGCTGAACCAACCCA
CACAACCAACACGGACGAACTTTTCCTTTGCTAACTTTAACTGGAGACAGCGTATTACAAGCGAGACACAAATCAAGGAGAGTAATTGATTATAC
ATACATGTTGTTGCCATAAGTCTGTAGCGCAGGCAGCAGCGCGATGGGGAGGGAGCATGCCCTTAACTTTTATATTTGTAATTGTACATTTTCGA
CCTTTGATTATGTTTTACCCCGCACCAAGCCCGCACACCACACCCACACAACGCCCAGCACACCCACACAACGCCCAGCACACCCACACAACGCC
CAGCACACCCACCACACATTTCACAACAATTCGAAAGTTCAAAATTCTAAAGTTTATTTATTTTTTGATCACAACAATGTCTTCGATGAAAACAA
ACAAACAAAGGATTATTATGCAACCTACGTCGTTTTTATAATTATTTTACAAAAACCAACTGAAGCAGAAATAAAATATTTTCAAAACGAAGTGA
CTTTGGCCTCAAGGCATTTTGCTGTACAGGTCCAGCAGGTTCTGGTTCAGCAAGGATCCTCCCCGGGACATGGACGTCGCCACCTTTTCCGAGGA
CGATGCCGATGTCGTGGGCTGCAGCTGTACAAACTCGCAGCCAGAGGAGCTGGCCGCTGTGTCATTGAAAAGCACATTGCCGAAGGCCTGCTCGA
ACTGCTGCTGGAACTGGCGGGCGTTGATGGGCTGCAGATCCTCACTTTGCGCCGGATTTATGTTCAGCTGAGCGGCCAGCTGATCCATGCTGTTG
GGCTCCCGTTGTTGGCGCTCCCGCTGGTCGGCACTCTTCGCATAGATATTATCGCCGGCTGACTCAACGTATTCCGCGTAGTAATCTTGATCCAC
GTCCCTGATGAAACTACCGTCCATGGCCTGAAAGCCCATGCGAATCAAAAGCGATATCTTTGTGTTAAAGCACTGCAGCCAGGCCCGATTCGTCT
GGTAGATGGACAGCTGCGCATCCTCACCGCTGGCATTCCAAAAGTCCAGCAGCGTGTTTTTCGTGAAGTCAATCAGCATATGCCGTTTGGCATCC
GGATACAACCTGTTGATCGCCTCCAAGTGCCGAAATGTAATCTCCAGCAGATGGTGCTGATGGCGGGAAACGAAAAGCTGCCACTTGTAGACCAT
AGTCATCAGATTCCACAGCTTGGACATCGACTGCTCGTCGAGTCGCATCAAGGAGCAGGTGGCAATGTCGTTCAGCATAAACTTGCAATGCTCGG
CGGTCAAAAGCTGCGCACTATTGTGTTTCGATCCGTTTAGGAGCGAGTCTATAAACTTTGGTTCGAGCAGCACAGAAGTCACATCGTGGATAACT
GGTGGAAGATATATATATAGTGTCTTTTAAATTTGAATTTGAATTTGAATTGAAGCATATAGCTATGCAGAAGACTC
(SEQ ID NO: 937)

Exon: 1001..1578
Exon: 1635..2758
Exon: 2871..3637
Start ATG: 1315

Transcript No. : CT24669
CGCAGGCTATACTCCACACTGCTTCCAGCGGAATCGTCAAAAAAATAACATTAAAATCGCCGTGTGCATAATTAGAATATTTCCGAATAGTAATC
GCCCGTGAAATCGCTAATTAGCGGTCAGCACTTGCGCCAGTTAAAGAAATCGCGGCACCGGCAGTGGGCCAAAAGAACATTTTTTCCGGCTGAAA
AAAACAGGCGGCGGCGTCGACACGCGGACCGAACCAAAGGATCCGAAGCCATCCGATCAGATCTAATCCGATCCGGAGAAAATTCCAGGACACTA
AGGACTTCCGAAACTACCCCGCACAAGAGATGGACGTGTACGACGTGAGCGATGATCTGATAAAGAAGCTGCAGGACTGGAAACTAATCGGCATC
ATATCCGGCAAGTTCAACGAGCTGAAGGAGAACCATCGCAAGGTTGACTTCGTGATGCGCGCTCTTATTGACTTCAAGTACATTGAAAAGATATT
CCTGAATGTAACGCTTCGAGAGGACAAGTGCAACAAGCGGAGCGTGGAGTTCCGTATGCTGGGCAACGAGCAGTTTTCGCTCAAGAACAGGAATT
ACTTCCAGGCTCTAGAGCTGTACAACAAAAGCATCTGTTATGCCGAACCGAATTCGGAGCACCTGTCCATCGGCTATGCTAATCGGTCGGCGGTA
CTATTCGAGTGGAAGCGCTATCGGCAATGCCTGGACAATATCAAGCTGGCAAGGCAGGCCAACTATCCGGCGAGACTGAGCCACAAACTAGACAA
GCGAGAAAGGGACTGCCAACAGCTACTCGATCAGCAACCGCCGGATGTGGTGCCCTATGAGTTCAAGCTCAGTTTCGAACCGCATGCCCAGGTGC
CCTTCATCGCCGACTGTTTGGAGTTGCGCGAAACCGCCGCCGAGGGTCGCTTTGTGGTGACCAATCGGGATTTGGCCGTTGGGGATCTTGTGTCC
GTGGAGGAGCCCTTCTGCTCCACACTGCTGACGCCGATGCGATACATTCGGTGTGCCACCTGCAAGCGGGAGAACTATCTGACCCTCATACCCTG
CGACAGCTGCTGTTCCACGATGTTCTGCTCCGAGGAGTGCAAGTCGATTGCCATGCAAACCTATCACCGCTACGAGTGCCCCATCATTGACTTTC
TGAACCGCATGTTCAACAAGATCCACTGTATCGCACTGCGCACCACACTGGTCGCGCTGAATATCTTTCCCAGCATCGAGGAGCTAATTGACTTC
TGTGAGCAGGAGCAGAACCAGGACAAGTGCGCCTTTGACCTCAACTACAACGAGCTGACGCCGGAGGAGCACTACCGGGCCATCCATGGACTGGT
GACAAACCAGCACCTGCGCTCCGTCTCCGATCTCTTCCAGCGCTCCGTGGTCTGTGCTGTGCTCAAGCACTTCATAATCGAATACACACCCGTCA
AGGAATATTTGGGCGGCGAAGAAGGCGTGAACTTCTTCACGGACCTCCTGTTCCGACATCTGCAGACATCTCCCTCGAATATGCACGGCATCGAC
CTGGTCGAGCAGGTTAACGAGACCAAGGACGACCAGACGCACTCGTCTGGGGCGTACGCCTTCCTCTCGCTCATAAATCACTCTTGTGCGCCGAA
TACTGTAAGGATATACGAGGGCACCAAGGCGTACATGTTCGTCCTGCGGCCTATTAAGGCGGGAAATGTGCTCTACGACAATTACGGTGCTCACT
TCGCCATCTGCAGCAAGGAGCAGCGTTTGAAAAGGCTGTCCCTGCAGTACCGCTTCGACTGCAAATGCGAGGGCTGCGAGCTGAACTATCCTATG
TTCGGAATGATGCCGCACAAGGCGACGGTGCCATCGGTTACCGATGACACGGAATTGGCACTGAGCTCCTACAACTATGATTTCGCGGTGAGCAA
CTATCGAAAGTACTGCGACTTCCTCACGCAATACGGTGACGACTATCCGTGCGAGCAGATTAGCTCCGCGGAGGAGTGCCTAAAGATGGCCCTGC
ATATCATGGCGGACGCAGTGCCGCTCAAGGCGAAGATGTAATCGGATCCTGCCGCTGAACCAACCCACACAACCAACACGGACGAACTTTTCCTT
TGCTAACTTTAACTGGAGACAGCGTATTACAAGCGAGACACAAATCAAGGAGAGTAATTGATTATACATACATGTTGTTGCCATAAGTCTGTAGC
GCAGGCAGCAGCGCGATGGGGAGGGAGCATGCCCTTAACTTTTATATTTGTAATTGTACATTTTCGACCTTTGATTATGTTTTACCCCGCACCAA
GCCCGCACACCACACCCACACAACGCCCAGCACACCCACACAACGCCCAGCACACCCACACAACGCCCAGCACACCCACCACACATTTCACAACA
ATTCGAAAGTTCAAAATTCTAAAGTTTATTTATTTTTTGATCACAACAATGTCTTCGATGAAAACAAACAAACAAAGGATTATTATGCAACCTA
(SEQ ID NO: 938)

Start ATG: 315

MDVYDVSDDLIKKLQDWKLIGIISGKFNELKENHRKVDFVMRALIDFKYIEKIFLNVTLREDKCNKRSVEFRMLGNEQFSLKNRNYFQALELYNK
SICYAEPNSEHLSIGYANRSAVLFEWKRYRQCLDNIKLARQANYPARLSHKLDKRERDCQQLLDQQPPDVVPYEFKLSFEPHAQVPFIADCLELR
ETAAEGRFVVTNRDLAVGDLVSVEEPFCSTLLTPMRYIRCATCKRENYLTLIPCDSCCSTMFCSEECKSIAMQTYHRYECPIIDFLNRMFNKIHC
IALRTTLVALNIFPSIEELIDFCEQEQNQDKCAFDLNYNELTPEEHYRAIHGLVTNQHLRSVSDLFQRSVVCAVLKHFIIEYTPVKEYLGGEEGV

NFFTDLLFRHLQTSPSNMHGIDLVEQVNETKDDQTHSSGAYAFLSLINHSCAPNTVRIYEGTKAYMFVLRPIKAGNVLYDNYGAHFAICSKEQRL
KRLSLQYRFDCKCEGCELNYPMFGMMPHKATVPSVTDDTELALSSYNYDFAVSNYRKYCDFLTQYGDDYPCEQISSAEECLKMALHIMADAVPLK
AKM*
(SEQ ID NO: 939)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: BcDNA:LD29892
FlyBase ID: FBgn0027495

Celera Sequence No. : 142000013384673
CGAGACCCCCAATTCCACACTATGGAGTAGCGACGGATGCATTTGGAGCGATGAAAGCAGCAAGAGCAGCCGGCATCGTTCGCAACTCTCTGTCA
AAATGGCCCGAGAACACTGTGTCGTATACGCAATGCCGCGCAGCCACTAGTTGCTGGTGTTGTGATGATGATGATGATGAAGGTGCTATTTGGTA
TGGATGTGACTGTTGACTTTGCCTCCGTTTCGATTTGAGTTTTTGGGTGTGTTTGCTGTGGCGGTTCTCTTTCGTTTTTTTTTTTTTGGGACTTT
TTCCGGAGAAGAAACAACACATATACTCACTTGTATATCGTGTTCCTGAACAACAATATCAATAGTTTTGGTTAGCTCGTGTATTTGCCCTCGTG
CTGTGGCCATTTCTATTGTGGTGTGTGTGCGTGGAGGGTTTTTGGCTTTTTCCACCAGCAAAGAGATAAACTCAAAAATGTGAATGGGAGCTCAT
TCACCGGGTTTTCGGGGAGTTCGGGACCTATGTATGTATGTATGTTTGCTCATCAGCAGGTTGCCAGCTTTCTGCTTGCTAATGGCCCAACAACA
AACAGTCGGACATTTCGAAATTGTTTCTAGAAATTATGAAATCGGAGCAGCGTCGAAAAAAGAAGATAGATAAACCCAATACGGTTGTAATTAGT
AGTACAAAAATAAAAAAAAAAAACGAAAGTCAGGCACTGCTTCGCATTCATTTGAAGGGCCATGAACTGTGAGCACTTGAAGAGTGCTAATTGAT
TAAGGCAAAAGCAAAAGCAAGTGAACCGCGATTTGTAGACCCATCGGGATTACGCCTTTATCAGTCTGGCGTTTATCCGGTTGCGGTGGCATTAT
CTTCCGGGCGACTCTCGAACTTTGTTCCCTTTACTTCCTGGGAAACTTTATTAATGAATTAATTCAAGTACAGTTGCGGTTAAAATAATAACACT
ACTGCAGTTGCAAAGTTGATTTCCTAAAAAAAATTATTAAATATTTATTTAAGTCAGATTGCATGAATAATAAGTACCATATGTAGTCTCTTTAA
GTAGTAAATGTTAACTCTCTCAATGTAACGGTTCTTTTTGTTTTTGGTCACTTGCTGCAAAAGTGCGCGAAATTAGGCGGTAACAAAAATAGTAC
TGATTACGTATTTGCTGAATAAAATTAATAAAAAATACAAAAATAAATTTGATTAAAACAAAATCAAACAAAATGATCCGCAAAGCACTGCTGTT
TGTCGAAAAGAACGAAACACGGCGAAGAAAGCCCTCAATGTCCAACGTGGAGATCAGGCGCTTGGTTCGGCAAAGCAAGAAGGATCAAGATGAGA
GCAAAATTGTGTTGTTTGGTGGGAAAGGCTCTTGGTCTTATGTTCGGCGTCCACCACGAACTGAATATAATCATCGCTTCACCTTTAAGGCGGTA
AGCACATCATGGATCAGCACATTTACACAGATATCCTGGAAAATCTGATGCTGCCATATGCCGAGGATGAAATGCCGTTGGTTTGGACATTTCAA
CAGGATAACGACTCAAAACACACGAGCAAATCACTGTAGTATTTAAGTTTAGTCAGCAATATGATGAAAAAGTGTTAGAAAATACAGAAACGGTG
GGCCAAACACGAAATGTGCTTATGGTGCTATTATTGTTACCGCAACTGTACAATACGACCATGGATATTCGATATCGTTTCGGGTCAATTCCGCT
TTTAGTTTCGTTTCTATCGCATCGACCAATCGGGCCGTGCGACAAATTTGCGTTTTTTATTGATAAGGCGCTCCGCCGTACCCTCGAAAACCCCT
TGTGCAGTGATAAGCGCCGAAATTTATATGACCATGGGTGGCACGTCATAAACATATATTAGATTAGAGAAATTAAATTCTTCTTTCAGCGCCAA
CGGCCAGCCAAACATCTTACCTAACTTGGCCGGATTTAGTGTTTAATCTAATCGCAGTATTACGGCGCACATAAATATGTACTTCGGTCTCGACT
GGGTGCAATAAAAAAAACAAACGTGTAATATATTTTAAGTCCGGATCTTACATAACAGTCTCGCAAAGAATGCCGGGTGCATTCACAGCCAGAAA
TTATTATGTTTTATTTTATGCGGCATCTCTGAATGTTAACTAAATGTTGCACATCGCCTTTATTACTATTGTTTCAACGATTAATGTTTGATTAG
GAATTTCTGTCATGTCAGCATATATAGCGAAAATATGCCCCAACTAAATATCATGGAATAAAGTAGCATCATCACTCCCCGAAGCGAGTTCCAAA
ATGATGATTCATTTGCCTCCAAATTCGGTTATCACAAAGGGGTACAAGCCCCAAAAATGTTGACGCATCTTTGGGTACATTTGGCTTTTGTTAAT
AATATGGGATTCACCTTGAAGGTACGCAAATGTGCCAAAATTACTGCACAGCATTAGTTATTTTTATATAGAATAAGCAAATAGGTTTTATTTTT
AGAATTTCAAAAAATCAGTTATCTTCTTTACAAAAAAACCAGGGCTGCGCCTTTTGTTGGTTTGAGTCCAGGGTGGATGAACGTATTTGTCAGCA
CTTTGTGACCATATGTTTGCGATAAGCATATATGCGTAAGCATATGTTAAATATTTGAATGTGCGTCAAATTAGCGTCGTTGAGTTAGCCGCGAT
GGCTGAACATTGGAAAATTTTTTTATTTATTAATTTTTTGTTATATAGAGGTGAATTCAAAGAAATAAAAATTCAAAAATGTGTCGCGCGTGCTT
GTCCCGCCGTATCTCGCCAACGTTATCTAGTGGCTAATTTACTTTCTTTAGTTAAATCTTTCTTTTCGTAACATTATTGCATATCTGTTTTTTGA
AATGCACCGCGAAATAACTATATATTCAATAAAACAATACCTAATAGTTATTGCAACTAAACCAATTAAATTTTTATTTAGTTGTATAAAATATT
TGTACGATATATCGTGGTTAAATCTTGCAAACTATCGTCGCTGGTGTTCCGGGTGAACCACGCGGCGGTCACACTGAAAACATCGCTGGTATTTC
GTAACGCTCAGCAACGGTCACTCTGCCATCCTTCTTTTTATTTCCGCCGTTTGCCGAGAAAGTTGGAAAATTATGGGTGAGTTGCTGAAAAGCGT
AGTTTTTGTGCGAATTAAGCGAACAGCGCTGACAAACAGTGAACAAACGGAGCTTACAATGCGGCGCGGCTGAAAGAGTAAGTGAATTTGCGCCG
AAAGTGCGAAAATATTGGCAAATGCAAGTCGCGGAAACTTGCGATTTCAGCTGTCCGAAAATCGCACAAAATCCAGTGAATCTTTGGTTCCAGCG
AACAAATATTTCGTTTCACATGCAAAAGCAATCGATGTGCACAAGGCACTAAAGTTATTTGTGTGAAAAATGCATTTGGCAGTATTTCCGAGCCT
GGACTCTGTCTAACCTCAAAACCGAAGCCGCACAAGCTGCCATTTGTTTACATTGTGTTGTTGCATCGCAGACGCATATTAACTATAGCTAATGT
ATACGTTTAATCTACAACAGGCAAGCCAAGAGGTCTGCGCACTGCCAGGAAGCATGTGAACCACCGTCGCGACCAGCGTTGGGCCGACAAGGACT
ACAAGAAGGCTCATTTGGGCACCAGATGGAAGGCTAATCCCTTCGGAGGTGCTTCCCACGCCAAGGGAATCGTCCTGGAGAAGGTGTAAGTACAC
GGTGGTTGACCCCACCATTGAAGTGCTATGCCCGCCATCCGGATGAGATGGCGGGGTTAATAACACGTCTCGACGCCTCGCAGTATATTTTTGTG
TTTTGTTTCGTTTTGCAATCCAAATCACAGGATTATACTGTGAGATGACCAGCGTGCCAGCAGCGAAAAGCGACTGATATGATATCAATTATATT
AATCTCTTAGTAGTATATCAAAACTAATCGGTTTCCTCTACTCCACAGCGGCGTCGAGGCCAAGCAGCCTAACTCTGCCATCCGCAAGTGCGTGA
GGGTGCAGCTCATCAAGAACGGCAAGAAGATCACCGCCTTCGTGCCCCGTGACGGTAGCTTGAACTACATTGAGGAGAACGACGAGGTCCTGGTT
GCCGGTTTCGGTCGTAAGGGTCATGCCGTCGGTGATATTCCCGGTGTGCGCTTCAAGGTTGTCAAGGTCGCCAACGTCTCCCTGTTGGCCCTCTA
CAAGGAGAAGAAGGAACGCCCAAGATCTTAGATGAACATGCATCTAATCTTTTTCCAGACAAGCAGAGTTAGGGTTTTACAAATCTAAATAAACA
AAAAACAGAAACAAACTTGTTAAATGTTTCAATTAAATGTGATTTCCTTGAATATATTTGTGGCTCGCATGTTTGTGTTTACTGATGGTAGAATA
TAGTGATTCCAATCGATTCTGTTTTATAAGGCCGATGTACTTAATGAGTTACATACTTGCATATTTAAACTATAACAGTTTACAGTTTCGTTGT
TTTCAAGTATTTTCTGTAAAATTTAAAAATGATTATTGCCCTATATTCACATCTATGCGAAATATATTTCCCAAATTTTCGAATTTCAAAAAATA
TATAGGTATTTTTGAATCCTCTTATTGGAAAAACAATAAATATGAACATATATATTTTAAAAAGAATATATGTTTATCTTATTATTAATCAAGTT
TTTAGACTACCTGGCAACCATGGTAGTGATGCAAAGCGAAGATGCTCGAGTGCTTTCCAGCACTATTAGCCGCGTAAATTCGAATTTTTTAAATT
TGCCTAAGCGAACTCAGGACTTGCTCTTAGTTTCAGTTTCGAAAACTATGCATTCCACTAATAACTTAATTGTCAACCACACATTGGCCACCAAA
TTGTGCGATGCCGGAACACTCCTTCGATGCGGCGAACTGTGCGATCTGCAGGCGGTCGTACCTACCGCAGTTGCTATTGCCAAGTATTTCTTACA
TAACAGAACGGCAAGAGCCGCGGAAACAGACAGCCATCATCAAAGCATGAGGCCCGGACCTGGACCACAGCAACGTGTGCCGGGCTCCATCAGCG
ATAAGGAGTCACAAACTGCACCTCCTACCTGGCGGTGCACAGCGAGAAATCGGAGCACTTCGAATCGGGCTCGATTTGGAGTGGAGCTGTCTGAT
TTCTTGCAGTGCCTCGGTTCGATCTGCTTATCAATAATTTGTTTTTTTTTCTCCTCTTTGCCGCATTTAGGCAGAGATTCGCTGGCGATAGCCGC
TCAAGTGTCACACGCCCACATTTTTGGAGCAGTCGATGTCGATGGAGCGGCTATTTGCACATACGCCACGCCAATAAACTTGTACCCA
(SEQ ID NO: 940)

Exon: 1001..1348
Exon: 1420..1501

Exon: 3052..3116
Exon: 3536..3695
Exon: 3944..4313
Start ATG: 1273

Transcript No. : CT24703
AAGTCAGATTGCATGAATAATAAGTACCATATGTAGTCTCTTTAAGTAGTAAATGTTAACTCTCTCAATGTAACGGTTCTTTTTGTTTTTGGTCA
CTTGCTGCAAAAGTGCGCGAAATTAGGCGGTAACAAAAATAGTACTGATTACGTATTTGCTGAATAAAATTAATAAAAAATACAAAAATAAATTT
GATTAAAACAAAATCAAACAAAATGATCCGCAAAGCACTGCTGTTTGTCGAAAAGAACGAAACACGGCGAAGAAAGCCCTCAATGTCCAACGTGG
AGATCAGGCGCTTGGTTCGGCAAAGCAAGAAGGATCAAGATGAGAGCAAAATTGTGTTGTTTGGCGGTAAGCACATCATGGATCAGCACATTTAC
ACAGATATCCTGGAAAATCTGATGCTGCCATATGCCGAGGATGAAATGCCCAACGGTCACTCTGCCATCCTTCTTTTTATTTCCGCCGTTTGCCG
AGAAAGTTGGAAAATTATGGGCAAGCCAAGAGGTCTGCGCACTGCCAGGAAGCATGTGAACCACCGTCGCGACCAGCGTTGGGCCGACAAGGACT
ACAAGAAGGCTCATTTGGGCACCAGATGGAAGGCTAATCCCTTCGGAGGTGCTTCCCACGCCAAGGGAATCGTCCTGGAGAAGGTCGGCGTCGAG
GCCAAGCAGCCTAACTCTGCCATCCGCAAGTGCGTGAGGGTGCAGCTCATCAAGAACGGCAAGAAGATCACCGCCTTCGTGCCCCGTGACGGTAG
CTTGAACTACATTGAGGAGAACGACGAGGTCCTGGTTGCCGGTTTCGGTCGTAAGGGTCATGCCGTCGGTGATATTCCCGGTGTGCGCTTCAAGG
TTGTCAAGGTCGCCAACGTCTCCCTGTTGGCCCTCTACAAGGAGAAGAAGGAACGCCCAAGATCTTAGATGAACATGCATCTAATCTTTTTCCAG
ACAAGCAGAGTTAGGGTTTTACAAATCTAAATAAACAAAAAACAGAAACAAACTTGTTAAATGTTTCAATTAAAT
(SEQ ID NO: 941)

Start ATG: 273

MSNVEIRRLVRQSKKDQDESKIVLFGGKHIMDQHIYTDILENLMLPYAEDEMPNGHSAILLFISAVCRESWKIMGKPRGLRTARKHVNHRRDQRW
ADKDYKKAHLGTRWKANPFGGASHAKGIVLEKVGVEAKQPNSAIRKCVRVQLIKNGKKITAFVPRDGSLNYIEENDEVLVAGFGRKGHAVGDIPG
VRFKVVKVANVSLLALYKEKKERPRS*
(SEQ ID NO: 942)

Name: ribosomal protein S23-like
Classification: ribosomal_protein

Celera Sequence No. : 142000013384673
CGAGGAGGCAGACGCCACAAATGCCACGGACCAAATCATGAATACTTTGAATGCAGCCAAAGCAACGCTTCAACAAGAGCAATATTTTAATAACA
ATACCAATCTTAGTAGGAACTTCAATCACAATCACAACCAGAGCATCATCCACATCAGTAGCCAGAAAGCCAACGGCAAGAAGTCCAACGAAACA
CCAAAAGATATTTATAATCTGAACTCAATCGAGCATATCGACTTGATTTTGGAGGATAAAAGCCTTACCAAAGCAATACACGTTACCGGCTCTAA
ATGCTTTGTCACCATGAAGAAAATCCGACGGCTGGGAAAATATTTTCCCGTGATGAACTTCTCTTAATAGACACAGTTACTTCTTTGCAAAGTGC
ATTCTAAATATTAAAAAGAAACTCGGTTAAGCGAACTACATAGAAAATATGCATGTATTAATTAAAACGTATAAACGTCAACGTTATCCCCCGTA
TATAGGAAAGAGCGCGAGAATATTTAAATTTAGTGGTAGCGTAATTGTTTTGTCTGTCGTCGTCATTACGCTTAAATTATTCTAAATATATTAAT
TTATGTTAATTATAAGTCTAATCACTCAATGCAATATTTAGTGAAAATACATTAATGCCCATATGACAATTGACTAAAAAGGTTATTTGTTTTCT
TTTTAACAAATTGTGACGAATTAAAATGGAATGAAACTCGCAACTCGCACAATCTAAAATTGGCAATTCAAATGTTTGCGCCCAACTACAGTGTG
TACACACCACAAATGTTGTAGAGTAGGTAAAGGAAATAAAGCAATAAACATTTAACTACTTAAAGCTCTTAAGATGTAGTTAAGCAATGATGGAT
GTCACCAAGCAATTTTTTTTTATTGTAAGAAAAATATACAATATACAAAAATATATTCTTTTATTTTACAAAATGATGCGTGTAAAATACATTGT
ACCTAATGCAGGTACCCCAAACGAGTACAAGCCACCCTTTTCAACTCTGGTCACACAGAGCACATCCCGTAAAGTTTTTCAGAGATGAGTTTGCG
GCAGGAAAATTGAATTATTCACGGAAATAAACAAAGTAAACTAAGTGGAAACTGTAATCCTGACCAGCAATTATGTTGCGCATCTATCAAAATAC
TTACCGGTGAGAGACCACGCCCGAAACGCGAAAGCCTTACGTGCAGATTTTCTGCACGATTTCGTCATCGGCGAATCTCATCATTCAATGTGTTT
TGCCCACAGGCGCACCGCGAGAAAAGCTGTTGTCTACTCCACCAAGGTCGCCTGCTGCAATCATTCCACGCTCTGTGGCATCACCAGCCATCCAC
GTCGGGCGCAGGATAGCGGGAGCTCCAGTTCGAATGGCAGGCACCGTGGCCACGAGGAGTTCCTACTTGCCGGCAATCCGGCGCGGGGCTGGCAA
ATGCCTCCGCCGTCGCGTGGTTACGGAATGCTGGTGGTGCGCATACTGCGGGGAGCCCTCAAGCTGCGATACATCGTCCTGGGCGGCGCCATCGG
CGGGGGCGTGTCGCTGAGCAAAGTGAGTTTCGCAAGTTATATAACTTGTATAGAACTTAGGAGACATGATTTGTTTTCCGCAGAAATACGAGGAA
TGGAAGGATGGACTGCCGAATTTTAAGTGGCTGGAGGATGCCATGCCGCAGGGCGAACGGTGGAGCCAGTTCTCGCGGAATCTCATTGAGGTGGG
CTCGCTGGTGAAGAACGCCATCGAAGTTGGTGAGTGTCCATGTAGACCTACCATCGCCCTTTCAATCTCTCACTTTAAATGGTCATATACCTTGG
TCAGATTCGCATTGAACTCTTCGTTTTGATTGATTGATACTGATGTTATTGGGGCGTTTGCTTGTAGATCCAAAGCTCAAGCAGCTGGGCGAGGA
TAAGTTGTCGGAATGGCGCAACTGGTTTGACAGTCGTCTGGACGATGCCATCGAGGCGGCCGATTATCAAGGAGTTCAGATTGTCGAAAGTAGGT
TACACAAATTACACAGACTCCCAACGTTGGGACCATTTAAAGTGAGAGATCCCTATCTACCGCATTCGAGACTTATTCCTAACATCTGTTGCAGC
CAAAGATGACTTAAAGGCCAAAACAACGGTGGCCGCTTTAGGCATAACATCCGATGAGAGTCGTAAGAAGTATGGTAGGTTTTTTGCACACCTGC
CGAAAGATATACTATATCTAATCCTTCTGTGATTCCGCAGAGAAACTCCAGAGCCAGGTGGAGACGCTGCAGACGGAGATCATGAACGTCCAGAT
TAAGTACCAAAAGGAGCTGGAGAAGATGGAGAAGGAGAACCGTGAACTACGCCAGCAATACCTCATCCTGAAAACAAACAAAAAGACCACGGCAA
AAAAAATCAAAAAATCCCTGATCGACATGTACTCTGAGGTCCTTGATGAGCTATCCGGCTACGATACGGGCTACACCATGGCCGATCACCTACCC
CGTGTTGTGGTAGTGGGAGATCAGAGCAGCGGCAAGACCTCTGTCCTGGAATCCATTGCTAAGGCTCGCATCTTTCCCCGTGGCAGTGGAGAGAT
GATGACGCGAGCCCCAGTCAAAGTTACTCTGGCTGAAGGACCATACCATGTGGCTCAGTTCCGTGACTCTGACCGGGAATACGATCTCACCAAGG
AGTCTGATCTGCAGGACCTCCGTCGGGATGTGGAGTTCCGAATGAAGGCGTCGGTGAGAGGTGGTAAAACCGTCAGCAATGAAGTCATTGCCATG
ACGGTCAAGGGTCCCGGTCTGCAACGCATGGTTCTAGTCGATTTGCCAGGAATAATTTCGGTGAGCAAGTCAATACAAGTAAAACTGCGCACATC
TAATGCTAATATCATTTTAGACCATGACTGTCGACATGGCCTCAGACACAAAAGATTCCATTCACCAGATGACCAAGCATTATATGAGCAATCCG
AACGCCATCATTCTCTGCATTCAGGATGGATCTGTGGACGCTGAGCGCAGTAATGTGACAGACTTGGTCATGCAGTGCGATCCCTTGGGTCGACG
CACTATTTTTGTGCTCACAAAGGTGGATCTGGCCGAGGAGCTCGCCGATCCTGATAGAATAAGGAAAATCCTTTCGGGCAAACTCTTCCCCATGA
AGGCTTTGGGCTACTATGCCGTCGTTACCGGTCGTGGACGAAAGGATGACAGCATAGATGCTATTCGGCAGTATGAGGAAGACTTCTTTAAGAAC
TCCAAGCTTTTCCAGTAAGTATAGAGAGGATGTGATTGGTAAATTCCAAAGTTCACCTCTCTCCATACTTAGTCGTCGAGGGGTTATCATGCCCC
ATCAGGTGACCAGCCGCAATCTGAGCTTGGCGGTGTCAGATCGTTTCTGGAAGATGGTGAGGGAAACCATTGAGCAGCAGGCGGATGCATTTAAG
GCGACTAGATTTAATCTGGAAACCGAATGGAAAAATAACTTCCCCAGGTTTGTAAAAATGTTTTAAAAAATATAAGAGATCTATAACATTTGAGG
TATACTCTTTTAGATTGCGCGAGTCTGGTCGAGATGAGCTGTTCGACAAGGCAAAGGGCGAGATACTGGACGAGGTGGTAACGCTCTCGCAAATC
TCCGCTAAAAAGTGGGACGACGCTCTGAGCACCAAGCTATGGGAAAAGCTCTCCAATTATGTGTTTGAAAGCATCTATCTGCCCGCTGCACAGTC
AGGTTCTCAAAGTAATATTTTGTAGTACTAAGTGTAGGTTGTAAGCAGATTTCGCCGACGTCATCGATGGGGGCACGTCCATCCAATCGCCCGCC

Celera Confidential

TTGTGTGCTCCGTCATTGTGTGTGTTTCTTGCAAGAAGATATGGCTTGGCCTCGAACCTCACGTGTCTCTGCAAAACGTTGTGTCGTTTAAATGT
TTTGTTTAATTTTGTATTTATCATGGCCCGCATTCAGCGTCGAATTCCCGTGCAAGGGAATCACATGCGTTAAATAATTTCAAACCGGTTTGACT
GATATTCCTGCAACATTTCTTGAATCACAAGTGTAAATTTAATGTGTACTCCCCGGCGGACGATTTCGAATCCCATTAACACCGTTTGCCTTTGC
CCCAAAATAGTGACCCGGGATTGTCACAGGTTCTGCGTTGCGATCATGTGCCGGAAAGTCGCTTATAACGAAGATTTACGAGCACCTGTACCGAA
ACCAGATTTTGGTTTATGTTCACATTATAAAAACGTATGCGATATTAGCGATTTATGACCGAAAAACCCGTTTAAGCCATCGCTCAGCTTGTGTT
TATTTAGCATTTTATGACAGACCTGTTAATTTGCTCAATGAATTCATCCAAATCAATGTCTAATTGAATTAAATTGCAGTTATCGAGTTAGGAAT
CTGAATGTTTCGTCGCTTTGTTTATCATTCCCCCCGTAGTTGTGTGTCTAGTTAATTTGGCTCAACTAATTTCATACGATTACTATGCTCTTTAT
AGATTCCTTCAACACGATGGTAGACATCAAGTTGCGCCAGTGGGCCGAGCAGGCACTGCCCGCTAAGTCGGTGGAAGCTGGCTGGGAAGCGTTGC
AGCAGGAATTCATATCGCTGATGGAGCGTTCGAAGAAGGCGCAGGATCACGACGGCATCTTCGATCAGTTGAAGTCTGCGGTGGTGGATGAGGCT
ATACGTCGGCACAGCTGGGAGGACAAGGCCATCGACATGCTTCGCGTTATCCAGCTGAATACGCTGGAGGATCGGTTCGTGCACGACAAGCAGGA
GTGGGATTCGGCGGTTAAGTTCCTGGAGAGTTCGGTGAATGCCAAGCTCGTGCAGACGGAGGAGACTTTAGCACAAATGTTTGGTCCCGGCCAAA
TGCGACGAATTACCCACTGGCAGTACCTGACGCAGGATCAGCAGAAGAGGCGAAGCGTTAAGAACGAACTCGACAAAATACTCAAAAACGATACG
GTATGGGTAGTATACATTATATAGTTAGTTATTCCTCATTTACACGCATTACATTATGTTGGTAGAAACATTTGCCCACCCTGACCCATGATGAA
CTGACTACGGTTCGCAAGAACCTTCAGCGTGATAACGTGGATGTGGACACGGACTACATAAGGCAAACGTGGTTCCCGGTCTACAGAAAGTAAGT
TGTAATGCTAAACCATTTAGACTGCTTATCAGTTAGCACATATGTCTCTTTTTTCAGACACTTTCTGCAGCAGGCGTTACAGAGGGCAAAGGATT
GCCGCAAAGCATATTACCTCTACACGCAGCAGGGAGCCGAGTGTGAGGTAAGTGTTAAGGTTTTCCCTCTTATCTGAACCAATTTACTTAACTTA
TTGCTTTCTCAGATATCCTGCAGCGACGTCGTGCTCTTCTGGCGCATCCAGCAGGTGATCAAGATAACAGGCAACGCACTGAGACAGCAAGTAAT
CAATCGGGAGGCGCGGCGGCTGGACAAGGAGATCAAAGCGGTGCTGGACGAGTTCAGCGATGACGAGGAGAAGAAGGGTTACCTGCTCACCGGCA
AGCGCGTGCTACTAGCCGAGGAGCTAAGTGAGTGCTTTGCTTAATTGAATTTGGCGCCAATTTAATTGCTTTCAATTCAACAGTCAAAGTGCGGC
AGATCCAAGAGAAGCTGGAGGAGTTCATCAATTCACTTAATCAGGAAAAGTAGTGTGCCATGACCAAAGACACAACACCCGAGGCGTTACTTATT
TAACTTGATAGTTTAAGACCACATTTGAAATGTTTGTTCATAGTCACGCTTGAGCCCCTTAGTTAAGCATACTTTGTGCTCCGAAAGTAATAAAC
AAATAGATCGTTAGTTCGTATTATTGAAATCGTCTTTATTGTTTATGAAGTGTAACCTTATGTCGCATGCAATGCAATGTAAACTCATTAATTTA
AATGTAATATAAATCATTCATTCTGTTTTAATGTAATTGTAGTTGATAAACGTTAACGCGAAACGCACTCATCGTGCTGAGTATGTAGCGGTCCG
TGTGTGTTTCTGAATCTGTATCGTGTAATATATATATATACATATATATTTAAATCGGTTTGCATAAGAGCACAGCACTTTTACCAGATGCCTCA
TCGTGCGGTTGATTGTTTGTTTCGTTTTGTCCACGATCGGCTAATCCCGCGATGCGCCGGCATCTGTATCGGTATCGAGATCGGTGGTGGGTGCA
TTAACCCCGACCGATCGTCTGGCCGCGTCTCTAATTGATTGATTGTTTGATTGATAAACGTATATCTAGCTAACTATGTATGTAGCTAGCTATGT
AACATAACAAGTCCGTGATTGCGGTGCAGTACCATATCTCTTACAAGGTAAACAAATGCTCGTTCCCTATCATGTTAAATAACTCAACAAACGAT
TCTTAACTTGGCAGTCGACTTGTGGCCCAGCCATAGCCATGTGCTCAGCTGCTTAAGGCTATCGTAATAATATTAATAATGTGTTCGGTTCTCCT
CCACTCCGATCCTCCGCTTAGTCTAGCTGCTAAATTCTAGTCCACATATGGGCTCCTCCACTAAAGCTTATAGAAACATAATTTACACTCGCGCT
CCACTCTGCTCGTATGCGTGTGATTTGGGATAGGGTTGGTTGTGTGGTATTAGGGGTGTGTGTGGTAGGCACTCGATATCGCTGAAGGCACAACA
TTACGATTAGTCTTATCTTAATTGTATTAAGTACTCGGAACACGCTTTCGCACTCGCTTCCCTCCGAAATCGGGAGTTCCTTCGACAGGATGAGT
G
(SEQ ID NO: 943)

Exon: 1001..1146
Exon: 1245..1542
Exon: 1604..1739
Exon: 1873..1989
Exon: 2090..2164
Exon: 2226..2815
Exon: 2871..3244
Exon: 3303..3467
Exon: 3529..3707
Exon: 4468..4535
Exon: 4725..4940
Exon: 5006..5124
Exon: 5188..5272
Exon: 5333..5537
Exon: 5594..5746
Start ATG: 1118

Transcript No. : CT24795
TCACACAGAGCACATCCCGTAAAGTTTTTCAGAGATGAGTTTGCGGCAGGAAAATTGAATTATTCACGGAAATAAACAAAGTAAACTAAGTGGAA
ACTGTAATCCTGACCAGCAATTATGTTGCGCATCTATCAAAATACTTACCGGCGCACCGCGAGAAAAGCTGTTGTCTACTCCACCAAGGTCGCCT
GCTGCAATCATTCCACGCTCTGTGGCATCACCAGCCATCCACGTCGGGCGCAGGATAGCGGGAGCTCCAGTTCGAATGGCAGGCACCGTGGCCAC
GAGGAGTTCCTACTTGCCGGCAATCCGGCGCGGGGCTGGCAAATGCCTCCGCCGTCGCGTGGTTACGGAATGCTGGTGGTGCGCATACTGCGGGG
AGCCCTCAAGCTGCGATACATCGTCCTGGGCGGCGCCATCGGCGGGGGCGTGTCGCTGAGCAAAAAATACGAGGAATGGAAGGATGGACTGCCGA
ATTTTAAGTGGCTGGAGGATGCCATGCCGCAGGGCGAACGGTGGAGCCAGTTCTCGCGGAATCTCATTGAGGTGGGCTCGCTGGTGAAGAACGCC
ATCGAAGTTGATCCAAAGCTCAAGCAGCTGGGCGAGGATAAGTTGTCGGAATGGCGCAACTGGTTTGACAGTCGTCTGGACGATGCCATCGAGGC
GGCCGATTATCAAGGAGTTCAGATTGTCGAAACCAAAGATGACTTAAAGGCCAAAACAACGGTGGCCGCTTTAGGCATAACATCCGATGAGAGTC
GTAAGAAGTATGAGAAACTCCAGAGCCAGGTGGAGACGCTGCAGACGGAGATCATGAACGTCCAGATTAAGTACCAAAAGGAGCTGGAGAAGATG
GAGAAGGAGAACCGTGAACTACGCCAGCAATACCTCATCCTGAAAACAAACAAAAAGACCACGGCAAAAAAAATCAAAAAATCCCTGATCGACAT
GTACTCTGAGGTCCTTGATGAGCTATCCGGCTACGATACGGGCTACACCATGGCCGATCACCTACCCCGTGTTGTGGTAGTGGGAGATCAGAGCA
GCGGCAAGACCTCTGTCCTGGAATCCATTGCTAAGGCTCGCATCTTTCCCCGTGGCAGTGGAGAGATGATGACGCGAGCCCCAGTCAAAGTTACT
CTGGCTGAAGGACCATACCATGTGGCTCAGTTCCGTGACTCTGACCGGGAATACGATCTCACCAAGGAGTCTGATCTGCAGGACCTCCGTCGGGA
TGTGGAGTTCCGAATGAAGGCGTCGGTGAGAGGTGGTAAAACCGTCAGCAATGAAGTCATTGCCATGACGGTCAAGGGTCCCGGTCTGCAACGCA
TGGTTCTAGTCGATTTGCCAGGAATAATTTCGACCATGACTGTCGACATGGCCTCAGACACAAAAGATTCCATTCACCAGATGACCAAGCATTAT
ATGAGCAATCCGAACGCCATCATTCTCTGCATTCAGGATGGATCTGTGGACGCTGAGCGCAGTAATGTGACAGACTTGGTCATGCAGTGCGATCC
CTTGGGTCGACGCACTATTTTTGTGCTCACAAAGGTGGATCTGGCCGAGGAGCTCGCCGATCCTGATAGAATAAGGAAAATCCTTTCGGGCAAAC
TCTTCCCCATGAAGGCTTTGGGCTACTATGCCGTCGTTACCGGTCGTGGACGAAAGGATGACAGCATAGATGCTATTCGGCAGTATGAGGAAGAC
TTCTTTAAGAACTCCAAGCTTTTCCATCGTCGAGGGGTTATCATGCCCCATCAGGTGACCAGCCGCAATCTGAGCTTGGCGGTGTCAGATCGTTT

CTGGAAGATGGTGAGGGAAACCATTGAGCAGCAGGCGGATGCATTTAAGGCGACTAGATTTAATCTGGAAACCGAATGGAAAAATAACTTCCCCA
GATTGCGCGAGTCTGGTCGAGATGAGCTGTTCGACAAGGCAAAGGGCGAGATACTGGACGAGGTGGTAACGCTCTCGCAAATCTCCGCTAAAAAG
TGGGACGACGCTCTGAGCACCAAGCTATGGGAAAAGCTCTCCAATTATGTGTTTGAAAGCATCTATCTGCCCGCTGCACAGTCAGATTCCTTCAA
CACGATGGTAGACATCAAGTTGCGCCAGTGGGCCGAGCAGGCACTGCCCGCTAAGTCGGATCGGTTCGTGCACGACAAGCAGGAGTGGGATTCGG
CGGTTAAGTTCCTGGAGAGTTCGGTGAATGCCAAGCTCGTGCAGACGGAGGAGACTTTAGCACAAATGTTTGGTCCCGGCCAAATGCGACGAATT
ACCCACTGGCAGTACCTGACGCAGGATCAGCAGAAGAGGCGAAGCGTTAAGAACGAACTCGACAAAATACTCAAAAACGATACGAAACATTTGCC
CACCCTGACCCATGATGAACTGACTACGGTTCGCAAGAACCTTCAGCGTGATAACGTGGATGTGGACACGGACTACATAAGGCAAACGTGGTTCC
CGGTCTACAGAAAACACTTTCTGCAGCAGGCGTTACAGAGGGCAAAGGATTGCCGCAAAGCATATTACCTCTACACGCAGCAGGGAGCCGAGTGT
GAGATATCCTGCAGCGACGTCGTGCTCTTCTGGCGCATCCAGCAGGTGATCAAGATAACAGGCAACGCACTGAGACAGCAAGTAATCAATCGGGA
GGCGCGGCGGCTGGACAAGGAGATCAAAGCGGTGCTGGACGAGTTCAGCGATGACGAGGAGAAGAAGGGTTACCTGCTCACCGGCAAGCGCGTGC
TACTAGCCGAGGAGCTAATCAAAGTGCGGCAGATCCAAGAGAAGCTGGAGGAGTTCATCAATTCACTTAATCAGGAAAAGTAGTGTGCCATGACC
AAAGACACAACACCCGAGGCGTTACTTATTTAACTTGATAGTTTAAGACCACATTTGAAATGTTTGTTCATAGTCA
(SEQ ID NO: 944)

Start ATG: 118

MLRIYQNTYRRTARKAVVYSTKVACCNHSTLCGITSHPRRAQDSGSSSSNGRHRGHEEFLLAGNPARGWQMPPPSRGYGMLVVRILRGALKLRYI
VLGGAIGGGVSLSKKYEEWKDGLPNFKWLEDAMPQGERWSQFSRNLIEVGSLVKNAIEVDPKLKQLGEDKLSEWRNWFDSRLDDAIEAADYQGVQ
IVETKDDLKAKTTVAALGITSDESRKKYEKLQSQVETLQTEIMNVQIKYQKELEKMEKENRELRQQYLILKTNKKTTAKKIKKSLIDMYSEVLDE
LSGYDTGYTMADHLPRVVVVGDQSSGKTSVLESIAKARIFPRGSGEMMTRAPVKVTLAEGPYHVAQFRDSDREYDLTKESDLQDLRRDVEFRMKA
SVRGGKTVSNEVIAMTVKGPGLQRMVLVDLPGIISTMTVDMASDTKDSIHQMTKHYMSNPNAIILCIQDGSVDAERSNVTDLVMQCDPLGRRTIF
VLTKVDLAEELADPDRIRKILSGKLFPMKALGYYAVVTGRGRKDDSIDAIRQYEEDFFKNSKLFHRRGVIMPHQVTSRNLSLAVSDRFWKMVRET
IEQQADAFKATRFNLETEWKNNFPRLRESGRDELFDKAKGEILDEVVTLSQISAKKWDDALSTKLWEKLSNYVFESIYLPAAQSDSFNTMVDIKL
RQWAEQALPAKSDRFVHDKQEWDSAVKFLESSVNAKLVQTEETLAQMFGPGQMRRITHWQYLTQDQQKRRSVKNELDKILKNDTKHLPTLTHDEL
TTVRKNLQRDNVDVDTDYIRQTWFPVYRKHFLQQALQRAKDCRKAYYLYTQQGAECEISCSDVVLFWRIQQVIKITGNALRQQVINREARRLDKE
IKAVLDEFSDDEEKKGYLLTGKRVLLAEELIKVRQIQEKLEEFINSLNQEK*
(SEQ ID NO: 945)

Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384522
TCATCCATGTGGTGGTGGTGGCCCGCAATCGCATTGGAGTATTTGTTATGGATATACAAAAGGGGAAGTTCGCCGCTAGTGGAATGCATTTGTAG
GCTTTGCCGCAGGGATTAACTGATGATATTCCTCAGATAGGCGGAGTTTTCCGATTTAGGGTTCTAACTTTGGGGTTGATTAAAGCTAAAATCAT
CATGGAACTAATAGTTTTACATTTTTAAAAGTAATGCCGATTTTTTCCTTACTTGGGATACTTCCGAAATCCTTGTTATTAATTTGTATCTTTTC
TTTTTTGGTCATCTATGATAAATCTTATGTTGTTATATTGATATGACCGCATAGAGATATTGCATGCTATCGGATGCATAAGCTTAAACCTTAAA
ATCTCGCAGGATTTCAGAAATATCCCTTAAATTACATAATTTCACTGGTGTGCGGTATTCTTTTTCGTTTTACTTTACAATTCTTCTAGAGTTTT
TTGACTTATTTACCCAATAATTCGAATTCTAAAAGTATATCCGATCATTTAAATAATATTAGATAAAAACAAAGAATTTTTCAAGCATACTAACA
GTTTTTTCGCTCTACAAAATATTATTTTTCAAAAGTATAATTTTTTTCGTCAAATTAAGTAAAACATAAATTTAGAATCAAACTATAGCACAAAA
TGGTTACTTGTTTGTTTCGTTCTAAATCCTGATTTTTACGCCTAAGACTACAACATGCATGCACAACAACAACAACAATTATGCCAACGACAAGG
TTAACAACAACGACAACAACATGGAACACAGCTTGCCTCAAAACTACAATGTGTGACGGTTCGGATTATGGTGAATATCAGACGGATTCATAATA
CTGACTGGCTACCCGGGTGCGCGATCGATCCTTTCGCCTATGTGAGGATGGTGGCCTCGCCGCCACCCAGTGGGCGAGGAGCGCCCACATGCGGA
CGCTGCTGCTGCTGCTGGAGCCGCCCACCGCCCACCCTCAGCTTCTTGTGTCATTTCTTGCCACCGAAAGTGGGTTTCGGTAGCGCACCCATGAA
CGCACCAGCATTTGTGGGCAAGGCCGGTGCAACGAAGCTGAGATCGGGGATCAGGGAGATGCGTGGAGCCACCTTGGCGTTGCCGATTTGGAACT
GCTGCCGCTGATGCTGCTGCTGGTAGGTGGCACCCACACCCAATCCTCCAGACACGGGTGCAGTCGAGAAGTCGTGCATGATGTGTATTTGCTGT
GGAATGGCTGGCACATTGTTGTTATTGCTGCTGCTGGTGCTGCCCTTGGGCACTAGATTGCTATGAGGCTGTTGCTGCAGCTGCTGCTGCGCCTG
GTACAAACTCAAGGGATTGTTGTAGAAATTAGCGCTCTGCCACGCACCGGAATTGAATTGTGGAGCCGGTCGTGCTGGCGGAGTACTGCTCACAA
AATCCGACCAATCATCTTCTTTGGGAGCAGCTGGTTTCCTAGCGTTGCTGTTGACTATATTATTGTTGTTAGCAATTGCGTTTTGCTGATGATGC
GGTTGCTGTTGGGTGACTGGAACAGAGACAAAGTCCGACCATTCATCGTCTTCTTGAGGCTGAGACTGAGCTGGCGTGGAAGGAGCTGGTTTCTT
GGCCACCGAAGCGCTTATGGTGAGCGGTTTGGCCTGCGAGGAGAACAACTCCTCTATCCTGGCCATTTCCTCGGCATTTATGCTAGACAGAGCAT
TGTCGCCCCATTCAATAGTTGCAGCTGGCTTCTTTGCCAGCGGAATGGCTTGGGGCAGCAGAATAGCCGGACTAAGGATCATCTGTTCGCCAAAA
GTGGGTGTATCAATTCGAGACCTTGGCGCCGGCATAGATTGAAAATCACTAAAGTCGTCATCTTCCGTCGTCTGTGGTGGCAACTGAAAGCTGCT
GGCAGCTCCATTGCCACTCAGTTTGCTGGGCGAATCCAGACCAAATGGGGGTTTGTACTCCACGTCGCGATACTCCTTCTTCACCACCGTCTCAT
CGATGATAATGCCCGTCGCAGCCATCTCGTAGTCGAAATCAATGGGCGCTAGTGTGGTGGTCTTGGCCACCGCCGTATCCGATTTGGAGGGCGTA
TAGATATGGGTCTCCTTCAGCGGCACCGAATAGCTGGCCATCGAGCTGCCCACGATCTCCTCCTGAGCTGGCGCTGCGGCCGGAGGAGTGGTCCT
CAAATCAAACTGCTCCGGCTCCGACCGCTGCTGATGCAGCTGCTCACCGCCGTTGAGTTTGTGGGCAGGGCTGTCTGCTGATAGAGTAGTCGGTA
GCGTCGCTGCTGCTGCAGCAACAGCTGCTGCTGATGCCGCTGCTGTGGATTCAATATGGTTCGATTCGGGGCTGGGGACTGCAGTTGGCTGGTGG
CTATGACTCGGTCGCTCTTCGCCGTCGGAATTGCTGGCGGAACAGGAGCCGGTGGAGCCTTCCCCATGAGACGGGCCAGTCCGCGTTTCAGTTTG
GCTCGCCGTTGTTGCGGCGGCGTTTTCCAATCCTGTGCGAAGGAAAGAAAACAATTACTTGGCTGTCATGAATGAAAACTATGAGATAAACAAAG
ATAATTAATTAGTTATTCGGCTATAATCATCTGTTATGTTGCAGATAACTAAAAAAACACTGTGCTTATGAAAGATATGGAATGGATATGGATAC
TAATCTTGCATTAATCATTTTATTTTACTAGATACATTGTATCTTTTATAGAATCAAAGAAATCAGAAAATGGTTACATTTCAAGCATTACTTTT
AGTTACCAGATTTAGCAACACATCAGATGATGGCTTAGTTTAGAGACAATATTTAGGTATTAGTATGATCAACTGTATCTAGCTAAGTAAAATGT
GAAAATGAAGGGAACTCTTGGGCGGGCTTCAACTACTTGTGCTAGAACTGAGCTGGCTGAGATTGGATGCGTTGTGCCAAAGTAACAAGAACTGG
GGGAACTGTGGATCGGTAGGACGGTACGGGTAGATAGAGAGATAGAGCTGAGAAGTATATAGAGAATCGAAACTGAACTGAACGAACCAAAAAAG
AGTGGAGATTCAACTACAACACACGCACAGAGCCAACGAAACTTACTAAAATCCAGCAAGGCGTCGTGAGCAGTGAGGTTTGTGTTAATTGTTAT
TGTCATTGTTGCAGTATTTTTTGCATGATTGTTGTTAAGATTGTTGGGATTGTTATTATCGTTATTATTGTTGTTGCAGATGGTGGCAAAATGTG
TGAGTGATGGAGAGTGGTGCAAATCGATTGTCAAATTGTGATCGTTATGGGTCATCAAATCCATCACAGGTGGCATACAATCCAGTTGATCAACG
GGTGCAGCAACGTCGTTATCACCATTATCGTTGTTGTTATTGGTGTGGGAGTTAGAGGTAACAAGATTTATTTTATCAGCATTAGCCACCACCGT
TAGTTGGTCTAGTTGTTCCAATTGTAATGTCTGTACATGTGATTCTAAATACAATTTATCGTAAGGATAAACTTTTTGATTGTTTGTTGAGATAG
TTAGAAGTAATGTGGTCACAAGGAAAAACAAGGCAAACGAAAATCAATAAGAATATATAGAAAGGAGCAGCCAATCGAACGGCAGGCCAATCCGG
GAAGCGTGTGTCAATAGGATCGGGAAATAGGCAACGAAAAGCGTTTGAAAGTAAAGCGAGCGTTAGGCGATAGGGTGGCAATTTCTCGATTTACG

AAACTTGTGTAGCGGTTAATTTGCGGCAACTAAGTGGAGCAATCTCGCAGAGACTCTAAGGACACTCACCCTGGTAGCTGGTGGAATTGGAAATG
GGCTCCAGGCTGCTTGCGGCGCCGGTTGATTGAGGTTTCAGCGGCTTCAGCGGATCAAAGCTCAGGTTGGCAGCAAAACGTGGCATCGATGAGTT
CCACTTGTCGCCGAAGAGCTGGAAGTTTATGAATTTCAGTTATTTGAAATACATTTTGAAGCCCTATCTAACTTACTATATTCCTTGAATCGATG
CCCAGCGATCGAACAAGGGCGTGTCTCATTTCCGAGCTGCTCCATTGGTAATCAAGGGCTTGGGCATGCTCTATGGCACCAAAATTGAATCGCTG
GCACTGAGCCAAAGGCCTGCGATTGTCCATACTTTTGCTGTCCAGTTCCGTTGGTTGTGGAAACATCATATCAAGGACTGGCTTAACCCTTTCAT
CTATGCTCAGATGGACAGCAGCTGGCGGCGGTGGCGGAGGTACAGAAACAGGAGTCACTACGGGCGCGGCGAAGTCGCCAAAATCATCGTCGTCT
TCGCTTTGACCGTGGTTTCCATTCGCAGGAGTGGCAAACTCCTGAAAATCATCGAAGCCATCATCGGTCTCTGCAGGAGGTAACTTAGAGGATTC
TTCTGTGCTAGGAGCCGTCTTAACCTCTAGAGGTTGAGATTCCGTTCGGGAATTGATTGCTAAGGAAGGTGTCTCAAAGGCAGACGTTGAATTCT
CCGTGATTTCTAGTTGGGGTTCTGCTGCTGAGAAATCCGCAAAGTCACCGAAGTCATCATCATCTTCTTGCTCTTGCATTTCGGGAACAATTTCT
TTGTGTACTAAGTCTTTTGGCGTCGCATCAAGATTTGTAAATGAATATGTATCACTATTTGCTGGTTCACCCCATTGGTGAGGGGATTCCTCCTG
ATTTGGAGGATTTGATAAGCCACGGCTTTGATTTTCCATAGGCTTTTCTAAGGTATTTGAACTTTCCTCCTGGGCTTCCAAACTTCTAAAGCTTT
CTTCTGGCTGGGAGGTATTCTCTACGTATTCTCCTTTCCCTGTATCCACATTCTCCTCCGAAAAGCCTTCTCCATATGGTAGGGTTGGAGTGGCC
AATACCTCTATGGCAAAGAAATCCACAGCTCCCTCGCGTATAAATAGTTCTTTGGGCTTCTTTGGCGAGCACTCCTCGTCGCTGTCATCGGACAC
ATCCTCCAGCGTGACTTGGTGGCTGAGGATATGGGCTTTGGTTGTTTGCATAGCCGGCGGAGCAACTGCACTAGTCTCCGCAACCGGTGAGAGTG
TGGAGGCGGCAGAAACGCTTTCCGTGGAATAGAGACTTAGACTGTCCAACTTAAGGGAGGGCACATGCTCCTCCAGTTCCTCATCATCCAGTTCC
AAGCTCAACGGAGGCGGCGTCGGCGGTGCTGTTTCCTCGAAAACATCGTAATCCATCTTCTGTTTCACCTGGTAATTAAATGCCTCGACGGTTTG
TTTGTCTTCCAGCAAATCAGGTGGCTTTTCTCGAAATTCCTCCACGGGATCTGGTGGTGGAGGGGGTTCTAAAAAGCGAGAATTAACTGAGTATC
ACTTTGAGATTCGATAAATATCTAAGCTTGCCTTTCGAGCTGCTGACTAAGCCAAAATCTGAGTATTCGTCACCCTCGTCCAAATGGATGGTGGA
TTGTAAACCGGAATCGTCGTCTTCCTCACCAAAATCGATGGGCGGGGGGGTGCTGCAGAGCAGCGGTGGTACATTCACCATAATGCCAGCTGCAA
AATTCAGTAAAAGGATCCCCTAAAATTCACTTCCTGCTTCAAGAAGAACAACAAAAACGCTGGGAACGGTTCGATCTTCTATCTCTCTCGCTCCA
CTTTATCACTGTGTGTGTGGTGTGTATGTGTGACGCAGGTGTGGAGGGCCTGCAAGTGTGTGTGTGTTAGCCACTCAAGGTCTGTGTTGGA
ATTTTCTTGTTTGCATTTAACACGCGTCAATTTTGTTGTGTCTCTGTATTATGTCTAATTGTCGCCTTATTGGTGGCTCTAAAAACAGATTTGCC
GAATTTGCAAGTCGCGTTTTATCTGCAATTAGCCATGTTTTCCAGAAAACAATACTTTTTCCTCTGCCCACAGTGTGAACGTTTAACTTTTGGCC
AACCGACAGTGCTGAAAAACGTTGCGCAACATTGATAACATACAAAATTTGAATCTTATCTTTTTCAATTCCCATTTTCGATTTAAATCATTATC
CATAGTTCAGATAGAATAGTTATATTAGTTATATTTCTATAATAGATTTTTATTCTTTCCAATTCTTTTACCGTTAAAATTGTATTTGAAAATTA
TTAGTAACAAGAGTAAAATATACATGAAAGTCTAGGCTGCAGTATGTAATACGTCAAATTTTGTTGGGACACTAAACAACAAATAGTCGTCATAA
AGGCTTCTTTTAAATTGTTATGATATTTTCCACAATTTCTGCATACTTTTTTAAGCTTGCTGGCAACGCCGCCACCGTACCAATACAACTATCGA
TAGCCGCCTGTCAGTTTTGACAGCTGTTTTAAGGTTATACTGCGCTGCCGTTGCAATCGCTCCACCAATTTGGTAATTTTGCTTATTTAACATCA
AATATTGCATAAAACTAGGAAAACCAGGAATCTGTAAAGTGGAGCGAGACGGGGAACGCTATTAAGGAAGTCGGATAACTAAAGTACATCCTTTT
CTTGCAGTTCACGGTCGGACAATTACATAACTTGAAGAAGAAACCATGTCGCAGGCTCCCGTTCGCGTTTCCCCGCTGATCAAGTTCGGCAGATG
GTCCCTGCTCCTGGTGGGCATTGCCTACGGCGCCGCCCACCAGAGCCGCCTGTCCAAGAAGGAGGAGAAGTTGCGCGAGATCGAGGCACAGCAGA
AGGCCGTCCGTGATGCCAAGCTCGCCGAGGAGAAGAAGCGCAGCGCAGAGGCTGAGGCCCGTGCCTTGGCTGAGCTTTCGAAGCCCACTCCCAAG
CACTAGGATCCTTCAGGATGCAACATCCGCAGTTCCCTTAGCTTAAAAACATTGAAAAACCACAACATTTACACACGAAGTTCGCCCAAAAGGAG
GAGCATCATCGATAGTGGAGCCACC
(SEQ ID NO: 946)

Exon: 5865..5352
Exon: 5293..3972
Exon: 3913..3775
Exon: 2502..1001
Start ATG: 5496 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT24913
TGGGCAGAGGAAAAAGTATTGTTTTCTGGAAAACATGGCTAATTGCAGATAAAACGCGACTTGCAAATTCGGCAAATCTGTTTTTAGAGCCACCA
ATAAGGCGACAATTAGACATAATACAGAGACACAACAAAATTGACGCGTGTTAAATGCAAACAAGAAAATTCCAACACAGACCTTGAGTGGCTAA
CACACACACACACACTTGCAGGCCCTCCACACCTGCGTCACACATACACACCACACACACAGTGATAAAGTGGAGCGAGAGAGATAGAAGATCGA
ACCGTTCCCAGCGTTTTTGTTGTTCTTCTTGAAGCAGGAAGTGAATTTTAGGGGATCCTTTTACTGAATTTTGCAGCTGGCATTATGGTGAATGT
ACCACCGCTGCTCTGCAGCACCCCCCCGCCCATCGATTTTGGTGAGGAAGACGACGATTCCGGTTTACAATCCACCATCCATTTGGACGAGGGTG
ACGAATACTCAGATTTTGGCTTAGTCAGCAGCTCGAAAGAACCCCCTCCACCACCAGATCCCGTGGAGGAATTTCGAGAAAAGCCACCTGATTTG
CTGGAAGACAAACAAACCGTCGAGGCATTTAATTACCAGGTGAAACAGAAGATGGATTACGATGTTTTCGAGGAAACAGCACCGCCGACGCCGCC
TCCGTTGAGCTTGGAACTGGATGATGAGGAACTGGAGGAGCATGTGCCCTCCCTTAAGTTGGACAGTCTAAGTCTCTATTCCACGGAAAGCGTTT
CTGCCGCCTCCACACTCTCACCGGTTGCGGAGACTAGTGCAGTTGCTCCGCCGGCTATGCAAACAACCAAAGCCCATATCCTCAGCCACCAAGTC
ACGCTGGAGGATGTGTCCGATGACAGCGACGAGGAGTGCTCGCCAAAGAAGCCCAAAGAACTATTTATACGCGAGGGAGCTGTGGATTTCTTTGC
CATAGAGGTATTGGCCACTCCAACCCTACCATATGGAGAAGGCTTTTCGGAGGAGAATGTGGATACAGGGAAAGGAGAATACGTAGAGAATACCT
CCCAGCCAGAAGAAAGCTTTAGAAGTTTGGAAGCCCAGGAGGAAAGTTCAAATACCTTAGAAAAGCCTATGGAAAATCAAAGCCGTGGCTTATCA
AATCCTCCAAATCAGGAGGAATCCCCTCACCAATGGGGTGAACCAGCAAATAGTGATACATATTCATTTACAAATCTTGATGCGACGCCAAAAGA
CTTAGTACACAAAGAAATTGTTCCCGAAATGCAAGAGCAAGAAGATGATGATGACTTCGGTGACTTTGCGGATTTCTCAGCAGCAGAACCCCAAC
TAGAAATCACGGAGAATTCAACGTCTGCCTTTGAGACACCTTCCTTAGCAATCAATTCCCGAACGGAATCTCAACCTCTAGAGGTTAAGACGGCT
CCTAGCACAGAAGAATCCTCTAAGTTACCTCCTGCAGAGACCGATGATGGCTTCGATGATTTTCAGGAGTTTGCCACTCCTGCGAATGGAAACCA
CGGTCAAAGCGAAGACGACGATGATTTTGGCGACTTCGCCGCGCCCGTAGTGACTCCTGTTTCTGTACCTCCGCCACCGCCGCCAGCTGCTGTCC
ATCTGAGCATAGATGAAAGGGTTAAGCCAGTCCTTGATATGATGTTTCCACAACCAACGGAACTGGACAGCAAAAGTATGGACAATCGCAGGCCT
TTGGCTCAGTGCCAGCGATTCAATTTTGGTGCCATAGAGCATGCCCAAGCCCTTGATTACCAATGGAGCAGCTCGGAAATGAGACACGCCCTTGT
TCGATCGCTGGGCATCGATTCAAGGAATATACTCTTCGGCGACAAGTGGAACTCATCGATGCCACGTTTTGCTGCCAACCTGAGCTTTGATCCGC
TGAAGCCGCTGAAACCTCAATCAACCGGCGCCGCAAGCAGCCTGGAGCCCATTTCCAATTCCACCAGCTACCAGGGATTGGAAAACGCCGCCGCA
ACAACGGCGAGCCAAACTGAAACGCGGACTGGCCCGTCTCATGGGGAAGGCTCCACCGGCTCCTGTTCCGCCAGCAATTCCGACGGCGAAGAGCG
ACCGAGTCATAGCCACCAGCCAACTGCAGTCCCCAGCCCCGAATCGAACCATATTGAATCCACAGCAGCGGCATCAGCAGCAGCTGTTGCTGCAG
CAGCAGCGACGCTACCGACTACTCTATCAGCAGACAGCCCTGCCCACAAACTCAACGGCGGTGAGCAGCTGCATCAGCAGCGGTCGGAGCCGGAG
CAGTTTGATTTGAGGACCACTCCTCCGGCCGCAGCGCCAGCTCAGGAGGAGATCGTGGGCAGCTCGATGGCCAGCTATTCGGTGCCGCTGAAGGA
GACCCATATCTATACGCCCTCCAAATCGGATACGGCGGTGGCCAAGACCACCACACTAGCGCCCATTGATTTCGACTACGAGATGGCTGCGACGG
GCATTATCATCGATGAGACGGTGGTGAAGAAGGAGTATCGCGACGTGGAGTACAAACCCCCATTTGGTCTGGATTCGCCCAGCAAACTGAGTGGC
AATGGAGCTGCCAGCAGCTTTCAGTTGCCACCACAGACGACGGAAGATGACGACTTTAGTGATTTTCAATCTATGCCGGCGCCAAGGTCTCGAAT

Sub Sequence Listing

TGATACACCCACTTTTGGCGAACAGATGATCCTTAGTCCGGCTATTCTGCTGCCCCAAGCCATTCCGCTGGCAAAGAAGCCAGCTGCAACTATTG
AATGGGGCGACAATGCTCTGTCTAGCATAAATGCCGAGGAAATGGCCAGGATAGAGGAGTTGTTCTCCTCGCAGGCCAAACCGCTCACCATAAGC
GCTTCGGTGGCCAAGAAACCAGCTCCTTCCACGCCAGCTCAGTCTCAGCCTCAAGAAGACGATGAATGGTCGGACTTTGTCTCTGTTCCAGTCAC
CCAACAGCAACCGCATCATCAGCAAAACGCAATTGCTAACAACAATAATATAGTCAACAGCAACGCTAGGAAACCAGCTGCTCCCAAAGAAGATG
ATTGGTCGGATTTTGTGAGCAGTACTCCGCCAGCACGACCGGCTCCACAATTCAATTCCGGTGCGTGGCAGAGCGCTAATTTCTACAACAATCCC
TTGAGTTTGTACCAGGCGCAGCAGCAGCTGCAGCAACAGCCTCATAGCAATCTAGTGCCCAAGGGCAGCACCAGCAGCAGCAATAACAACAATGT
GCCAGCCATTCCACAGCAAATACACATCATGCACGACTTCTCGACTGCACCCGTGTCTGGAGGATTGGGTGTGGGTGCCACCTACCAGCAGCAGC
ATCAGCGGCAGCAGTTCCAAATCGGCAACGCCAAGGTGGCTCCACGCATCTCCCTGATCCCCGATCTCAGCTTCGTTGCACCGGCCTTGCCCACA
AATGCTGGTGCGTTCATGGGTGCGCTACCGAAACCCACTTTCGGTGGCAAGAAATGA
(SEQ ID NO: 947)

Start ATG: 370 (Reverse strand: CAT)

MVNVPPLLCSTPPPIDFGEEDDDSGLQSTIHLDEGDEYSDFGLVSSSKEPPPPPDPVEEFREKPPDLLEDKQTVEAFNYQVKQKMDYDVFEETAP
PTPPPLSLELDDEELEEHVPSLKLDSLSLYSTESVSAASTLSPVAETSAVAPPAMQTTKAHILSHQVTLEDVSDDSDEECSPKKPKELFIREGAV
DFFAIEVLATPTLPYGEGFSEENVDTGKGEYVENTSQPEESFRSLEAQEESSNTLEKPMENQSRGLSNPPNQEESPHQWGEPANSDTYSFTNLDA
TPKDLVHKEIVPEMQEQEDDDDFGDFADFSAAEPQLEITENSTSAFETPSLAINSRTESQPLEVKTAPSTEESSKLPPAETDDGFDDFQEFATPA
NGNHGQSEDDDDFGDFAAPVVTPVSVPPPPPPAAVHLSIDERVKPVLDMMFPQPTELDSKSMDNRRPLAQCQRFNFGAIEHAQALDYQWSSSEMR
HALVRSLGIDSRNILFGDKWNSSMPRFAANLSFDPLKPLKPQSTGAASSLEPISNSTSYQGLENAAATTASQTETRTGPSHGEGSTGSCSASNSD
GEERPSHSHQPTAVPSPESNHIESTAAASAAAVAAAAATLPTTLSADSPAHKLNGGEQLHQQRSEPEQFDLRTTPPAAAPAQEEIVGSSMASYSV
PLKETHIYTPSKSDTAVAKTTTLAPIDFDYEMAATGIIIDETVVKKEYRDVEYKPPFGLDSPSKLSGNGAASSFQLPPQTTEDDDFSDFQSMPAP
RSRIDTPTFGEQMILSPAILLPQAIPLAKKPAATIEWGDNALSSINAEEMARIEELFSSQAKPLTISASVAKKPAPSTPAQSQPQEDDEWSDFVS
VPVTQQQPHHQQNAIANNNNIVNSNARKPAAPKEDDWSDFVSSTPPARPAPQFNSGAWQSANFYNNPLSLYQAQQQLQQQPHSNLVPKGSTSSSN
NNNVPAIPQQIHIMHDFSTAPVSGGLGVGATYQQQHQRQQFQIGNAKVAPRISLIPDLSFVAPALPTNAGAFMGALPKPTFGGKK*
(SEQ ID NO: 948)

Celera Sequence No. : 142000013384673
TCGCGTGGACATTGAGACTCCAGTGCGCAAGCGTGAAATCGAGACGGCGGTTGCCTCGCCCAACCAACAGCATGTGCCATCGGTGAACAAGGCGG
GAAAAGAGGTGTACTATCCACCCGGACACGACACCATCGTCATGAAGCGCGAGGAGATGCATGCTGGATCTGCCTCAGGCGTGAGTATTGGATAC
TTACCAAGGTGGAATATGCCCAACTGATAATCCTACATCCACAGGGTCGCTGGGCCAAGGGATCCGGAATGTACGAGTACGAGTCCGGCTCGAAG
TCAAAGACGAAAACCAAGTCCGGTGGCGCCGTTGTGCCCGTGTGCCTGCCCCTCTGCTGTGCCATGCCCTGCTCCATTATGTAGTGGGCGGACAT
CGCCGGAAGACCGTATCTTGTACATAGGTTTCTAATATTTGCCGTTAATAGTTCTAACGCTAAATCCTGCCCCGCGTTTTTGATTGCTCTCTACT
AGGTCGTCTAACTTCTATCGGGCTTGCTGCTTGTCAATTGGTTGTACGCGTAATTTGTTTGCCAAATTGTATGTCTATATATCTATACGTTATTG
TCTATGTATATAATTTGTGAAGCGTCATCTACGGATGGGCCGGTTGTTATACCATTTTATTTTGGATTTAGTAGTTCACCCCAAACTAGTTTGCT
CAAAATTGTTGCTCAAGCATTTAAATTCGCCAGTGGGATGCCCAAAAAGTTTACTCGATGCCAATTGTTTTAACTTAAATTTGCATACCGCATAC
CAAACACTAATAAATGAGCCGTGGAATCCAATTCCCTCTATTATTCGTTTCGCCAGCGCCCCCAAATACCCACTAATCATAAACCATAATCGTAA
CAGCGACTTAAAAGGTAACTCAGTCGTTACAGAGCCATAAATACTATTTCTAATACACGTAGTAACCATAATAAAAAACGAGATCTAACAAACGA
AGCGATGAACTGTTTGAATGCCTCTTTTGAATGGATCGATTTGCGTGGGGTTTTGGTATAGTAAAAGTTTTTATAAGTTTATTTTGGTATAAATC
GTTCTGATCGAATAACAATTTGCATATCACAAAAGTAATATCTACATTTCACCTTGTAGGAATAGGTGTAGCTTTCTTTTGAGAAGTTATTAAAA
AACACTATAGTGAAACAACAAAAAACTAAAAACAACATAAAACAATACAAAAATCAACAGAGGTATATTATTTAGATAAGTATCATTGAGCACTT
TGAGTAGTGAAACGGGAGGATTATTGCTACAGAGACGAGTTCTTATTGTTGTTCTTGGATTACGAATTGAAGCTAAATGATGGATTAAAAGTATA
CTACATCGTAATATGAGTATAGTTACTGGACTTACTACCATACACACAATATGTGCCTAATATTCTAACCATGCCGCCATGATCTGTCATTCTAT
TAAAAGAGACTACCGTTTGTGAAAGTAATGTTGTCCTTTGTACATACGCATATTTGAGAGTTGGAAAGGTCACGTATTGTAACGCTGTCTTTTAT
GCAGGCTAACTTTTGCGCTCGGAGTTCTTTAGCTCTGCTAAGTACCAAGTGAAAGTTGGAAATTGTTTGATGCTGTAGATAGAATACTTTATCGA
GTTGATTCCATCCTGTTCTATTTTGCTCATGCCATTCTGTAAGTTTTCATAGCTGTCAAAAAAAGAAGGGTAAAAATTCCATATTTGTTAGTCTA
AATTATGGATAATAGTATGGTCTACTGACCGCTTAGGATTGGCCTTTTCCTTCTGATGCTTCAGCATCTTGTAGCGAGCTATGTTGACCGGATAC
CTTGATATGAATAGGTTTGCGTGCTTCAACCTGTTGGACATGTCGTCATCCTCGCCGCCCCAGCCAAAGAACGAGTTTGAGAACCCATTTACGGC
CTGAAAGTGCTCACGCGTCATTGCGGAAACACCTCCAAATATTGATCGATAAGGCAACCTATAAAGAATTGAATCAATTTACCATTGATAGTTGT
TATCTCTTTGCTCTACTTGCCTGAAGTTCAGCGTGTCTATAGCCACTGACATGTGTCGCGGCTGACGTGGACAGTTGTAAAGATTGCGGTCGTCC
AAAGGCAGAAGATCGACATCGTGGAATATAAAACAATCCCACTGGTACAGCTTTAAGGCCTCCAAATAACCAATGTTCATCATGGCAGCCCGATT
AAAGGGCTTCCCGTTGGTCTGCTCTACAATGAAAATGCGATAGGCGATGCGCTGCTTCATCAGAAATGGGTGGATGTTGCGCAGGAAAAGTAATA
GATGGGCGTATCGATCGCGGAAGGGCACAACAATAGCCACGTGATGCTGGGCATTGCAGTTTTCAGGCTCGAAGGCGCCACCAGGGCGCAAAAGA
GGTCCAAGCTCCGCCTCAATAACGTCCAGTGACTCCAGTGTCGTGTTGGGCGTGATGGGTCCACCTAAACAAGGTGGACGTATTTTAAATCGTGC
TAAAGAAAGAGCCAAGCCGAGCTTACCATCACGGGGATCGGGATCAGTGCAGTTGGCAAGGAGGGCGGATGTGGATTTCTGTCGCGGGGGCAAAA
ATTTCTTTGTGCCCAGCAGGAAGCGCGTTAAGTCTTGTGGAATGGAAGTAAAGTTTGCCGTGGCAATCACAGTTCTTATGGTAGAGTTGGGTCCG
CCATTGAGCTCCTGGTCCCGCTCTCTGTCTTTTGATAAGGCGAGCGGGGAAGCGGGCAGCCTGGATGCTTCACTGCCTCCGGCTCCATCGCTGCT
AGCGTTCCCGTAGATATGAGCATACTTGTGCACGCGCCGAATGCTAATATCCGTTCCCAAAAATAATTGATAAGATAACCTCTGCCAAGGCAATA
TGATAGATTTAGTTACCTGAGCTTGCTGAGGGAGGTGGCGCTACCTCCGTCGGAACGGAAGCCCACAAAGTTAAGCACCAGCAACAAGCATATCG
CGCCGGCTAGGAAGCGTATGAGATTCGCCTTGGTGAAGAGGTACATGGTCCGAGGATTGCATCATACCTTGCTCGACGCCCAGGCGCTGCGAACT
GGCATTTTCAAGCGCAAAACGTTCGACAACCGAACAAAAACGTTAAAATTCGCAACTCCAGGGTTCAATCAGAAAAGTCAGCTGAGAGTCCCCCT
CGACCAGGGTTGCCAGAGTTGCGCAATTGCTGCAGCCATAAATCGCCGACTGCCGATAGTTTGCAGGCGCCAAATTCAAAAAACAAACTTCACAG
CATATTTTTATGATCTATTATTACTAAAAATATTAAATGCATTTTAAAATTGAACGAAAATCTAAATGTTTTATCTACAAAACAATGAATACATA
TAATATAAGGCAAATTAATTTGTTATTCTAAAGTCCGAAGTTCTCTTGGTTTTGTGATTTATTGCGCTGTTCGGATCTCGTAAGTATCCCAAAAA
TAGCGAGTTACAGAGTGGTATTGTAAACTGGGGAAATATACGATCTGACATTTGCCCCCAAGTCCTGGGAATGGGTCTTTTCTATCAAGAATATA
AACAAGTTACAAACACAACTGAAGATTTAAACTAATTGTCGTGCAGAGCAGTAAGGCCCCACTATCCTGACAGCGGTTGTCGCAGCGGCAGTCGC
AGCGCCTCGTTGTCCTTGATGTGAATCACTTCGAACTGGTTTTGATAGGTGTACTCTATCCGCAGAATCTTGTCTTCGCCGATGCCCGGATCATA
GAAGCCGGGCAGGTCGCTCTACAAAGACGTAAGGAATGGTATTATATCAACCCAGAACACAATCAGTGAAAGTGTCTCACCTTTGATGAATCATG
CAGCTGCAGGGTCCCGTTCTTGACCATGCATTGAATGGCTACGGTGACGTCGAGCGATTGCTCTGGCTTGAACTGTCTGCCGCCCGCCAAGGTAC
AGCCGTAGACAGCTCGTGTGACAATCAGCCCATTCCTCGCCAGCTCCTCCGTCATGATCCTATTGTACGTGGCCTGCATTAGATGAACGGCAGCA

Celera Confidential

CTCGCCTCGTGCCTCTTGGCGGACAGTCTCTGCTCATTCTGACGCTTCGTCCTTTCCACCTCGATGTTCTTTCGCTCCGCCTCCATTGGGTCCAT
CACAGTCC
(SEQ ID NO: 949)

Exon: 3093..2867
Exon: 2798..2497
Exon: 2439..2016
Exon: 1958..1740
Exon: 1667..1001
Start ATG: 2991 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT24923
GCGAATTTTAACGTTTTTGTTCGGTTGTCGAACGTTTTGCGCTTGAAAATGCCAGTTCGCAGCGCCTGGGCGTCGAGCAAGGTATGATGCAATCC
TCGGACCATGTACCTCTTCACCAAGGCGAATCTCATACGCTTCCTAGCCGGCGCGATATGCTTGTTGCTGGTGCTTAACTTTGTGGGCTTCCGTT
CCGACGGAGGTAGCGCCACCTCCCTCAGCAAGCTCAGCATTCGGCGCGTGCACAAGTATGCTCATATCTACGGGAACGCTAGCAGCGATGGAGCC
GGAGGCAGTGAAGCATCCAGGCTGCCCGCTTCCCCGCTCGCCTTATCAAAAGACAGAGAGCGGGACCAGGAGCTCAATGGCGGACCCAACTCTAC
CATAAGAACTGTGATTGCCACGGCAAACTTTACTTCCATTCCACAAGACTTAACGCGCTTCCTGCTGGGCACAAAGAAATTTTTGCCCCCGCGAC
AGAAATCCACATCCGCCCTCCTTGCCAACTGCACTGATCCCGATCCCCGTGATGGTGGACCCATCACGCCCAACACGACACTGGAGTCACTGGAC
GTTATTGAGGCGGAGCTTGGACCTCTTTTGCGCCCTGGTGGCGCCTTCGAGCCTGAAAACTGCAATGCCCAGCATCACGTGGCTATTGTTGTGCC
CTTCCGCGATCGATACGCCCATCTATTACTTTTCCTGCGCAACATCCACCCATTTCTGATGAAGCAGCGCATCGCCTATCGCATTTTCATTGTAG
AGCAGACCAACGGGAAGCCCTTTAATCGGGCTGCCATGATGAACATTGGTTATTTGGAGGCCTTAAAGCTGTACCAGTGGGATTGTTTTATATTC
CACGATGTCGATCTTCTGCCTTTGGACGACCGCAATCTTTACAACTGTCCACGTCAGCCGCGACACATGTCAGTGGCTATAGACACGCTGAACTT
CAGGTTGCCTTATCGATCAATATTTGGAGGTGTTTCCGCAATGACGCGTGAGCACTTTCAGGCCGTAAATGGGTTCTCAAACTCGTTCTTTGGCT
GGGGCGGCGAGGATGACGACATGTCCAACAGGTTGAAGCACGCAAACCTATTCATATCAAGGTATCCGGTCAACATAGCTCGCTACAAGATGCTG
AAGCATCAGAAGGAAAAGGCCAATCCTAAGCGCTATGAAAACTTACAGAATGGCATGAGCAAAATAGAACAGGATGGAATCAACTCGATAAAGTA
TTCTATCTACAGCATCAAACAATTTCCAACTTTCACTTGGTACTTAGCAGAGCTAAAGAACTCCGAGCGCAAAAGTTAGCCTGCATAAAAGACAG
CGTTACAATACGTGACCTTTCCAACTCTCAAATATGCGTATGTACAAAGGACAACATTACTTTCACAAACGGTAGTCTCTTTTAATAGAATGACA
GATCATGGCGGCATGGTTAGAATATTAGGCACATATTGTGTGTATGGTAGTAAGTCCAGTAACTATACTCATATTACGATGTAGTATACTTTTAA
TCCATCATTTAGCTTCAATTCGTAATCCAAGAACAACAATAAGAACTCGTCTCTGTAGCAATAATCCTCCCGTTTCACTACTCAAAGTGCTCAAT
GATACTTATCTAAATAATATACCTCTGTTGATTTTTGTATTGTTTTATGTTGTTTTTAGTTTTTTGTTGTTTCACTATAGTGTTTTTTAATAACT
TCTCAAAAGAAAGCTACACCTATTCCTACAAGGTGAAATGTAGATATTACTTTTGTGATATGCAAATTGTTATTCGATCAGAACGATTTATACCA
AAATAAACTTATAAAAACTTTTACTATACCAAAA
(SEQ ID NO: 950)

Start ATG: 103 (Reverse strand: CAT)

MYLFTKANLIRFLAGAICLLLVLNFVGFRSDGGSATSLSKLSIRRVHKYAHIYGNASSDGAGGSEASRLPASPLALSKDRERDQELNGGPNSTIR
TVIATANFTSIPQDLTRFLLGTKKFLPPRQKSTSALLANCTDPDPRDGGPITPNTTLESLDVIEAELGPLLRPGGAFEPENCNAQHHVAIVVPFR
DRYAHLLLFLRNIHPFLMKQRIAYRIFIVEQTNGKPFNRAAMMNIGYLEALKLYQWDCFIFHDVDLLPLDDRNLYNCPRQPRHMSVAIDTLNFRL
PYRSIFGGVSAMTREHFQAVNGFSNSFFGWGGEDDDMSNRLKHANLFISRYPVNIARYKMLKHQKEKANPKRYENLQNGMSKIEQDGINSIKYSI
YSIKQFPTFTWYLAELKNSERKS*
(SEQ ID NO: 951)

Name: beta-1,4-galactosyltransferase
Classification: enzyme
Gene Symbol: BcDNA:GH13356
FlyBase ID: FBgn0027538

Celera Sequence No. : 142000013385198
ATGTATATACAACAGGATATTCTGCACGATACTTATCCTGCAGCTGATGCATTTTCTCCACCAGTTTAACCACTCCCATCGAGTACCACGCTTCT
TCGTAAAGGCGCATGAGCTGCAAGACACGGCGGTCACTATATCTATCAGCCGGGTCAGGCATCCTTAACTGAATAACCCAACGCATGGAATCATT
GGCGGCCACATCAACTCGCTCATCAATGAATACACCATTCAAGCCGTATACGAGAAATTTTTTAGGATGCAAAATCCACTGATTGACCAGTTCTT
CGGGACGAGGATTCCCGTGAAGCTTTCGCGTATCCTCCTTGCAGGCCTTGTAGTATTGTCGCATTTGCTTTATCAGTCGGGGTGCCAGTGTATCG
TTTTCACCCAAGTGGCTCTCCATGAATTCCACCATGGCAGTGGCGAACTGATCCTCGACTCGCTCAAAGTTGTCCACATATTTAGAGGCACTGGA
GAAGCGACCGCAGGCAAAATTCCAGAAATTCGTGCACGGTGATGTTGTTCTATTGAGATTATTGTGAATATCGTTCGACGTTGCCACGTTGATGT
CCACTATTGCCTGGATGGGAATGAATAATGCCACCAGGCAAGAGCACAGTAAAAGTAAACATCCCATTAAGCTCGCTCGATTCACAATGAAACAA
CAGATTATCGCAACGCTCTGCTGAGCTCGGCCACCTTCGAACTACCTATAGAGCTTTGGGGCTGATAGTGACAGCTTGGTCAATACTAGAATTCA
CATTTGAAATGTAGAGCAATTACCTCTAATGAAATGTGCCTGCCACCTATATAAACCCGCTTGGTGAGTACATTAAACCGATCTTAACGTTTATT
GAATCTTAATTACACCGCTGTTGTAGTTCAATCTTCAATCGTTCGCTAAGACAGTTCGCAATATAAAATTGGTAATCGCGTCGGGACTACCCCAA
CTATATGTCACACGCTTATAGTCTACTTAACAAAACTGGATCTAAGGTGTTCACTTCTTGAACTTTTGCTTCTTTCCCGCATTCGCACCCGCCGT
GGACTTTTTCAGCTGGCCGATCTGTTTGGATTTTTGCTTCAGCTTGTTCTGCTTCTTGATGGGTTTTCCCTCGAGAATGGGCACATCGTCGATAT
CCACTCGCGGCGCCTTGGCCAGTTTGGCGTTTCCCTTGGGCGACTGTTTTCCTTTCGGCTGTGGCTTCGTTTTCGTTTCCTTAATTGCTGATTTG
CTAGGGGAGTTTGTGCCATTGGTTGTTGGCTTATTGTCATCTGGTTTAGCTGGTGATCCGGCTCCATTTTCCTTGGGTTGCGATCCTTTGTTCTT
TTTATTGAATGATTTCGCATCTGAATTGGAAACAGTGGTTTTCCCATTGGTTTGTTTTTGTTTAGGTGCAGACTTGGAAGGTGACTCGCTTGAAT
TTGTTTGCTTGTCCGGTGCCTGGGATTTCTCATTTTTCTTCTCTGCTGGCTTTTCTGGCTTTGGCTTTTTGACAGGCTGCTCAAACACCTTGGCC
ACATACTTGGTCTTGCTCTCTTCCCGCTTCTTTTTCTTCAGTTCCTGTTCGATTTCGGTGAAACTGGGTTTTCCGGCGCGCTTTCCAAGCAGTTT
TCGGGGACCCTTCTCCTTTGACGCTACCTCCTCCTCCACCTCCTCAGACTCCGCAGCCGCTTCTGTAGTGGCGTCCGCTTCGATGGCCTCATCCA
GCTGCTTTTCATCCTCCTCCTGCTGCTCCTTAGTTATGGGTATGGTGTTGGAGAATTTCTTGAGCTTGGCCACGTAGAACCCGTCCATGTTGTGG
GTGTGCGGATAGTAGCGCTTGGTAAGGTTTAAGCTAGGATGGAACCGATGCTGACGGAATTTGGTAAAGCCCTCCACGCCGAAGTCCAGACCAGT
GGGCACAAGTTTGACATTTCGCTTCTTCAGTGCATAGTCGATGACCCATTCGTTCTCCTCGGGCAACACCGAACAAGTTGAGTATACAATGTAGC

Date Recue/Date Received 2020-06-05

CGCCAGTTGATGACTTCGCATCCGTACAATCTATGGCAGTCAGCAGAAGCTTCCTCTGCAGGTTGTAGCACCTTTGTACATCTACTTCCGACTTG
GTGGTCTTCACACTGGGATCCTTAGAGACGACGCCAGTTCCAGTGCACGGAGCATCCAGCAGGACACGGTCAAAGCCAGTCATAATATTCCGGAA
CTTAGTGCCATCCTCGCAGCTGACCACTGCATTTACAATTCCCAGGCGATGGAAATTGGCAACAATGGCCTTGATGCGATCCCTGTTAGAATCGT
TGGCGAAGAGCACACCAGTGTTCTTCATGATGCTTGCGATGTGGGATCCCTTTCCACCTGGGGCGGAGCACATGTCCAGGATGCGTTCGTTCTCT
TGCGGGGCGAGTGCCATTACAGGCAACAGCGAAGAGGCGCCCTGGATCATGTAGTGGCCAGCCAGATACTCTGGAGTTGCACCCAGTGGCACCTG
TGAGTTAAAGACAACCAATCCAACTTTCGTCCATTTACCAAGGGGATCCAAGTTGACGCCACGATTGATCAGAGCTCCGGCCAAATCCCTACGAC
GTGTTTTTAGAGTATTGGTGCGTATGGTTAGGGGACGAGCAATCTAAAGGGGTTAATTTTTAATGATTAATCTTGTAACTATATTTTTTATGAAA
TATACTAACCTCTGAGGCCTCCAGATATTCCATTAGCTCTGTCAGCGGCAACATATCCATCAGCTTCTCCATCAAAAATTCGTTGTAGCTGTAAT
ACAAACACAGATCCCTGCGCAGCAAATCGATGTACTCCCCGCGAGACCTATCCGCTTGACGATACCTTTTGAAGTCGGAAAGAACCAGACTGACG
TCCTTTATGCGCTGTTGCACTTCCTGCAGGGTTAGGTCCTTCTCGGTTTCTTCGCCTTCGACGGGTAGCTGGAAAACATCCTGCTTGTCAACGGT
TTCCAACATTTCGTCGTCGGCCAGTTGGGCTTCCTCTGCCTCGCGCTTTTTCAACTTCTTGTTAGCCCGCTCGATGGGCAGCTTGTCATCATCAT
CATCATCATCATCATCGTCGTCGTCCTCATCCTCCTCTTCATCACTGTCTGCCTGAGCACCATCTTCCTCGCCAGATATGTCAAAGTCATCGTCG
GAGTTGGCATCATCATCGTCGGATAGATCGGCCAGCTTGCCAACCTGAGCGGTATCATCATCAGATTCCAATCCTTCCTCATCGTCTCCCTCCTC
TTCCTCTTCACATTCTTCTCCCAACTCATCTTCGGAGTCCTCCTCCGACTCCTCATCCTCCTCCTCCTCCTCGGACTCCGTTTCTGGCTGCT
TCTGTTGCTTCTTGGGCTTCAGCCAGGCATCATTATCATCTGTAAAACCCTTGGGAGCTGTAGCTTTCTGGCCCTTCGGAGCCGGCACCAGTTGA
GGCACCTCCTCATCGGAGGATGCAACCTGTGGTTCCTCTTCATTATCCTCAGGATCGCTGTCGCTGTTGTAGGCCGTCTTCCGCTTAGCCGGTTG
TGGTAACTTTCCCTTGGCCCTCTTCTCCTGTAGTTTGGCCTTCTGGACTACTTTCTTTTGCTCTCGCTTAACGAACCTCTGCTTCTGTCGGTGGG
AAAGCTTCTTGTCCTCCTCTTCCATGGGAGCTGTGAAGTAAAACATTTGAATTGAACACCCATTGAATAGGGTAATATTCAGGAGCTCTCACCAA
ACGATTGTTTGCGAAAAACAGGCGGTCCTTGCTTGCGCGCCTTGCGCCCAGGTCCCTTTTTCGGTTTCTCACTGTATTCAGCCTTCCGACCCATA
TTTTTAACTTAGTTTATCCAGTTTCTTGGAGCAGAACTTAAAAAAAAACGTGAGCACTTCGATTTTGCTCCACGTGCGCCGCTCAAAAGACAGCG
AGTGTTTTCCAGCACTGGTCAGAGGGAATTGCTTGAGCCAGTGCTGTCAACTTTTCAGCTTTTAACTAGCTATGAACAATGTTTTTTTTTCAACA
TATATTAATAACTAATAAAATTATATATTACTTTAAATTTTATTTTGTCGGACTTTGCTTGATTCTTACACAGTTTATTTATACAGATTACGTTA
GTATATATATTTGGAAAACACGTGGAACTTTTTAATTAAGATATTTTAGCTACTTGCTCTCCCAGCTGTTTAGCAGCAAACGTATTTCTCAGCAC
TATAAAAACGAGTTGGTAAACTAATTGGTAAATCCAAAAATATCATAAATAAAAAAAATCTGGAATATATCTAATTAACAGAATTCTTGCTTATA
AGTAAGTATTATATCCATTCAATAATTAGATATGATCTTTAGTTGTAATTTAAAATGAAAAATTAATTTAAATAACCGTTATAGTTGCTGCCAAC
TTGATGCGAATAGTAGTTTGTTGACAACCCTGCCATATTTGATTGTGTTGGTGAATGGCTGGTTCAAACGACTGCGCCTTTTTGCGAAAAATTTA
ATTAGTTGCAAATCATGGCATACCAGGAGAAAATAACAGAATTTAAGAACTGGGCCACTAATCTTGGCTGCCCGCCCACTGCCCTGCCCACCGAT
GATGCACTCCGAAGGTAAGTTACAGCTGTGTTAGGCAAATCGGCAACTATCCGTACTTAAAACCCGCTTTTTGCTTCACAGAATTTTTAAGTCCG
GCTCCAGTTTACTTTTGAACCAGCTGCAATCCCGCATCCAGCCGGTGGATTACGTGCGGGAGGTGCGCGAGAACCTGCTGATTGCCCAAGTGGCT
CGCTACAAGGACAAAATGGTGCCGCTGGCCTCTAGGAGTTTCCAGCCACCGGAGCTCCAGAGGTACCAAAAAATACAGGAGCTAAAGAAGCACAA
GGAGAAGGCGAACCAACAGCTTACGGAGGCCCGAAAAGAGTACCAAAAGCTATCTGCCGGCATC
(SEQ ID NO: 952)

Exon: 3909..3703
Exon: 3635..2670
Exon: 2608..1001
Start ATG: 3635 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT24929
TGCTGGAAAACACTCGCTGTCTTTTGAGCGGCGCACGTGGAGCAAAATCGAAGTGCTCACGTTTTTTTTTTAAGTTCTGCTCCAAGAAACTGGATA
AACTAAGTTAAAAATATGGGTCGGAAGGCTGAATACAGTGAGAAACCGAAAAAGGGACCTGGGCGCAAGGCGCGCAAGCAAGGACCGCCTGTTTT
TCGCAAACAATCGTTTGATGGAAGAGGAGGACAAGAAGCTTTCCCACCGACAGAAGCAGAGGTTCGTTAAGCGAGAGCAAAAGAAAGTAGTCCAG
AAGGCCAAACTACAGGAGAAGAGGGCCAAGGGAAAGTTACCACAACCGGCTAAGCGGAAGACGGCCTACAACAGCGACAGCGATCCTGAGGATAA
TGAAGAGGAACCACAGGTTGCATCCTCCGATGAGGAGGTGCCTCAACTGGTGCCGGCTCCGAAGGGCCAGAAAGCTACAGCTCCCAAGGGTTTTA
CAGATGATAATGATGCCTGGCTGAAGCCCAAGAAGCAACAGAAGCAGCCAGAAACGGAGTCCGAGGAGGAGGAGGAGGAGGATGAGGAGTCGGAG
GAGGACTCCGAAGATGAGTTGGGAGAAGAATGTGAAGAGGAAGAGGAGGGAGACGATGAGGAAGGATTGGAATCTGATGATGATACCGCTCAGGT
TGGCAAGCTGGCCGATCTATCCGACGATGATGATGCCAACTCCGACGATGACTTTGACATATCTGGCGAGGAAGATGGTGCTCAGGCAGACAGTG
ATGAAGAGGAGGATGAGGACGACGACGATGATGATGATGATGATGATGACAAGCTGCCCATCGAGCGGGCTAACAAGAAGTTGAAAAAGCGC
GAGGCAGAGGAAGCCCAACTGGCCGACGACGAAATGTTGGAAACCGTTGACAAGCAGGATGTTTTCCAGCTACCCGTCGAAGGCGAAGAAACCGA
GAAGGACCTAACCCTGCAGGAAGTGCAACAGCGCATAAAGGACGTCAGTCTGGTTCTTTCCGACTTCAAAAGGTATCGTCAAGCGGATAGGTCTC
GCGGGGAGTACATCGATTTGCTGCGCAGGGATCTGTGTTTGTATTACAGCTACAACGAATTTTTGATGGAGAAGCTGATGGATATGTTGCCGCTG
ACAGAGCTAATGGAATATCTGGAGGCCTCAGAGATTGCTCGTCCCCTAACCATACGCACCAATACTCTAAAAACACGTCGTAGGGATTTGGCCGG
AGCTCTGATCAATCGTGGCGTCAACTTGGATCCCCTTGGTAAATGGACGAAAGTTGGATTGGTTGTCTTTAACTCACAGGTGCCACTGGGTGCAA
CTCCAGAGTATCTGGCTGGCCACTACATGATCCAGGGCGCCTCTTCGCTGTTGCCTGTAATGGCACTCGCCCCGCAAGAGAACGAACGCATCCTG
GACATGTGCTCCGCCCCAGGTGGAAAGGGATCCCACATCGCAAGCATCATGAAGAACACTGGTGTGCTCTTCGCCAACGATTCTAACAGGGATCG
CATCAAGGCCATTGTTGCCAATTTCCATCGCCTGGGAATTGTAAATGCAGTGGTCAGCTGCGAGGATGGCACTAAGTTCCGGAATATTATGACTG
GCTTTGACCGTGTCCTGCTGGATGCTCCGTGCACTGGAACTGGCGTCGTCTCTAAGGATCCCAGTGTGAAGACCACCAAGTCGGAAGTAGATGTA
CAAAGGTGCTACAACCTGCAGAGGAAGCTTCTGCTGACTGCCATAGATTGTACGGATGCGAAGTCATCAACTGGCGGCTACATTGTATACTCAAC
TTGTTCGGTGTTGCCCGAGGAGAACGAATGGGTCATCGACTATGCACTGAAGAAGCGAAATGTCAAACTTGTGCCCACTGGTCTGGACTTCGGCG
TGGAGGGCTTTACCAAATTCCGTCAGCATCGGTTCCATCCTAGCTTAAACCTTACCAAGCGCTACTATCCGCACACCCACAACATGGACGGGTTC
TACGTGGCCAAGCTCAAGAAATTCTCCAACACCATACCCATAACTAAGGAGCAGCAGGAGGAGGATGAAAAGCAGCTGGATGAGGCCATCGAAGC
GGACGCCACTACAGAAGCGGCTGCGGAGTCTGAGGAGGTGGAGGAGGAGGTAGCGTCAAAGGAGAAGGGTCCCCGAAAACTGCTTGGAAAGCGCG
CCGGAAAACCCAGTTTCACCGAAATCGAACAGGAACTGAAGAAAAAGAAGCGGGAAGAGAGCAAGACCAAGTATGTGGCCAAGGTGTTTGAGCAG
CCTGTCAAAAAGCCAAAGCCAGAAAAGCCAGCAGAGAAGAAAAATGAGAAATCCCAGGCACCGGACAAGCAAACAAATTCAAGCGAGTCACCTTC
CAAGTCTGCACCTAAACAAAAACAAACCAATGGGAAAACCACTGTTTCCAATTCAGATGCGAAATCATTCAATAAAAAGAACAAAGGATCGCAAC
CCAAGGAAAATGGAGCCGGATCACCAGCTAAACCAGATGACAATAAGCCAACAACCAATGGCACAAACTCCCCTAGCAAATCAGCAATTAAGGAA
ACGAAAACGAAGCCACAGCCGAAAGGAAAACAGTCGCCCAAGGGAAACGCCAAACTGGCCAAGGCGCCGCGAGTGGATATCGACGATGTGCCCAT
TCTCGAGGGAAAACCCATCAAGAAGCAGAACAAGCTGAAGCAAAAATCCAAACAGATCGGCCAGCTGAAAAAGTCCACGGCGGGTGCGAATGCGG
GAAAGAAGCAAAAGTTCAAGAAGTGA
(SEQ ID NO: 953)

Start ATG: 208 (Reverse strand: CAT)

MEEEDKKLSHRQKQRFVKREQKKVVQKAKLQEKRAKGKLPQPAKRKTAYNSDSDPEDNEEEPQVASSDEEVPQLVPAPKGQKATAPKGFTDDNDA
WLKPKKQQKQPETESEEEEEDEESEEDSEDELGEECEEEEEGDDEEGLESDDDTAQVGKLADLSDDDDANSDDDFDISGEEDGAQADSDEEEDE
DDDDDDDDDDDDKLPIERANKKLKKREAEEAQLADDEMLETVDKQDVFQLPVEGEETEKDLTLQEVQQRIKDVSLVLSDFKRYRQADRSRGEYID
LLRRDLCLYYSYNEFLMEKLMDMLPLTELMEYLEASEIARPLTIRTNTLKTRRRDLAGALINRGVNLDPLGKWTKVGLVVFNSQVPLGATPEYLA
GHYMIQGASSLLPVMALAPQENERILDMCSAPGGKGSHIASIMKNTGVLFANDSNRDRIKAIVANFHRLGIVNAVVSCEDGTKFRNIMTGFDRVL
LDAPCTGTGVVSKDPSVKTTKSEVDVQRCYNLQRKLLLTAIDCTDAKSSTGGYIVYSTCSVLPEENEWVIDYALKKRNVKLVPTGLDFGVEGFTK
FRQHRFHPSLNLTKRYYPHTHNMDGFYVAKLKKFSNTIPITKEQQEEDEKQLDEAIEADATTEAAAESEEVEEEVASKEKGPRKLLGKRAGKPSF
TEIEQELKKKKREESKTKYVAKVFEQPVKKPKPEKPAEKKNEKSQAPDKQTNSSESPSKSAPKQKQTNGKTTVSNSDAKSFNKKNKGSQPKENGA
GSPAKPDDNKPTTNGTNSPSKSAIKETKTKPQPKGKQSPKGNAKLAKAPRVDIDDVPILEGKPIKKQNKLKQKSKQIGQLKKSTAGANAGKKQKF
KK*
(SEQ ID NO: 954)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384681
CAACGTCTAGGGGTCTCTGGACACTTGTGGCCGTTCTCCGCTTACGCATCTGTTCATTGATATGGCGAAGTAAAGACCGCAGCATTTCATCATCG
AAGAGCAGCATCCATGCTTCCACTGCATTGGACACTGTTCGGGCGGGTCCCTTGCCACAGGCCTGTTGCCCCAAAAGGGGTAGATCCTCTGCAGA
AATATCTGGGCTCCTGGTCACGCTCCATAGCTGCCCACAAGGAGATGTGTAGTTTCCGTTATTATTTGGTGGACGACCACGTCCTCGCTTCGGGG
CAGCTGGCCTGGCGGAATCCTCCTTCTTCAGCACCACGTCAGCCAGTTGGTCCTCGTTCATCAGCATGTCGCTGTCCTCGAAAATCCAGGGAAAA
TTGCATACTGCTTCCTGTAGCGGATCGGAGTCATCTCCGTTAAAGGAGGCACTTTGGACTGTGGAATCGACCGGCGGCAGCCGCTCCTCCACCTC
CATCTTTTCACCATCCTCGTCTTCTTCCTCCTGGTCGCTACATTTAATATTGGCCAGCAGCTCCTCGTCCAGCACGCATTCCATTGTTTGTTTAT
AAACTTGCAACAAAACAAACCTTTTCAGTCGTCGATAGGTTAGGACAGTAACGTCTATACATATCGATAATTTATATAGTTATCGAAAAAGACAT
TTAAAACATAAATCTTAAGCTTGAAAGGTTGAAAACTTATAAAAAAAAATAGTTTGTTCTATTTAGAAAAAATTATGTACATTCTAAATATAACTT
ATTTATTTTAAATGTAGATTTAATTTCCAGCGTAGAGATAACTAGTGTATGTTTATAATTCTTAAACAAATTATACTTAACAAAACTTGTATTTA
TTCTTGGCGCCACTGTTCAAATTTCAAATGAACCTGCCAACTGAACTAACTCCCCAGTGGACCCCCATCCATGATTTATCGCACATAAGCGGCTA
TCGGATTTCTTTCGCCACTAATTTGTTGTTTGGCACGCAGCAAGGAAAAGGAATAAAACGCTTTAAAACCAGTGCCAAAATAGCTTTCCCCAACG
TTCGTTACTATATTTACGTTGTCTGCAAAAAGAGTTTGTCTAATTGGCCTCGATACTACGGTTGTGACGACTGCCCCGTCACTACAGTTTGCTGA
GTGCAGTAACCGGGGCCTGGCTGAAACACTGGGAAAACCAGTGTTTAGTGTAAATAAATGATAGTGGCACCCATTCGGACATCGCAGGTGAATCC
CCGGGAGCTCAAGACGCCCGTTATTTGGGCGCGCAGTGAATTTGTCAAAATATTTTGGTTAAAGTGTCAATTTGACATGTTATATGTCATGGTCT
CTCGTGTGCCAGTGCGATAGTTATCGATAGATAGCCCCAACTTAATTTGTTTTAAATATTTTTAAATTTCTTCTTTACTTAATTCACTACTGTAA
TACGTTCGTTTAATGTATAGTTCCTTGGAAATTAATCGATTTAGCAAGTAGACCGATTGGAAAGAAATCAAAAATCGATTTGAAATGCGTATTTG
AACCTTAGTTGGCCATGACTTTGGTGTCTGAATGACGCCTGCCCTCAGAAAAAGTTAGTTGAATCTCAAAGTCTGTGGTGACAACACCTAAAGAA
ACTAAAAAGTGACAGGTTTCTCTGTTTGTAAAAAAAAAAAAATTGTAATTAAAGTTCTGTTCTTTTCCTTTCAATATTTGCATACCGTTTCTGGT
TGTGTTTTAATGAATTTTCTGTTTTCTGAAGCTTAAGTCTGAGCTGCAATGATCTCGCCGGAACAAGAAGAGGTCAACATGGTCCTGGATCGCCA
TGTACGGCAGAATATCCAGGACATGATGCACGAGGCTCATGTCCAGGCGAGCCTGCTGGAGAACGAAGGTGAGTTTGCTATATTTCGGTCGAGTT
CGGTCTTGTTCATGCCCGTTTTTTTTGCATGTCATCTGCAGGACGCGGCCGTTTCCACTCGGACTCAAGTTTGGACCAGGATTCTCTTCACGCTG
ACGTCATCGTGGAGGAGGATCAGAGCACCGAACACGGCGCCAACCAGGTGCAAAACTACCACGACATGATGGTGGACAGTGAACACCACATCGAC
ATAAATGGGTCGCTGCGCAAACGTCGTGGAAATCTTCCCAAGACCTCTGTAAAGATTTTAAAGCGTTGGCTTTATGAGCACCGCTATAACGCCTA
TCCGAGCGATGCGGAGAAGTTCACCCTGTCCCAGGAGGCCAATCTGACGGTGCTCCAAGTGTGCAACTGGTTCATCAATGCCCGTCGCCGCATTC
TACCGGAGATGATCAGGCGCGAGGGCAACGATCCTCTGCACTTCACCATATCGCGACGTGGCAAAAAGGTTAGCCCCAACTGTTCGAGATCAAGT
GCGTTGGGCGCAAACTTGACTGGGCCGAATCCCGCACACGGAAGTCCTGCTTCCGAAGTGGTGTGTTATCTTCTGGTCAATCATTATACCACTGA
AGTTACTAAATTGCTTGACTCCAGGTCGTTGGCGCTACAGAGGAGGTGGATGGCGCCGGTGAGATTCACGAGGGCATCGCCAATGTGCTGACCAA
CTTTGAACAGTATGTGCAGGGCCCCAACGGACAAATGGTCAAGATGGAGCCGGAGTACGAGGACAGTGTCATCTACAGGTAACTGGTAACCGGTC
TTTATGACCTGCTTCCCTAGCGTTAGTCACTTCTATCTCCTATCCCATCCCACCTATGTCCAAACTCCTTTTCCTCTTCCAAGCTGGCAGCAGGC
CATTGCAAACAACCCGATGGGCTTTCAAAGTCTTCACTCCTCGCTTCAAGCAACCATGATCGATAAAATTAAAAACTATCAGATGCGCAAGGCTG
CCGCCATTGGGGGTTCGGCGGTTGGCTCTGGTGGTGCTGGTGGGTCGAGCTCCAACTCCAGTCCTGCCACATCAATACTGCCATACAGCCTTTTT
GGCCAGCTGCCGCCAGAGTTCGATGACGAAGAAAAGCCAAGACCTCCGAAGCGCGTAAGAACGCGGACGGTTGCTGCAAAGAGTCCTAGGGAGAA
TGCCAAGCAAGCAAAGCAGAAGACTGGGAATAAGCAAGAAACCATGTACTGCTATAAGGATTCATACGGCGGAATCGTGGTGTCTCCTAGGTACA
GCTTCTGCTCCCATTGACTGATCCAGAGCCTTAAATCTTACTCAAGTGCGAGTGGCGGTGCTAAGATTTTACTTTTACCCCCAGGTCCGAAGGCG
AAGAGAGTGCACAGGGATACGAGTCCTGTGGGCCGAACAGCGAGGAGGAAGTACGCTTCGAGACCTCCCATGATTGGCAGAGCGTTATAAAGTAA
GTAGCTATGTGGATGTATTAAGAAAATATTGTAATCTCGGCCTCTGCAATTCCAGAACTGTATTTGGTACTGAGGAAGTCAGCACTTCGGCTGGC
AATAATCCAGGTACCTCTGGTTCTAAGGGATCTGTTCAGAATACCGCCAT
(SEQ ID NO: 955)

Exon: 1001..1227
Exon: 1759..1873
Exon: 1942..2377
Exon: 2434..2470
Start ATG: 1759

Transcript No. : CT25384
GAATAAAACGCTTTAAAACCAGTGCCAAAATAGCTTTCCCCAACGTTCGTTACTATATTTACGTTGTCTGCAAAAAGAGTTTGTCTAATTGGCCT
CGATACTACGGTTGTGACGACTGCCCCGTCACTACAGTTTGCTGAGTGCAGTAACCGGGGCCTGGCTGAAACACTGGGAAAACCAGTGTTTAGTG
TAAATAAATGATAGTGGCACCCATTCGGACATCGCAGATGATCTCGCCGGAACAAGAAGAGGTCAACATGGTCCTGGATCGCCATGTACGGCAGA
ATATCCAGGACATGATGCACGAGGCTCATGTCCAGGCGAGCCTGCTGGAGAACGAAGGACGCGGCCGTTTCCACTCGGACTCAAGTTTGGACCAG
GATTCTCTTCACGCTGACGTCATCGTGGAGGAGGATCAGAGCACCGAACACGGCGCCAACCAGGTGCAAAACTACCACGACATGATGGTGGACAG
TGAACACCACATCGACATAAATGGGTCGCTGCGCAAACGTCGTGGAAATCTTCCCAAGACCTCTGTAAAGATTTTAAAGCGTTGGCTTTATGAGC
ACCGCTATAACGCCTATCCGAGCGATGCGGAGAAGTTCACCCTGTCCCAGGAGGCCAATCTGACGGTGCTCCAAGTGTGCAACTGGTTCATCAAT

GCCCGTCGCCGCATTCTACCGGAGATGATCAGGCGCGAGGGCAACGATCCTCTGCACTTCACCATATCGCGACGTGGCAAAAAGGTTAGCCCCAA
CTGTTCGAGATCAAGTGCTGGTGTGTTATCTTCTGGTCAATCATTATACCACTGA
(SEQ ID NO: 956)

Start ATG: 228

MISPEQEEVNMVLDRHVRQNIQDMMHEAHVQASLLENEGRGRFHSDSSLDQDSLHADVIVEEDQSTEHGANQVQNYHDMMVDSEHHIDINGSLRK
RRGNLPKTSVKILKRWLYEHRYNAYPSDAEKFTLSQEANLTVLQVCNWFINARRRILPEMIRREGNDPLHFTISRRGKKVSPNCSRSSAGVLSSG
QSLYH*
(SEQ ID NO: 957)

Name: Homebox Protein
Classification: transcription_factor

Celera Sequence No. : 142000013384574
TCAAAATCGTCAGGTAAATCTCAATAGAAATTAGAATCTTACGAGTCGATTAACAATTGGTGTTCACTTCTAGAAACGACGAAGACGGCCTGGAG
TTCGATCTGATTGGCGTGTATCCCGCCATTGCAAATGCCTTCCGTCGCCTGATGCTCAGCGATGTGCCCAGCATGGCCATCGAAAAGGTGTACAT
ATACAACAACACCTCGATCATCCAGGACGAGGTACTTGCCCATCGAATGGGTCTACTTCCGTTGCGGGCTGATCCCCGTCTATTCGCATACCGCA
CCGAGGAAAGCACTGAGGCGGGGACCGAGCAGGATACGCTTGAATTTGAGCTGAAGGTGAAGTGCTCGCGGCGACGGGATGCTGGAAAAGATCAG
TCCAACTTCGATGACATTTACAAAAACCACAAAGTGTACTCGGGTCATCTGAAGTGGCTGCCCAAAGGAAAGCAGGCGCAGATATACAGCGAGAG
TGCTGTGAACTGCATTCACGATGACATACTGATTGCCCAATTGCGTCCGGGTCACGAGTTGGATCTGCGCCTGGTGGCGGTTAAGGGACTTGGAC
GGGATCACGCGAAATTCTCGCCGGTGGCCACGGCCACCTACCGACTGCTGCCCATGATTAAGCTGAACCGCGAGGTGACCGGTAAGGATGCGTAC
CTATTACAGAACTGTTTCTCACCAGGAGTAATTGGCATTGACGAGAATGAAACTGCCTATGTAAAGGATGCACGCTACGACACGTGCAGCCGAAA
TGTGTATCGCTATCCCCAGCTAAACGACGCTGTGACTTTGGCCCGTATCCGAGATCACTACATTTTCTCCGTGGAATCAGTCGGCGCACTGAAGC
CCGATGTCATCTTCCTGGAGGCGGTCAAGGTATTGAAGAGAAAGTGCCGGGCGCTAATTGACGAAATTGAGGCAGAATAGTTATTTATTTAGTTG
TTAAAGAAATTATATTATGTACATAAGACAGCTTGATATAAATTGTAAGCCTACGAAGATCGTGCTTGCTCTCTCTTGCGCTTGAGCACCTTCAG
GCGAAATTCCGTTAGGACCACCTGCAGACGCTCCTGGCACATTAGTGCGTCCTCCAGGTCCATGTTGTTCAGCTGCAGAGCCAAACTCTTGCCAA
ACAAGTCAAATTCACTAATAATGGTGTCTTCCGTCATCGCGTCGACTTGGTATTCGTTATTAATCTCCGTATCTTCCGGCTTGAGCTGTATCATC
TCTTCCTCGTAGACCACCTCTTGGTCCTGGAGATCTGTTTCATTCTGTTGTACTTCGAGGAACTCGTTCTCAACCTCAAATTCTTGCTCTTGATA
GGGCTGATCTGTTCTGAGTAAATCATCCAGGATTGAGTCGTTCGAGGCGATTTCGTCCTCCTCCGTCTCCTCCTCCATGCTCTCCACCTTCGTGT
CGTTCTTGATCTTTGGCTGCATTTTGCTCCTTGGCTTTTGCCTTGGATAGGTCTTTGATTTGGCTTTGGGCTTTGCTTTGGGTGAAATTATGGAG
GCCTCCAAGTCTGGGTCATGCTCATCTTTGACAAGTTCACCCTTAATCATATTCTGTAGGTATAAATACGGAGTTGTTAATTTTATGTAAATTAG
TAATGAGATGAGAATTTTTTTTTTGGAGCGATAAGTTGTGCATCGCATAGAGGGAGCTACTGGTTTGGTTAACCATTGCACAAGAAGTAGTCAAT
GGAATAGTTAACGAAAAGTATGGCGAAAACTCACACAAAAATCGTGTTTGAAATTTAGTTTGGATCGCAAAATATTTGAATCAATAATGGACACG
GGTCATTCCTATTGCTTATGCACAAACCCAATCCCACCTTGGCAAGAATGTTGTGGTACTTGAAACTTTCCTGGTGTTTCCGCGTTGCGAGGTGC
TGCTTGATGGACGCTAGTCTGGCGAGGACATTGATGTCGCAGATCTTGCAGTGCGCCGAGTAACCGTCATTACTAGACGCCAGCCAGCTGGAGAG
CTCCGGATATTTCTCCCACTCTGTGCGATAGCGTTGGTGGTACAGTCGCTTCACCTTCTTGTCCTCATCCGTCTTGTAACCCTTCAGCATTGTGC
CCGCTTTCGGATGAAGCTTGTCTGATTTGTGGAAAAGTATTCTTTGAAAGATGAGCGCCAAAAGCAGTCTTTAATAGCTGATGGTGGTAAATATT
TTGGTATATTCCAAAAATTTGCGACGCGAAAAAAATCTGAAAGTCGATGCGGTGTGACTGTAATCGAATACGTTATAATACCAGCAATTAATTCC
AGGGTTGCGACATAGAGGTTGCTGCGCAACGGTCACACTAAGCTGTTTTGTTTATATAAACATTTTATGCCTTCAAGTTTATATTAGAGGCGTTT
ATGGTTGTGTTATGTACTTTTTGAAAATACCTTACTTGTACATAGTTCAAATTAATTTAGTTTGAGATTTTAAATAAAATATTCTTTCATGGTTT
GGGTCTCAGGTAAAGTTTAAGCAGTCACAATACGGCCACACTACACACTCATAGAGAAAAAATATAGTAAATAAAAAGGCTTTGCCGAATTCAGG
ATAGCTTTTGCCTGCACCGTGGGTGCTCAGCCAACATGGTCATTCCAAAGGAGATCCTAAGCGACTTCAAGGAGCTATACGAGAAGGCCAACCGT
CTGGTGGAGGAGGAGAGCCGCAATGATCCGCCCACGGATCCATTCCGCTCCCATTATAAAGCGCGCGATGTGCTAATTGTCTTGAAGAAGCAGCT
GGACGACCAACTGGTATCTGTGCAGGCCAGCGAGGAGGACGGTGGTCAGGACGATCGCTGCTATCACTCTCTGTTGGCCTTCGTTTGCCGGGATC
TAGGCAGGATCTACATCTACACAGAGGAGCAGGCAGAGGGCGAAAAGATGCTCAATCGTTGTCTGGAACTAGTCACGCCGTTTAAGGAGTGCCCT
GAGGGCATCATTCCATTCATTGGGGCAATCAACGAGCTTAGCATTGTGCTGGCCTCCAAGGAAGAGTACAATAAGGGACTGGAAATTCTCCTGGA
GGCAGAAAAAATCTACGAGGACTTCAAAGCCAGTGGTCTGAAGCCCCTGGCCATTCAAGATGTGTTCAATCCTCCGGAGGAGGGACAACAATCTC
ACGAAGCTGGTCCCAAGGAACTGGAATCCCTGTACACGCTAGTCTCATTTTACATGGCGCAAATGTACGGGCATTTGGGTGAGCCGGAAAAGTCG
GCCAAGTGCTGC
(SEQ ID NO: 958)

Exon: 2242..1876
Exon: 1573..1001
Start ATG: 2085 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT25498
TCACACCGCATCGACTTTCAGATTTTTTTCGCGTCGCAAATTTTTGGAATATACCAAAATATTTACCACCATCAGCTATTAAAGACTGCTTTTGG
CGCTCATCTTTCAAAGAATACTTTTCCACAAATCAGACAAGCTTCATCCGAAAGCGGGCACAATGCTGAAGGGTTACAAGACGGATGAGGACAAG
AAGGTGAAGCGACTGTACCACCAACGCTATCGCACAGAGTGGGAGAAATATCCGGAGCTCTCCAGCTGGCTGGCGTCTAGTAATGACGGTTACTC
GGCGCACTGCAAGATCTGCGACATCAATGTCCTCGCCAGACTAGCGTCCATCAAGCAGCACCTCGCAACGCGGAAACACCAGAATATGATTAAGG
GTGAACTTGTCAAAGATGAGCATGACCCAGACTTGGAGGCCTCCATAATTTCACCCAAAGCAAAGCCCAAAGCCAAATCAAAGACCTATCCAAGG
CAAAAGCCAAGGAGCAAAATGCAGCCAAAGATCAAGAACGACACGAAGGTGGAGAGCATGGAGGAGGAGACGGAGGAGGACGAAATCGCCTCGAA
CGACTCAATCCTGGATGATTTACTCAGAACAGATCAGCCCTATCAAGAGCAAGAATTTGAGGTTGAGAACGAGTTCCTCGAAGTACAACAGAATG
AAACAGATCTCCAGGACCAAGAGGTGGTCTACGAGGAAGAGATGATACAGCTCAAGCCGGAAGATACGGAGATTAATAACGAATACCAAGTCGAC
GCGATGACGGAAGACACCATTATTAGTGAATTTGACTTGTTTGGCAAGAGTTTGGCTCTGCAGCTGAACAACATGGACCTGGAGGACGCACTAAT
GTGCCAGGAGCGTCTGCAGGTGGTCCTAACGGAATTTCGCCTGAAGGTGCTCAAGCGCAAGAGAGAGCAAGCACGATCTTCGTAG
(SEQ ID NO: 959)

Start ATG: 158 (Reverse strand: CAT)

MLKGYKTDEDKKVKRLYHQRYRTEWEKYPELSSWLASSNDGYSAHCKICDINVLARLASIKQHLATRKHQNMIKGELVKDEHDPDLEASIISPKA
KPKAKSKTYPRQKPRSKMQPKIKNDTKVESMEEETEEDEIASNDSILDDLLRTDQPYQEQEFEVENEFLEVQQNETDLQDQEVVYEEEMIQLKPE
DTEINNEYQVDAMTEDTIISEFDLFGKSLALQLNNMDLEDALMCQERLQVVLTEFRLKVLKRKREQARSS*
(SEQ ID NO: 960)

Celera Sequence No. : 142000013384574
CTTTTGGGTACCAAATCTTAGGCGTTCGGTGGTCCATAGTCATGTGCTGGACTGCTACATGTCCGTGGTGGTGACGGAACGCACGCTGGAGCAGA
TCCATGAATGTCATGGCTTTGATCACTACCTCCTCAAGAATCGTGCCTGCGATCTTCGCTCCGCTTTGGCTCTGAAACTCAAGCGAGAGGTGCTT
CAGGCCCTGCAGAACGGTGTTCCAGCCCTCGCCGACGAGCCCGAACGCCAACAGGAAGTGCTTAAGGAATACCGCCGCTATCTGGAACCATATAC
GCCCGAGGAAATCGATTGGTACGGCCATACCTATTTGGAGGCCATACGCAAGCTGCAAAAGCAGCTGCGCGAAGCGGAAAAGGTGGTGCCGCATA
AGTTGGAGTTCCGCGGAAAGCTTATCGAGCAGCTGCGCCAGGCGGGGATCAGCGAAGCGGGAAAGCTGGAGAAGCCGGATGCATTAGCAGCAGAA
TCGTCGGTCGAACACAAGGATTCGGATATCGAAGCGCTTACAAAGCTGTAAGTCACAAATACTTCTGTAATGAATTTCCTAACCAATGATTTATT
CCAGGGAATCCTCCCCCTCTTCCAGTTGGCTGTCTAAAATCAATCCTTTCGGCAAGAAAGAAACCTAGAAAAGCTGTCCGCGTTTGTTTTTGATT
TATGTGTTTAGCCTCGAACGAATAAACATAACTTCGGAAACATTTCGTTACAATTTGAAGGTATTAAAACGTTGTTACTCGAACGTCTTTATTTC
AAATATTCGTTACATCTGGTACTGTATAAAAACAAGTAGAATCACACACTGAACATGAACGTACGCGGCAAAGTAGAAAAAGGAATGATTGCAAA
TCCCCACGAGAATACAGAAATACATTGACAAATCAACTACGCTGATCACTTTACGCTTAGACTATGGTTAGTGTATAGCTCCGCAAGCGGGCAGA
GAGCTTTGTGCCGTAAATGATCCCAGTCCGAGCTGGAAGCCAGGTAGGCCTTAAGCGATTGGATTTTTCCTCATTAATTCGATGTCAGCCTTCAT
CATGTCGCTAACCAATTCCACGAAGGTAACTTTAGGCGTCCAGTTTAGCTCTCGATTGGCTTTGGACGCGTCGCCTTGCAGCAGATCGACCTCCG
TCGGCCGAAAATACTTTGGATTTATGCGGACGCGCACAATACCCGTGCCGTTCTCCACTCCCACCTCGTCCACACCCTTGCCCTTCCACGTTATC
TCTCGATCAATATGCTTGAACGCGGCTTCCACGAATTCGCGCACACTGTGCGTTTCGCCTGTAGCTATGACGTAGTCGGAAGGAGACTCCCGCTG
CAGCATCATCCACATGGCCTCCACGTAGTCGCTGGCATGTCCCCAGTCGCGCTTTGAGTCGAGATTGCCCAGTTCAAAATACTCCATTTGCTTGT
GATAAATCTTGGCCACGCTACGGGTGATTTTTCTAGTCACAAAGTTCTCGCCACGTCGTGGACTTTCATGGTTGAAGAGGATTCCATTACAGGCG
TACATGTTGTAGGCTTCCCGGTAGTTGATGACGATCCAAAAGCCGTACATCTTAGCGCAGGCTAAAGTTAGGTGGGATTAAGTATTACTTTTAGC
ATACATTATCGAAGCTGCTGCCTTACCATATGGCGACCTGGGATAGAAGGGCGTCTGTTCGTTCTGTGGCGTCTCCACCACTTTACCATATAGCT
CCGAAGTGGAGGCTTGGTAAAACCTCACGTTCTTTTCCATGCCACAAGTGCGGATGGCGTCCAGAATGCGCAACGTGCCCACGGCGTCCACCTCG
GCCGTGTACTCACTGAGATCGAAGGAGACCTTGACATGGGATTGTGCTGCCAAATTGTAAATCTCCGTGGGCTTCACCATATTGATGATCTTCAC
CAGGCTGCTGCTGTCCGTCATGTCGCCATAGTGGAGCTTCATACGCCCACCTTTGTGCGCCTTTGGATCGGCATATAGATGCTCAATGCGGGTGG
TGTTGAAGGTGCTGGCCCGCCGAATAATGCCGTGCACCTCGTAGTCCTTCTTGAGCAGAAACTCTGCCAAATAGGAGCCATCCTGGGCGATAGGG
AACAAGTAAGAATCGAGCACTTTGAACACGTAAGCACGGAATGAAGGAGATGCCCCTGAAACAGCCGTGACTAATTCATCAATTACACACCTGGC
CCGTTATGCCTGTTATCAGCGCCACTTTATCACGGGAGTCGCCTTCGGCGCCGGCTTCCGTTCCGTTTTGGTCCTTGCTGCCGTTGCTGCTGCTT
TCAGGACGTTGCTTCTTGGTTTCCGGGGCCCCATCGGAAGTCGACATAGCAATTAGCCGGGTATTTAGCATTTACTGACGCTAGTTTTAATTTTC
ACGCCGACGCAGCCCGGATAATAAACAAACTTTTGTCTACAGCACTCAGGTAGAGGTGAATAAATAATCGATTGGTTATCGATACATCGCAATCG
AAGCACTTGTACGGGACAGTGGGGCAATCTATTTAAGACAGCCTAAATTATTTTCAATAAGCAAAAAGTAAATATTTTATCACAAAAAACAAATT
ATGTATGGAATAACATTTTAAATAAGAATTCAGCGCAAATTTAAAATTAAAACCAAATCTGGTTGAATAACACTTTATTTACTTTACTGCCAATG
TTGCACTTTTTTTCGATTTTGTTCCACTTTGTGGCAGTGTTGAGTAGCAGGAAAACCCACGTAGCGATTTTTAGCGCATACCTTTCAGCGAAAGC
CGGACGAAAATAACATAACGTTGGCACAACCACCTATCTTATCATTCCTCCTCCACTCCCAAGCCGATTCGCCACCGGGCATCAATATCTTCTTC
GGCGGAACCCGCATTACGTGTGCGTAAACGGCGGCTTTCAATTTCATTCTCGGAGCGACCGGCCGGCCAGCTTGATAACACCGGTGCATAGTGAA
ACCAGCGCCGCTTACTAATTAAGTACGACCACGACCTCCGAGATAAACAGAAGTCAATTGTTCGCAGCACAAAAATGACGGATCTTATCAGGCAG
GGTGCTCTGTTCCTTATGAGCGAGAAGTGCTATGATAACTACTTCCTCTATCACAACTTTTTAGATGGTGAGTGGCTGCTAATTCAAAAAGGTAT
GTGCCTATTAAGTATCAATTAACATTTCTCGTAGTTCCGTGCTTCAAGGCTTTGCTGAGCAAGGGCTTGGGATTGGCAATTATCGCAGGTTCCGT
GCTGGTCAAAGTACCACAAGTGCTGAAGATCCTTAACAGCAAGTCTGGCGAGGGCATCAACATTGTGGGCGTAGTGTTGGACTTGCTGGCCATCT
CCTTCCACCTGTCGTACAACTTTATGCATGGCTATCCGTTTAGTGCCTGGGGCGACAGTACCTTCCTGGCCATCCAGACCGTCACA
(SEQ ID NO: 961)

Exon: 2411..2181
Exon: 2077..1642
Exon: 1581..1001
Start ATG: 2327 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT25524
ACAAAAGTTTGTTTATTATCCGGGCTGCGTCGGCGTGAAAATTAAAACTAGCGTCAGTAAATGCTAAATACCCGGCTAATTGCTATGTCGACTTC
CGATGGGGCCCCGGAAACCAAGAAGCAACGTCCTGAAAGCAGCAGCAACGGCAGCAAGGACCAAAACGGAACGGAAGCCGGCGCCGAAGGCGACT
CCCGTGATAAAGTGGCGCTGATAACAGGCATAACGGGCCAGGATGGCTCCTATTTGGCAGAGTTTCTGCTCAAGAAGGACTACGAGGTGCACGGC
ATTATTCGGCGGGCCAGCACCTTCAACACCACCCGCATTGAGCATCTATATGCCGATCCAAAGGCGCACAAAGGTGGGCGTATGAAGCTCCACTA
TGGCGACATGACGGACAGCAGCAGCCTGGTGAAGATCATCAATATGGTGAAGCCCACGGAGATTTACAATTTGGCAGCACAATCCCATGTCAAGG
TCTCCTTCGATCTCAGTGAGTACACGGCCGAGGTGGACGCCGTGGGCACGTTGCGCATTCTGGACGCCATCCGCACTTGTGGCATGGAAAAGAAC
GTGAGGTTTTACCAAGCCTCCACTTCGGAGCTATATGGTAAAGTGGTGGAGACGCCACAGAACGAACAGACGCCCTTCTATCCCAGGTCGCCATA
TGCCTGCGCTAAGATGTACGGCTTTTGGATCGTCATCAACTACCGGGAAGCCTACAACATGTACGCCTGTAATGGAATCCTCTTCAACCATGAAA
GTCCACGACGTGGCGAGAACTTTGTGACTAGAAAAATCACCCGTAGCGTGGCCAAGATTTATCACAAGCAAATGGAGTATTTTGAACTGGGCAAT
CTCGACTCAAAGCGCGACTGGGGACATGCCAGCGACTACGTGGAGGCCATGTGGATGATGCTGCAGCGGGAGTCTCCTTCCGACTACGTCATAGC
TACAGGCGAAACGCACAGTGTGCGCGAATTCGTGGAAGCCGCGTTCAAGCATATTGATCGAGAGATAACGTGGAAGGGCAAGGGTGTGGACGAGG
TGGGAGTGGAGAACGGCACGGGTATTGTGCGCGTCCGCATAAATCCAAAGTATTTTCGGCCGACGGAGGTCGATCTGCTGCAAGGCGACGCGTCC
AAAGCCAATCGAGAGCTAAACTGGACGCCTAAAGTTACCTTCGTGGAATTGGTTAGCGACATGATGAAGGCTGACATCGAATTAATGAGGAAAAA
TCCAATCGCTTAA
(SEQ ID NO: 962)

Start ATG: 85 (Reverse strand: CAT)

MSTSDGAPETKKQRPESSSNGSKDQNGTEAGAEGDSRDKVALITGITGQDGSYLAEFLLKKDYEVHGIIRRASTFNTTRIEHLYADPKAHKGGRM
KLHYGDMTDSSSLVKIINMVKPTEIYNLAAQSHVKVSFDLSEYTAEVDAVGTLRILDAIRTCGMEKNVRFYQASTSELYGKVVETPQNEQTPFYP
RSPYACAKMYGFWIVINYREAYNMYACNGILFNHESPRRGENFVTRKITRSVAKIYHKQMEYFELGNLDSKRDWGHASDYVEAMWMMLQRESPSD
YVIATGETHSVREFVEAAFKHIDREITWKGKGVDEVGVENGTGIVRVRINPKYFRPTEVDLLQGDASKANRELNWTPKVTFVELVSDMMKADIEL
MRKNPIA*
(SEQ ID NO: 963)

Name: GDP-mannose 4,6-dehydratase like
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384668
AAAAGATATGAAAGAGCCCCCGTTAAGCTATTCAAAAACAAAACAATGTGCAACATGTTTTAAATGCTTAAATAATTTTAATTTGATATAATTCA
CAAGCGTTATACATTTTTTCCCTTAGACAACCCTATGAAGTGAACCTGATGCTTCCCACATAAGTAAACATCTTGGATGCACTCGAATTTCGTCG
CCAGGCACCGCCAGTCTGGATCGAACTAAGCAAAGTCCAGAGCACCGCGATTGAGTATTGGGCGTTTCAAATTTCCTGGCTAATTTCTCACAATC
AGTTAATGCTAACAAAAGTACTTATGCGGCGGATAGTTCCTAAGAATGTGGGAGTATGACTTTAAGATACGATAAACTTACTTAATGCAAATAGG
AGTAAGATTGAAAGTTAATAATTAGTTTTAGGTACCCATAAGATGTTTTTTTCTTCGGCTCTCAAAATCTGCTTTATTTAGTTTTCGTTCTTTAA
ACTATGTATCTTTTAAGTGGGCAGTAAACAAGCTTCATCCACTAAAAGCCCAAACAAATATTTACTGCCTTTTTTTTGCTACTATAATTGGTTTAT
TACTGAGCTGAGAACCTCTCCCAAAGAGATCTATTTAAATGCCGACTGAGAGATTTTAAGAACAGAGAGAGAGTTCCATTTTGTTTATGAAAAGC
TAATTGCCAAATTGGGAAGCCAAAGCCTGCTGGAATATTGCATTCCATTTAAGAAAAGAGGGTAGGAAGAAGAAGAACTGGAAACGTGGCTAAAT
ATGTTAACTAATTCATTAACTTCGTTTCCTTTTCAACGCCCACTGGAACTAGAATCAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGA
GAGCCAAACTTAAAATTAAAACACTACCTTTTTCCAGTTAACCGGCCGGCTTACACACACAGTCAAACGCCTGAAGCTTGAAAGAGAGTGTTTGC
TTGATGAGAGCGGCAAGCGTATAAAAGCAGCGTCGCCGGCAGAAGAAAGTCAGTTGCAGTGCAGTCGTCGTGACGATCGGTTCAGTGATAGCTTC
CCAGTGGCTGGAGAGAGTGAGAGTAGAGAGTAACGGAAAGAGAGTGCGAATCGAACCGAACGCTATTCCTTCGCCCACGATTTAAGTGAACGCTT
ATTAGCGAATTGAAGACCCGAGAGCCCCAGTGCCCAGCTGATTTCGTATTCTTTGTTGAGGTAAGCCAAGGAATCCCTGGAACCACCTCATTTCG
TAGCACCTTAGTGATGTAATTACGCACCAAGATTTACCCTTGCCAAAAAGTGGAAAACGCTTTTGCGAACTTCGATGCCGAATGGTGTTCGTCTC
GAATCGGTTCTAAAATTACACACAATGGTTTTTTGGCTTCGATTGATTTGATTTGATTTTTGGGTCAATCGATTCGAAATCGAAAAGTTTTGAAC
TCGTTTCGCAGAATCGCAGTTCGCGCGGATCTCTCGCCTCGCTCGCAAGCAAATATGTGAAGGACAACGACGTTAACCGATCAACTAGAAGCCCT
CTTCTTCTGCCTCTTCAGAACCGATCAGATCGGAATAGAAATATAGAAACGACCATAGCACCTCCGTCGACTGTGGAGTGCGTGAACGTATTTCG
AAGCGTGAGGTACTCGAACCGGAACCAACTTGAGTGTAGTGCATATTCGGGATCTTATCCAAACGCAGGCTTACATAACCCCTATTTTAATACCT
TTTCAAAAAGGAATAATTGAAATTCAAAACAAAATTATTTAGCAACAAACAAACAATCAGTTATATTTTTGAACTGATATGCCTCGGGGCTAGGG
GTCCCAGACTTTCAAATTCTAGTGATAACCCCCCCGATCGGCGAGTTCATCTGGAAATGTTGCCCATATGGGCCGGGTGCACGTGAATCTCTTCA
GTGCCCATTGACGCACTTTGTGTGCCTCCACTGGGTCCTTGACCCGCTGTGATCCCTGCCCTTTCCCATGGATTGGATAATCTAGGTGTCATTAT
CTTCCCTAACCTTTTCCCACGATTAAAGTGAAACCATTTGCCACGATTTTAGTGCCGTAGTGCCAGATCAAAGAGCCAAAATAGATCAGAGAATC
GAAATTTAATTAAATCATGACACCGAAACACCGAGACAGACCAAATTAAATTCAATTGAAGCTGTCATGGCAACAAGTGCCAGCAAAAAAAAGGA
AGAGCACTACGGCGAAACCAGAAGATAACACCGAAAAGTCAAATCGATTGTTGCAATTTGAGACTCTCCGAAAGCGAAAATTGCAGCGGAAGAGG
CGGCCAATCGGCCATTACTAAACGGTGATGGGGTTGGGGAGGGGATCCGAAGTCTTGGTGACTGACTGGGCGCCCTGCCAAAATGATGGCAAAGG
CAGAGACACCATGATTCCTCAGCCAAATCGAACGAAAACGGGTTTACGCTCTACATGGACCCCATTGCACACTGAATCCGTTTATCCAGCGAGGC
AAAAAGTGCCGACGACAATGGAAACAGGGGCGTAGTATCCGTACCTCCTCCGTCCTACGATTCTTCCAGCAGCGCCAACGCCCCAAAAGATATTG
ATTCCGACTTTTGCGCGATTCAGCGAAAAACATAAGGGGACCAAAAGTGGGCAGACGGGCGGAGGAGTGGTGTCTGTTTCTTTGATATGCGTGGG
TGTGTTGTCTGTGCGGCAATCGATGCACTTCCGGTGGGTTCTATGGGGAAATACTCTTGCGTTTCAGTATATATCTACTATATATATTGCAATTT
TATGGTAATTATATTTTCTGTCAACTTTTGCCTTGACTCCGCTTGATTTATTGCATTGTTCTTGAAGAATAGCCTCATAAGGCATGCAAGCAAAC
ATGGCTTTCGAACTAGCGCAAAATTAGCTAGTAGCTTATAGAGTATATGTAGCTTACCCCCAACGGTTTTTATATCATTTGTTTAAACCACTTAA
GAATATTCGTAGCCTTGTGGACACACTTTATCGTGGATCGTGGAAGTTATACGACACCGTAATATATCCTTATCACTCACGCATATTCTGGCCCA
CTTCAGCTAGAAACGTTTGGCGCGTTCGCCTTATCATAAAAATCAGGCTATCGACTGATTAACTGAGTTTAATAAGCCAGCAAACGTAAACAAAA
ACTACGAAAGTTCTGGAAAACTAACCAAGGCTATTTCAAAACGGCGTGAAATGGCTAGCACTCTAAATTATTGAAGTTTTCAACATATGTATATC
TAATCTGATAGCCAAGAAAACATAATGGTTACCAACTTTCCATATACACCGTAATTTATTATTGATGAATATCAAATTATCGATAGTACTTCCCC
GATAAGATTCTGTTAACACACATTGCTCTACTTTTCTATCAGGGAATTGCATTGAGAAAGCGCAGAGATGGCCGATGAAGCACAAGCACCACCAG
CTGAGGGAGCACCACCAGCCGAGGGAGAGGCGCCACCACCCGCCGAGGGAGCCGAGGGTGCCGTCGAGGGCGGAGAGGCCGCTCCACCAGCAGAG
CCCGCCGAGCCCATCAAGCACAGCTACACGCTCTTCTACTTCAACGTGAAGGCGTTGGCCGAGCCCCTGCGCTACCTGTTCGCCTACGGCAACCA
GGAGTACGAGGATGTGCGCGTCACCCGCGACGAGTGGCCAGCCCTGAAGCCCAGTGAGTGCCATAGTCCATCATTGAGTGGTCAGTGGACTAACC
ATAATCTACTCTGTCTCATCCAATAGCCATGCCCATGGGACAGATGCCCGTGCTGGAGGTGGACGGCAAGCGTGTGCACCAGAGCATTTCGATGG
CTCGATTCCTGGCCAAGACTGTCGGCCTGTGCGGCGCTACTCCGTGGGAGGATCTGCAGATCGACATTGTCGTTGACACCATCAATGACTTCCGT
CTAAGTAGCGAACAATGTGTGCCTCAGTTTCATGTTCAGTGTCCTTGATTAACTCTGGAATTTTTAATGTATAGAAATTGCAGTCGTCTCGTACG
AGCCGGAGGACGAGATTAAAGAGAAGAAGTTGGTCACCCTGAATGCGGAGGTCATTCCATTCTACCTGGAGAAGCTCGAGCAGACCGTCAAGGAC
AACGATGGTCACCTGGCTCTGGGCAAGGTGCGTGCTCAAATGAGAACTTGAAACCATACACTCGTTAATTTTGAATGAACAATACTAAGAACCAT
CGATTCCTTTCACCCACAGCTGACCTGGGCCGACGTCTACTTCGCAGGCATCACCGACTACATGAACTACATGGTCAAGCGCGATCTGTTGGAAC
CCTACCCAGCTCTGCGCGGAGTCGTGGATGCCGTCAACGCTTTGGAACCGATCAAGGCCTGGATCGAGAAGCGCCCCGTCACCGAGGTCTAAGTT
CACCGAACAGGACTTGGGAGGATGGGAAAGCATTGCACAACCACTCAGACACAACCGCACCGCAGAAATGCACACCACCCACATCTGCACACATT
TTGTTCCTTTTTGCGGAGGATCCGAGAGGACGGCGGATTTTCGCACGGGGTCATAAACGCGTAGGAGTTTAGCACGTATCACTATGGATAAATCG
TATTTGTTCTTAATTTCTTGGTTATAATTCTCTTTGCATGGCGCTATATACATATTTCTATTGGGGTCCGGCAGCGGATCGCCGTTCGTTAGCTT
CTTCTGAAATGATGAAAGATAATACTTATTGCACAGTTTATAATATTTTGGCTTACTTTTAGAACATACATTTAGCGCACCTATGCAGACATTTG
CTGTACCTATATATATATATATATGCATAAAATACAAAAGCTACGAGTGGTTCATCTTATAGGCGTATTCTATTGCAATTTATTCAATGCGGAGG
GCTCAATAAATATTTAAAACAACACCAGCTAAGGCTGAGAAACAATTACAAATTCTTATTTTGTTTTTTATACAACACGCCATCGCGGCCCCAGG
AATTTTCTTCGTCTCATCCAGTTCCCTTTTAAGTAGCCATTAAAAAAAGACTCACATCAATAGAACCGGTTTCTCCAAAAAAAAAAAAAAACAGAC
TCTTACTGCCAAATTTCAAATGCACATAATCACATTATTATATACATATTATTTATTCAAATTTGTAATTGTATTTTTTGAATATTTTCACAAAA
CACTTTTTAATAAACATAACACCTAAAAAGGAATGAGCACTTTTTAAAAGCACGACAACTGGTTTTATTTAATTTTTGTACGATGTATTGGAATA
ATTTATTAATTGTTGACATATTTAAGAAATTTAAAGAAAGTGTTTATTTACATTATTAATTTTTATTTTTATTATCCTTTCAATTTGCATTTCCA
AAGCCGACCCGACAGACATAAATAAATGCATGGAGTTGTGTTCAACATTGTTTTATAAACGTTTAAAAAAATAACATTTCAAATTAACATTCTTT
TAAGTCACTTTGGACAATTCAAGCTTAAAAGTATAAATGCACAATTGGTCAGTTTTGATTCATTATTTCATATTGTATGTTGCGGTTACTGGTGC
TTCCAGTTGGGTGGGCGCTTCTCGAAGAAGCTAGCAATGCCCTCTTTGGTGTCGCCCAGCTGGAAATTTTCGCACATCTTCTCCTGCGCAGCCGA

AAAGGCTTCCGCTTGGGACATGGCCAGTTGCTTGTAGTAGAACTCTTTTCCCAGAGAGATGACGGCACGACTTTTTGCCTTTATGGCATTGGTGA
TTTCCTCGATCTCCTTATCTAGTTCCTCTGCAGGAACAGCTTTGGTGACCATTCCCGATATGTAGGCTTCTTCACCAGTAACGGGAAGACCGGTC
ATTAGCATATAGGCGGACTTTGGACGCGACATAATCCGGGCAACTGCGACTCCGGGTGTTGAGCAAAAAACTCCGACTCCAGCCCTAAAAATATA
AATTATAACATGATTAACTGGTTTCATAGAGGGTTTTCATCCTTACCCTGGAGTAGAGAACTTG
(SEQ ID NO: 964)

Exon: 1001..1200
Exon: 3368..3663
Exon: 3732..3899
Exon: 3970..4112
Exon: 4200..4954
Start ATG: 3393

Transcript No. : CT25660
CAGTTGCAGTGCAGTCGTCGTGACGATCGGTTCAGTGATAGCTTCCCAGTGGCTGGAGAGAGTGAGAGTAGAGAGTAACGGAAAGAGAGTGCGAA
TCGAACCGAACGCTATTCCTTCGCCCACGATTTAAGTGAACGCTTATTAGCGAATTGAAGACCCGAGAGCCCCAGTGCCCAGCTGATTTCGTATT
CTTTGTTGAGGGAATTGCATTGAGAAAGCGCAGAGATGGCCGATGAAGCACAAGCACCACCAGCTGAGGGAGCACCACCAGCCGAGGGAGAGGCG
CCACCACCCGCCGAGGGAGCCGAGGGTGCCGTCGAGGGCGGAGAGGCCGCTCCACCAGCAGAGCCCGCCGAGCCCATCAAGCACAGCTACACGCT
CTTCTACTTCAACGTGAAGGCGTTGGCCGAGCCCCTGCGCTACCTGTTCGCCTACGGCAACCAGGAGTACGAGGATGTGCGCGTCACCCGCGACG
AGTGGCCAGCCCTGAAGCCCACCATGCCCATGGGACAGATGCCCGTGCTGGAGGTGGACGGCAAGCGTGTGCACCAGAGCATTTCGATGGCTCGA
TTCCTGGCCAAGACTGTCGGCCTGTGCGGCGCTACTCCGTGGGAGGATCTGCAGATCGACATTGTCGTTGACACCATCAATGACTTCCGTCTAAA
AATTGCAGTCGTCTCGTACGAGCCGGAGGACGAGATTAAAGAGAAGAAGTTGGTCACCCTGAATGCGGAGGTCATTCCATTCTACCTGGAGAAGC
TCGAGCAGACCGTCAAGGACAACGATGGTCACCTGGCTCTGGGCAAGCTGACCTGGGCCGACGTCTACTTCGCAGGCATCACCGACTACATGAAC
TACATGGTCAAGCGCGATCTGTTGGAACCCTACCCAGCTCTGCGCGGAGTCGTGGATGCCGTCAACGCTTTGGAACCGATCAAGGCCTGGATCGA
GAAGCGCCCCGTCACCGAGGTCTAAGTTCACCGAACAGGACTTGGGAGGATGGGAAAGCATTGCACAACCACTCAGACACAACCGCACCGCAGAA
ATGCACACCACCCACATCTGCACACATTTTGTTCCTTTTTGCGGAGGATCCGAGAGGACGGCGGATTTTCGCACGGGGTCATAAACGCGTAGGAG
TTTAGCACGTATCACTATGGATAAATCGTATTTGTTCTTAATTTCTTGGTTATAATTCTCTTTGCATGGCGCTATATACATATTTCTATTGGGGT
CCGGCAGCGGATCGCCGTTCGTTAGCTTCTTCTGAAATGATGAAAGATAATACTTATTGCACAGTTTATAATATTTTGGCTTACTTTTAGAACAT
ACATTTAGCGCACCTATGCAGACATTTGCTGTACCTATATATATATATATGCATAAAATACAAAAGCTACGAGTGGTTCATCTTATAGGCGTA
TTCTATTGCAATTTATTCAATGCGGAGGGCTCAATAAATATTTAAAACAACACCAGCTAAGGCTGAGAAACAATTACAAATTCTTATTTTGTTTT
TTATACAACACGCCATCGCGGCCCCAGGAATTTTCTTCGTCT
(SEQ ID NO: 965)

Start ATG: 226

MADEAQAPPAEGAPPAEGEAPPPAEGAEGAVEGGEAAPPAEPAEPIKHSYTLFYFNVKALAEPLRYLFAYGNQEYEDVRVTRDEWPALKPTMPMG
QMPVLEVDGKRVHQSISMARFLAKTVGLCGATPWEDLQIDIVVDTINDFRLKIAVVSYEPEDEIKEKKLVTLNAEVIPFYLEKLEQTVKDNDGHL
ALGKLTWADVYFAGITDYMNYMVKRDLLEPYPALRGVVDAVNALEPIKAWIEKRPVTEV*
(SEQ ID NO: 966)

Name: glutathione S transferase 2
Classification: enzyme
Gene Symbol: Gst2
FlyBase ID: FBgn0010226

Celera Sequence No. : 142000013384668
GCTTTATTTAGTTTTCGTTCTTTAAACTATGTATCTTTTAAGTGGGCAGTAAACAAGCTTCATCCACTAAAAGCCCAAACAAATATTTACTGCCT
TTTTTTGCTACTATAATTGGTTTATTACTGAGCTGAGAACCTCTCCCAAAGAGATCTATTTAAATGCCGACTGAGAGATTTTAAGAACAGAGAGA
GAGTTCCATTTTGTTTATGAAAAGCTAATTGCCAAATTGGGAAGCCAAAGCCTGCTGGAATATTGCATTCCATTTAAGAAAAGAGGGTAGGAAGA
AGAAGAACTGGAAACGTGGCTAAATATGTTAACTAATTCATTAACTTCGTTTCCTTTTCAACGCCCACTGGAACTAGAATCAGAGAGAGAGAGAG
AGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGCCAAACTTAAAATTAAAACACTACCTTTTTCCAGTTAACCGGCCGGCTTACACACACAGTCAAACGC
CTGAAGCTTGAAAGAGAGTGTTTGCTTGATGAGAGCGGCAAGCGTATAAAAGCAGCGTCGCCGGCAGAAGAAAGTCAGTTGCAGTGCAGTCGTCG
TGACGATCGGTTCAGTGATAGCTTCCCAGTGGCTGGAGAGAGTGAGAGTAGAGAGTAACGGAAAGAGAGTGCGAATCGAACCGAACGCTATTCCT
TCGCCCACGATTTAAGTGAACGCTTATTAGCGAATTGAAGACCCGAGAGCCCCAGTGCCCAGCTGATTTCGTATTCTTTGTTGAGGTAAGCCAAG
GAATCCCTGGAACCACCTCATTTCGTAGCACCTTAGTGATGTAATTACGCACCAAGATTTACCCTTGCCAAAAAGTGGAAAACGCTTTTGCGAAC
TTCGATGCCGAATGGTGTTCGTCTCGAATCGGTTCTAAAATTACACACAATGGTTTTTTGGCTTCGATTGATTTGATTTGATTTTTGGGTCAATC
GATTCGAAATCGAAAAGTTTTGAACTCGTTTCGCAGAATCGCAGTTCGCGCGGATCTCTCGCCTCGCTCGCAAGCAAATATGTGAAGGACAACGA
CGTTAACCGATCAACTAGAAGCCCTCTTCTTCTGCCTCTTCAGAACCGATCAGATCGGAATAGAAATATAGAAACGACCATAGCACCTCCGTCGA
CTGTGGAGTGCGTGAACGTATTTCGAAGCGTGAGGTACTCGAACCGGAACCAACTTGAGTGTAGTGCATATTCGGGATCTTATCCAAACGCAGGC
TTACATAACCCCTATTTTAATACCTTTTCAAAAAGGAATAATTGAAATTCAAAACAAAATTATTTAGCAACAAACAAACAATCAGTTATATTTTT
GAACTGATATGCCTCGGGGCTAGGGGTCCCAGACTTTCAAATTCTAGTGATAACCCCCCCGATCGGCGAGTTCATCTGGAAATGTTGCCCATATG
GGCCGGGTGCACGTGAATCTCTTCAGTGCCCATTGACGCACTTTGTGTGCCTCCACTGGGTCCTTGACCCGCTGTGATCCCTGCCCTTTCCCATG
GATTGGATAATCTAGGTGTCATTATCTTCCCTAACCTTTTCCCACGATTAAAGTGAAACCATTTGCCACGATTTTAGTGCCGTAGTGCCAGATCA
AAGAGCCAAAATAGATCAGAGAATCGAAATTTAATTAAATCATGACACCGAAACACCGAGACAGACCAAATTAAATTCAATTGAAGCTGTCATGG
CAACAAGTGCCAGCAAAAAAAAGGAAGAGCACTACGGCGAAACCAGAAGATAACACCGAAAAGTCAAATCGATTGTTGCAATTTGAGACTCTCCG
AAAGCGAAAATTGCAGCGGAAGAGGCGGCCAATCGGCCATTACTAAACGGTGATGGGGTTGGGGAGGGGATCCGAAGTCTTGGTGACTGACTGGG
CGCCCTGCCAAAATGATGGCAAAGGCAGAGACACCATGATTCCTCAGCCAAATCGAACGAAAACGGGTTTACGCTCTACATGGACCCCATTGCAC
ACTGAATCCGTTTATCCAGCGAGGCAAAAAGTGCCGACGACAATGGAAACAGGGGCGTAGTATCCGTACCTCCTCCGTCCTACGATTCTTCCAGC
AGCGCCAACGCCCCAAAAGATATTGATTCCGACTTTTGCGCGATTCAGCGAAAAACATAAGGGGACCAAAAGTGGGCAGACGGGCGGAGGAGTGG
TGTCTGTTTCTTTGATATGCGTGGGTGTGTTGTCTGTGCGGCAATCGATGCACTTCCGGTGGGTTCTATGGGGAAATACTCTTGCGTTTCAGTAT

09/04/2008 11:58:58 PM

ATATCTACTATATATATTGCAATTTTATGGTAATTATATTTTCTGTCAACTTTTGCCTTGACTCCGCTTGATTTATTGCATTGTTCTTGAAGAAT
AGCCTCATAAGGCATGCAAGCAAACATGGCTTTCGAACTAGCGCAAAATTAGCTAGTAGCTTATAGAGTATATGTAGCTTACCCCCAACGGTTTT
TATATCATTTGTTTAAACCACTTAAGAATATTCGTAGCCTTGTGGACACACTTTATCGTGGATCGTGGAAGTTATACGACACCGTAATATATCCT
TATCACTCACGCATATTCTGGCCCACTTCAGCTAGAAACGTTTGGCGCGTTCGCCTTATCATAAAAATCAGGCTATCGACTGATTAACTGAGTTT
AATAAGCCAGCAAACGTAAACAAAAACTACGAAAGTTCTGGAAAACTAACCAAGGCTATTTCAAAACGGCGTGAAATGGCTAGCACTCTAAATTA
TTGAAGTTTTCAACATATGTATATCTAATCTGATAGCCAAGAAAACATAATGGTTACCAACTTTCCATATACACCGTAATTTATTATTGATGAAT
ATCAAATTATCGATAGTACTTCCCCGATAAGATTCTGTTAACACACATTGCTCTACTTTTCTATCAGGGAATTGCATTGAGAAAGCGCAGAGATG
GCCGATGAAGCACAAGCACCACCAGCTGAGGGAGCACCACCAGCCGAGGGAGAGGCGCCACCACCCGCCGAGGGAGCCGAGGGTGCCGTCGAGGG
CGGAGAGGCCGCTCCACCAGCAGAGCCCGCCGAGCCCATCAAGCACAGCTACACGCTCTTCTACTTCAACGTGAAGGCGTTGGCCGAGCCCCTGC
GCTACCTGTTCGCCTACGGCAACCAGGAGTACGAGGATGTGCGCGTCACCCGCGACGAGTGGCCAGCCCTGAAGCCCAGTGAGTGCCATAGTCCA
TCATTGAGTGGTCAGTGGACTAACCATAATCTACTCTGTCTCATCCAATAGCCATGCCCATGGGACAGATGCCCGTGCTGGAGGTGGACGGCAAG
CGTGTGCACCAGAGCATTTCGATGGCTCGATTCCTGGCCAAGACTGTCGGCCTGTGCGGCGCTACTCCGTGGGAGGATCTGCAGATCGACATTGT
CGTTGACACCATCAATGACTTCCGTCTAAGTAGCGAACAATGTGTGCCTCAGTTTCATGTTCAGTGTCCTTGATTAACTCTGGAATTTTTAATGT
ATAGAAATTGCAGTCGTCTCGTACGAGCCGGAGGACGAGATTAAAGAGAAGAAGTTGGTCACCCTGAATGCGGAGGTCATTCCATTCTACCTGGA
GAAGCTCGAGCAGACCGTCAAGGACAACGATGGTCACCTGGCTCTGGGCAAGGTGCGTGCTCAAATGAGAACTTGAAACCATACACTCGTTAATT
TTGAATGAACAATACTAAGAACCATCGATTCCTTTCACCCACAGCTGACCTGGGCCGACGTCTACTTCGCAGGCATCACCGACTACATGAACTAC
ATGGTCAAGCGCGATCTGTTGGAACCCTACCCAGCTCTGCGCGGAGTCGTGGATGCCGTCAACGCTTTGGAACCGATCAAGGCCTGGATCGAGAA
GCGCCCCGTCACCGAGGTCTAAGTTCACCGAACAGGACTTGGGAGGATGGGAAAGCATTGCACAACCACTCAGACACAACCGCACCGCAGAAATG
CACACCACCCACATCTGCACACATTTTGTTCCTTTTTGCGGAGGATCCGAGAGGACGGCGGATTTTCGCACGGGGTCATAAACGCGTAGGAGTTT
AGCACGTATCACTATGGATAAATCGTATTTGTTCTTAATTTCTTGGTTATAATTCTCTTTGCATGGCGCTATATACATATTTCTATTGGGGTCCG
GCAGCGGATCGCCGTTCGTTAGCTTCTTCTGAAATGATGAAAGATAATACTTATTGCACAGTTTATAATATTTTGGCTTACTTTTAGAACATACA
TTTAGCGCACCTATGCAGACATTTGCTGTACCTATATATATATATATGCATAAAATACAAAAGCTACGAGTGGTTCATCTTATAGGCGTATTC
TATTGCAATTTATTCAATGCGGAGGGCTCAATAAATATTTAAAACAACACCAGCTAAGGCTGAGAAACAATTACAAATTCTTATTTTGTTTTTTA
TACAACACGCCATCGCGGCCCCAGGAATTTTCTTCGTCTCATCCAGTTCCCTTTTAAGTAGCCATTAAAAAAAGACTCACATCAATAGAACCGGT
TTCTCCAAAAAAAAAAAAAAACAGACTCTTACTGCCAAATTTCAAATGCACATAATCACATTATTATATACATATTATTTATTCAAATTTGTAATT
GTATTTTTTGAATATTTTCACAAAACACTTTTTAATAAACATAACACCTAAAAAGGAATGAGCACTTTTTAAAAGCACGACAACTGGTTTTATTT
AATTTTTGTACGATGTATTGGAATAATTTATTAATTGTTGACATATTTAAGAAATTTAAAGAAAGTGTTTATTTACATTATTAATTTTTATTTTT
ATTATCCTTTCAATTTGCATTTCCAAAGCCGACCCGACAGACATAAATAAATGCATGGAGTTGTGTTCAACATTGTTTTATAAACGTTTAAAAAA
ATAACATTTCAAATTAACATTCTTTTAAGTCACTTTGGACAATTCAAGCTTAAAAGTATAAATGCACAATTGGTCAGTTTTGATTCATTATTTCA
TATTGTATGTTGCGGTTACTGGTGCTTCCAGTTGGGTGGGCGCTTCTCGAAGAAGCTAGCAATGCCCTCTTTGGTGTCGCCCAGCTGGAAATTTT
CGCACATCTTCTCCTGCGCAGCCGAAAAGGCTTCCGCTTGGGACATGGCCAGTTGCTTGTAGTAGAACTCTTTTCCCAGAGAGATGACGGCACGA
CTTTTTGCCTTTATGGCATTGGTGATTTCCTCGATCTCCTTATCTAGTTCCTCTGCAGGAACAGCTTTGGTGACCATTCCCGATATGTAGGCTTC
TTCACCAGTAACGGGAAGACCGGTCATTAGCATATAGGCGGACTTTGGACGCGACATAATCCGGGCAACTGCGACTCCGGGTGTTGAGCAAAAAA
CTCCGACTCCAGCCCTAAAAATATAAATTATAACATGATTAACTGGTTTCATAGAGGGTTTTCATCCTTACCCTGGAGTAGAGAACTTG
(SEQ ID NO: 967)

Exon: 1001..1174
Exon: 2918..3213
Exon: 3282..3449
Exon: 3520..3662
Exon: 3750..4504
Start ATG: 2943

Transcript No. : CT25674
CGGATCTCTCGCCTCGCTCGCAAGCAAATATGTGAAGGACAACGACGTTAACCGATCAACTAGAAGCCCTCTTCTTCTGCCTCTTCAGAACCGAT
CAGATCGGAATAGAAATATAGAAACGACCATAGCACCTCCGTCGACTGTGGAGTGCGTGAACGTATTTCGAAGCGTGAGGGAATTGCATTGAGAA
AGCGCAGAGATGGCCGATGAAGCACAAGCACCACCAGCTGAGGGAGCACCACCAGCCGAGGGAGAGGCGCCACCACCCGCCGAGGGAGCCGAGGG
TGCCGTCGAGGGCGGAGAGGCCGCTCCACCAGCAGAGCCCGCCGAGCCCATCAAGCACAGCTACACGCTCTTCTACTTCAACGTGAAGGCGTTGG
CCGAGCCCCTGCGCTACCTGTTCGCCTACGGCAACCAGGAGTACGAGGATGTGCGCGTCACCCGCGACGAGTGGCCAGCCCTGAAGCCCACCATG
CCCATGGGACAGATGCCCGTGCTGGAGGTGGACGGCAAGCGTGTGCACCAGAGCATTTCGATGGCTCGATTCCTGGCCAAGACTGTCGGCCTGTG
CGGCGCTACTCCGTGGGAGGATCTGCAGATCGACATTGTCGTTGACACCATCAATGACTTCCGTCTAAAAATTGCAGTCGTCTCGTACGAGCCGG
AGGACGAGATTAAAGAGAAGAAGTTGGTCACCCTGAATGCGGAGGTCATTCCATTCTACCTGGAGAAGCTCGAGCAGACCGTCAAGGACAACGAT
GGTCACCTGGCTCTGGGCAAGCTGACCTGGGCCGACGTCTACTTCGCAGGCATCACCGACTACATGAACTACATGGTCAAGCGCGATCTGTTGGA
ACCCTACCCAGCTCTGCGCGGAGTCGTGGATGCCGTCAACGCTTTGGAACCGATCAAGGCCTGGATCGAGAAGCGCCCCGTCACCGAGGTCTAAG
TTCACCGAACAGGACTTGGGAGGATGGGAAAGCATTGCACAACCACTCAGACACAACCGCACCGCAGAAATGCACACCACCCACATCTGCACACA
TTTTGTTCCTTTTTGCGGAGGATCCGAGAGGACGGCGGATTTTCGCACGGGGTCATAAACGCGTAGGAGTTTAGCACGTATCACTATGGATAAAT
CGTATTTGTTCTTAATTTCTTGGTTATAATTCTCTTTGCATGGCGCTATATACATATTTCTATTGGGGTCCGGCAGCGGATCGCCGTTCGTTAGC
TTCTTCTGAAATGATGAAAGATAATACTTATTGCACAGTTTATAATATTTTGGCTTACTTTTAGAACATACATTTAGCGCACCTATGCAGACATT
TGCTGTACCTATATATATATATATATGCATAAAATACAAAAGCTACGAGTGGTTCATCTTTATAGGCGTATTCTATTGCAATTTATTCAATGCGGA
GGGCTCAATAAATATTTAAAACAACACCAGCTAAGGCTGAGAAACAATTACAAATTCTTATTTTGTTTTTTATACAACACGCCATCGCGGCCCCA
GGAATTTTCTTCGTCT
(SEQ ID NO: 968)

Start ATG: 200

MADEAQAPPAEGAPPAEGEAPPPAEGAEGAVEGGEAAPPAEPAEPIKHSYTLFYFNVKALAEPLRYLFAYGNQEYEDVRVTRDEWPALKPTMPMG
QMPVLEVDGKRVHQSISMARFLAKTVGLCGATPWEDLQIDIVVDTINDFRLKIAVVSYEPEDEIKEKKLVTLNAEVIPFYLEKLEQTVKDNDGHL
ALGKLTWADVYFAGITDYMNYMVKRDLLEPYPALRGVVDAVNALEPIKAWIEKRPVTEV*
(SEQ ID NO: 969)

Name: Glutathione S transferase 2

Classification: enzyme
Gene Symbol: Gst2
FlyBase ID: FBgn0010226

Celera Sequence No. : 142000013384668
TCACCAGTAACGGGAAGACCGGTCATTAGCATATAGGCGGACTTTGGACGCGACATAATCCGGGCAACTGCGACTCCGGGTGTTGAGCAAAAAAC
TCCGACTCCAGCCCTAAAAATATAAATTATAACATGATTAACTGGTTTCATAGAGGGTTTTCATCCTTACCCTGGAGTAGAGAACTTGCTGTTCT
TGGTGCAGACTACCATGTCACATGACACCACCAGTTGGCAGCCTGCAGCAGCCGCATAGCCATTGACTTTTCCTAGTACGGGCACCGGCAGTCTT
TGGATGTCGTTTATAACATCGGTTAGCTTCTGGAACACACAAGCCTGTATCTTGGGGTCATTGTGCAACTCCTTGAGATTGTGACCTGCCGACCA
GATCTTTCCTTGGGCCGTCAGGACCACGCATCTCAGATCCAAGTTGTCTTTATCTTTTAGCAGGGCGTCCTGAAGGGCACACATCATGTCCAGTG
ATAGGGAATTCAGAGTTTTTGGATGATTCAGCGTTATCTCTCGCACTCCGTTATGCTCCTTGACCAGGACCAAATCACTGGGTCCATTGCTGGTA
AAGCGAATGACCTGTTGCACGCAACCTGTTGCATATTTTGATATTTTTAAGGAGTTGTTTAAAATACGCAACATTTTTATTTTGATTTGGCAGCA
AGTGTTGGTAAATTCGCCGCCCAAACAGCTGGTTATCTATCGAAACAGCTGCAAGTCGATAGCAAGGCGCAACAGTTGTCAAACGGTCACTCTAA
GCCGCAATGAGTTTGTACGATTAAAAGTTTATGTCTATTCGCGTTTTTCGAAGCTTTCCCGATTCCCGTAGCTGTCCCACTGTACAGGTGAGTAA
CCGCTCAGGTGCGTCAACAACCGCTGCCGTTCTTTGTCCATCAGCTGAGCGGTCAGACAGAACAACAACAAAGCCAGAAGCTCGCGCGCCAGCCT
GTGTACGTAGTAAATCTATGTGACTACTACAAAAGCAGAACTTTATCAGCCACCAAAGCCATTTGTTATTTGTCGCCCCACATTCGCGGCCCCGC
CAATCAGTTAACAAATCGAACCACGCGAGTGCGGATCCCCCGACTTGAGCTCCACTAAAACGTACACCATTAAATTACCACATTCCAGCTTGCCA
CACGATGCGTCCGTTCTCCGGCAGCGATTGCCTTAAGCCCGTCACCGAGGGCATCAACCGGGCGTTCGGCGCCAAGGAGCCCTGGCAGGTGGCCA
CCATCACGGCCACCACGGTGCTGGGAGGCGTCTGGCTCTGGACTGTGATCTGCCAGGATGAAAGTGAGTTGGTGGTGTCTATGTGTGTGATAGAT
CTCCTGGAATTAGTTCTAAACAACAATGCCTTTGCTGGATTTTCTTCTTGCACAGTTTATATGCAATCTGCAAGAAAATATGACAAAATTCGACT
TAAACGAAAGTTGGACTTATATAAAACAGTGTCAAGTCATCACAGTCAGCCGATTTCATTTATTTCGTGCTTGCAGGGCAGGGCACGTCAATTAC
CTAAATCCATCAAACTATCTTATCTGATGGGTGCGTTGCTTATAAACATAGCTAGACTTCTTCTCTTACAATTTTCCTAAAAAACGCTAATATAA
AACGTATCGTACAAAGAGAATTCACCTAAGAATTCACCACTTTTATAATATTGTATTAAAATAAGCACGCTTTACTGTGTACTTTGTGCCCATAG
CTTATATAAGCCATGCACTCGTCTGGTGCCCTCCCCGAACTTCTGAATTTAATCTAGTCACAGATTACGATAGATTAGAGTTTAAATGTTTGCTA
AAGCGTGTAGCAACTTAAAATCAATCAAATATGCAAAGTTCAACAGCGCGAAGAAAATTGATAAGATTGAGATATCCTGCCCTTGCTAGCACATA
GTAATAGTTTAGGGGCTTAGTACCAAAACTAATGAGATTAGGTAGGTAGTTTCCCCGATACCATGACTAATGCTTTAAATTAGGAATGATGAAAA
AATAATGTTTCTAGCATAGCTTCTCGATAAAGTGCCATAAAGCCTGTCCAAAGTTTCGTCCACAGCAAGGCATGTCATGTCCGATAAGATCGAGC
GGGTATCATACACACTTCGTTTATCAGGCTGCAATTTTTTTCAATGATTCTTTGTTTTGGGTCTGTTAACCTCATGAATATAAAACTTTTAACGA
CTTCAGTCTGATGAAAACAAAGGACAGTGAAAGGTTTATCTATAGTAATATAATAATAACTGTACGCAAACTTATTCCATAATTTTCTCTCCCAA
GATCTTTACATTCGTGGCAAGCGTCAGTTCTTTAAGTTTGCCAAGAAGATTCCAGCCGTGCGTCGTCAGGTGGAGACTGAATTGGCCAAGGCCAA
AAACGACTTCGAGACGGAAATCAAAAAGAGCAACGCCCACCTTACCTACTCGGAAACTCTGCCCGAGAAGGGACTCAGCAAGGAGGAGATCCTCC
GACTGGTGGATGAGCACCTGAAGACTGGTCACTACAACTGGCGTGATGGTCGTGTATCTGGCGCGGTCTACGGCTACAAGCCTGATCTGGTGGAG
CTCGTCACTGAAGTGTACGGCAAGGCCTCCTACACCAATCCCTTGCACGCAGATCTTTTCCCGGGAGTTTGCAAAATGGAGGCGGAGGTAGTGCG
CATGGCATGCAACCTGTTCCATGGAAACTCAGCCAGCTGTGGAACCATGACCACCGGCGGCACCGAATCCATTGTAATGGCCATGAAGGCGTACA
GGGATTTCGCTAGAGAGTACAAGGGAATCACCAGGCCAAACATCGTGGTGCCTAAGACGGTCCACGCGGCCTTCGACAAGGGCGGTCAGTACTTT
AATATCCACGTGCGATCCGTGGATGTAGATCCGGAGACCTACGAAGTGGACATTAAGAAGTTCAAACGTGCCATTAACAGGAACACGATTCTGGT
ATGGGTTTACATAGCAAAATGTATTCTAAAACTAATCTTGAAACTTTAATCAGCTGGTTGGGTCTGCTCCGAACTTCCCCTATGGAACCATCGAT
GACATCGAAGCTATCGCCGCTTTGGGCGTTAAGTACGACATTCCCGTGCACGTGGACGCCTGCCTGGGCAGCTTTGTGGTGGCCTTGGTCCGCAA
CGCCGGCTATAAGCTGCGTCCCTTCGACTTTGAGGTCAAGGGAGTGACCAGTATCTCCGCTGATACCCACAAGTATGGTTTCGCGCCCAAGGGAT
CATCGGTGATCCTTTACTCGGACAAGAAGTACAAGGACCATCAGTTCACTGTGACTACTGACTGGCCTGGCGGCGTGTATGGTTCTCCCACAGTC
AACGGTTCCCGTGCCGGAGGTATTATCGCCGCCTGCTGGGCTACCATGATGAGCTTTGGCTATGATGGTTATCTGGAAGCCACTAAGCGCATTGT
GGATACGGCGCGCTATATCGAGAGGGGGTAAGTTTGTATCAAAGTTCGTTGTGACAATAATATAATTTTAAATCTATATTACCAGCGTTCGCGAC
ATCGATGGCATCTTTATCTTTGGCAAGCCAGCTACTTCAGTGATTGCCCTGGGTTCCAATGTGTTTGACATTTTCCGGCTATCGGATTCGCTGTG
CAAACTGGGCTGGAACCTGAATGCGCTGCAGTTTCCATCTGGGTAGGTGACTCAACTTTTAAATTAGCGGAACCATTCTTATAAGTGAAATTCCC
TCTAAGTATCCACCTGTGCGTGACGGACATGCACACACAGCCCGGAGTCGCGGATAAATTCATTGCCGATGTGCGCAGCTGTACGGCGGAGATCA
TGAAGGATCCCGGCCAGCCCGTCGTTGGAAAGATGGCTCTCTACGGCATGGCACAGAGCATACCCGACCGTTCGGTGATCGGAGAAGTGACTCGC
CTATTCCTGCACTCCATGTACTACACTCCCAGCCAGAAATAGACACCTGGAGCAATCCCCGTTCTCTTCGCCCACCCCACGGAGCTAATGCATTT
CCTGTGCTGTATTTAAACCACCAAAACACCCCGTCGTTAAACCTTCCTCAAGCAATTTATATTAGGATGCAATTAGTGCTGTAATCGAGGGTACA
AAACGTCGTTCTACGCGAAAATCTATCTACCTATGTTCATCCCATTTGTCAACATTCGTCGCTCTAAGAGCCATGTTATTAAAGTGTTTTTCTGT
GTAACTTGCTAGTGAAATAATAATATAATTAATCAATTTTTGTGTACTATACATTTGTGAATGCTGTTAATGCTCGTTAATCTTGAAACTTCC
ATTTCCTCTGCAAAATAGAATGAAAACATATACATTTAGCTTAATTGGATTGTGGCCTCACAAATTTTTAGCATGGATCTATTTGTTACCATTTA
ATTTATATTTGTTTACATTGTTTACCACTTCAGCAATTAACAATAATTACTGCTGCGTGGGTATATGCAATCCGGTCCGATCTGATCTGGATTGG
TGTTTTTATTTCTTTTCGAACATTTTGCCACGCGTCGGCGTTTTTTAATTTAGTTGATCTTGGATGCCCAGCTGACACGCCCATTTCCTCTTTTG
TAATTTATGGAAGTCTCGAATGGCGTGCACAAAAATTATTTCAAATACATTTCTATGGCGGAAACATTTATTTCAAAGGCAAGCGCACATTTTAA
CAAGGCACACGTTCGTTGTCATTTTTCAAAGAAAAAATAAATATAAATAGCCAAAGCGAAGCAACAAGTGTCGCACAAAGGTGACGATCGATTTG
TGGCATCCATATCAAAACCTGTCACCCTAACACACCTAATGCGCCCACGCAACTCTGCACTTCCTGCCCCTGTCCACCAGAAATCCGGGTGCACT
AGCAACTCCAGACAGCCGGGCAGCCCAGAAAAATTCGGCTCAAACTGGGTTGCCAAAAAAGTGTGCATGAAATAAATTCACTTTTTTCCCCA
(SEQ ID NO: 970)

Exon: 1001..1298
Exon: 2282..2943
Exon: 2999..3447
Exon: 3506..3652
Exon: 3712..3937
Start ATG: 1145

Transcript No. : CT25678
CACCAAAGCCATTTGTTATTTGTCGCCCCACATTCGCGGCCCCGCCAATCAGTTAACAAATCGAACCACGCGAGTGCGGATCCCCCGACTTGAGC
TCCACTAAAACGTACACCATTAAATTACCACATTCCAGCTTGCCACACGATGCGTCCGTTCTCCGGCAGCGATTGCCTTAAGCCCGTCACCGAGG
GCATCAACCGGGCGTTCGGCGCCAAGGAGCCCTGGCAGGTGGCCACCATCACGGCCACCACGGTGCTGGGAGGCGTCTGGCTCTGGACTGTGATC

TGCCAGGATGAAAATCTTTACATTCGTGGCAAGCGTCAGTTCTTTAAGTTTGCCAAGAAGATTCCAGCCGTGCGTCGTCAGGTGGAGACTGAATT
GGCCAAGGCCAAAAACGACTTCGAGACGGAAATCAAAAAGAGCAACGCCCACCTTACCTACTCGGAAACTCTGCCCGAGAAGGGACTCAGCAAGG
AGGAGATCCTCCGACTGGTGGATGAGCACCTGAAGACTGGTCACTACAACTGGCGTGATGGTCGTGTATCTGGCGCGGTCTACGGCTACAAGCCT
GATCTGGTGGAGCTCGTCACTGAAGTGTACGGCAAGGCCTCCTACACCAATCCCTTGCACGCAGATCTTTTCCCGGGAGTTTGCAAAATGGAGGC
GGAGGTAGTGCGCATGGCATGCAACCTGTTCCATGGAAACTCAGCCAGCTGTGGAACCATGACCACCGGCGGCACCGAATCCATTGTAATGGCCA
TGAAGGCGTACAGGGATTTCGCTAGAGAGTACAAGGGAATCACCAGGCCAAACATCGTGGTGCCTAAGACGGTCCACGCGGCCTTCGACAAGGGC
GGTCAGTACTTTAATATCCACGTGCGATCCGTGGATGTAGATCCGGAGACCTACGAAGTGGACATTAAGAAGTTCAAACGTGCCATTAACAGGAA
CACGATTCTGCTGGTTGGGTCTGCTCCGAACTTCCCCTATGGAACCATCGATGACATCGAAGCTATCGCCGCTTTGGGCGTTAAGTACGACATTC
CCGTGCACGTGGACGCCTGCCTGGGCAGCTTTGTGGTGGCCTTGGTCCGCAACGCCGGCTATAAGCTGCGTCCCTTCGACTTTGAGGTCAAGGGA
GTGACCAGTATCTCCGCTGATACCCACAAGTATGGTTTCGCGCCCAAGGGATCATCGGTGATCCTTTACTCGGACAAGAAGTACAAGGACCATCA
GTTCACTGTGACTACTGACTGGCCTGGCGGCGTGTATGGTTCTCCCACAGTCAACGGTTCCCGTGCCGGAGGTATTATCGCCGCCTGCTGGGCTA
CCATGATGAGCTTTGGCTATGATGGTTATCTGGAAGCCACTAAGCGCATTGTGGATACGGCGCGCTATATCGAGAGGGGCGTTCGCGACATCGAT
GGCATCTTTATCTTTGGCAAGCCAGCTACTTCAGTGATTGCCCTGGGTTCCAATGTGTTTGACATTTTCCGGCTATCGGATTCGCTGTGCAAACT
GGGCTGGAACCTGAATGCGCTGCAGTTTCCATCTGGTATCCACCTGTGCGTGACGGAGCAAGTCACACACAGCCCGGAGTCGCGGATAAATTCATTG
CCGATGTGCGCAGCTGTACGGCGGAGATCATGAAGGATCCCGGCCAGCCCGTCGTTGGAAAGATGGCTCTCTACGGCATGGCACAGAGCATACCC
GACCGTTCGGTGATCGGAGAAGTGACTCGCCTATTCCTGCACTCCATGTACTACACTCCCAGCCAGAAATAG
(SEQ ID NO: 971)

Start ATG: 145

MRPFSGSDCLKPVTEGINRAFGAKEPWQVATITATTVLGGVWLWTVICQDENLYIRGKRQFFKFAKKIPAVRRQVETELAKAKNDFETEIKKSNA
HLTYSETLPEKGLSKEEILRLVDEHLKTGHYNWRDGRVSGAVYGYKPDLVELVTEVYGKASYTNPLHADLFPGVCKMEAEVVRMACNLFHGNSAS
CGTMTTGGTESIVMAMKAYRDFAREYKGITRPNIVVPKTVHAAFDKGGQYFNIHVRSVDVDPETYEVDIKKFKRAINRNTILLVGSAPNFPYGTI
DDIEAIAALGVKYDIPVHVDACLGSFVVALVRNAGYKLRPFDFEVKGVTSISADTHKYGFAPKGSSVILYSDKKYKDHQFTVTTDWPGGVYGSPT
VNGSRAGGIIAACWATMMSFGYDGYLEATKRIVDTARYIERGVRDIDGIFIFGKPATSVIALGSNVFDIFRLSDSLCKLGWNLNALQFPSGIHLC
VTDMHTQPGVADKFIADVRSCTAEIMKDPGQPVVGKMALYGMAQSIPDRSVIGEVTRLFLHSMYYTPSQK*
(SEQ ID NO: 972)

Name: sphingosine phosphate lyase-like
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384668
TGGGCGCTTCTCGAAGAAGCTAGCAATGCCCTCTTTGGTGTCGCCCAGCTGGAAATTTTCGCACATCTTCTCCTGCGCAGCCGAAAAGGCTTCCG
CTTGGGACATGGCCAGTTGCTTGTAGTAGAACTCTTTTCCCAGAGAGATGACGGCACGACTTTTTGCCTTTATGGCATTGGTGATTTCCTCGATC
TCCTTATCTAGTTCCTCTGCAGGAACAGCTTTGGTGACCATTCCCGATATGTAGGCTTCTTCACCAGTAACGGGAAGACCGGTCATTAGCATATA
GGCGGACTTTGGACGCGACATAATCCGGGCAACTGCGACTCCGGGTGTTGAGCAAAAAACTCCGACTCCAGCCCTAAAAATATAAATTATAACAT
GATTAACTGGTTTCATAGAGGGTTTTCATCCTTACCCTGGAGTAGAGAACTTGCTGTTCTTGGTGCAGACTACCATGTCACATGACACCACCAGT
TGGCAGCCTGCAGCAGCCGCATAGCCATTGACTTTTCCTAGTACGGGCACCGGCAGTCTTTGGATGTCGTTTATAACATCGGTTAGCTTCTGGAA
CACACAAGCCTGTATCTTGGGGTCATTGTGCAACTCCTTGAGATTGTGACCTGCCGACCAGATCTTTCCTTGGGCCGTCAGGACCACGCATCTCA
GATCCAAGTTGTCTTTATCTTTTAGCAGGGCGTCCTGAAGGGCACACATCATGTCCAGTGATAGGGAATTCAGAGTTTTTGGATGATTCAGCGTT
ATCTCTCGCACTCCGTTATGCTCCTTGACCAGGACCAAATCACTGGGTCCATTGCTGGTAAAGCGAATGACCTGTTGCACGCAACCTGTTGCATA
TTTTGATATTTTTAAGGAGTTGTTTAAAATACGCAACATTTTTATTTTGATTTGGCAGCAAGTGTTGGTAAATTCGCCGCCCAAACAGCTGGTTA
TCTATCGAAACAGCTGCAAGTCGATAGCAAGGCGCAACAGTTGTCAAACGGTCACTCTAAGCCGCAATGAGTTTGTACGATTAAAAGTTTATGTC
TATTCGCGTTTTTCGAAGCTTTCCCGATTCCCGTAGCTGTCCCACTGTACAGGTGAGTAACCGCTCAGGTGCGTCAACAACCGCTGCCGTTCTTT
GTCCATCAGCTGAGCGGTCAGACAGAACAACAACAAAGCCAGAAGCTCGCGCGCCAGCCTGTGTACGTAGTAAATCTATGTGACTACTACAAAAG
CAGAACTTTATCAGCCACCAAAGCCATTTGTTATTTGTCGCCCCACATTCGCGGCCCCGCCAATCAGTTAACAAATCGAACCACGCGAGTGCGGA
TCCCCCGACTTGAGCTCCACTAAAACGTACACCATTAAATTACCACATTCCAGCTTGCCACACGATGCGTCCGTTCTCCGGCAGCGATTGCCTTA
AGCCCGTCACCGAGGGCATCAACCGGGCGTTCGGCGCCAAGGAGCCCTGGCAGGTGGCCACCATCACGGCCACCACGGTGCTGGGAGGCGTCTGG
CTCTGGACTGTGATCTGCCAGGATGAAAGTGAGTTGGTGGTGTCTATGTGTGTGATAGATCTCCTGGAATTAGTTCTAAACAACAATGCCTTTGC
TGGATTTTCTTCTTGCACAGTTTATATGCAATCTGCAAGAAAATATGACAAAATTCGACTTAAACGAAAGTTGGACTTATATAAAACAGTGTCAA
GTCATCACAGTCAGCCGATTTCATTTATTTCGTGCTTGCAGGGCAGGGCACGTCAATTACCTAAATCCATCAAACTATCTTATCTGATGGGTGCG
TTGCTTATAAACATAGCTAGACTTCTTCTCTTACAATTTTCCTAAAAAACGCTAATATAAAACGTATCGTACAAAGAGAATTCACCTAAGAATTC
ACCACTTTTATAATATTGTATTAAAATAAGCACGCTTTACTGTGTACTTTGTGCCCATAGCTTATATAAGCCATGCACTCGTCTGGTGCCCTCCC
CGAACTTCTGAATTTAATCTAGTCACAGATTACGATAGATTAGAGTTTAAATGTTTGCTAAAGCGTGTAGCAACTTAAAATCAATCAAATATGCA
AAGTTCAACAGCGCGAAGAAAATTGATAAGATTGAGATATCCTGCCCTTGCTAGCACATAGTAATAGTTTAGGGGCTTAGTACCAAAACTAATGA
GATTAGGTAGGTAGTTTCCCCGATACCATGACTAATGCTTTAAATTAGGAATGATGAAAAAATAATGTTTCTAGCATAGCTTCTCGATAAAGTGC
CATAAAGCCTGTCCAAAGTTTCGTCCACAGCAAGGCATGTCATGTCCGATAAGATCGAGCGGGTATCATACACACTTCGTTTATCAGGCTGCAAT
TTTTTTCAATGATTCTTTGTTTTGGGTCTGTTAACCTCATGAATATAAAACTTTTAACGACTTCAGTCTGATGAAAACAAAGGACAGTGAAAGGT
TTATCTATAGTAATATAATAATAACTGTACGCAAACTTATTCCATAATTTTCTCTCCCAAGATCTTTACATTCGTGGCAAGCGTCAGTTCTTTAA
GTTTGCCAAGAAGATTCCAGCCGTGCGTCGTCAGGTGGAGACTGAATTGGCCAAGGCCAAAAACGACTTCGAGACGGAAATCAAAAAGAGCAACG
CCCACCTTACCTACTCGGAAACTCTGCCCGAGAAGGGACTCAGCAAGGAGGAGATCCTCCGACTGGTGGATGAGCACCTGAAGACTGGTCACTAC
AACTGGCGTGATGGTCGTGTATCTGGCGCGGTCTACGGCTACAAGCCTGATCTGGTGGAGCTCGTCACTGAAGTGTACGGCAAGGCCTCCTACAC
CAATCCCTTGCACGCAGATCTTTTCCCGGGAGTTTGCAAAATGGAGGCGGAGGTAGTGCGCATGGCATGCAACCTGTTCCATGGAAACTCAGCCA
GCTGTGGAACCATGACCACCGGCGGCACCGAATCCATTGTAATGGCCATGAAGGCGTACAGGGATTTCGCTAGAGAGTACAAGGGAATCACCAGG
CCAAACATCGTGGTGCCTAAGACGGTCCACGCGGCCTTCGACAAGGGCGGTCAGTACTTTAATATCCACGTGCGATCCGTGGATGTAGATCCGGA
GACCTACGAAGTGGACATTAAGAAGTTCAAACGTGCCATTAACAGGAACACGATTCTGGTATGGGTTTACATAGCAAAATGTATTCTAAAACTAA
TCTTGAAACTTTAATCAGCTGGTTGGGTCTGCTCCGAACTTCCCCTATGGAACCATCGATGACATCGAAGCTATCGCCGCTTTGGGCGTTAAGTA
CGACATTCCCGTGCACGTGGACGCCTGCCTGGGCAGCTTTGTGGTGGCCTTGGTCCGCAACGCCGGCTATAAGCTGCGTCCCTTCGACTTTGAGG
TCAAGGGAGTGACCAGTATCTCCGCTGATACCCACAAGTATGGTTTCGCGCCCAAGGGATCATCGGTGATCCTTTACTCGGACAAGAAGTACAAG
GACCATCAGTTCACTGTGACTACTGACTGGCCTGGCGGCGTGTATGGTTCTCCCACAGTCAACGGTTCCCGTGCCGGAGGTATTATCGCCGCCTG

CTGGGCTACCATGATGAGCTTTGGCTATGATGGTTATCTGGAAGCCACTAAGCGCATTGTGGATACGGCGCGCTATATCGAGAGGGGGTAAGTTT
GTATCAAAGTTCGTTGTGACAATAATATAATTTTAAATCTATATTACCAGCGTTCGCGACATCGATGGCATCTTTATCTTTGGCAAGCCAGCTAC
TTCAGTGATTGCCCTGGGTTCCAATGTGTTTGACATTTTCCGGCTATCGGATTCGCTGTGCAAACTGGGCTGGAACCTGAATGCGCTGCAGTTTC
CATCTGGGTAGGTGACTCAACTTTTAAATTAGCGGAACCATTCTTATAAGTGAAATTCCCTCTAAGTATCCACCTGTGCGTGACGGACATGCACA
CACAGCCCGGAGTCGCGGATAAATTCATTGCCGATGTGCGCAGCTGTACGGCGGAGATCATGAAGGATCCCGGCCAGCCCGTCGTTGGAAAGATG
GCTCTCTACGGCATGGCACAGAGCATACCCGACCGTTCGGTGATCGGAGAAGTGACTCGCCTATTCCTGCACTCCATGTACTACACTCCCAGCCA
GAAATAGACACCTGGAGCAATCCCCGTTCTCTTCGCCCACCCCACGGAGCTAATGCATTTCCTGTGCTGTATTTAAACCACCAAAACACCCCGTC
GTTAAACCTTCCTCAAGCAATTTATATTAGGATGCAATTAGTGCTGTAATCGAGGGTACAAAACGTCGTTCTACGCGAAAATCTATCTACCTATG
TTCATCCCATTTGTCAACATTCGTCGCTCTAAGAGCCATGTTATTAAAGTGTTTTTCTGTGTAACTTGCTAGTGAAATAATAATATAATATTAAT
CAATTTTTGTGTACTATACATTTGTGAATGCTGTTAATGCTCGTTAATCTTGAAACTTCCATTTCCTCTGCAAAATAGAATGAAAACATATACAT
TTAGCTTAATTGGATTGTGGCCTCACAAATTTTTAGCATGGATCTATTTGTTACCATTTAATTTATATTTGTTTACATTGTTTACCACTTCAGCA
ATTAACAATAATTACTGCTGCGTGGGTATATGCAATCCGGTCCGATCTGATCTGGATTGGTGTTTTTATTTCTTTTCGAACATTTTGCCACGCGT
CGGCGTTTTTTAATTTAGTTGATCTTGGATGCCCAGCTGACACGCCCATTTCCTCTTTTGTAATTTATGGAAGTCTCGAATGGCGTGCACAAAAA
TTATTTCAAATACATTTCTATGGCGGAAACATTTATTTCAAAGGCAAGCGCACATTTTAACAAGGCACACGTTCGTTGTCATTTTTCAAAGAAAA
AATAAATATAAATAGCCAAAGCGAAGCAACAAGTGTCGCACAAAGGTGACGATCGATTTGTGGCATCCATATCAAAACCTGTCACCCTAACACAC
CTAATGCGCCCACGCAACTCTGCACTTCCTGCCCCTGTCCACCAGAAATCCGGGTGCACTAGCAACTCCAGACAGCCGGGCAGCCCAGAAAAATT
CGGCTCAAACTGGGTTGCCAAAAAAGTGTGCATGAAATAAATTCACTTTTTTCCCCA
(SEQ ID NO: 973)

Exon: 1001..1097
Exon: 1384..1548
Exon: 2532..3193
Exon: 3249..3697
Exon: 3756..3902
Exon: 3962..4187
Start ATG: 1395

Transcript No. : CT25696
GTCACTCTAAGCCGCAATGAGTTTGTACGATTAAAAGTTTATGTCTATTCGCGTTTTTCGAAGCTTTCCCGATTCCCGTAGCTGTCCCACTGTAC
AGCTTGCCACACGATGCGTCCGTTCTCCGGCAGCGATTGCCTTAAGCCCGTCACCGAGGGCATCAACCGGGCGTTCGGCGCCAAGGAGCCCTGGC
AGGTGGCCACCATCACGGCCACCACGGTGCTGGGAGGCGTCTGGCTCTGGACTGTGATCTGCCAGGATGAAAATCTTTACATTCGTGGCAAGCGT
CAGTTCTTTAAGTTTGCCAAGAAGATTCCAGCCGTGCGTCGTCAGGTGGAGACTGAATTGGCCAAGGCCAAAAACGACTTCGAGACGGAAATCAA
AAAGAGCAACGCCCACCTTACCTACTCGGAAACTCTGCCCGAGAAGGGACTCAGCAAGGAGGAGATCCTCCGACTGGTGGATGAGCACCTGAAGA
CTGGTCACTACAACTGGCGTGATGGTCGTGTATCTGGCGCGGTCTACGGCTACAAGCCTGATCTGGTGGAGCTCGTCACTGAAGTGTACGGCAAG
GCCTCCTACACCAATCCCTTGCACGCAGATCTTTTCCCGGGAGTTTGCAAAATGGAGGCGGAGGTAGTGCGCATGGCATGCAACCTGTTCCATGG
AAACTCAGCCAGCTGTGGAACCATGACCACCGGCGGCACCGAATCCATTGTAATGGCCATGAAGGCGTACAGGGATTTCGCTAGAGAGTACAAGG
GAATCACCAGGCCAAACATCGTGGTGCCTAAGACGGTCCACGCGGCCTTCGACAAGGGCGGTCAGTACTTTAATATCCACGTGCGATCCGTGGAT
GTAGATCCGGAGACCTACGAAGTGGACATTAAGAAGTTCAAACGTGCCATTAACAGGAACACGATTCTGCTGGTTGGGTCTGCTCCGAACTTCCC
CTATGGAACCATCGATGACATCGAAGCTATCGCCGCTTTGGGCGTTAAGTACGACATTCCCGTGCACGTGGACGCCTGCCTGGGCAGCTTTGTGG
TGGCCTTGGTCCGCAACGCCGGCTATAAGCTGCGTCCCTTCGACTTTGAGGTCAAGGGAGTGACCAGTATCTCCGCTGATACCCACAAGTATGGT
TTCGCGCCCAAGGGATCATCGGTGATCCTTTACTCGGACAAGAAGTACAAGGACCATCAGTTCACTGTGACTACTGACTGGCCTGGCGGCGTGTA
TGGTTCTCCCACAGTCAACGGTTCCCGTGCCGGAGGTATTATCGCCGCCTGCTGGGCTACCATGATGAGCTTTGGCTATGATGGTTATCTGGAAG
CCACTAAGCGCATTGTGGATACGGCGCGCTATATCGAGAGGGGCGTTCGCGACATCGATGGCATCTTTATCTTTGGCAAGCCAGCTACTTCAGTG
ATTGCCCTGGGTTCCAATGTGTTTGACATTTTCCGGCTATCGGATTCGCTGTGCAAACTGGGCTGGAACCTGAATGCGCTGCAGTTTCCATCTGG
TATCCACCTGTGCGTGACGGACATGCACACACAGCCCGGAGTCGCGGATAAATTCATTGCCGATGTGCGCAGCTGTACGGCGGAGATCATGAAGG
ATCCCGGCCAGCCCGTCGTTGGAAAGATGGCTCTCTACGGCATGGCACAGAGCATACCCGACCGTTCGGTGATCGGAGAAGTGACTCGCCTATTC
CTGCACTCCATGTACTACACTCCCAGCCAGAAATAG
(SEQ ID NO: 974)

Start ATG: 109

MRPFSGSDCLKPVTEGINRAFGAKEPWQVATITATTVLGGVWLWTVICQDENLYIRGKRQFFKFAKKIPAVRRQVETELAKAKNDFETEIKKSNA
HLTYSETLPEKGLSKEEILRLVDEHLKTGHYNWRDGRVSGAVYGYKPDLVELVTEVYGKASYTNPLHADLFPGVCKMEAEVVRMACNLFHGNSAS
CGTMTTGGTESIVMAMKAYRDFAREYKGITRPNIVVPKTVHAAFDKGGQYFNIHVRSVDVDPETYEVDIKKFKRAINRNTILLVGSAPNFPYGTI
DDIEAIAALGVKYDIPVHVDACLGSFVVALVRNAGYKLRPFDFEVKGVTSISADTHKYGFAPKGSSVILYSDKKYKDHQFTVTTDWPGGVYGSPT
VNGSRAGGIIAACWATMMSFGYDGYLEATKRIVDTARYIERGVRDIDGIFIFGKPATSVIALGSNVFDIFRLSDSLCKLGWNLNALQFPSGIHLC
VTDMHTQPGVADKFIADVRSCTAEIMKDPGQPVVGKMALYGMAQSIPDRSVIGEVTRLFLHSMYYTPSQK*
(SEQ ID NO: 975)

Name: sphingosine phosphate lyase-like
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013383850
ATCATTATTAAACTGTTTGCTTTATTTTTGTTTCGAATCTGCGCAATTCGCAGATCCATTCCTTTTGTTTGTTGGTTTGTCAAGTTAAGATTTAA
AAAAAAAAAACTCAAAATTACAATTGTTAGTTCTTCTTTCCCCGCCCTTCTCCCTCGTGTCTGCTTTCGCTTCGCTACGCTTATGTAACAATAAA
ATTGTAGCTTTTGCCAAATAAATAATATATGCATATATAATAAAATATATATATATATATACGATCATATATCATAAAGACATTAATGTAGTGCA
TACAAAAAAAAACTAAACTAAAACAAATCTATCTGCAATTTGAATCGGAGGTTAAAGAATATGGTGTGTTGTAAATATAAATTTTTATGCTTATA
GTTTTAAAATAAAAAACATGAATTGTAATCGGTAAATAACTACAAAACAAGATATAAATTCTGCACCAATTAGCAGGATACCAAGCCGATGATCA
GCAGATTAAACAAACATTTCGATCGCACTGTAAAAATAAATGTGGGAAGTGTGGTGGCTGCCAAACCTATAAATAATATATATACAAATAAATAT
ATATATATAAAATTGTCGATTTCCTCGTCCCGAGAAGCGTGCATTCGGTTCGACTTGACTCGCATTTTGGTTGTCATCGTAATCATTTTATCATC

ATGATTTATCCTCCGTATTTATGTTAGGTGGATGTAAATATACACTCTTTCATATACTCTATTTATATATATTTGTTTATATATAATTTGTATAT
AGTTTAATTAGCTTTTTATTGCAGTTGAGTATACTATGTTGACTTGTTTTTTGTTGGTGTTGTTGCTTTGCTGGTGTTGTTGATCCTATTTCGTT
TGTTTATCCTTTTGTTTTGTTTTGTTTCTTTCGATTCGATTCGATACGAGGCTTTATCCATATTGCTTCTTGATCTTGATAGGTCGGCTGTTGGC
TGTATTCTTCTTTTGTAGTTATCTTGAATGGTGTTGTATTTTATTTGTGGCTATTTCTCTGGCTTTTCCTCCGTCTTGCTTAATGCAATGCTTAT
TTTAGTTTATTTTTGCTTTTAATTTACGCTTTGCTAATTATAAATTATGTTTTAGTTTTTGTGTTTCTTGTTGAAGTTCTTGTTGCAGCTGTTGG
TTGATTTATCCTGATTTGTCCTGTGCCAAGTCCATGCAGTCCGCTCAGCCAGTTACATACTGCCACTATATAGTCGGTTGGGGACTGGAACTCGA
TCCGAACACAAGTGAATCGCGGGCTGGTTGTGGTGGTGGGGAGAGATGCGTCGCCCAGAGGAGAGAAGTAAGAGGATGGAGCAGGATGCACGCGG
TTTCTCAGTCATTGTCGTGGGCCACCGCCAGTCGTCGTCATCATCTAAGCCATTTCCAGATGCCCTCAATAAATAGGGTTGGATCCGGGCCTGCT
AAACGAGGACAAGCTGCTGACGGCGGCCACAATCGACCAATCATCATCGCAATCATCATCAGCTGCGCCAGAAGAAGCTCTTTTTGAGCCTAACA
GACAGCTTGCGATGTACGCGCAGCCTAACCTGCTCCTGATCCTAAGTATCGTCTGACATGAACGCGTTCTGAGTCTTCGACTCCTCGATACGGCG
GATCTGGTGGCGTAAATACATAATTCTGCGAAAGGCAATACATAAAATGCATTGGTTAGAACAACTACCATTTAGATGTCATTGCAACACTCACT
TTTGTTCCTGCAGGGTGGCATTGATTTCGGTGCTTCGCACCAGGCTGCGGGCGCACTTCAATTCCGCGCATATCCTCGTGCACGTTATGTCGCCA
AACAGGTGCGTATCCTCACAGCACTTCTGCGCCTTCGAGAAACAATGGAAAACATTTACAATCAGTTCGAGTCCATGGATATATGTATACGTATG
TACAGAGGTCGGGTTAGTGCCTTATTCGCAGGCAAATCCTACCTCACAGCTTACCTGACGCTCCAGCACCTCCGCGTGCCAATTGGTCACATGCG
CGATCAGATCGGCGCGGAAGTATTTGGCCAGCTTTGGCGAAATCTCGGGACCACGTAGGTTTGCCGCCTGTCCTGAGGAACTCACGCAGCTCTGC
AGTGAGCTCAGCGTGGCCGACGACGTCCCATCCACTGGAATAACAAATGGGCAAACATTGTCATATATTTTAAACTCGGAACACACTAGAATTTT
GAATACATACATTTCCGCTGCTGCTGGGCCTGTTGCGCCGCCTGTAGCTGGAGGCTTGACGCTGTCGCGGCTGCCGCTGCGGCGGCCAACTGTTG
CTGCTCCAACGCCGAGCCGCTCAAATCCAGCTCCTGGGTGGGCGTAGGCGGTCCTTCGCATAGCGTGCCGCTGTTGCTGCCCATCGAGGTGATCA
CACTGATTCCGCAGACGGGGCCCATGCCGGGCACGATGCTTTGGCTGCTATTCGCTCCACTGGAGCCGGAGGAGGCGTTGCCACCGGGCGTGGCC
GGTGAGGCATTCGCCACCATCACTCCGCCATCGAGGGTAGCCTTGAGGCCAAAGGGTGGATTGCAGGTGTAGGCGATGCTCATGTTGTTCGTGTG
GCCCACAATCGTCGGTATGGGACTCTTGGTGAAGTTCAACGAGGGCGACATGCTGTGGTGCATATACAACGGCGAGTTTACGCTGTTGTCCCTGC
AATATTGATATCCATGAAGTTTAGTTGATGATCTTGCAACATGCCTTCAATAGCTTACCGTAAGCTGCCGGAGACCGAGTTATTGACCGAATTGT
AGGCGTGATTGGTCCCATCTGACACCGAACCAACCGAGTTAACGCCGTGATGTGATTGTACATCGAGGACGCCCAGGCCCAGGTGCATCTTCTGG
CGCATCAGCAGCGCCTGATCCTTGCCCTTGGCACCCGGTGGCAGTGGAGCATTCGAGTTCAGATGATGCTGGTGCGGATCCTGACTTCCCAGTGT
GGGCACAGTCGTCTGCAATGCATAATGCATATAAATAAGAATAAAGCCAAAGCTTAAGGCTATCAAACAAGCCAAACTTACGCCAGATGTGGAGC
CAATGTGACCGACAACGGAGTTCCTCAGACTGCTGCTGCTGGCATTGCTGCTGCTGCCGCCGGCACTGTTGCTGCTGTTGCTGTTCAGCATTCCC
GACATGGTGGGCAGCATTGTGGCGCCCGTCACCGGGCCACCGCCCGTTCCGCTGCCGTAGTGCAGTCCCCCCGTCGCACCTGTGCCCGTCGCCAC
GGATGCGGAGGAGTTGGCAGTTGGGTGGGAGGACAAACGAGGCAGGGCATTGCCCATTGGCTGATCGCTGTTGCTACCGCCGCCGCCTCCGGGAC
CGCCTCCGCCCGGACCGCCGCCGTGTGTGGTGGGCGTGCCGCTTAGCGAGTAACTGGCTTCCGAGGTAGGCGTCGAGTCGCCGCTTATATCCATG
TCAGCATTGTCGTTGTGTCGACCTGTCGGTAGGATTTTAAAATCAATTAACTAGATCCTACGCAACCTGCTTTATGCTCACCATCCAAACGCCTT
CGATGACTGGGCGGACCGCCATCGTTGTCGTAATTCCATCTCAGTCGTGAATTGTCCCGCGAAGAATTGGAATGTTTGTATGCTGCAAAGAAAAA
CACATGTTTTGAATATCATATTTGAAATTTCTGAAGCAGGTTCTTAACTCACTTGATCTGGAGAAACGATCATCGCGGTCGCGATCGCGATCCTT
GTCACGATAATCCTTCTCACGATGCTGATCGCGCGGCAAATTTCTGTAACCATATAACACATTAATGACTATTTAACCAAGGACTAGGGTGCTCT
TATTACAGATTCTTCCCAAGATCTTTGCTGGTCATATTATAATGCCATTGCCTTTACCTTTCTCTGTCCACCCATTCCTTTGGCTTCTCCCACTG
AGAGATTTCCGTCTTGCAGTTGTAATAATACATTTTGCCTGAAAGCAATCCAATATTATAGTTTGGAGCCTGGAGAAGAATAAGCTGTCATGGGG
GGACTCACCTGATGAGCTGACATGCTCGCTCCAGTCGCCATAACGCGCCGTCCGTTCGCCGCGATCGCTGCGCTCTCGTTTGTCTAACAAAAAAA
AAAACAAAAGCCACAGAGTATGTTTAGTAAATAAGGGGAGATGTGGGGTAAATGGGCGCTTGGACCTACCTGCGTACTTGTCCTTCTTGTACATG
TCCCTGTCGCGATCGGAACCGCGGTCCCGCTTGTCGCGCAAGTCGCGCAGATCTCGATCCCGATCTCGATCGCGATCGTCGGACCCGGATCGTTT
GTCGTTCTCCCGCGAGGAGCAGAGCTTGCCGCTGCCGCCTCCGCTGCCTCCTCCGCCACGACGATCCCTATCATGGTTGGTGCGATACGACGACT
CCGAATCGCGATCGTTGCCACGCCGATCACGTTTATCTATGAAGAATAGAATAATGTATTGTTATGGTATACAACTCCAACTTGCAGCTGCGCTA
ACTCACCTGAATATTTATCCTTCTTGTAGACATCCCGATCTCGATCTCGCATCTTCTGCATAAAGCTGTACCGCTCGCCACTGCCGCCACGCCCA
TTGCCGCCACCTCCGCCCCGATGATCGCTGCGGTCGCGCAGATCGTGCGAACGGGACGACGGCGAATCAATGTCCGGCGACTGGGAGCGGTAGCT
GTTGCCATTGTTCAATGGTCCGCCGCCATTTCCGCTACCGCCGCCACCTCCTCCAGCGGATCCGCCGCCTCCTCCACCGCCAGCGCCTGGCGACA
GGTCACGATCGCGATAATTGGAGGAACGATCGCGTTCGTAGTCGCGCTTTGAACTGCTGTACTTTGAGCTCTGCACGGGTAAATAAAAGCGCACA
CAGTTTTTAGTCGATTTACATTCCCAAAATCAATTGCACAGTGCTACAAAATACAATGTTTGTCGAGTACTCTCTAAGAAATCGCAGTAAGGATT
CAAGATGTGGTCAATATAATCAGTACATCAAGTAATGTAGCCAATATATGAGTTTTTCGTGTTCCAACAAATGGGATTAATTTAGGAAATCCTTA
CTGAATCTCTTGGATAGTACCAACCCACTGGTATATTTAGTATTGCATTCTTAATAGCGGTTGATTTAAGTCTCGGTTTAGTTGTAACTTTTGAA
GTTGGGTGGTTGGTTAGTTGAACTAAATCTACTCAATAGGAAAATCATAAGTTAATGCATAATGCCAGCTACTTTTGCCAATTTTCTCGCTTGTG
ATTATTGCCAATGGAAACGAAAGGATACAAAAAGAAAGTTGGGTGAAATGAAACTCCCGATGGTTTGAGAAATCAAATGTGTAATCGAGAAGAAT
TTTGAAATGTGTCGTGTGTTTGGTGTGTGTTTTGGTTTATCGTCTCCTGAGTAAATTATATATTAATTGAAACTAATTATTTAGGATTTTTTTAA
GTGATACTTTCGTTTTTGGTTCATATTGGTCGTTGTCTTCAGGTTATCCAAACTGAAAATCTAATTGTCCAGTTTAATATTAATCAAAATTAAAA
TCCTTGTTTGTTGTCCATCGTAAATTTTGGGATCATCCATAAAATTCCAATCTTGTGTTTATCAAAAAATTTTATAATAATTAATAAAGAATCCT
TCATAATTGAGTGGTGTTTCATTGTTTAAGAGATATAGAATAATAACTCTTTGGGTGTTTGGTATGTAAATCATAATTTGTTGATGTTTTTTATT
AGCGGCGATTTGTGTGTCGTTTTAGTCAGATTTTTGTTTAAAATATACGAGTTTGGATGGAAGATTTATTCCTGCTGCATGTTTCATGTTCTGTT
GCCTTCTTTTGATTTTTATTATTCATTATTAAGTAATTTTATTTGTTCCTTAATTTGAATGTTTTTTGTTTATTCCTTATCAGGATTGCTTTTCC
TGCGCACAGCACGATGTTCGTGGCACTTTATTGGTTTTTGATCACTTTATTTGCGTTTTTATATTTTACTATTGTTTTTAACCATTATTTTCTGG
GATCTTTGGGTTACTTACTTCTAGGCGACAGAGACCCACTGCTGAAGGCGTTGAATTCGCTGCCAGCGTCGCTGCTGATGCGCTGTTTTTGTTAT
TGTTGTTATTGTGGTTGCTAATGTTGCTGTTGCAATTGGCAATTGTTGTTGTCGAAAGGGAGAGATCAACAGCCATGTTGTTGCTGTTGTTGTTG
CTGCTGCCGTAGGAGTTTTTGTTGCTCCTCATAGATAATTAATTGAAGTGTATTTGGTTTTAATTTGAATTAAAAGTCCAATTGGTCGCTTGTTT
TCGAGGGCACACTTTATTTGGCTTTGGTTTATTTCCTATTTGTTTTGCATTAGTTATTTGTTGGTGTCTTAATTGATTGTTGTTGCTTTATGTAT
GAGGCACATTTGTGTTTTTGTTGTTGTCGTTGATTATTTCGTTAGACAATTTGGAAATTGGTTTGTTCTTCCGTTCCGCACATTCATGTTATTTT
TAATATTGGTGTATAATTGTTTACTACGTCGTTTTTAAGGCTATTTTAATTTGATTAGGTTCCTATTCCTTAGGCAGAGTTTAGAAATTGGTTAT
GCATTCGATTTCTAATTAATATAGTTTGATAAATTTGTATACTTTTAACCATATATATCATTCGATTTAAAACATTTGTTGGTGCTGTTCGGTTA
GATGTTGTAATTGATTAAATGATCGAATTCGGATTGGGTTTGTTTTTTGTTTGTTTTTTTTTTTTTAGCAGTGATGCGTACAGATTCGTTTCTCAA
GTTAAGATCAGTTCAGGCTGCAATGCCGCGTTTTTGAATGGGTTAAAATGAAACACGATTCGGTCAGTTCAAAAATGGATGAGGTTACGGGAACG
TAAGATCTGGGATGCACAACAAAGACAGCGATTGACAAAGAAGGAGAAATATGAACCAAAAATAATCCAAAATCCAGGCTATACAATTTGCAAAT
TTTGTTAATTTTTCTCTTTACCAAAATATCAGCAAATGACACTAGGGAAATCGACGGTTCGATAAAAATACGATTTACATTGGCTTTTACATTCT
TTTTTTTGTGGCTTTGGGTGCACTACGGGCTAATGAGCTAAACTACAAAATTAAAAATGTCCACTAAAAGCTGGCATGTAAATGTGATTAATTGC
GGTGTTCGAGGAGAATTTTCGGATCGGTCTGCTTACCTGGTATGATGTGTGACTGGTATGCTTCTCAAAGTACCTGGAAAAC
(SEQ ID NO: 976)

Exon: 6207..6004
Exon: 4820..4472
Exon: 4406..4155
Exon: 4073..3999
Exon: 3933..3858
Exon: 3748..3663
Exon: 3597..3502
Exon: 3442..3027
Exon: 2957..2719
Exon: 2656..2196
Exon: 2124..1955
Exon: 1837..1710
Exon: 1640..1001
Start ATG: 6207 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT25711

ATGAGGAGCAACAAAAACTCCTACGGCAGCAGCAACAACAACAGCAACAACATGGCTGTTGATCTCTCCCTTTCGACAACAACAATTGCCAATTG
CAACAGCAACATTAGCAACCACAATAACAACAATAACAAAAACAGCGCATCAGCAGCGACGCTGGCAGCGAATTCAACGCCTTCAGCAGTGGGTC
TCTGTCGCCTAGAAAGCTCAAAGTACAGCAGTTCAAAGCGCGACTACGAACGCGATCGTTCCTCCAATTATCGCGATCGTGACCTGTCGCCAGGC
GCTGGCGGTGGAGGAGGCGGCGGATCCGCTGGAGGAGGTGGCGGCGGTAGCGGAAATGGCGGCGGACCATTGAACAATGGCAACAGCTACCGCTC
CCAGTCGCCGGACATTGATTCGCCGTCGTCCCGTTCGCACGATCTGCGCGACCGCAGCGATCATCGGGGCGGAGGTGGCGGCAATGGGCGTGGCG
GCAGTGGCGAGCGGTACAGCTTTATGCAGAAGATGCGAGATCGAGATCGGGATGTCTACAAGAAGGATAAATATTCAGATAAACGTGATCGGCGT
GGCAACGATCGCGATTCGGAGTCGTCGTATCGCACCAACCATGATAGGGATCGTCGTGGCGGAGGAGGCAGCGGAGGCGGCAGCGGCAAGCTCTG
CTCCTCGCGGGAGAACGACAAACGATCCGGGTCCGACGATCGCGATCGAGATCGGGATCGAGATCTGCGCGACTTGCGCGACAAGCGGGACCGCG
GTTCCGATCGCGACAGGGACATGTACAAGAAGGACAAGTACGCAGACAAACGAGAGCGCAGCGATCGCGGCGAACGGACGGCGCGTTATGGCGAC
TGGAGCGAGCATGTCAGCTCATCAGGCAAAATGTATTATTACAACTGCAAGACGGAAATCTCTCAGTGGGAGAAGCCAAAGGAATGGGTGGACAG
AGAAAGAAATTTGCCGCGCGATCAGCATCGTGAGAAGGATTATCGTGACAAGGATCGCGATCGCGACCGCGATGATCGTTTCTCCAGATCAACAT
ACAAACATTCCAATTCTTCGCGGGACAATTCACGACTGAGATGGAATTACGACAACGATGGCGGTCCGCCCAGTCATCGAAGGCGTTTGGATGGT
CGACACAACGACAATGCTGACATGGATATAAGCGGCGACTCGACGCCTACCTCGGAAGCCAGTTACTCGCTAAGCGGCACGCCCACCACACACGG
CGGCGGTCCGGGCGGAGGCGGTCCCGGAGGCGGCGGCGGTAGCAACAGCGATCAGCCAATGGGCAATGCCCTGCCTCGTTTGTCCTCCCACCCAA
CTGCCAACTCCTCCGCATCCGTGGCGACGGGCACAGGTGCGACGGGGGGACTGCACTACGGCAGCGGAACGGGCGGTGGCCCGGTGACGGGCGCC
ACAATGCTGCCCACCATGTCGGGAATGCTGAACAGCAACAGCAGCAACAGTGCCGGCGGCAGCAGCAGCAATGCCAGCAGCAGCAGTCTGAGGAA
CTCCGTTGTCGGTCACATTGGCTCCACATCTGGCACGACTGTGCCCACACTGGGAAGTCAGGATCCGCACCAGCATCATCTGAACTCGAATGCTC
CACTGCCACCGGGTGCCAAGGGCAAGGATCAGGCGCTGCTGATGCGCCAGAAGATGCACCTGGGCCTGGGCGTCCTCGATGTACAATCACATCAC
GGCGTTAACTCGGTTGGTTCGGTGTCAGATGGGACCAATCACGCCTACAATTCGGTCAATAACTCGGTCTCCGGCAGCTTACGGGACAACAGCGT
AAACTCGCCGTTGTATATGCACCACAGCATGTCGCCCTCGTTGAACTTCACCAAGAGTCCCATACCGACGATTGTGGGCCACACGAACAACATGA
GCATCGCCTACACCTGCAATCCACCCTTTGGCCTCAAGGCTACCCTCGATGGCGGAGTGATGGTGGCGAATGCCTCACCGGCCACGCCCGGTGGC
AACGCCTCCTCCGGCTCCAGTGGAGCGAATAGCAGCCAAAGCATCGTGCCCGGCATGGGCCCCGTCTGCGGAATCAGTGTGATCACCTCGATGGG
CAGCAACAGCGGCACGCTATGCGAAGGACCGCCTACGCCCACCCAGGAGCTGGATTTGAGCGGCTCGGCGTTGGAGCAGCAACAGTTGGCCGCCG
CAGCGGCAGCCGCGACAGCGTCAAGCCTCCAGCTACAGGCGGCGCAACAGGCCCAGCAGCAGCGGAAATTGGATGGGACGTCGTCGGCCACGCTG
AGCTCACTGCAGAGCTGCGTGAGTTCCTCAGGACAGGCGGCAAACCTACGTGGTCCCGAGATTTCGCCAAAGCTGGCCAAATACTTCCGCGCCGA
TCTGATCGCGCATGTGACCAATTGGCACGCGGAGGTGCTGGAGCGTCAGGCGCAGAAGTGCTGTGAGGATACGCACCTGTTTGGCGACATAACGT
GCACGAGGATATGCGCGGAATTGAAGTGCGCCCGCAGCCTGGTGCGAAGCACCGAAATCAATGCCACCCTGCAGGAACAAAAAATTATGTATTTA
CGCCACCAGATCCGCCGTATCGAGGAGTCGAAGACTCAGAACGCGTTCATGTCAGACGATACTTAGGATCAGGAGCAGGTTAGGCTGCGCGTACA
TCGCAAGCTGTCTGTTAGGCTCAAAAAGAGCTTCTTCTGGCGCAGCTGATGATGATTGCGATGATGATTGGTCGATTGTGGCCGCCGTCAGCAGC
TTGTCCTCGTTTAGCAGGCCCGGATCCAACCCTATTTATTGAGGGCATCTGGAAATGGCTTAGATGATGACGACGACTGGCGGTGGCCCACGACA
ATGACTGAGAAACCGCGTGCATCCTGCTCCATCCTCTTACTTCTCTCCTCTGGGCGACGCATCTCTCCCCACCACCACAACCAGCCCGCGATTCA
CTTGTGTTCGGATCGAGTTCCAGTCCCCAACCGACTATATAGTGGCAGTATGTAACTGGCTGAGCGGACTGCATGGACTTGGCACAGGACAAATC
AGGATAAATCAACCAACAGCTGCAACAAGAACTTCAACAAGAAACACAAAAACTAAAACATAATTTATAATTAGCAAAGCGTAAATTAAAAGCAA
AAATAAACTAAAATAAGCATTGCATTAAGCAAGACGGAGGAAAAGCCAGAGAAATAG
(SEQ ID NO: 977)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MRSNKNSYGSSNNNSNNMAVDLSLSTTTIANCNSNISNHNNNNNKNSASAATLAANSTPSAVGLCRLESSKYSSSKRDYERDRSSNYRDRDLSPG
AGGGGGGGSAGGGGGGSGNGGGPLNNGNSYRSQSPDIDSPSSRSHDLRDRSDHRGGGGGNGRGGSGERYSFMQKMRDRDRDVYKKDKYSDKRDRR
GNDRDSESSYRTNHDRDRRGGGGSGGGSGKLCSSRENDKRSGSDDRDRDRDRDLRDLRDKRDRGSDRDRDMYKKDKYADKRERSDRGERTARYGD
WSEHVSSSGKMYYYNCKTEISQWEKPKEWVDRERNLPRDQHREKDYRDKDRDRDRDDRFSRSTYKHSNSSRDNSRLRWNYDNDGGPPSHRRRLDG
RHNDNADMDISGDSTPTSEASYSLSGTPTTHGGGPGGGGPGGGGGSNSDQPMGNALPRLSSHPTANSSASVATGTGATGGLHYGSGTGGGPVTGA
TMLPTMSGMLNSNSSNSAGGSSSNASSSSLRNSVVGHIGSTSGTTVPTLGSQDPHQHHLNSNAPLPPGAKGKDQALLMRQKMHLGLGVLDVQSHH
GVNSVGSVSDGTNHAYNSVNNSVSGSLRDNSVNSPLYMHHSMSPSLNFTKSPIPTIVGHTNNMSIAYTCNPPFGLKATLDGGVMVANASPATPGG
NASSGSSGANSSQSIVPGMGPVCGISVITSMGSNSGTLCEGPPTPTQELDLSGSALEQQQLAAAAAAATASSLQLQAAQQAQQQRKLDGTSSATL
SSLQSCVSSSGQAANLRGPEISPKLAKYFRADLIAHVTNWHAEVLERQAQKCCEDTHLFGDITCTRICAELKCARSLVRSTEINATLQEQKIMYL
RHQIRRIEESKTQNAFMSDDT*
(SEQ ID NO: 978)

Celera Sequence No. : 142000013384682

TGATCTATTAGAATTTGTTTAAAAAGTTTAGAAACTATAATTTTATACCAATCAACCATTTTACCTATCCAACAATTTCATAGAAAACTTCTACA
GTTTTATAAACATTATATGATTAAGAGCCGAACCTTTCAATCAAAAGATTCAATTGGATTTAAATTTATATGTCATTGTTTTTAAATTGGTTTTG

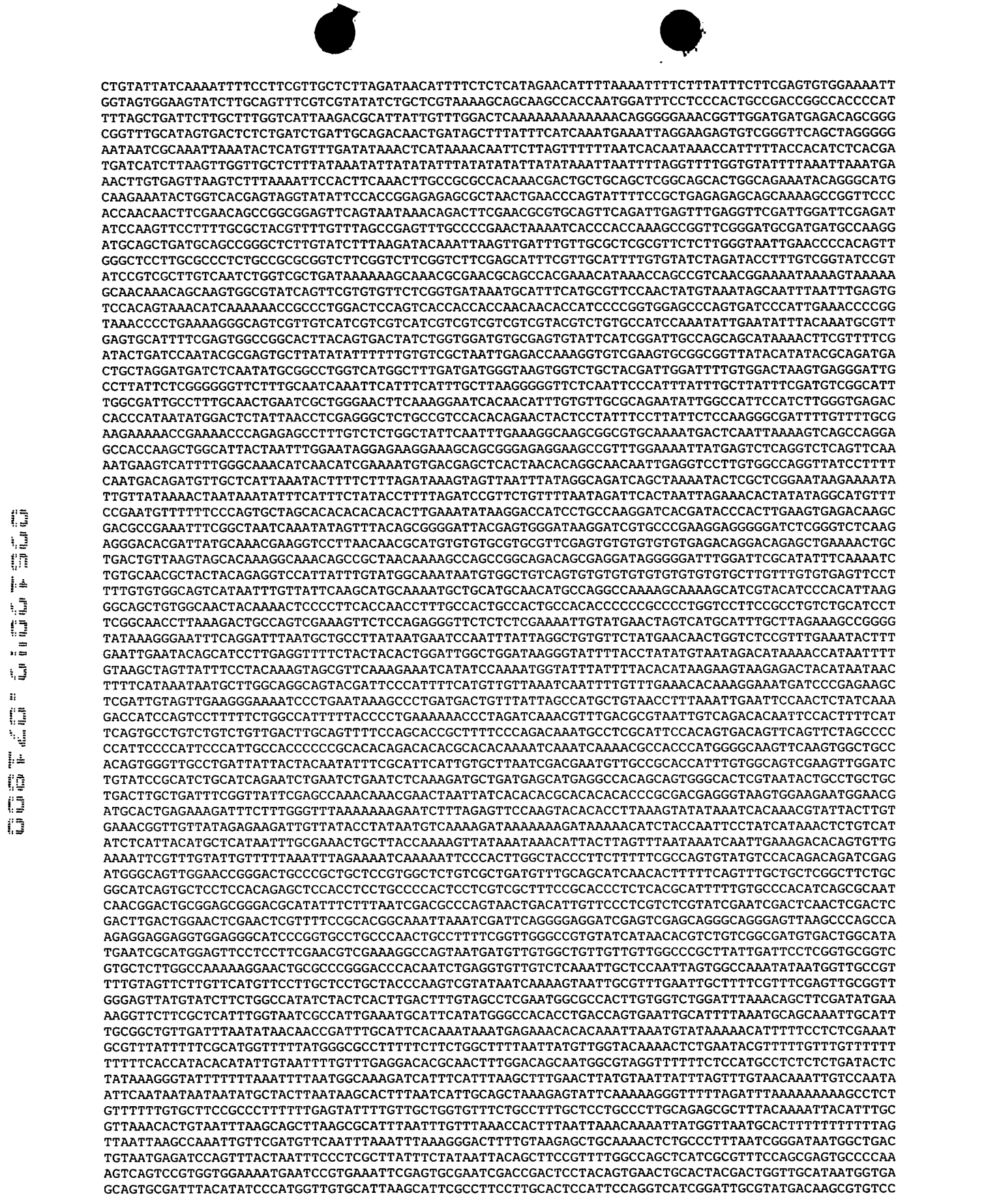
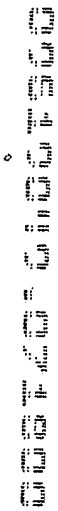


FIGURE SHEET 525



ATCAAATCGGTTCCAATTTGCATATCGAGGCGGTGCGGCGCACGGAGGATGTTGGCAACTATGTTTGCATCGCGACAAATTTGGCCAGCGGCGCC
AGGGAGGCGTCTCCGCCCGCCAAACTGAGCGTGATATGTGAGTAGTTATATTCCCAGTTTCAGTCCCCATCTCCATCCCAATCCCAGTGCCCATG
TCATTCCAACTCCAAGACCCACAATTGTTCGCAATAAGCAAATTGACTGATGGTTAAGGGCGACAGCAAATCTGTCTTTGCTTGTGCAAATTAAC
AAAGCGAAATTGAATTGTAAGCGGGTAGTTGAGAGCACTGCAAAAAACTTCACTTGATATTGTTACATTTTTATATCTAAAAACTGAAGTTAGTT
CTTGAGCCATAAACTTTCAGTGGAATATTACATAGAACTTACCTAGATTGATAGTAACTGCTGCACTCTGTAAATGCTCACCGGTTTCTTTGCGT
GTAGGGCAAATTCATTTGATTAATGCTGCATTTAATGGTATTCCAACCCCAACCCCACCTCTCCCTGGCCCAAACCCCCCTTTTCAGATACGGGC
AAACCACAAGACAACAAGAAAAGGTAAAGAGGCATAAAAACGCAACCGAAGCGAACGGAACGCAGCCCAACAAACCGATGAAAGATAAAAACCGA
AAGTTTTGATGTACATGCGTCAGATCCCATGCTAACCCAGTCCCTTTTGCCAACTCCCCCTTCCAAAGACCCCCCCCCACCCCTTCACCAATTAA
CCCCTTCGCGCAGAGCTACAGGAAGTGCAGTGCAGTGCACAGAATGCATCCCATGCATCGGACCGTGAAGAAGAAGACCCTGGTCGAAGAAGAAC
CACACAGAGAAAGATCACTTGGTTCTAAAATGCAGCTATGCATTCGAAAAGTAAACTTCTTTGAGAAAACCATCTTCAAGATACATCCTCAAGAT
ACATCTTCTTCTTTGCAATTATGATAAATTGTAGAGTTCGTTTCAAATCTACCTTTTCAATTCTTAATAGCGGATAAAGAAACATATCTATGAGT
CTTGAGTTAAAACAATACGATTAGATAAAATATCTCTCAGTGCATCGCTGATTTCCTTCAAGTAGCAAGTGCAGTTGCAGTTCTTGGCCTCGTGT
TGAGGCAGCGGCGTCACGTGATTGATGTTCATTTAGTTGCGTTTGCCTTTAAGCAGAAAAATGCATAAATTTACCAAATAGCTCCCCCCACTTCC
CCTACTCCACCGTCTTCCTTTTTCATGTAAACAAAACGCGAGTTTTATGCACAATCTGGAGTGCATGTGTTTGGGGGCCCTCCAATATACGAGAT
ACATATATCTGGTATCTGGTATCTGCTATCTGCATCTGCATCTGCATTTGTATCTGTATCTGTAGCTGGGCTGTCAGCGCGGCCACGGCATCCGA
GCTGTGATCAAAGCCACCCAACAGCAGGGGCATCTTTCCTCCGCCGTCGCTATTTATACACCAGCCTCATCTCAAGTGTTTTTAGCTAATTAATT
AACTAATTAATTTGTAGTTTCGGGAGTTGATTTTAATTGCCACAGCTCCCTTCCCCCCCCAAAAAAAAAAACAGCTGCTGCTGAAAAGCGTGGAG
AGTGTATATATATACGTATTTGTATCTTGGAGGGGATGCAGGGAAAGTATCTTGGCGCCAGCTGAAGCTAAGTGGGTTATGTGATTACCACCTAC
TCCTGCCCAGCTTGCATCAATCTCATAATTCTTGAGCAGCAGACAAAAACTATTAAAATATGCATGGGGCAGTATGGATGGAGATGGTGTCGTTG
CTCCTCAGTTTTAGGATTCGGTAAATATTTTATTCAGGACTCGTCGCCATTGTGTCCCCTGGCTGCATTGTCTTAGCCCGGATTATCCTTCCCCG
TCTGCACTTTTCTCGCAAATAAGTGTTCAATTAAGCGCGAGAAAAGTGTCATTTTCCTATGCGACATTTAACAAATTTGCAATGGAGACTGGAAA
ACAAGAAAATTGTGTGGATGGGAAAGGCAATCTGGTAAAAGCTCATTAGATAGTGGAATATATACTTCTGCATCAATATAAAATAGCAGATAGAT
AGAGCATTAACATTTTAAATGGTAAATAGGTACTAAAAGTTCGGAAATAAACATATTTTTAAAGAAATATTATGAGTTTGTAAATATATTTTAGT
CTTACAAAAGATACACACACATAGTTGAGTTTTAGTACTAAAGTTAATCTGAATTTATGAAGTTATTGTGAGTAAGCGCTTCTTTAATGAAAGGC
TAATGGAAATCCCAAGGATAGTTCCAATCTTAGCGGGCAAATCAAGTAAACCTCTTTTTCGGTATTCATAAAAGCGGGAAGACAAATGCTGACAG
TGCCCGGCGACTAACCGATGACTACAAGGAATTAAGCAGACAGCGAAGAAATTAAACAGACAGCAATAAAGGCAAAAGCGAGTCAGAGCCAAAAA
CAAGGACCAAGAAGAAAGCAGCCGCGTCAGACCAAAACCAGACGACTGGCTCCTCTGTGAGGACGATGAGTTTGGGGCGAAAGGACATTCCAAAC
ATTTGCTCAGCGAAAGGGGTTGTTGGACTCACAGGACTGGCAGCTCCGGTACTCAGCCAGGATACACAGACTAACCATTGAACAGCTGAGCGAAG
CTGGTGGCTAAAACCGGAGGGAAATGTGTGTTGTGCGCTGAAATGTATGGGGGGGAAATGAAATGCAACATTAACACGAAACATAAACATAAAAT
GAGAAATGGCAGCAGCAACAATGGCAACCGAACCGAGCCAGCAAAGTCATAAAAACCAAACAAAATGCAAAGACACAGCAAGGACGGGATTTGCA
GGGGAATGTCAGGACGAAAAGCAACCCCTTAAATCGACCGCCCAGGCACCCGGGCACCCGAACACCCCCATCACATATATATATAGACTGTTGTA
TCTGTGCTCTAGACACAAGTTCAAGTTGACTGCAGTTGGTAAGTTGGGTTTTTATTTTACGGATACAGCGGGGGTGGAACGCGATGCCCGGGGAG
TCGCGCGGTCGGGTGGCGGTAGCGGTGGGGGGAACCGGATAATTTTCATTTTGTGAATGCCGGAAAAACGCATAAAATTTTACGAGCCAAGCTCG
GAGAACATTAAAGGGAGACGACGACAGACAGACCGAAAAACAGAAAAACAGACAAGAGCTTGCAAACGGAAAATGTAGCCAACTTTTTGGCGCGC
TAACCTGCGTCCTCTCTTCATTTCTAGTACTCTTCACACAGCAAGGATAATACCAGTTTTCATTTGAAGCTATGATTAAGAAAAACAGCAACTAG
ATTGACTTTGATAAGCAACGAAATTAGACATTGTGAAACTACACATTTCCTTTAATTAAAGGTTCTTAAAAATTCATATTGGATATACTATACA
GTATATATGTGCATTGAAAATAAAAATATTGTAATAAAACATACTTGGCTAAAGATTTGAAATCAGTAGATATTTAATTTAAATAAAAACATAAA
AATGCCCTAGCACAGACCAATTGTTTTGCTCTGTGCATCTCTTTCAACCACTCTTTTCCTAACTCTAGGATTTTCTTTATATTCCTTTTTGGCAT
TTATTTTACTTTTAGCTTTTCTGTGCTGCTACACGAGTTGATCATTAGCAACTTTTGGGGAAAGCATTACGGGGGGGGGGCAACGGCAGCAGGGG
CGTAGTTCAGGGAATCCCCCCTTTAAAACGGGGGCTAACTGCCCTCGCCAGAGGGCAAAGGTCACTGCAACGGAAGTCCCCTTTTTTCGCAAGCC
ACTGGAAAACCAGAGGGCAGACAATGTGCGATAATCGAATGTTTAACGTTTTAATTTGAAAAACGTTTGGGGTGCTGAGACAGCGACTGGCCAAC
TTTAATTAAAGATCCAACGATAACGCTATGGAGCAGGACACATCGAATGTTCTTCGGTCAGTTGTTGCAATAAATTTTCCATAAATATAAATGGC
TGGCCACTGAAAACGGAGAGCTGGGGAAAATGGATGGTAAAATTTGGAAATTCATTGATATCGAAATCCGCTGATGAAAGCCACTCATCGATTTG
TATCTGTGGCAAACGATCTGCGAAATAGTTAATTCGTTGAGTAAGATATCTGCAAACAATTTTGATGCATTTCCCTCTTGCATCTGCGTTAATTT
GCGAAATGGGTCAATAACTTGTAAGCCGCTTTGTGCACCGCACACACACAAGAATGCCCAGCCAATTGAAGTGAAATGGAGTGGAGTGGCCACTA
GCCGCTAGCCACTGGCCAGTGTCCAGTTTTCCAGTTGGACAACTGGATAGATGGAAGCGCAGAAGGGCTGCATAAGTCCATTAACGTTCACAATT
ACCGCCGGCCACTTCAGAAACACAGCCACTTCTATGGGCTCCCATTTCCATTCCTCCATCTTTCGGTGGACACGGGCCACTTGGGTTTATGACAG
CGCTGAAAACCCTTCCACTCGAGTTCGATTCCCAACTCTGCCCGTCCGAAAATAATCTATTTTTGATTATCAATTAATTATATTTTCATAAAAGC
GGGCGATAACAAGAAGTGCAGCACTGCAGCTCAAGGAAAAAAAAAAAAAAACAAAAACTAGTTATCTTATCGGGAGGAGCGGACTCATAGTTGAC
GAAATAAGACTCAGTCGGCACACTTATTCTGGGGTCTTTGGAGCTCCAGAGGTGGTGATGGGGAGTGAGTTCCCAAGACCCAACCGATAAGAACG
ATCCGCTCGGGGGAACTGTCAATTTCGATATCTATAATTCTGCTTGCCTTTCGACGTTTACTTCCACTTTGTTTACCCAAGGCGTCTCTATTTTT
TTATGGGTCCTACCCACACCCACACTCCACGGCATTCCGGCAATTGTTTACAGCGATTGTGGTTTATGCTCCATCCTCGGCCAGCGAAAAGTTTA
ACAAATTTATTTTGTTTTGGAGTCGTGTTGGTTTACATCGTCTTATTTCCCTCGTTCCCAGTGTTTAGTGTTTACCTCGACTTGCACGTTCAACG
TGTGAATGACGACCGCCTTCCGACCGACCCCTACTACAACTTAGAGTTACCCCTCCTCCCCCCACTCCCCGCACGCCATCCCTCGCCCACAGGTA
CATGTAGATACAACCCATGGGTGTCAAAAGATCTGCTGTCTCTGGCGATGCATGCATCAGCCTAATGAGAAGCTCGTTAATTAGCGACTCGCGAC
TTGCTAGTAATTAAAGTTACAGTTAGTCATACCTATTAGTCAGATTCATATAATACTTTCTAGGATCGCAGAGGTATCTCAACATGAAGCCAAAA
AGAGGTAGCACCAAACAAGCTATATATTATAAAGATACTTACAAGGGATGCAAGTTGAGGATGTTAATCTCTGGTTCTTGTACTAGCACTTATAA
TGTTAGATACTAATCGTACCTTACAATACTTTAGAATCTTTTACTTACGAACCATAGTAAATGCCGAACCTCTTTAACGAAAATACGAATATCAT
TAAGCAACATTTCCCCACTTCTATGTTAAGATGCTCAACCATCAGATACTTGTGTGCTTACCTGTCCAGTGGCGAGTTGAATCCGTTCCCGTTCC
CGTTCCACACTTTACCCGCTGCTCACTTCCCCCTAGATGTTTGGCCATCCATTAGATACTTTTGCTCCTCGGCTGTCTAAGTGCCAATTAGTTCA
CTCTACTGTCATTTTAGTCGTAACATATACCAAAAACTTTGTGCCACAAGCCCACAGAGTATAGCCATTGGTACGTACTACGTACCACCATACAA
AGTCGTCGTCGAGCTGACGGACGTGCCCCAAGAAGAGCAAATATACAAACACATTTCAAACTTTTGACACTTACCCAACGGAGACGAAAGACAGG
GCACTGTTTATTGAGTTGTTGCTGTCGGTTCAGTTTGGTTCGGTTCGGTTTGGTTCTGTTTTTCCACTGCCTGCCACCAAATAAGTGTCTACAAA
TATTTAGAGGCATTTTTTTGTTCACTGACTGAGTCTGCGAGAGGCAAACAAAGTCGGTGCCCAAACAAGATTTATGTGCATATGTAAATTTTCTCT
AACGCGGCCAGCAAACCGCAGCCATCCAGACCTGGCAAACATTCAGATAGGCAAAGAGGAGAATATCCATAAAACATACATCATCCATTTTGCC
TAGATCTCGGCTCGCTCCTTTGGGCCGCAGATAAAAAATGTTTTATGAAAATTATGGCACCATCTCCGAAGGCTGTAGCAATCACACATAACATA
CATACATATATATGGAATACCAAACGCGGGCAAATAGAGAATGTAGGAAAACAATTTGAATAAATTATTTGGGGGGATACCAAATTAGAACTTTA
AGGAGCAGCATCGCTCGGCATCCGACAATTATCGCTCGGAATACAAAAGTATCTCATTCACATCGCCACAATGGGCTGCAGATACACGATTGCAG
CTACAAGATATTATGGAAGTCCGGTCATACAAAAGCCACACACAGAGAAATTTTTATAATTACTACAAAATCGGAACTTGAAAAACTTCAACTGT
CGTTGATAACAATAAAACATTAAATGAACACTAAATAAGCTGATGAAATGTATTTCAAATTTAAGGAATATGCAGTGGATATTCTTATTTTGACT
AGTATTTCAATCTTAATCATATTAATATGCATTTGCCCAACTTAGCATACCAGAGAACACTTTTAAGTTTTCTCTCTGTGCAGCGATTGTGTATG

CTAGCGTGTCTGCAACATGACTGGCCACGCCCCTTGCGCCTCCGGCTGCCACTAAAACATAAATTAAACCCTATGCCACGGCAGAGAGTTTAGAG
AGCAGCGCATTCTTCTTTTGGACTGCAGTTTTTTTCCCCCCCATTTTTTATGCGCTTTTCTTTTGCGCCATAGAAACTCTTTTCTCATGCGGCAA
TTGTTGGCAAGTACCGTTCCATACCGTTCCGTCTGGCCAAGAAGTGGAGAAAGAAGCCGGCGGGCAGGAAAATGGAGAGGGCCATGTGAGCATTT
ACATATGGGCAGCAAGGTGGGATCGAGGTCGGGAGCGAGAGGTGGAGCCTTCTCCCGACTGACTGACAGTTCAATTTATGCTTCCTCGCCACCTT
AAATGGGCTGCCAGGCTGTGCCGATAAAGACAAAGATTGCAGCGTCGTGTTCGGCGCTGAACTGACGATAAAATGCACTTAATGCCGCGCGAAAT
ACCCCTGCTTTCCAGGGCGAAATATGTATTGTATGTAGTTATAACCAAAGGGCCACGGAAAGCGGAAAGCAGAAAATCTGAAATCAGAAGAGGGA
GAGCAAGCGCAGCGAATTCGCATAGCCAAGAAAACGCATTAAGGCTAAATGTATCTTCCGGATATATTATGCATATTTATGGAATGCCAGCCTAT
TCGCATTTTACAGGGGCTGATCAATAACTTTTGCTGGCAACGAGCCTTCCGTTGGCCGAACTGTTGTGGCAACCCTCGGCCTGCGTCTTGCATTA
ATTCAATTAGTTTATAGCCCACACTCATTCCGCAGCCTCAATCTCCGCATCTGCTACTTCTTTTACACGGTCAGAAAATATATGAATTTACTTAG
TTTTTTATAAATAATGTAAAATTTAAAATGTTATTCCCTGTCATCTCTTCTTTAATATATTGTGGTTCTTAGCATCACTTACTTTTATATATGTA
TCTTTTATGAGGCATTAGATGATAAAAAATATACATACTTGGCTCGAACGTATGTTTATATAAAAACTATAATCGACTTATAATAACACCATTCT
ACCCATTCATTCCTACCTTCAGATCTTGAATCGGCCAGTGTTCAGCTGCTGGGCAGCAATCGCAACGAGCTGCTGCTCAAGTGCCACGTGGAGGG
CGCCTCAGGAGATTTGGAACCGCTAGAGATCGAATGGTATCGCAACAGCGAGAAACTTAGCACCTGGAAGAACGTCCAGCTGGATCAGCATCGCC
TGATAATCCGACAGCCGGGAAGCGAGGACGATGGCCTGTACCGCTGCACCGCCTCCAATGCGGCGGGTCGAGTGATGAGCAAGCAGGGCTATGTC
TACCAGTCCAGTGTGAAGTGCCTGCCCCGACTTCCTAGGCGCAAGAACGAAAAGATGATGGAGTCCTGGGACAAACAGACCTTCCTGTGCCGCGG
TAAGCGCGGTGGAGCTGCTGGACTAGAGGCACTACCCGCCGCTCCCGAGGATCTGCGCATTGTGCAAGGACCCATTGGTCAGTCGATTATCAAGG
AGGGTGAGCCCACGGCTTTGACCTGTCTGTATGAACTGCCCGACGAGCTGAAGAACCAGCGCATTCAACTCCGTTGGCGCAAAGATGGCAAACTT
TTGCGTCAAGTGGAACTGGGTGGCTCGGCGCCCATTCCAGGTCACTCCTTCGATTCCGGCAAGGATGCTCTGTTGCGTGAGGACGCCCGTCTAGT
GCTGCACAAGCAGAATGGCACCCTAAGCTTTGCCAGCATTATTGCCAGTGATGCGGGTCAGTACCAGTGTCAGTTGCAGCTAGAAGCTCATGCTC
CGATTAACTCATCTCCTGGCATCTTGGAGGTCATCGAGCAGCTAAAGTTTGTTCCTCAGCCCACGTCCAAGAATTTGGAGCTGGATGCAGTGGTG
GCCAAGGTTCACTGCAAGGCGCAGGGCACTCCAACGCCGCAGGTGCAATGGGTTAGGGTAAGTAATTCAATCCAATTAGATTCAAATAAATACTT
ATTTTAAGGTACGAACTAAAATGGCATAGCATTCCCTTCGATATATTTACACATGGTTTCAAACAAGTACTAGCTTTCATTTATATATTTGTTAC
ACTTACTTTTGATAAGTAATAGATTGTTCTTGCAAAATTTTAGTACACCCTATCCGGTTGACATCTGCCTCCTATTCAGTAATTGCCCAGGCACT
TCGGTCTTCATTTCGACCGCTTCCAAATGGGAATGTTTCTGGACATTTCTGGCTCACTTTTTCGCCCACTCCACCACGGCAATGATGGCCACATG
TCACTGACAAATTGAAAAAACGCGCATTGCGCCGCTGGGCAAACTTTTGCTCCAAACAAACCGTTTCATATGCAAAACTCTATCGTGTCTATGTG
GCCTAAGCACCCTTCTTCTATCGCCCGAACATCCGAAAAACGAACCCACTCCATTTGGTGGCCATTGAGCGTTTTGTGTTGCCAGCTGTTTGCCA
TGGCCAACCAATTTCGACAACTGTTTGTCTATTTGGGAACGGAGCGAAAAAAGAGGATCGAACCCTTTCAAAGAAAGTTTTTCATTTGGCCGAAA
AACAAACCTGACTCAAACCTGTTCAAAGTGTATTGCGTCCTTTTTGTCTGCTTTTCTGCATTTTTGATGAAAACGCATGGCACACGTTGGCAAAT
TGGTTGGTAATGGTCAGCTGTCTGTTTCTATTTCTCACTGATGTTTCAACATTCAACTTTGATATTAACAGATTGGAAGTGCATAATAAATGTGCA
TGTGTCTTTGATATTCAAATTAAGAAATGTGGGGGTGCATAAACCAGTGCACCACTGCAGTGGTTTGATATCAAAAGTAATAACCAGAAAGAAAA
TCTATCCTTAGATTGCTATTGATATATGATAGATCCTCATAAAATCTACTAACACAACAAAAAATTATTTCTCTACAGGATGGGGAAAATACCAC
TTTACCCGACCATGTAGAAGTGGATGCCAATGGAACACTGATTTTCAGAAACGTTAACTCGGAACATCGCGGCAACTACACTTGCTTGGCCACCA
ACAGCCAAGGACAGATAAATGCCACTGTGGCTATAAATGTGGTGGTCACTCCCAAATTTAGTGTGCCCCCAGTGGGACCCATCGAGACTTCGGAG
CAGGGCACCGTGGTGATGCATTGCCAGGCGATTGGGGACCCCAAGCCGACAATTCAGTGGGACAAGGATCTAAAGTATCTGAGTGAGAACAATAC
GGACCGCGAAAGATTTAGGTTCCTGGAGAACGGCACTCTGGAGATACGGAATGTCCAGGTGGAGGACGAGGGTAGCTACGGCTGCACAATTGGAA
ATAGTGCAGGACTCAAGCGAGAGGATGTCCAGTTGGTAGTGAAGACAACCGGTGACGGTTTCGCTCCAGAGGAATCCGGAGGTGATGGCTTCCTG
GTCACCCGAGCTGTACTGATCACCATGACGGTGGCCCTGGCCTACATAGTGCTCGTGGTGGGCCTGATGCTGTGGTGTCGCTATCGCCGTCAAGC
CAGAAAAGCCCGTTTAAACGATCTGAGCACAAAGGAAGCTGGCGGGGATCAGCCGGATGTTGCTGGCAATGGCAAAGGCTCCGAGCAGGAGCCCT
GCCTGTCTAAGCAGCACAATGGCCACAGCAAATCCAGATCCAAGTCCAGTGGAGATGCCCAGAAATCCGATGACACAGCCTGCAGCCAGCAGTCG
AGGGCCTCAAAGAAATCGGCACATATTTACGAGCAACTGGCTCTGCCAAGATCCGGGCTCAGTGAACTCATACAAATTGGACGCGGCGAGTTTGG
GGATGTGTTTGTGGGCAAACTTAAGGCTACCTTAGTCACCTCGCCCTCGGACAAGGATGCGGATACGGAAAAGCAGCACAGCAACAGTGAAAATG
GCAGTGGAGGCAGCGGAAGTGGAAGCACCACGCTAAGTACTCTAAATGAGAAGCGTCGCTCCAAGACCTCCATGGACGACATTGAGGAGATCAAG
GAGGAGGAGCAGGATCAGCACAATCAATCGGGTCTCGAGCAGCTCGTTCTGGTCAAAGCCCTGAATAAAGTGAAGGATGAACAGGCCTGCCAGGA
GTTTCGACGACAGTTAGATCTGCTGCGCGCCATCTCGCACAAGGGAGTAGTACGTCTGTTTGGCCTGTGTCGCGAAAAGGATCCGCACTACATGG
TGCTGGAGTACACGGATTGGGGCGATCTCAAGCAGTTCCTGCTGGCCACCGCCGGAAAAGTGAACACTGCCACCGCGGGCAGCTCCTCACCGCCG
CCACTCACCACCAGTCAGGTTTTGGCCGTCGCCTATCAAATTGCCCGAGGAATGGACGCCATCTACAGAGCTCGCTTCACCCATAGGTAAGTGAT
TTGAGAAGGCCAGCATTTTCATAGATCCAATTGGCAATACTTTACCTTACAGGGATCTGGCCACTCGCAACTGCGTAATTTCCAGTGAGTTTATA
GTGAAGGTATCCTATCCGGCTCTCTGCAAGGACAAGTATAGCCGCGAGTACCACAAACACCGCAACACGCTGCTCCCGATCCGCTGGCTGGCGCC
CGAGTGCATCCAGGAAGACGAGTACACCACCAAGAGCGACATCTTTGCCTACGGTGTGGTGGTGTGGGAGCTCTTCAACCAGGCCACCAAGCTGC
CCCACGAGGAGCTGACCAACGAGCAGGTGGTGCAGCGTTCCCAGGCGGGCTCCTTGGAGTGGTCAGTGGCCGAGGCGACGCCCGATAGCCTGCGA
GAGATATTGGTAAGCATCCTTATAACTTAACAATTATATTCGTACCTATTAACAAATTTCAATTAAATTAATTATATTAGTCAATGATTCGATGG
ATCCTCGCTTGGCTTAGCTATGAAATGAATGCTTAAGTCGCTGACAAACTACTGATATAATCCTTTTCTGCGTCCACTTTCAGCTGTCCTGTTGG
GTGTCCAATCCGAAGGAGCGACCTTCGTTCAGCCAACTGGGAGCTGCTCTCAGCAAGGCGATGCAGAGTGCCGAGAAGTGAGGCCAGACTGATGG
CTCGATCATGCCAAAAAGTAATTCGTAGTATTGTCTTAGTGTCTGCACGCCCGAGTTTTGCTATGCGCTCAGAAACCTAGTCTTAAGGATCGAAG
GATAACTGCGCCTGTTTAACATGCGCATTGCGCACTTGGTGGCACACAGAATGAAGTTAAGCAGCTACTGTACAAACACAATGTATGGAAATGGG
GATATCTTCGTGAATAGTATTGCGTGGTGCTGCATATTTTTAGGTATGCAGCTAAAATGTACATAATAACTGCCACAAATATGCATTTAAACCAG
TTGAAGCATTTCTAGGATTAGATCATTTCAACCTTCGTCAGCATTTAATAATCGACTTCTAAGCTAAATTAGTAAATAAAATAAAATATAAATAC
ACAAGCATATGCATCACACAAAACAACGAGCGATTTCATTGTTTTCAAACATTGAGAAACTAAGCCAAATTTTAAGTTTAGCATTAAATATAAAT
AACACACACCACCCACATATTTTATCACAAGCCTAGTTATACACTTTTTAATGCGTAAGAAACAAACAGCCGAAACAATTTTATGACTAGCCATT
TAAGCTTTGATGCATGTTTACAAAACATTTAAATAAACTCGAATAAAATAAATTTAATCAGAAGGCACAAATTTAAAGAATCAGCTTTATTTCGA
AAGTAGAAGACCAAGGGGAGAGACGAAACCTTTCGTGGGCTACTACTTTTTATGGGCCTTTCATTTGGCATGGCAAATTTGTTGAGGGTCCTTTG
GGCCTAAGCGGACTTGGCTCATTCACACTTCACTTGATTTGAAAAATGAGCGCCTATTGAATGTCGGGGTTAGGCCGTCTTGCCTCCACGTCTTT
TCCCAAAACGATTGACAAACAAACATGGCAATAAACCGTAAAGTTGCCTCGGCTTATTGGGGCTTAAAGTCGCCGCACTCTCCGATTTTTTTTTC
CCGGAATTTGCTGCTCCGGAAGTTCCAGCGCCTATGTAGCCAACAAAGTTTCGTCGTGCGAAAACTTTGGCCAGGACCAAATCCAAGCAATATTT
GCATTTGAATCAGCAGCAAAAACAACACCGTTACACAATGAATTGCCATTTTCCTAGCCTAGTGGATAGGCTGCTTAGCTTTTCCTGGCACGTAC
AAATATCTGCCTGTCATGAATATCAAATGCCTTCGGAAAAAGGTTGATTGAACCAGTTGGTAGCAGGAAGTGTGGCAGAAAAAAAGAAAGAGCAC
AAATGATATGTCGAAACGGGATGGCAGAGAATTTGATACTCTATTTCACATGTAAAGGAAACCTAAAAGGATTCAAAACGTATTTACTTCCACAT
AGGCCACTTTTTAAAATTAAAACTCCTTGATAACTTTTAGAAGCATTAGCGAACGAAATAAATGGGATACCCCTAACTCAAAGGCTCGAAAGGCA
AACTGCATTCGCAATTGGTAAAGCTGCCTAAAATAAAATCCATGCCCTGCCGCACATGGCGTATGCGCAATATTTGCAATGTTTGTAATGGAACG
ACAGATGTGCAACAACAAAAGCCTAAGCTCGACACAGAACGAAAACATAAAAATGCCATTTCGCATGGCTTTCAATTTATTAATATTTTATACGG
GCCACTGGCAGAAAGGGA

(SEQ ID NO: 979)

Exon: 1001..1948
Exon: 6702..6836
Exon: 6906..7067
Exon: 14748..15637
Exon: 16609..18041
Exon: 18103..18439
Exon: 18609..19348
Start ATG: 1897

Transcript No. : CT25769

CGCGTGCAGTTCAGATTGAGTTTGAGGTTCGATTGGATTCGAGATATCCAAGTTCCTTTTGCGCTACGTTTTGTTTAGCCGAGTTTGCCCCGAAC
TAAAATCACCCACCAAAGCCGGTTCGGGATGCGATGATGCCAAGGATGCAGCTGATGCAGCCGGGCTCTTGTATCTTTAAGATACAAATTAAGTT
GATTTGTTGCGCTCGCGTTCTCTTGGGTAATTGAACCCCACAGTTGGGCTCCTTGCGCCCTCTGCCGCGCGGTCTTCGGTCTTCGGTCTTCGAGC
ATTTCGTTGCATTTTGTGTATCTAGATACCTTTGTCGGTATCCGTATCCGTCGCTTGTCAATCTGGTCGCTGATAAAAAAGCAAACGCGAACGCA
GCCACGAAACATAAACCAGCCGTCAACGGAAAATAAAAGTAAAAAGCAACAAACAGCAAGTGGCGTATCAGTTCGTGTGTTCTCGGTGATAAATG
CATTTCATGCGTTCCAACTATGTAAATAGCAATTTAATTTGAGTGTCCACAGTAAACATCAAAAAACCGCCCTGGACTCCAGTCACCACCACCAA
CAACACCATCCCCGGTGGAGCCCAGTGATCCCATTGAAACCCCGGTAAACCCCTGAAAAGGGCAGTCGTTGTCATCGTCGTCATCGTCGTCGTCG
TCGTACGTCTGTGCCATCCAAATATTGAATATTTACAAATGCGTTGAGTGCATTTTCGAGTGGCCGGCACTTACAGTGACTATCTGGTGGATGTG
CGAGTGTATTCATCGGATTGCCAGCAGCATAAAACTTCGTTTTCGATACTGATCCAATACGCGAGTGCTTATATATTTTTTGTGTCGCTAATTGA
GACCAAAGGTGTCGAAGTGCGGCGGTTATACATATACGCAGATGACTGCTAGGATGATCTCAATATGCGGCCTGGTCATGGCTTTGATGATGGCT
TCCGTTTTGGCCAGCTCATCGCGTTTCCAGCGAGTGCCCCAAAGTCAGTCCGTGGTGGAAAATGAATCCGTGAAATTCGAGTGCGAATCGACCGA
CTCCTACAGTGAACTGCACTACGACTGGTTGCATAATGGTCATCGGATTGCGTATGACAAGCGTGTCCATCAAATCGGTTCCAATTTGCATATCG
AGGCGGTGCGGCGCACGGAGGATGTTGGCAACTATGTTTGCATCGCGACAAATTTGGCCAGCGGCGCCAGGGAGGCGTCTCCGCCCGCCAAACTG
AGCGTGATATATCTTGAATCGGCCAGTGTTCAGCTGCTGGGCAGCAATCGCAACGAGCTGCTGCTCAAGTGCCACGTGGAGGGCGCCTCAGGAGA
TTTGGAACCGCTAGAGATCGAATGGTATCGCAACAGCGAGAAACTTAGCACCTGGAAGAACGTCCAGCTGGATCAGCATCGCCTGATAATCCGAC
AGCCGGGAAGCGAGGACGATGGCCTGTACCGCTGCACCGCCTCCAATGCGGCGGGTCGAGTGATGAGCAAGCAGGGCTATGTCTACCAGTCCAGT
GTGAAGTGCCTGCCCCGACTTCCTAGGCGCAAGAACGAAAAGATGATGGAGTCCTGGGACAAACAGACCTTCCTGTGCCGCGGTAAGCGCGGTGG
AGCTGCTGGACTAGAGGCACTACCCGCCGCTCCCGAGGATCTGCGCATTGTGCAAGGACCCATTGGTCAGTCGATTATCAAGGAGGGTGAGCCCA
CGGCTTTGACCTGTCTGTATGAACTGCCCGACGAGCTGAAGAACCAGCGCATTCAACTCCGTTGGCGCAAAGATGGCAAACTTTTGCGTCAAGTG
GAACTGGGTGGCTCGGCGCCCATTCCAGGTCACTCCTTCGATTCCGGCAAGGATGCTCTGTTGCGTGAGGACGCCCGTCTAGTGCTGCACAAGCA
GAATGGCACCCTAAGCTTTGCCAGCATTATTGCCAGTGATGCGGGTCAGTACCAGTGTCAGTTGCAGCTAGAAGCTCATGCTCCGATTAACTCAT
CTCCTGGCATCTTGGAGGTCATCGAGCAGCTAAAGTTTGTTCCTCAGCCCACGTCCAAGAATTTGGAGCTGGATGCAGTGGTGGCCAAGGTTCAC
TGCAAGGCGCAGGGCACTCCAACGCCGCAGGTGCAATGGGTTAGGGATGGGGAAAATACCACTTTACCCGACCATGTAGAAGTGGATGCCAATGG
AACACTGATTTTCAGAAACGTTAACTCGGAACATCGCGGCAACTACACTTGCTTGGCCACCAACAGCCAAGGACAGATAAATGCCACTGTGGCTA
TAAATGTGGTGGTCACTCCCAAATTTAGTGTGCCCCCAGTGGGACCCATCGAGACTTCGGAGCAGGGCACCGTGGTGATGCATTGCCAGGCGATT
GGGGACCCCAAGCCGACAATTCAGTGGGACAAGGATCTAAAGTATCTGAGTGAGAACAATACGGACCGCGAAAGATTTAGGTTCCTGGAGAACGG
CACTCTGGAGATACGGAATGTCCAGGTGGAGGACGAGGGTAGCTACGGCTGCACAATTGGAAATAGTGCAGGACTCAAGCGAGAGGATGTCCAGT
TGGTAGTGAAGACAACCGGTGACGGTTTCGCTCCAGAGGAATCCGGAGGTGATGGCTTCCTGGTCACCCGAGCTGTACTGATCACCATGACGGTG
GCCCTGGCCTACATAGTGCTCGTGGTGGGCCTGATGCTGTGGTGTCGCTATCGCCGTCAAGCCAGAAAAGCCCGTTTAAACGATCTGAGCACAAA
GGAAGCTGGCGGGGATCAGCCGGATGTTGCTGGCAATGGCAAAGGCTCCGAGCAGGAGCCCTGCCTGTCTAAGCAGCACAATGGCCACAGCAAAT
CCAGATCCAAGTCCAGTGGAGATGCCCAGAAATCCGATGACACAGCCTGCAGCCAGCAGTCGAGGGCCTCAAAGAAATCGGCACATATTTACGAG
CAACTGGCTCTGCCAAGATCCGGGCTCAGTGAACTCATACAAATTGGACGCGGCGAGTTTGGGGATGTGTTTGTGGGCAAACTTAAGGCTACCTT
AGTCACCTCGCCCTCGGACAAGGATGCGGATACGGAAAAGCAGCACAGCAACAGTGAAAATGGCAGTGGAGGCAGCGGAAGTGGAAGCACCACGC
TAAGTACTCTAAATGAGAAGCGTCGCTCCAAGACCTCCATGGACGACATTGAGGAGATCAAGGAGGAGGAGCAGGATCAGCACAATCAATCGGGT
CTCGAGCAGCTCGTTCTGGTCAAAGCCCTGAATAAAGTGAAGGATGAACAGGCCTGCCAGGAGTTTCGACGACAGTTAGATCTGCTGCGCGCCAT
CTCGCACAAGGGAGTAGTACGTCTGTTTGGCCTGTGTCGCGAAAAGGATCCGCACTACATGGTGCTGGAGTACACGGATTGGGGCGATCTCAAGC
AGTTCCTGCTGGCCACCGCCGGAAAAGTGAACACTGCCACCGCGGGCAGCTCCTCACCGCCGCCACTCACCACCAGTCAGGTTTTGGCCGTCGCC
TATCAAATTGCCCGAGGAATGGACGCCATCTACAGAGCTCGCTTCACCCATAGGGATCTGGCCACTCGCAACTGCGTAATTTCCAGTGAGTTTAT
AGTGAAGGTATCCTATCCGGCTCTCTGCAAGGACAAGTATAGCCGCGAGTACCACAAACACCGCAACACGCTGCTCCCGATCCGCTGGCTGGCGC
CCGAGTGCATCCAGGAAGACGAGTACACCACCAAGAGCGACATCTTTGCCTACGGTGTGGTGGTGTGGGAGCTCTTCAACCAGGCCACCAAGCTG
CCCCACGAGGAGCTGACCAACGAGCAGGTGGTGCAGCGTTCCCAGGCGGGCTCCTTGGAGTGGTCAGTGGCCGAGGCGACGCCCGATAGCCTGCG
AGAGATATTGCTGTCCTGTTGGGTGTCCAATCCGAAGGAGCGACCTTCGTTCAGCCAACTGGGAGCTGCTCTCAGCAAGGCGATGCAGAGTGCCG
AGAAGTGAGGCCAGACTGATGGCTCGATCATGCCAAAAAGTAATTCGTAGTATTGTCTTAGTGTCTGCACGCCCGAGTTTTGCTATGCGCTCAGA
AACCTAGTCTTAAGGATCGAAGGATAACTGCGCCTGTTTAACATGCGCATTGCGCACTTGGTGGCACACAGAATGAAGTTAAGCAGCTACTGTAC
AAACACAATGTATGGAAATGGGGATATCTTCGTGAATAGTATTGCGTGGTGCTGCATATTTTTAGGTATGCAGCTAAAATGTACATAATAACTGC
CACAAATATGCATTTAAACCAGTTGAAGCATTTCTAGGATTAGATCATTTCAACCTTCGTCAGCATTTAATAATCGACTTCTAAGCTAAATTAGT
AAATAAAATAAAATATAAATACACAAGCATATGCATCACACAAAACAACGAGCGATTTCATTGTTTTCAAACATTGAGAAACTAAGCCAAATTTT
AAGTTTAGCATTAAATATAAATAACACACACCACCCACATATTTTATCACAAGCCTAGTTATACACTTTTTAATGCGTAAGAAACAAACAGCCGA
AACAATTTTATGACTAGCCATTTAAGCTTTGATGCATGTTTACAAAACATTTAAATAAACTCGAATAAAATAAATTTAATCAGAA

(SEQ ID NO: 980)

Start ATG: 897

MTARMISICGLVMALMMASVLASSSRFQRVPQSQSVVENESVKFECESTDSYSELHYDWLHNGHRIAYDKRVHQIGSNLHIEAVRRTEDVGNYVC
IATNLASGAREASPPAKLSVIYLESASVQLLGSNRNELLLKCHVEGASGDLEPLEIEWYRNSEKLSTWKNVQLDQHRLIIRQPGSEDDGLYRCTA
SNAAGRVMSKQGYVYQSSVKCLPRLPRRKNEKMMESWDKQTFLCRGKRGGAAGLEALPAAPEDLRIVQGPIGQSIIKEGEPTALTCLYELPDELK
NQRIQLRWRKDGKLLRQVELGGSAPIPGHSFDSGKDALLREDARLVLHKQNGTLSFASIIASDAGQYQCQLQLEAHAPINSSPGILEVIEQLKFV
PQPTSKNLELDAVVAKVHCKAQGTPTPQVQWVRDGENTTLPDHVEVDANGTLIFRNVNSEHRGNYTCLATNSQGQINATVAINVVVTPKFSVPPV
GPIETSEQGTVVMHCQAIGDPKPTIQWDKDLKYLSENNTDRERFRFLENGTLEIRNVQVEDEGSYGCTIGNSAGLKREDVQLVVKTTGDGFAPEE

SGGDGFLVTRAVLITMTVALAYIVLVVGLMLWCRYRRQARKARLNDLSTKEAGGDQPDVAGNGKGSEQEPCLSKQHNGHSKSRSKSSGDAQKSDD
TACSQQSRASKKSAHIYEQLALPRSGLSELIQIGRGEFGDVFVGKLKATLVTSPSDKDADTEKQHSNSENGSGGSGSGSTTLSTLNEKRRSKTSM
DDIEEIKEEEQDQHNQSGLEQLVLVKALNKVKDEQACQEFRRQLDLLRAISHKGVVRLFGLCREKDPHYMVLEYTDWGDLKQFLLATAGKVNTAT
AGSSSPPPLTTSQVLAVAYQIARGMDAIYRARFTHRDLATRNCVISSEFIVKVSYPALCKDKYSREYHKHRNTLLPIRWLAPECIQEDEYTTKSD
IFAYGVVVWELFNQATKLPHEELTNEQVVQRSQAGSLEWSVAEATPDSLREILLSCWVSNPKERPSFSQLGAALSKAMQSAEK*
(SEQ ID NO: 981)

Name: off-track
Classification: protein_kinase
Gene Symbol: otk
FlyBase ID: FBgn0004839

Celera Sequence No. : 142000013384084
TTTGCATGTGTTTCAAACTACATATAAATATTGGGAAATATTCAATGCTCTGCTCGGCGCTTTTGCTTTTATTTTGTATTGTTATGTGATTTCTG
TCTTGGTTATTTTTATTCGATGCTCTTCCAAATCTATAGATGTGTAAGTTAATCTGATTGCTGAATCATCTTTATATCTTTTTTTCATCTCCCGA
AGAAGAATCATCTTCTATCGTCCGCCTAAACGTATAAAATGCATGTAAATCTAAAATCTTATTTAATCAACTAACTCTGTCACGCCCATCCCTTC
GTTATGTGTATATATATATATATAACTTCTATATATATATATATATAATGCTCTGATTATGATTTGCAGTAACGAAAAGTGACCAGAAGAAAGAG
TATTAATATCTAGTTCTTTTTCCTTCCGCATAGGTTTATATTTATATTTATATATATATATATATTTATATATATATGTATTTATGTATATATAT
GCATATACGTAAGTGTAAAGTTAAGTGTACTCGATTCGGTCTTCGGTGTTATATATGGATATTATCTTCATAAAAGCCGCGTGCCGTCAGTGGCA
TCGCCAGACGGCCATGCCCTCGCCGCCCATCCAGAGATCCGGGAATCACCGCCAGGCGGTCCGCAACCGTCTGTCCGCCTTGCCACGTCCAGCCG
ACGTTAGATTGGCCCCGATCTCCAGGCTCCGCACATCCCGGCAGCCAGATGGTGAACCTCTCCTCGATCGAAGCGATAAAGGCGAGGCAGGCGCC
TTAAAGATCACGGATTACCTGGAAACCGAAGCCCGCCAGCTGGACAGTTGTTGGAGTGGTTGGTGGCGGATGTTGCAGGCGGACAGGCGACAACG
GCCGCCCGGTGGTATTCCCTCCTTCCAAAACGAAGAGGTGGACCCGGATTTGGAGAAGAAGGAGCACGGCGCAACGTACACGGTGACACCGACGA
CGCACAGGCGAGAAAAAAAACTTAAAAACTAATTGATAATAGTAATAATAAGAGTTATAAAATAATTTTTAAGCATTACAGTAATGTTGTGTGTT
GTTTTGTGTGTGGTGTTTTTCTTATCGACAACGTCATGCTGACGATTCGATTGAACAACAAAAGGATGATAAATGTATACATGTAAATATGAATG
ATAGATTGGATCAATGTGTCGCTGGTATAGCTCCTTGGCGTGCACCTCTCCTACAACGGTACGTGAATGGTCTACTGTTCGGGAATGGACGACAG
TGATCGAATCTGGCGTTCCTGCTGATCCACCTTAAGCACGCTCGCCACGGATGCGGCGCGCCAACTGGATGTCCTTAGGCATGATTGTCACGCGC
TTGGCGTGGATAGCGCACAAGTTGGTGTCCTCGAAGAGACCCACCAGGTACGCCTCAGATGCTTCCTGTAAGTCAAGAGAAATTCATATGAGTTG
GATAACCAAGTTCCTTTTAGATATTAGTAGCCCCCCCTTCATAATCCCATGAATCCTGTCATTTTTAGTTAAGTTAAGCCACTCTGATTCTTTGG
AGCATAATTCTCACCTGCAAGGCACCGATGGCAGCCGACTGGAAACGCAGATCGGTCTTGAAATCCTGAGCGATTTCACGAACCAGACGCTGGAA
GGGCAGCTTGCGGATGAGCAACTCGGTCGACTTCTGGTAACGACGGATCTCACGAAGAGCCACAGTTCCGGGACGATAACGATGGGGCTTCTTCA
CTCCGCCGGTGGATGGCGCCGATTTACGGGCAGCCTTGGTGGCTAGCTGCTTACGAGGAGCCTTTCCTCCGGTCGACTTACGGGCAGTCTGCTTA
GTACGAGCCATGTTTTCTTAGCTTTTTTTTTTAAACTGCAATTAAGAGAATGGGAAATGCAAATGTTAGATTTTGCGCGTTCCAGATTGACACAG
ATTAAATAAACACTTCTACAATCATTGTTTGGTTGGTACCCAAAATAAACACGCTGATCCTCGCCAGATGAGAAAGACAACTCGATGAACTGGGC
ACAAACTCTAAACTATTCGTCCAGCACAGGCGCAGTGCACGATGCAATTGGCCAGGATACGATTGTGCTGTGTCGTGGACTCTTGACGGATATAC
ACGGATGGATATCGCTGGGAGCCAAAGTTTGGACCGATGCACAGCGCCGAAGCGCTGGCGGCCAACTGACGAGGAACTTTGGTTCGTGGTCATAA
CGATAACGAGGGTTGAAGGTGAAATTTTTTTGAGGCAGCTGCCTGCTTTTCCTTCTTGCCCCCCATTTCAAATATTTTCCCATCTTCTGGGAACG
AGGCACTCGAGAAACTTCCACTTCAGTGGCAAAGGAATAAATCGTGCCTCGGCAGCAAAACACTCAGAAAAATAATAGTGTGATCCATATTTATA
TTGGTGTGCAAATGAAGCTTAGCTAAGATGATTCTAAAGTTTTCACATTACTTATAATTAAAAAAACTTAAGAAACATTTCTGATAATTCATAAA
GGTGGTCCATAAAAAAACCCTAATTTATCCGTTCTAAATAGCAATAGGAATACCATCTAATTCTCAATTGGTGGTATAGATATATTACATCTGCT
TTTCTCGCTGTGTAGTTGTTCCACGATGGAGGACCACTTGAAAATCTCATTTCTTTTCTTCGCGGGCAAACATCGTGAGTCGCCGTTTTTTGTGT
TCCCCTTCTTTTTATGTACAGCCTCTTGAGTTTTTTTCGCGCTTTATGCGGAATCAATCACGCTGAAGTAATGAGTTGTAGTTTTCAATTTATAA
TTACTTGTGCAGGCAAGAGGAAAATATCAAATAAAAGGAAGCCAAAGAAAACGAAAAAAATTCTTCGACTGGTAGCGCCAAAAGAGTAAACATAA
ACAAAAGGAAGGAAAATCAAGCGGTAAAAACTTGGCGCGCATTGAAAGGCGGCAAGTCGAAGGGAGATGCCTATAGGGGCACGTTCGCGTTAGAA
AGAGAAGAAAGGTGTGCCAGCAGTTAATTGCGTCGTTTCTCCGCTAAACAGCATGTGTGTGCGTGTAGATGTGACAGCTGCACATCCTCACAAAA
GAGAATGCCAAAGGAAAAAGAAAATAAAAAGCAATTATGCAATAACATACGGGAAAAGCTGGCGGTGGGAAAGAGAGATGGCACACACTGCGCAT
GACAAGCGCAGCCATGCACATTTGCATTTGTTAACCAATGTGCGTGTTTAGTATACACACACATCAACGCGCGTGCCACTTAAGAAATAAATAAA
TAACTTTTATATGTTTATGCCAACCAGCATAAATACGATTACTCATACTTTTTGGCGCCAGTTTTCGCACATTGGCAAATCGTTTTTATTTATTT
TTTTAATTTTCTTTTTGCCAATTTCATCAACGACTGCAACTTTTTTATTTCTTGCTATTCTCCTGCTTGGCGGCCATTTTGGAAAAAAAAAAAAA
GCAGCGCACCTCACCATTACAACTAAAACAACAATGCAACCAACAGTCGTGCGAATACGAGACCTCTCACATCTTCGTGTATTTGTGTATGTATC
CACCAGCGAGAATGCGCCTGTGTGTGTGCGGTGAAAAATAGGGCTCCGCTGGACGGCCGGCGGAGCCCCAAAAACGGCAAAACATAAACTCAGGC
GATTCACAACGAAAAAAAAATTTGGAAAACAGTGCACACACGCACATATTCAGCGGCCACAAGCACGTGCGTTTTAAGAACCACACTTAGTATTA
TAAGTATTTAGCAATAAAAAAAAACTCACCGTTAAACACGGAATAAAGTTATTCTTCACAATTTGTCACTTTCAACACGAGACGAACAAATTCGG
ACGAGAGAAATTTTCACAATGATTTCGTTTCGTTGAGATCTAGAGATGGTAGCCTAGTAGGCGAAGGCCTACTTCGATTGTATTCGATTACACTC
GATTGTCTGACAAGACCATGCCCGCCAAATAGTTTGGTTCTGTTCTTTGCTAATTACATTTTTATAACTTTTTAAAATTTTTTTAACTCCAACCT
AAGATTAAAAATGAATATGTTTTAATGGGTTGGACTCTGCTAATTTTAATGAAATATAAGCTTCATTAAGCAAAAAAAAAGCCAAGTTCTTTTAT
GGATTGTGGGTTTCTCTCTGCAGAGAACTTTATTTTAGTGCATTGTGTGTTACATTTGAGTTGAACGAACGTGCATACTACTGCGACTTCTTGTC
CTCCTTGGCGGCCCTGCCCACGGGCTCATCCTTGAAGTGAAGGAACACGAATGAGAAGACAAACACGCCGATCATCATTGAGAAGGCGCTGGTGT
AGTAGGGGAATGCGCTCGGGATAAAGCGCTCGTACTGTGTGTGCTCCAGCGGACGCACCGACACCTGGGTGGTGCTGTACAGATGCGTGTAGCCC
ACGCGATTGTAGTCCACCTTGAACTGATAAACGCCGTAGACGTCGGGTATCTTGAATTTGGCCTGGTAGGCGCCCGTGTTCGTTTGCTTCAGATA
GGTGCGGACGAAGGGATCGATGCGCACGAACTCCAGTTGAATGTCGCTGGCCTTAAAGGCGCGCCACTCGCCCTGCACCAGCTCCTCGATGCCGA
TGGTGTAGACGACCGGATCGGTGATGGTGTACGCCTGATCCGGTGGCAGCAGCTCGCCCTCCTTGTGATGTTGCACGGATGCCACGCGCAAGCGG
CCAGTCTCTCCAAATACCCACTTGCTAATGGACTCGGCCACGTCGCGATTACCGGCCAGCTTGTGGAACACACCGCTCTGTGCGTACTGCACGGC
CGTTGTGAAGCTCTCGTCAGAGAAGAAGAGCAGCGAGCCGGAGAACACTACGCGGGCATTGTTCCTCGCCTGCAGGGCGGCGATTAGCA
(SEQ ID NO: 982)

Exon: 3839..3735
Exon: 1840..1535
Exon: 1395..1001
Start ATG: 1816 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT25818
ATCTCAACGAAACGAAATCATTGTGAAAATTTCTCTCGTCCGAATTTGTTCGTCTCGTGTTGAAAGTGACAAATTGTGAAGAATAACTTTATTCC
GTGTTTAACGTTTAAAAAAAAAAGCTAAGAAAACATGGCTCGTACTAAGCAGACTGCCCGTAAGTCGACCGGAGGAAAGGCTCCTCGTAAGCAGC
TAGCCACCAAGGCTGCCCGTAAATCGGCGCCATCCACCGGCGGAGTGAAGAAGCCCCATCGTTATCGTCCCGGAACTGTGGCTCTTCGTGAGATC
CGTCGTTACCAGAAGTCGACCGAGTTGCTCATCCGCAAGCTGCCCTTCCAGCGTCTGGTTCGTGAAATCGCTCAGGATTTCAAGACCGATCTGCG
TTTCCAGTCGGCTGCCATCGGTGCCTTGCAGGAAGCATCTGAGGCGTACCTGGTGGGTCTCTTCGAGGACACCAACTTGTGCGCTATCCACGCCA
AGCGCGTGACAATCATGCCTAAGGACATCCAGTTGGCGCGCCGCATCCGTGGCGAGCGTGCTTAAGGTGGATCAGCAGGAACGCCAGATTCGATC
ACTGTCGTCCATTCCCGAACAGTAGACCATTCACGTACCGTTGTAGGAGAGGTGCACGCCAAGGAGCTATACCAGCGACACATTGATCCAATCTA
TCATTCATATTTACATGTATACATTTATCATCCTTTTGTTGTTCAATCGAATCGTCAGCATGACGTTGTCGATAAGAAAAACACCACACACAAAA
CAACACACAACATTACTGTAATGCTTAAAAATTATTTTATAACTCT
(SEQ ID NO: 983)

Start ATG: 130 (Reverse strand: CAT)

MARTKQTARKSTGGKAPRKQLATKAARKSAPSTGGVKKPHRYRPGTVALREIRRYQKSTELLIRKLPFQRLVREIAQDFKTDLRFQSAAIGALQE
ASEAYLVGLFEDTNLCAIHAKRVTIMPKDIQLARRIRGERA*
(SEQ ID NO: 984)

Name: Histone H3.3B
Classification: DNA_binding
Gene Symbol: His3.3B
FlyBase ID: FBgn0004828

Celera Sequence No. : 142000013385192
TTTCCGCTGCCATCTGCAGCTGTAGCTGCCTAACAAATGCAATTAAAATCTTTGCGCAAGAAAATTGTTGCAGCAGGCACGCAGAGATACTCGTA
CTGTATGTGCTGCAATAGTTTGGTGGCAGCAACGGGGCGGCAGATAACATATTGCCCACGTCCGGCTGAAATTGTACGGACAAGGCGAACTCAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAGGAATCCCTCAAAAGGAGAACCAAGAAAAATGGGATTTATCTCTGGCCAAGCTCCAGCCATACAAATCTAATTTAGAC
CACACGACGGCTTCAGATATTTTATATTCCCCACTCAGTTGCGGTCCATCCTGATCTCCTCCAGCTTGCTTGATGAGCCCAGCCGTTGGCCAAAT
GAAATTATTTATGGGCAGTCCTAGGTCAGTGAGAATTTGGTTTTTTAAGGGTTTGAACTTTGCGGCTCAACAATGCCTGTGATTTTTTTTTTTTT
TATTATTTTTTTGCATTGCATCCATTAGAGAAAGCACTCCTTTGGCATTCTACTCAGCTACTTGCCACATAAATATCTACGGAGGGTAGCTAACT
AGTCCTTATCTCAACTTCCCCATTTATCCTCGCCGCAAGTGCACTTTTCCTGCTGCTAATTAAGTTGCAAGGCAGCTTTCTCAGCAGGCGTTGCA
CGAAGTAGATAAAAGGAAAAGCCCCCGATTTGCAGACACTATGCTGGGAAAGATATATATATATATATTTTGCCAGCATTCGCTAATCGGCTT
AGGGCAGCCACCATGCGACCACAACAACAACAACAACAGCAGCAGCAGTGTGCTCCATGCAATATTTAATCACATTAGTTGATGGGGTAACGGCC
ATGTACGCAACAATTTACAACTTGCATTAATTATACGTCTAGTTGGACAATGGCGCCTCTAACTATCCCACTCTAAATGTATCTCTATCTCTATC
CTTATTTGCAGGGGACACCCGTTGATAATAAATTATTAATGCATCTGCTGGGAAGGCGGCACTGCACGGCTGTCCTTGGCAGCAAATCCAGTTGC
AACATCGGTGAGTGACGGGCGGCAATCACAAAGGACTTGCAACAGTTGCCGTTGCTTCTGCTATTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCAACAATGGCC
AGTGGCAACAATGAAACTGAGCCGCTCTACTGCGGCAGCGGCATGGATAATTTTCATACAAGGTAAGCGACTTTCACCAATGTCACGATCAAGGC
CAAGGGGCTTTTCCACCAGACATGGCGACAACAATACCATAAGCCAACAGTTGGGGGCGTGGTCGGGGGCGGAGGCGATGGTGGCAACATCATAG
CCATTAGCTGCTGGCGCAAGGGAACCGTTCAAAAATCGATTATCGCCCCATTTCGGGGGAGCTTCTATTTTGATTTGCCGTACAATTTTCTCGGG
CGATTAAACGACGAAGCAGAACGAAAACAAAAAACAGATTTGTCAACAGCAAGGTCAACAATTGATGGCTGAAATCAATTTAATTGACCATATCC
TACGGGCCCTCCAAGTGGCCATCTGCTGCACCTATAAAAAAGTGAATCCGGTCTGCGATTATTTATATATTCGTTGCATGGCAGGCGGTCGTAAA
ACCTCGAGATGATGATTAAAAGCGGCCCTAAAAACTTAATGGCGGTTTAGGAAATTCAATTCCTGTAATTTAAGCCGAGTCACCATTCTTCGAAG
TTCTTACATGTAAGCGATAATAAATAGTTAAGTCAATTGGCCAATAAACCTATTAATATTGTGCATTTACCACGATTAGACTTTGATTAAAGTGA
CAATGCTGATTTCTGTAGAGGAAATCTAGTTCTAGTCTTCCCACAAAGCTATTTAGTTACTCTTGAATAAATATGTTACTTTTCTTTTGCCAAAA
CCAACAGAATTTTAAATTTAATAATTTGGATTTTTTGCAATAAACTGTACTGATTAATGGGCCACACAAAAATGTCTAGTTTATTATGGAGCTCT
TGGTTTCATAAATTAAGAACATAATCCAATCGGCATATAAATCATTGATAGCAATTTATTTTCCGTGATGAAACTGTGCTCCGTGTGAACTGCGA
ATTACTCATTCTACGGTTGCAAAAAAAGCCACCAACGGTCAACATTTAGACCAGGACTTTTAGTTTTAATTAGAGCCAGCCTGGCCAACAGCAGT
GTTAATGACCACAAAGTGGCTGGCCACAGGATCAGCATCCCAGAATGCGATGCCGCATTTGCTTTAATTAAAGGTAGTAGCTGGAGTTTGAAAGA
TGACTGTATGGCAATTAGATGTGTAGCCAGAACACTTGGCCATTTACTTTTGTGTCAAAGTCGTGCCAAATTGCCAGCGGAGGCGACACTTGACG
CTGTCACGCCCCAGACAGACGCAGACCGGCCCAAAAGCACCCACTCAGCCGTCTCCAGGCGCCACTCAAGCGGCAAAGGAACGCCAAAACACTAG
GACACAGAACGCCAGAAGACTCGAAAAAAAAAGTATAAAATTCAAACGCGTATACAATTCAATGTGTCACATCGAAGAAGAACCCTTTCTCTGGCG
GCAACGTGACGTATACGCAATATTAATGGCAAAGCGAAAAGGGCCTCAAAAGCTAACGAAAAACCGCAGCATAACACGCACAAAACAAGCAATTA
ACATAAATAATAAAGAACGCACAAAGGCGTTCGGCTCTCCGTTGCCAAAGAGAAAAGCCAACGAAAGGAATAAAAAACGCCAAAAAGCCCGAAAA
AAAAACCGAAGACCCAAAAAATGTGTAAAATTGATTTCGGAAAATATTTAATTTACCAAATGCATGCTCGCTTTTTGCGGCCGTGTACGCCCCGA
ACAAATAAAACAAATAGGCACACATCGTCTGGCATTTCATGTTAAAGGCTTCTCATGCTGATGGACAGGATACAGAAAATATATATACGAAGTGA
GGTGTGTGTCTACGTGCCACAAAAACAGCGAAATTGAAACGCTTTCCGAATGCCGGCGACACTTTTTGGCGGCACAACCCTCGTCTTGTCGACCA
ACTCCTGGGGAATTTACAACTCCATTCATCAAACTCACAAAAACTTTGCCTGGTGTACGGTCTTGGGTTCGTCGTCGCAGGATTTCACCTGGCTA
AAAATCCAGACTCCCAGCCATCCCTGAGTCTAATTTATGGCCTTTGATAATCCATGTTGATGAATGGCGGCAACGACAACAACGTCGACGACATG
AATGAAGTCCTGGAATTGTTTTGCACCAGGATGGCATCGGGGCTCCAGGTGGGACGTACTGGCTCAAAGTTATTGGCCCAGAAATCAGGCATAGT
TAGCTGCCGAAATGAAACCCAAATACCGAGAAAACTAGGCAAAACAAACAGTAGTACACCGGAAATGCATATCATTGTAAAAACTACATCAGTTT
ACCTAAAAGGCTTGGCTTTTAAGCTTTCACATTTATAAAATATTGAAAATGCATATAAAAGTATGAAATTAATTCCCTTTTGTCAATAAACTTTC
TTTCTTTCTTTCTGTGTAATATGGGGGATACCGGTTTTTTTTTTTTTCAATGAAATCCCTTCGAAAGGTATAAGTTCAGAATCGAGAGTTTTAT
GCCAAGTTGGGCACAGTTTTTTTTTTCCCCAGCTACCTAAAATAATAGAGACATTTTCCTCCCACTACAACTGATTGCATTGCCGGTGCAGAAAG
TTTTTTCAGTTGGTTCGGAAAAATTTGGTTCGCAAACAAATTAATATGAACTGGCAAGCATTTTTCGGGCAAAAAGCTCTCATCTATGTAGATTG
GAATGGAAATTCCGGCTAGAATTGCATAAGACCACCTGCAGTGTGGGCTAACATGACTAAAAAGTTGTCCACAAATTTGGCTTAGATTCTCCAAT
AAAACTGTCGTTCGGCCAGGAATCCCCTTTTTTGTTTCGAGTGAATGGGGAATTTCGCACGACAGACAGCAATAAAGAATTTAACTAAAGTCCTG
ACACCGACAGCACCAGCAGGACGCACACGTGTCACTCCATTTGGAGAGCTTGGAGTATATTAAACATTTTTTCCCCACCAGTCAGCCGCAGGACT
TGCATCGGTCTCGCCTCGCATTTTCCTATATAAATTTTATGCTAAGTCTAATTTGTTGGCTGCAACTTGCACAAAGGCAAAAAATAAACAAGGGC
GAAATGCCGAAAGCCAAAACCCAACCGAAACCGTTGAGGGCTGCCTCGCTTTTTTCCTGTGCCGAATTCCCTAAAACTTTGCACATAAATTTGAG

Confidential Property of Celera Genomics

TCCTGCGCCTGGGCTTTTCCTCTTCCACCTTTTTTTTTAGCCTCAAAGCGCTCGACGAAAACTAAACAAAAGCTGGTAAAATGTTTATCCCAGAA
GGGGGCGGTGTGGGCGTGGCTTGCTTAAGCCCTAGACACCCGAGAGTTTATTGCCTCAGTGTTGCAAACGCTGCTGCTTGGCAAGTCAACGGAAA
TGGCTTTCGGATGGTTTTATTGCCTACTTTTGCTGCGAGAAAGCGGACTAGACATGGAAGTAACAAATTGGTTAAGGCTAACTAGAGCATAATAA
CAGAAACATCAGAAACATAATTTGGGAAATGCCTGCCACTCACCGACAACATTTCGATTTGTGTCTTTATTACACTTCTCTGCCGTGATGGGTTA
TAACTTTTGGATCCTTGCAGAGAGTTGGGAAATTGCTTAAAAATAAAATTTGTTTAATTTAATTTGAGGTGGTTTTTCAAACAATTTTAATGGAT
TAATAAGTTTAGGAAGTTAAGTATATACATCTATCTATTATACCATCTTCAAATATTGTTGAATTGAAGAGATAACTCGGAGCTAATCCCATATT
TTTCATTTTTTTCAGCTACAAGAACATGCATGGCTATGTTTCGCTGGTGGTCTGCATCCTGGGCACCATCGCGAATACCTTGAATATCATTGTGC
TAACCCGACGGGAGATGCGCTCCCCCACGAATGCCATACTCACGGGTCTGGCCGTGGCCGACCTGGCAGTTATGCTGGAGTATATACCCTACACC
ATACACGACTACATCCTGACGGACAGTTTGCCGCGGGAGGAGAAGCTCAGCTACAGCTGGGCCTGCTTCATCAAGTTCCATTCGATTTTCGCCCA
GGTTCTGCACACCATTTCCATTTGGCTGACGGTGACCCTGGCTGTTTGGCGTTATATAGCGGTGGGTTATCCGCAAAAGAATCGCGTATGGTGCG
GTATGAGAACCACCATAATAACGATAACCACCGCTTATGTGGTGTGTGTTCTGGTGGTGTCGCCGTCGCTCTATTTGATCACGGCTATAACCGAA
TATGTCGATCAGTTGGATATGAATGGCAAAGTGATAAACTCCATTCCCATGACCCAGTACGTAATCGATTATCGTAATGAGTTACTGAGTGCCAG
GACGGCTGCCCTGAATGCCACGCCCACCAGTGCACCACTGAACGAAACTGTGTGGTTAAATGCGAGCACCTTGCTGACATCGACAACCACCGCTG
CACCACCCACGCCATCGCCAGTGGTGCGAAATGTTACTGTCTATAGGCTATACCACAGCGATTTGGCGTTGCACAATGCCTCGCTGCAAAATGCC
ACATTTCTCATATACAGTGTAGTGATTAAGCTGATACCATGCATAGCACTCACCATTCTGTCGGTTCGATTGATCCTGGCCTTACTGGAGGCCAA
GCGGCGGCGGAAGAAGCTCACCAGCAAGCCCGCCACTCCGGGTGCCAGTAATGGAACCAAATCACCGGCCAATGGTAAAGCAGCGGATAGGCCCC
GGAAAAATAGCAAAACTCTGGAAAAGGAAAAGCAGACGGATCGCACCACGAGAATGCTGCTGGCGGTGCTACTCCTCTTTCTCATCACTGAATTT
CCACAAGGGATTATGGGTCTGCTGAATGCTGTGCTCGGAGATGTCTTCTATCTGCAGTGCTACCTAAGACTGAGTAAGTAAATATGTACTATGCA
TAACGCCACAGTAAATTCCACAGATTCCCATTTCACTTTAAGATGTAATAACCCAATGCCTTTTGCCTTTTGCCACCAGGTGACCTGATGGATAT
CTTGGCCCTGATCAACTCCAGCATCAACTTCATTTTGTACTGCTCCATGAGCAAGCAATTCCGCACCACGTTCACGCTGCTCTTTCGTCCAAAAT
TCCTGGACAAGTGGCTGCCGGTGGCGCAGGACGAAATGGCAGCTGCTCGAGCTGAACGCTCTGCGGTGGCACCGGTCCTGGAAAAGGGACGACAG
CAGCCGCAGGTGGTGATGGCCAGCACGACCACCAACATCACGCAGGTGACAAATCTGTAGCACAGGAGGAGTCGTGGTCGCCGAACTTTGCTCAG
TCGCCTGCTGAGTGTCCTGAAACGCGGCAGAAGGCGCTCCTCCGGCGAAGGAGGAGGCGTGGGAGGAGGTGGTGCGCCGTTGGCCGGCAACGATG
CGGTGGAACCAGCGTTCCAGGCCATCGTGGTGGTGGTGGACAAGGTGAGCGGTGCCACGGAGAATCAGCTGTACACCGCCGAGCAAGCTCGTATT
GTGACGTAGTAACCCTGATAGTAGTACATATTATATGCCTAGTTATCCTTGTAAAAAGTAAACTAGTTGTGTAAGAATCGCAGATAACCACAAGT
TATGTGCATACTTTGGTGGGAAATCGTAAAACCCGTACAGTCATAATAATAAAATGCTGGTTCATCACTCATACGCACCGTTTGACTTCACTCTA
TTCCACATTCACAGTCAAGTAGGAGCTGTAAAAATGCTGTGCATAAACGAGCTCGTATACGCTACAGCTGGCGTCACAATAATAGTTACCATTGG
GTTGGCTTCACAACATAGATCAAAGTCAAAAAATATATAGTTTTGTAAAATGTTTCATAAATCTATCTTCATATTTAACTAACACAATTCAGAAA
CTTTCGCTTGCATGGAAAATGTTTTATTTTCCCCACTTGACCCAATTGTGCGCAACTGTTCAGCTTTTCGGCATGAATCAAATCAAATATAGTAA
ACTTTTGCATCTTTTCCACTTTGATCCCATGCGTTTTCATGTTGATTTCATTCGCATAAAGTATGCAGCACACGTACTCACTCAAAACTACGAAT
TTTCGGCAACGATTTGAGCAGAATATTTGCCATTTGTTGTACAGATTATATATACACACACACACTTATGTCCGTATCTTTAATAATGGCAAT
TAAGTCCTAGAAATTTTGACCTGATATTGATGCAGGCATTGGAAAAATAAGTGGCAGTTGCAGTGCGGTGCGTTGATAAATGAAATACTTTGCGA
ATTCTATTATTGGAAATCGCAATTTGGGCTGTGAATGAAATTATAGTTTTCTTGAACGCAATTGAGAATTCAGTTCCGTTTCGTGGGTTACTGAA
TTTATGGGAAATAATTTAAGGCAGTCACTGCAGCTGACCGAATAATCCAATGAAACATTGCATAAACAGTTTGCAGTTTTTCCACACTTGCGAAA
ATTGTAATTGCAAATCGCTTAAGCCCCACGACGAATGACAAATGGCCAGCGAACGCATA
(SEQ ID NO: 985)

Exon: 1001..1202
Exon: 4861..5963
Exon: 6065..6282
Exon: 6331..6564
Start ATG: 1135

Transcript No. : CT25824
GGAAGGCGGCACTGCACGGCTGTCCTTGGCAGCAAATCCAGTTGCAACATCGGTGAGTGACGGGCGGCAATCACAAAGGACTTGCAACAGTTGCC
GTTGCTTCTGCTATTGCTGTTGCTGTTGCTGTTGCAACAATGGCCAGTGGCAACAATGAAACTGAGCCGCTCTACTGCGGCAGCGGCATGGATAA
TTTTCATACAAGCTACAAGAACATGCATGGCTATGTTTCGCTGGTGGTCTGCATCCTGGGCACCATCGCGAATACCTTGAATATCATTGTGCTAA
CCCGACGGGAGATGCGCTCCCCCACGAATGCCATACTCACGGGTCTGGCCGTGGCCGACCTGGCAGTTATGCTGGAGTATATACCCTACACCATA
CACGACTACATCCTGACGGACAGTTTGCCGCGGGAGGAGAAGCTCAGCTACAGCTGGGCCTGCTTCATCAAGTTCCATTCGATTTTCGCCCAGGT
TCTGCACACCATTTCCATTTGGCTGACGGTGACCCTGGCTGTTTGGCGTTATATAGCGGTGGGTTATCCGCAAAAGAATCGCGTATGGTGCGGTA
TGAGAACCACCATAATAACGATAACCACCGCTTATGTGGTGTGTTCTGGTGGTGTCGCCGTCGCTCTATTTGATCACGGCTATAACCGAATAT
GTCGATCAGTTGGATATGAATGGCAAAGTGATAAACTCCATTCCCATGACCCAGTACGTAATCGATTATCGTAATGAGTTACTGAGTGCCAGGAC
GGCTGCCCTGAATGCCACGCCCACCAGTGCACCACTGAACGAAACTGTGTGGTTAAATGCGAGCACCTTGCTGACATCGACAACCACCGCTGCAC
CACCCACGCCATCGCCAGTGGTGCGAAATGTTACTGTCTATAGGCTATACCACAGCGATTTGGCGTTGCACAATGCCTCGCTGCAAAATGCCACA
TTTCTCATATACAGTGTAGTGATTAAGCTGATACCATGCATAGCACTCACCATTCTGTCGGTTCGATTGATCCTGGCCTTACTGGAGGCCAAGCG
GCGGCGGAAGAAGCTCACCAGCAAGCCCGCCACTCCGGGTGCCAGTAATGGAACCAAATCACCGGCCAATGGTAAAGCAGCGGATAGGCCCCGGA
AAAATAGCAAAACTCTGGAAAAGGAAAAGCAGACGGATCGCACCACGAGAATGCTGCTGGCGGTGCTACTCCTCTTTCTCATCACTGAATTTCCA
CAAGGGATTATGGGTCTGCTGAATGCTGTGCTCGGAGATGTCTTCTATCTGCAGTGCTACCTAAGACTGAGTGACCTGATGGATATCTTGGCCCT
GATCAACTCCAGCATCAACTTCATTTTGTACTGCTCCATGAGCAAGCAATTCCGCACCACGTTCACGCTGCTCTTTCGTCCAAAATTCCTGGACA
AGTGGCTGCCGGTGGCGCAGGACGAAATGGCAGCTGCTCGAGCTGAACGCTCTGCGGTGGCACCGGTCCTGGAAAAGGGACGACAGCAGCCGCAG
GTGCACAGGAGGAGTCGTGGTCGCCGAACTTTGCTCAGTCGCCTGCTGAGTGTCCTGAAACGCGGCAGAAGGCGCTCCTCCGGCGAAGGAGGAGG
CGTGGGAGGAGGTGGTGCGCCGTTGGCCGGCAACGATGCGGTGGAACCAGCGTTCCAGGCCATCGTGGTGGTGGTGGACAAGGTGAGCGGTGCCA
CGGAGAATCAGCTGTACACCGCCGAGCAAGCTCGTATTGTGACGTAG
(SEQ ID NO: 986)

Start ATG: 135

MASGNNETEPLYCGSGMDNFHTSYKNMHGYVSLVVCILGTIANTLNIIVLTRREMRSPTNAILTGLAVADLAVMLEYIPYTIHDYILTDSLPREE
KLSYSWACFIKFHSIFAQVLHTISIWLTVTLAVWRYIAVGYPQKNRVWCGMRTTIITITTAYVVCVLVVSPSLYLITAITEYVDQLDMNGKVINS
IPMTQYVIDYRNELLSARTAALNATPTSAPLNETVWLNASTLLTSTTTAAPPTPSPVVRNVTVYRLYHSDLALHNASLQNATFLIYSVVIKLIPC
IALTILSVRLILALLEAKRRRKKLTSKPATPGASNGTKSPANGKAADRPRKNSKTLEKEKQTDRTTRMLLAVLLLFLITEFPQGIMGLLNAVLGD

VFYLQCYLRLSDLMDILALINSSINFILYCSMSKQFRTTFTLLFRPKFLDKWLPVAQDEMAAARAERSAVAPVLEKGRQQPQVHRRSRGRRTLLS
RLLSVLKRGRRRSSGEGGGVGGGGAPLAGNDAVEPAFQAIVVVVDKVSGATENQLYTAEQARIVT*
(SEQ ID NO: 987)

Name: G-protein coupled receptor-like
Classification: G_protein_linked_receptor

Celera Sequence No. : 142000013384084
ATGCAATAACATACGGGAAAAGCTGGCGGTGGGAAAGAGAGATGGCACACACTGCGCATGACAAGCGCAGCCATGCACATTTGCATTTGTTAACC
AATGTGCGTGTTTAGTATACACACACATCAACGCGCGTGCCACTTAAGAAATAAATAAATAACTTTTATATGTTTATGCCAACCAGCATAAATAC
GATTACTCATACTTTTTGGCGCCAGTTTTCGCACATTGGCAAATCGTTTTTATTTATTTTTTTAATTTTCTTTTTGCCAATTTCATCAACGACTG
CAACTTTTTTATTTCTTGCTATTCTCCTGCTTGGCGGCCATTTTGGAAAAAAAAAAAAAAGCAGCGCACCTCACCATTACAACTAAAACAACAATG
CAACCAACAGTCGTGCGAATACGAGACCTCTCACATCTTCGTGTATTTGTGTATGTATCCACCAGCGAGAATGCGCCTGTGTGTGTGCGGTGAAA
AATAGGGCTCCGCTGGACGGCCGGCGGAGCCCCAAAAACGGCAAAACATAAACTCAGGCGATTCACAACGAAAAAAAAATTTGGAAAACAGTGCA
CACACGCACATATTCAGCGGCCACAAGCACGTGCGTTTTAAGAACCACACTTAGTATTATAAGTATTTAGCAATAAAAAAAAACTCACCGTTAAA
CACGGAATAAAGTTATTCTTCACAATTTGTCACTTTCAACACGAGACGAACAAATTCGGACGAGAGAAATTTTCACAATGATTTCGTTTCGTTGA
GATCTAGAGATGGTAGCCTAGTAGGCGAAGGCCTACTTCGATTGTATTCGATTACACTCGATTGTCTGACAAGACCATGCCCGCCAAATAGTTTG
GTTCTGTTCTTTGCTAATTACATTTTTATAACTTTTTAAAATTTTTTTAACTCCAACCTAAGATTAAAAATGAATATGTTTTAATGGGTTGGACT
CTGCTAATTTTAATGAAATATAAGCTTCATTAAGCAAAAAAAAAGCCAAGTTCTTTTATGGATTGTGGGTTTCTCTCTGCAGAGAACTTTATTTT
AGTGCATTGTGTGTTACATTTGAGTTGAACGAACGTGCATACTACTGCGACTTCTTGTCCTCCTTGGCGGCCCTGCCCACGGGCTCATCCTTGAA
GTGAAGGAACACGAATGAGAAGACAAACACGCCGATCATCATTGAGAAGGCGCTGGTGTAGTAGGGGAATGCGCTCGGGATAAAGCGCTCGTACT
GTGTGTGCTCCAGCGGACGCACCGACACCTGGGTGGTGCTGTACAGATGCGTGTAGCCCACGCGATTGTAGTCCACCTTGAACTGATAAACGCCG
TAGACGTCGGGTATCTTGAATTTGGCCTGGTAGGCGCCCGTGTTCGTTTGCTTCAGATAGGTGCGGACGAAGGGATCGATGCGCACGAACTCCAG
TTGAATGTCGCTGGCCTTAAAGGCGCGCCACTCGCCCTGCACCAGCTCCTCGATGCCGATGGTGTAGACGACCGGATCGGTGATGGTGTACGCCT
GATCCGGTGGCAGCAGCTCGCCCTCCTTGTGATGTTGCACGGATGCCACGCGCAAGCGGCCAGTCTCTCCAAATACCCACTTGCTAATGGACTCG
GCCACGTCGCGATTACCGGCCAGCTTGTGGAACACACCGCTCTGTGCGTACTGCACGGCCGTTGTGAAGCTCTCGTCAGAGAAGAAGAGCAGCGA
GCCGGAGAACACTACGCGGGCATTGTTCCTCGCCTGCAGGGCGGCGATTAGCAGCGTGCCTCGGCCAACGGCATGCGGATAGTCGGAGACACTTG
CCTCGGGATTGTAGCTATAGGCGGTGCTCTCGGCGGTCAGCAGCTTGAGTACCAGCGGGTTCTCCTTGTCGGCAATCAGTCCTGTACCGCGATAG
AGCAGCGGTGCGGCATCCGCCTGCCTGTTGGCCTTGCCCACAATGGTGTCGGCCTGTATAAGATTCTTGGCGGAGGTCAGGATGGTTGTGTGCTC
GCCAGCATCGCTAACATCGTAGTGCAGATGGTCAATGACCGCCGCATTCTCCTCGTCCAGCTCGAAGCCGCACTCGGAGGCGAATTCCCTTAGCG
CGTCGCCGGATTTCTCGCTGCCCGCCACCAGAACATTGCCGCCATCGTCGACGAACTGGGCCAAACGCTCCACGCTCACATCGCCGCCGAATTCC
TCGACACTTGGTGCGAATATGATGACGTTCTTGTACAGATATTCACCGTATTTGGACAGCAGCAGGCTGGAGTCATCCGCCAGTTTGTAGGTGAG
CTTAAATCCGCGATCTGTAGCCCAAAGTTAAACAATTATCAACACATTTCATTGTCCACGTCAGAGGTTAACCGGCATTTTCACTCACCCTGCAG
CGATTTGAAGAAGATCGAGTGGGTTTCCCGGATGGCCAGGTTGTCCAGCAGAACCAAGGTGTTGGCGTCCGTTTCCAGTACCGCCTGGCAGTGGG
CAATCGCCAAAACGGCGATCAGGAGAGCCTTCCACATCATTTTATCCAACTAAAACACAAAATTCTCTCCGGCTTTTCTTGAAAAAAAAAAATGA
CTGGCTGTCAGTGTGGCCGAATACTGGTAGGGTGTGCCAAAATATATACAAATATACCAGAAGGAATTCAAGAAATTATAAAAAATCGATGATTT
GATTAATAATCGATTACATTTACTAGCCAATTTATAAACAAAACATTTTAATTCAAATTTTAGATTGTGAATAACATTCCTTAGCAACAACCATA
ATGGACATATTCGAGAGCTTCTGTCGCACGTGCGGAAACGAATGCCTGGAATCGCTGTCCATTTACAATGAGTGTGCCCAAGTGCTTGACCAGAT
GGTGCCCATTGCGGATATGCTAGCGTCCTGCCTGCCCGCCTCCTTGCCGCCACTGGACCCAGAGGACGACTATCCCAAACAGATCTGCCGCATCT
GCGTGAAGAAGCTGTCGATGGCCTACGAGTTCAGCCACCAGTGGCTGGGCGCCCACGGCGAGTTCAACGTGGCCCTAAAGTTCGAGCAGCGCCGA
AGGCGCAGCCAGGCCAGCAAATCCCAGTCGCACACGCAAACCCAAACTCATCCGGTGGAACCGAAGAATGAGCAACTGCCCACGGTGCTGGCGGA
AGCAGTGTCGACCAAAAGAGGTGGGTGTACAATTTTCTTATCTAGGCTAGGTAGATTTCAAACTTCTCAATCTTCCCCAGCAGCTGCTACTCCCA
CCAACGAGTTCAGCAGCGACTCCGGACCGGCCTTCAAGTGCGGCTTCTGCGGCGAATGTTTTTTACACGGAGAAGGCCTGCAAATTTCACTTAAAG
TTCTCGCACAAGGATCTTTAGAGAACTGTCTGTTTTTTCCCTTACTTGTAATTTGGTTTTAAGTGTATAAATCTTTTGTGAAATTAATTTTAAAT
TAGGAATATATATATATATTCCTTCTCTTTATACAAGTGCCTTCTTTGAGTTTTTAAACCCAAAACGTTGCAATTGTAGGGATATAGAGTGCATT
TGTGTAAGTATGAAACACAAAAAAAACCTGGAAAACTACTACCCGCTATAGTTGAACCACTGAA
(SEQ ID NO: 988)

Exon: 2579..2369
Exon: 2294..1001
Start ATG: 2510 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT25930
ACACTGACAGCCAGTCATTTTTTTTTTTTCAAGAAAAGCCGGAGAGAATTTTGTGTTTTAGTTGGATAAAATGATGTGGAAGGCTCTCCTGATCGC
CGTTTTGGCGATTGCCCACTGCCAGGCGGTACTGGAAACGGACGCCAACACCTTGGTTCTGCTGGACAACCTGGCCATCCGGGAAACCCACTCGA
TCTTCTTCAAATCGCTGCAGGATCGCGGATTTAAGCTCACCTACAAACTGGCGGATGACTCCAGCCTGCTGCTGTCCAAATACGGTGAATATCTG
TACAAGAACGTCATCATATTCGCACCAAGTGTCGAGGAATTCGGCGGCGATGTGAGCGTGGAGCGTTTGGCCCAGTTCGTCGACGATGGCGGCAA
TGTTCTGGTGGCGGGCAGCGAGAAATCCGGCGACGCGCTAAGGGAATTCGCCTCCGAGTGCGGCTTCGAGCTGGACGAGGAGAATGCGGCGGTCA
TTGACCATCTGCACTACGATGTTAGCGATGCTGGCGAGCACACAACCATCCTGACCTCCGCCAAGAATCTTATACAGGCCGACACCATTGTGGGC
AAGGCCAACAGGCAGGCGGATGCCGCACCGCTGCTCTATCGCGGTACAGGACTGATTGCCGACAAGGAGAACCCGCTGGTACTCAAGCTGCTGAC
CGCCGAGAGCACCGCCTATAGCTACAATCCCGAGGCAAGTGTCTCCGACTATCCGCATGCCGTTGGCCGAGGCACGCTGCTAATCGCCGCCCTGC
AGGCGAGGAACAATGCCCGCGTAGTGTTCTCCGGCTCGCTGCTCTTCTTCTCTGACGAGAGCTTCACAACGGCCGTGCAGTACGCACAGAGCGGT
GTGTTCCACAAGCTGGCCGGTAATCGCGACGTGGCCGAGTCCATTAGCAAGTGGGTATTTGGAGAGACTGGCCGCTTGCGCGTGGCATCCGTGCA
ACATCACAAGGAGGGCGAGCTGCTGCCACCGGATCAGGCGTACACCATCACCGATCCGGTCGTCTACACCATCGGCATCGAGGAGCTGGTGCAGG
GCGAGTGGCGCGCCTTTAAGGCCAGCGACATTCAACTGGAGTTCGTGCGCATCGATCCCTTCGTCCGCACCTATCTGAAGCAAACGAACACGGGC
GCCTACCAGGCCAAATTCAAGATACCCGACGTCTACGGCGTTTATCAGTTCAAGGTGGACTACAATCGCGTGGGCTACACGCATCTGTACAGCAC
CACCCAGGTGTCGGTGCGTCCGCTGGAGCACACACAGTACGAGCGCTTTATCCCGAGCGCATTCCCCTACTACACCAGCGCCTTCTCAATGATGA
TCGGCGTGTTTGTCTTCTCATTCGTGTTCCTTCACTTCAAGGATGAGCCCGTGGGCAGGGCCGCCAAGGAGGACAAGAAGTCGCAGTAGTATGCA
CGTTCGTTCAACTCAAATGTAACACACAATGCACTAAAATAAAGTTCTCTGCAGAGAGAAACCCACAATCCATAAAAGAA
(SEQ ID NO: 989)

Start ATG: 70 (Reverse strand: CAT)

MMWKALLIAVLAIAHCQAVLETDANTLVLLDNLAIRETHSIFFKSLQDRGFKLTYKLADDSSLLLSKYGEYLYKNVIIFAPSVEEFGGDVSVERL
AQFVDDGGNVLVAGSEKSGDALREFASECGFELDEENAAVIDHLHYDVSDAGEHTTILTSAKNLIQADTIVGKANRQADAAPLLYRGTGLIADKE
NPLVLKLLTAESTAYSYNPEASVSDYPHAVGRGTLLIAALQARNNARVVFSGSLLFFSDESFTTAVQYAQSGVFHKLAGNRDVAESISKWVFGET
GRLRVASVQHHKEGELLPPDQAYTITDPVVYTIGIEELVQGEWRAFKASDIQLEFVRIDPFVRTYLKQTNTGAYQAKFKIPDVYGVYQFKVDYNR
VGYTHLYSTTQVSVRPLEHTQYERFIPSAFPYYTSAFSMMIGVFVFSFVFLHFKDEPVGRAAKEDKKSQ*
(SEQ ID NO: 990)

Classification: enzyme
Gene Symbol: Ost48
FlyBase ID: FBgn0014868

Celera Sequence No. : 142000013384683
GAAATGCAGTCGGTACGAAATTACTGTGACTGGAACGGCCTGGACTTTATCTATTGACTTTAAATTAAATAGATACTTACATACATATTTTAAAT
GAAGTCAGCCCAACGTAAATGTATTGCAAAAGGAATCCCCTCAAAGACGTTTTAGACAAGGAACTTTGGGTATTTGCCTAAGTACAAATTAAGCC
ACCAATTTGATCAAAGTTCACTTTGATGTTTTTAATATCAGCGCAATAGCGATCTAAAGCAGAATCCTCCAAAGTGATGGATTGCATTCGGTACT
CGATCATAGCTGAGCAATTTTTCCTTAAAACATTACAATTTTGTATAAATATAATTTAATAAGAATTTTAGTCTTTTAATCAAAGTAAGACTACA
AAAATTTAACCTGTTGGTGAAGAATTCTATTTGTCATTATATTTTTATTTATAAATTTAATTTAATTTATTAATATTTAACTTTAATATAATTGT
TTTTTATTTAAAATTCGATATTTTCAAATTATATATTTGAAATTGAAATCGCTAGAAATTGAATTGATATGGGAGGAAATTAAGTCTACATATCT
CAATGCCCCTATAATTAGGAAAGATTTATTTTGACAGGACTGACATCATTAGTAATAACTTTATTCCAAATAAAATGAATCCCATATTTTTATAT
TTTTTATGTATACGCACTTATTTTTAATACTTGTATATACAAATTTTATATGAATTTTATAACATTTACGTATACGTACTAATTGCTATCATATT
CGAACGACAAACATTCCCGGAGAAATCTTAACATATAGATGTCATTAGGAAACTACAAAAAACCGCTTTCTAAAACTGTATTTTTAGATATAACA
AGTAAAAAATCGGAAAAATTTACCACGGGCTACTAGCTATTTTGTAGCTATTCTCGACTGAGCGTTGCCATCCCTGGTCACGACCAGTGTGACCA
TCGAACTGGTACGACTTCGGCAATTTTCGTAGCTGTCAAGTGACGTGACGTATGTATGGTGCTGTCGTGGCGTTCGCTTCCAGAGAGAAAGAAAG
TCGCAGGTCGCCGAGTTGGATAGCCGTAGAGTTCCGCCTATTCCATTGATTACTAAATAAAAACCACCTCATAACTTGATCAAGATGTCCCGTCA
ACTGTTCGCCATTTGCCTGATTGCCGCCGTTTGTGCGTCCGGCGTCTACGGTAGCTGCAAGGCCACCGTGAGCTCTTTCAGCACCCAGGATGCCA
CGATTCTGACCCAGCTGGCCCATGTGGGCGAGTTCACGCTGCAGTGCAGCGGAGCCGCTCCCGCCAGCCTGTTCGCCGAGTTCCCCTGCGGCAAG
GTGGTGCCGGTGGCCAAGGTGGGCGACAACAAGTACCAGGTGAGCCAGTAGTAGCCCCGTCAAGTTTTGTGCAAAGGCTAATCTCTGTTCTGCAC
TAGGTGAGCTGGGTGGAGGATATCAAGCAGGGCAGCAGCGGCAATGTTCAGGTGCGTCTCTTCGACGAGGATGGCTATGCCAATGTGCGCAAGGC
CCAGCGGGATGGCGACAAGGTTTCATCGGTGAAGTCGCTGCTCGACATTTCCGTGCCCACCAAGGGTGCCTACAAGGGTCCCTGGATCAAGGCTG
AGCTTTTGGCCGCCTTCTTGGTCGGCGGATTCGCATACTTCGCCTTCACCACCAAGGGCAAGGTGCAGTCCTAAGTAGAGGATGCCTTCGTCATC
GAGATTTTGAATGAAATTCATTCGCACTAAAGTCATGTACCATCAAATTGCCGGGTCCCGGAGATTTTTCCACATTTTGTACACCTAAGCATCGG
ATCACCCGCCGCTCCAAAATAAACTGATTGAAAGACCAACCGAAGGAACCTAGTTGAGATTAATTTAATTTTAATTTAGAGATAACTTGTACGAA
TACGCTTAAACCTGGCCCGTGGAGGGCGCTCCATTCATGGTCGCCTCCTCGTCGGAGGAGATGTCTATCATGCTCTCCACACGCGACGGCGACAT
CACATACACAAAGTGCTCCGTGGAGCCCTCGGGGCCGACTGGCGGCGGGGGTATGACCACGGAGCCGTCCTGCGGCGGCGGTGGCGGAGTATCTA
TGCTGCAGTACTTGAGATTCCCAGCTCCTCCTCCGCCTGAATCATCCGGCGGTGGCGCTCCACCGTTGCAATCAAAGTTCTCCAGCTCTAGCTCC
AAATCACTGACGATTCGCATGCAACGCATCTTGGCGAGCGACTGGAATTTCATGGGCATAGCTCGCACCTGCCGCGCCAGACTCAAGAAGAAAAG
AGTGTTTGCGTCAAGTTCTCTGTTGGCCTGTAGCACGGCAGAGACGTCCCAATCGCTCGGAAAACGCGGATCGCAAATCTTACGCGTTTTGGCGG
GCGACGGCTGTTGTTGCTGTTGAATTTGTGGCATTTGCATTGACTGCTGCTGCTGCGTTTGTACGGAATTCCCTCCGGAGCAACTTAGGTTGATG
GCCGTGGTTTGCGGCGAAGGTTGTACCCTTCGCACCTTGGAGGCTGGTGGCGCTGGCGGCGGCGGAGGAGTGGGATTACCCATGGGTAAGCT
CGGGCAGCTGCCGTTCAAACGATTGGCGTTCTGCACTTGGTTGGCCAGGTTCTGGAACAATCCCAAAGGTGCTCCAGCTGCCGCAGCCGCTGTCA
GTTCCTTCTTGAAGTTGTCCGCCGCCGCAAAGAGATGCGGCTCGATGATCAGACAACCGACATTGCTGTTGGTTGCGCTGCCGGTGCTGCAACCA
GGCGGCGTGATCGTAGGTGGCAGGGGAAGACCAGCAGCCACTGCCGCCGCCTTGAGCGTGGCTAGCGGGAACATCTGCTGGGCCAGTCCGCTCA
(SEQ ID NO: 991)

Exon: 1001..1369
Exon: 1429..1849
Start ATG: 1130

Transcript No. : CT25954
TATGTATGGTGCTGTCGTGGCGTTCGCTTCCAGAGAGAAAGAAAGTCGCAGGTCGCCGAGTTGGATAGCCGTAGAGTTCCGCCTATTCCATTGAT
TACTAAATAAAAACCACCTCATAACTTGATCAAGATGTCCCGTCAACTGTTCGCCATTTGCCTGATTGCCGCCGTTTGTGCGTCCGGCGTCTACG
GTAGCTGCAAGGCCACCGTGAGCTCTTTCAGCACCCAGGATGCCACGATTCTGACCCAGCTGGCCCATGTGGGCGAGTTCACGCTGCAGTGCAGC
GGAGCCGCTCCCGCCAGCCTGTTCGCCGAGTTCCCCTGCGGCAAGGTGGTGCCGGTGGCCAAGGTGGGCGACAACAAGTACCAGGTGAGCTGGGT
GGAGGATATCAAGCAGGGCAGCAGCGGCAATGTTCAGGTGCGTCTCTTCGACGAGGATGGCTATGCCAATGTGCGCAAGGCCCAGCGGGATGGCG
ACAAGGTTTCATCGGTGAAGTCGCTGCTCGACATTTCCGTGCCCACCAAGGGTGCCTACAAGGGTCCCTGGATCAAGGCTGAGCTTTTGGCCGCC
TTCTTGGTCGGCGGATTCGCATACTTCGCCTTCACCACCAAGGGCAAGGTGCAGTCCTAAGTAGAGGATGCCTTCGTCATCGAGATTTTGAATGA
AATTCATTCGCACTAAAGTCATGTACCATCAAATTGCCGGGTCCCGGAGATTTTTCCACATTTTGTACACCTAAGCATCGGATCACCCGCCGCTC
CAAAATAAACTGATTGAAAGACCAACCGAA
(SEQ ID NO: 992)

Start ATG: 130

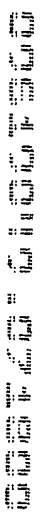
MSRQLFAICLIAAVCASGVYGSCKATVSSFSTQDATILTQLAHVGEFTLQCSGAAPASLFAEFPCGKVVPVAKVGDNKYQVSWVEDIKQGSSGNV
QVRLFDEDGYANVRKAQRDGDKVSSVKSLLDISVPTKGAYKGPWIKAELLAAFLVGGFAYFAFTTKGKVQS*
(SEQ ID NO: 993)

Classification: known_flybase_gene

Gene Symbol: BcDNA:GM12291
FlyBase ID: FBgn0027912

Celera Sequence No. : 142000013383806

AATCCAGCCGTATATCCCACTTCGATCCCTGATCACGGATGAGTGCCGCGAGCGCAGCTACATGGCCTTTATTATCTCGGGTAGTGTTCTTCTGG
GACTACTGCTGCTCCTCCTGATCCTTTTGCTGTGGTGGCGAGTAGTCCAAAAGCGACGACGTCGTAAGCTGGACGTAGTGCAGCCGGAACCGCGC
ACTTACAAGGAAACCCAGATCGTATACCAAATCGAGAACGCTGGCCTGCTAAAGACTGATTTGTAGACGGCAAGGAAAGACACATAGATCACAGA
TGCCTGTTTTGGACTGTTTTTCAGTACCATAGCAGATCATCTACCCACAAGAGACACACAGCTGAATGAAGCTAAAAGGAGCGGTGGGCGGTGGA
ATGGTTGGAGCACCATTGCCACCATTACCACCACCGATCATACAGAACCACCAATGCGTGACCTTTCGCTGTACCAAAACCATAGCCTACAGTTA
GTCGTAATATATCTTAATCTAATTATTCATAACTCGCAATGTTCGTCAGTTGTAAGTGGCCCATGTATATAGTCGCATGTAGGCTGGGATCTTGC
CCAAAAATATCCAGGTGGATTAGCCATATCCCACCAAATACGTATGTATATGGAATAAATCAATTTAAAGCCAAAATGTGGTGCTCTTAAATGTA
TATGCTACATATGTACATATATGTTAATACTATTTGGAAGCGTAATTTAAAATAACAAAATTTGGAGGACAAAGTCAGCTAATAAAATATTGTAT
ACAAATTGCGGATGACAGACGAGATGTACGTGTAAACAAAAGTTTTATTGATCCCTATAGCTTTCGAAAATATTTTTAGAAACTTGACACATGTT
TACAAGATAATCATAAACTTTCAAAGGGAAATAGTGTTGGAAGGAAGCCCATTTTTGTTTACGATATTTAAATATTTATAAATAATATTATATTT
CCCATTTCCCAAATACATTACGATTTAAATAATGATAGTACTTAAAGAACTCACCCGATGGGTAAATATGATTCCAAAGCCTGGTGAACGGTCAA
CTGCGGTTCAGATAGGGCAAATCCTTTAGAGAGCAGGGTATGATGAGTGTTGATGGTCTCCTCAATGCCGCTCATGTCCTCCACGTCTTTGTCAT
CTGATGTGATACATATTTGGTTTTAATATAATCCAAAGTAAAAGTAATACTCGCATAAATTACCTGGCAGATTGAGCTCCTTCTTCATCAGATTG
GCACTGCACATGCCACCCAAATAGGCCAACTCCTGTTCAAGTCGTATCAGACACGAGTTGCTGGCATTAATCTGAGCGAGATGGAAGAACACGGT
TTAGAAAGAGATAGTATTACACACGGAATCCACTCACCGATGTGGGATTGTCATAGCCAACCACTAGACACTTGAAGCCATAGCGATTGTTGTGC
GGATCCTGGGCGTAAAGTGAGGCTGTTTCCAAGGAGAACTCCACACAGTTGCCGGGCAGAATGAGGACATTGTGGAGCCAGGTGGAAGCACTATA
ATAATAAGAGCCATCTAGGATCATGACTCCTCATTGGAATATGTTGCTACTTACGTATTAAACTTCTTGACCACAATCCACTCCCTGTCATTGGG
ATCCTGGCTGCGCAGAGGCATTGAACTGGGTGCGGCAGCAGATCCCGGAGCATTTCCACAACCTGGACTCCGGCAGCAACTGGCCATGGTCAACT
GGACACTGGCGGAGCGTTGATGGGTGTTCGGTGCTGCGCCACTACCGGCGATGCCACCGCCCGTGTTGCGCCTCCTGTCCCCCGCTCCATTCACA
TTGTTATCCGCCTGCTCCAAATAGTCATCCACATGCGGCACTGGCGGCGCCTGCGATGCTGGACGCATGGGAATCGACAGGAGCAGGTAATCTTC
CAGTTGAGCAGTGCCACACTGCGGGTCAAACTCGATGGTGAGCCACTGTACGCAAGGTGGAAACTCCACGCGATAGCTACTAATGCTAGCACTCT
TATACGGATGGTCACTCTCCACTACACAATAATGGTTACTGGTGGTGCTGCTCGAATTGGAATTGCCAGAACCAGAGGTCTGTGTAGCAAAAATA
GCCGGCTCCGGCTGTCGCTGATCCTTGGACACGTGCAACTGATTTAGGGCCGCGATATGCGGCAGAATCTCCTTGATTAAGCCCAGAATCTGGAC
GGAACTCTTTGGATCACTGCAAGCCAAATTGGCAATATGTGCATAGACCAGTGGCAGTAACGTGTGGAACATATTGGAGGCGGCCAGATTAAAGA
CCTCGAGCAGCTGCACTGCAGCTGCTTGACTGCCCACTCCTGCCACTCCACCAGATCCATCTGCCACACTTACTCCGCCACCGGCAGCCATGCCG
GCAACCTCCAGCGGAGCCTCCTCCGAATCGGAGTGCAGATGCTGGGGCATTGACTGTTGAGCCGATTGCTCTGCGAACTCAAAGTCAGCGGTTCG
TTCATTGCCATTTATCGGAACACTTTGACTTTGACTCTGACTTTGGCTTACACTTTGGCTTTGGCCATTTCTCAAGTCTGCCGATTCCTCGACTT
CGGTGGCTCCGATTTCAATTTCCATCTCGAAGGGATTCGTGGATCGCTTGTCGAACTTTAGGGTCTCCATGAGACCCTTGCTAAACGACTCAATA
CGTTTGCCCAAATCCCTGGCTGTGGACAGCTGCGGATCTATGGCTGTTGGCAGGGCAGCTGTTCTGGAATTGTTTGCCCAATTGATGTCCATGTG
CTCCTCGATGGGTGTGATATTGTGCTCGGAATCGATGGTCTGTGTGTGATTGGAACTATTATCTGACGGCGAACAAGATGCAGCCATCGCATTGC
GTGCCAAAATCAGCAGTTCAGTACACTTTTTGGTTATATCAGCGGCGATCTGCAGGGCTGTATCGCGGGTGGAGACCTCGTGGGGACCAAGAAGC
ATAATGCGATCCTCCAAATGAGTTGCTACATTGGATCCATCGCCCGTTCGTCCACTCGCCGAGTGTCCATCCTGTTTCATAGGCGTGCTGTAGTA
CAGGATGCAAGGCAATTGACCTCTAGCTGGAGTGGTTCCATTGAAGCTAAGATCGCATGCATAGAAGTGGAACTGGGCGCCACAAGGCCCTCGAA
CCGCCGGCATTCCCGCGTCGCCAGAACAAGTCCTTGCTCCTTGGGAGCATAGACGAAGGGCGTAGCGGGCATTCTCCTTGATATGCACCGGATGG
TCAAATTTGATCTCCGCCAGATCGTTGTGAACTGCATCCTGATCGTAACTGCCGGATACCGATTCCAGGGTCTCCCACTTGTGCTGCGGCTGCAG
ATCCGCCGTATTATCGTACAGCAACTCCAATTGGTAGTCATAGCTCCCGGATCCCGAGTAAACCATTGCGCCAGCTATGGCCACACCAGGTCGAT
CCACGGCGAAGGCAATAGCATCGGGTCCAAAGTTTCCGGTATTCCAGGTCCTACTCACATCGCAGCGGGCAAAGCGAGCTCCCGTCGAATGAAGG
GTTCTGGGTGGCATGAACAGCTTGTCATATTCACCCATGCCGTTTGATAGACAATCTCGGCCAGAACTCTGGCCAGCAGATGACAACAGTTGTC
AATCAAGCCTTGATTAACACAATCTTTACCTCCGGGATAGCCAAGACTTCCTAAGCTCCGGCTGTATATCGCCTCGATGCGAGAACGTATGGGAC
TGGCAATAATGTCTAGCAAACGCACGAGTACATCCTTAAATGTCCAGGAATTGCTCAGAAAATCACTCTTCTCCTGCTGTGTGCGATATATCATT
TGCTCCACCAGCACGGGATACGGATGGGCATCCGTGGAGGAGAGCATGGGCAAGCCGGAATTGTCGCTGGGACTGATAATTGACTGGCGTTCGTT
TCCAGCCGCACTAAGGAGTGAGAAAGTGGCTCTGAGTTTAACCGATGGCGAGCATAATCCAGCAAGGATCGCGCTTAGCAGGCGGGAATGCAAGG
CTCCACGATCCATCTGAGCAAGCAGATCGCACAAGCAGTTCCACTTCAACGAGGACGTCGGATAGAATGCATCGAAACAGGCCACAAAGCTCAGA
TGACACTCGTCGAGAATCTCCAGCGATAGTTCATAGCCTACAAAGTAAGAGATATCATAGAATAGAATAGGTAAACTATAATTTCCAGACTTAAA
CTAACCCTCATCCGTGGCTATATCCTTGAATATGTCATCGCAAAAGATGCCAATGAGCAGAGCTCTAACATTGCCAATGCACTCCGCCAGCTGGA
TGTTTTCCATGTTGGTCTTCCGGGTGACGGGAGTTCCGCTCCCAGGTGCCACAGCTGCCGAGGCCGATGTAGATGGAGCTCCTCCGCTGCTGGCA
CTGCTAATCATGGCTGGGGCCACCGATGTGGAGGGATCACCAAAATACTTAGCCATTACTCCTGCGTTGCCCACCACACGAGGGGTATTCTTGTC
TATAAATGAATATTATTGAATATTACATTAAAATGAAAGCAAAGGTGTTCACCTTTGTTTGGCTTAGACTGAACAGACTTGGCAGTGGTTACTAC
GCCACTACCATGGGCTGCATTGGAGCCACCGCCCGTGGCCACCGATGTGGAAGAGTTCCTCTGCGGGTAAATCTCGATTGTGTACTTGCGCAACA
GGCGGAGACATGACTTAATGACATAGCCGAGGTACTGCAGCGACTGTTGCAGCTGCAATGGACGGGAGCGATCGCGCTCCTCGCGCAGCTGCAAC
TTAAAGCAATCCCACGACCAGCTTAGCAGGACCACCAGACTCTCGAAGCACTCACGACTCACACTGTTGGCAAAAGCCCGGGAAATACGCTGCAC
AGGATCGGCGTCCATTTGGGCCGGCGTCTGTTTGCAATCCTGGGTGACCAATCGGTACAAAATCGCCGGTATCTGGCCAGAGTTGACATCGGTGC
CGTTGTTTGCCTTTTTGCTGGATTTGAAGGAGAAAACCACCTGATCCTCGGTGGTCACGGACGCCTGACCGCAGGATCCGCAATCGGAGGAGGGA
CCTGCAATCCGGGCCCACACCAAATACCATCTGCCAGCTACCGCACTGACCGGTTTGGGCAGAAGGATATGATGTTTACTCCTGGCGCCGCACTC
GTAGGGCACCTCTTTGGTCTCGCTGATCAGGATGCCTTCCTTCTCGTAGCCACCACCGTCGCCGCCCAAATCGAAGAGCTTCAGTTTGCAACTGT
ACTCCCCGCGGCCACCGAACATCCCGAAGCCACAGATCACAATATCGGTGTCCGCCGAGAAGCGTATGGCCTCCACACTGTGGCCGGAGTAGCCC
CATCCGCCGCCAAAGTTATCGAACCGATTGACTACCTGGAATTCACCGGCCTGCGTTTCTGCCGTCTGTTGGGTTTGCTTCAATAGAGGCTGCTC
AAAGCACCCGGGTATGTTGTCCTGCGCCGAAGTGAGGATGTCGAGACAGGCGAGTAAGTTCAGGGAGGCCTGCGAGCGGGCCACACGCGAATCCA
CCCGATCCGGCAAAGATAACTCCGGCGAGAGCAACGATCGATAAGTGGCCGCGTTCTGGAAGATAGTTTAAGATAAGAGGAACAAGGAAAACTGA
TTTCATCTATTAGCTTACCGCATCGCTGTCGTTGATGTCACTGGCCACCACATTGTGGCAGCGTAGTTTCCGTGCAGCTCCATCGAAAACCCAGA
GAACATTGTATGTGGGATCCATGGTGAAGGCTAGTTGTGGTGGCGATGGAATGGGTTCCGGTGAACTCGTACCCTGTTTGCCACCACGACGACTC
CTTGGCACAGACCCCGCCGATACCGGTGTCCCAGGTGCTGCTACTGCTGCTGCTGCAGCAGATGATCCCACCTCCGGTAGCTGTTCCTCAAAGAT
CTGATTCCTGGCCTCGTGCATGCTTCGGGACATCTGCTCGTTGATGGGCACTCCAGCCGTAGCTGTGCCCGTCAGAGCCGCAAGAAGGGACGAAG
TGGAGGCATGTGCCGGCGAATCCGCAACCGGAGTAACGGCCACATCCAAATTGGAGTTGATCTCCGGTTGCTGTTGCTCCGGCTGTGCTTGCATC
AGTTTCACAAAGTTGGTTTGTCCACGATAATGGGCAGTACAACTACCATCCCGTCGATTTATAGAGAGCGTATGGAAGGACAGCGGAATGCTGGG
AATGAGCACTATATCGGGGATGAGTCAAATATTAGTATTTGATTTTTTTTTAAATCTTGTGAGAAACTTACATATCGTCTTTTTATTGGCCACCA



CATGCATCTTGGGCAGCATTTGTGCCGTGATCAGGGATTCGTCTATCTTGATAAAGGTCTGATCTCCATTGGCTCCAATCCAGGTTACCTTCTTG
CCATAACAGGGACCCAAACCACTGCAAAGGATAATAGATAATCATTAGCAATCCTTATTCTACTAATGTGGTTTTTTCCATACAAGACGGCTCCA
GGTGAACAATTCCACAGAAACTTCTGACGCTGGGTGAGCACCGGCAACAGTGGAGGCATCTCCTTGGAGCCACTGGGCTGCACATTGGCCGGCGA
TTGGGATCGTTCCGGGCCCGGCATTCCCACCGGCGCAACCGTTGGCGATCCTCCTGCTCCTCCATCAGATCCAGCTCCCACCGGAGAGTCATCAT
CCTGGGGCGGAGGCTTCAGTCCATAATCACTGGGCAGTCGGCCCAGTTGACCCTTCTGGTAATTGCCAAACGTGTAGACCATTCCTTTCGATGTC
AGCAGTACGGTGTGATTGCTCCCAGCGGCCACTTGGCTGATGGCACCCGGTACCTGAACACGAACTGGTCCGCTCACTGGCTGCAGATCTCCACT
GCCCAATTGACCATACTGATTGCTTCCGAAAGTGTAGACTTCACCGGCCAAGGTGAGCACCACCGTATGGTGCAATCCACAGAAGCCACCTGCACTA
CAGGCGATGAGCTGGTGAGCTGTAGCAGCTGCGGCGCCAGTGGAGCCACTCGAGGCGGATCCTTGTCCAGATCAGTGGGCGTTGCAGCTCCTCCT
CCGGCGGCTCCTGTTTCCAGTTCGCCCTTGCGCTCCTTGCGGCGCATGATAAGGGTTTTGGAACGCTGCTGGCGCTGTTGTACATCACTGGGTGG
AGGTTTTAGTTCCGTTTTGGCCTCTGCAAGTGGAGATCGGCATTAAGCATGCAACTAGGAATTTTTCGATCAGTAGATATACTCACCATCGCTAT
CCTGGAGGGCAATGCAGGCGGCGCACAGGCCACACTTGGCACAGCCCGCATCTCCGTGACCACAGGGACATATACTGCCCGCCAAACGCTGATCC
AGTGGTACATTTAGAGCGGAGACACAGCTAACATTGTATCCCGTGCATTCGCGACAAATGACGCACACGCGGCACTGACCCTGCACCAGATTATG
GTCATCGTAGTCGCACAGCGTGGAGAAGTCCAATTTGAGGCGCTTGTCCAGTGGCAGCAGGGATGCAAAACAGGCGGCGGCCGTTGAGGATGAGG
CAAATGGCGGCACATCCTTCACCGGCTGCAACTTGTTGAATATCCTGCCGCACTGACCCTTATTGTTCAGTCCGAACGAGAAGAGCTGCCCCTTG
GCATTGAGAGCCACACAATGGGCCTTGCCCAGCGCCACCTTGGTCACATGCTGTTCCAGCAGCTCACTGACGAAGCCCATGGCATCACAGTGGGC
CGTATCCTTGCCATACATGATCAGCTTTCCAGTTTTGGTTACAAATGCAGAGGTGCCATTGTTGCAGGCGGCATGCACCACCACATGGCCATCGA
TTTTGGTCATCTTCTTCGGTTTAACCGCCTTCGGTTGCCTCCGGTTCTTGCTGCTATCACCATCTTCACCGCGACGAGCTGTGCCCGCAAAGAAA
ACGGTACCATCATCATTGACCAACAGTGCATGAATGCCATCGTGTCCCACGGCCACATGGACTATATTGGCCGCCTTCGAGATGACCAATTCGGT
GAGCTTGAGTGTCGGGGTCCGACCCACACACTTCAATCCGAGCGCAGCGGATTTCCCATAATAGTAGACGCGACCATTACTGGCACGCACCAAGC
CAAACTCCTTGCCGCAGGCCATGCCCATAACATCAACATCCGCATCTCTGCAGGGAGCGGGTAGCTTTGGTTCGAAGCTATTGTGGGCCGACTGG
ATGCGTTGAATCTGATACTGATTGAGCAGCTCATCCTCGAAGGCCGCATACCCCAAGGTCCGGAACTTCTTGCGGGCCAACTGGAGCGGCAGTTC
AAAGGGCGGCGGATCAATGTTGTAGCTATTGTGGTACAGATTTAGTTTCTTAACCACCAGTGTATCCTATTAAAAAAAAACAATACTCATTACA
AAATAATCTTATATAGTTATACATCAATTTCTAAATGTTAAGGGTATCCTGTCATATTTTATATGAAATATAAAATATACAAAAATCGTTATTTT
CTATGATTATACTGAGATTTTAAATAAAATGCAGTTACTTACATCGCGATTGCTGCAGATGGCGTGCAGTGAGTCGTCGTCCGTAAAGAGCACGT
AGTTGAGTCCTTCGCGCATATGCAGCATACTCAGGGGACTCATTGCCTTAATGGCTAGCGTGTCCAGGCCCACCATTTGCAGTTGATCACCAGCA
CTGCGGCGACAGGTGCGCCGAAAGTAGAGCTGCCCGCCACTGTAGCCCAGCCAGGCGCTCCTCTCGTGGCTGAAGTCCTCATTCTGGGCATAGAT
GTGACCCTTGTAGGATCCCCCAAAGCCAGTGCCAATTTTTAGCAGCGTTCCTCCATAGAGTAAATAGACAAACACTCCATCGCAGGCCATTGCTG
GCGAGGTGATGGGAGCACCTGTGCTCAAGGGCGGCAACTTCACGGGAAACTATTAAAAAAAAGGGGGAACATTTTTGTTTAACCACGCATACAAT
AACAATAATAAAAAAAAACACCGATCACTACACAGCTCACGCACGCAATCTACTACAAAAATAGTAAATATATTATACAAATATTGTATAAAACA
TTAGCTCTTTATAAAATAAACAAAAAAAAAACACTAACCAAGTCCATAACTCACCTCATCGATCAGGGAATTGTGCGGCACCCCGTGGCTGTGAA
AATCCGGTCTGGTCGGCTTATTCAACGCCGCACTGATCACCGTGTGCTGCAAGGTGGCCAGCACCACCGGCAGCTGGACAATCTGGGCGGAGAGC
TGACGCGGCGTCATCAGCATGGCGGCAATAGCCTTGAGCATCTTGCCCGTATCACCGCGTGCGATGCACAGTCCCAGGAGGGCGGCACAGGCCAT
GGCCGACCAATTGGCCTCCGCACCGGTGGCCGAATTGAGTGCGGCCGGCATGGTGGCCAAATCGAGAAGAAGATCGTACAGCGGATTGATCAGCT
CCTCCGGTTCTAGCTTAAAACTTTCCGGCTGCTGGCCCTGGATGACATCCAGCAGGGCCTTCAGCGCCTTGGTGCACAGCAGCGGATGTACATGC
CGGGCATCAGCGATCAGCTCGAAGAGACTGCGCAAGCCGGCGCCCACAATTAGCGGCACAGTGGCGTAGACGGGCTCCCTTTCGGTGGGCTCCTC
TGTGTCCGAATCCGCATCGCTGTTGGCGCTATCCCGACGTGGTCGCTTCTCTGCTGGCAAACCGGGTCCGCCGACGACCACCGGCACTGGTGCCG
GTATCCGGCCATCGACAAGGACTCCAACTGGTCCGCCAGGACCTGCATTCCCAGGTCCAACGGCGCCGTGCATAGCCATATGCGCGTGGCAAGAG
CAATCGAGTAGATTGCTTATCATACAGCTGTGGGCACACATCATGCAGCAGGCTGAGTTCACGTTATTGCTCCACTTCTTCTGGTTTGATCCGCT
TTGGCCACTGGGTGCTCCGCCCTCCTGGAACAGGGAGTAGCGCGTCTCTGCCTCCAGAACCGTGGATCTAATTGCCGAGAAGACCGCAAACTTGG
ACGCATTCGGATCCAGTTCAATGTGCGCCACCGGAAACGAGGGCAAGATCATCAGTTGCTCCTTGACCAGCGGTGGATCTAGCGGATTCACCAGT
CCCCCGGCACCCGCATTCCCTTCCAGAACAGCGGCAGCAGCTGCCGCTGCCATTGCTGCGGCCGATTTGTCCTTTCGACTTTTGCGTTTCGTTAA
CACCTTGCGATCGTGTTGCATTTTTCTGTAATAGAAAAGAATAAATAGGTTTAAAAATATTATACAAAATGTATGATGAACTTGAATAAAAAATC
AATAAGTGCCCACCATGAAAATAACATTAAGCTAGAAAAAATACAAGAGCTTGAGGAAAAGAAAATTCTAAAATCCATTAAACAAGAAATCATAA
AATAATAGTTTGCGAAAAAAAAAAAATTTTAGACTAAAATCCTTTTATAATGTAAGTAGCAATTTATATCCTTGCACAAATGATAATCTTTTCATT
TTTTTAAATTGTGTATCTATTCGACAGGTGGAACATATGTATATTTTGTATTTTGAACTATGATAAACTTGAAAACTTTGATTTCGTGTGATATT
TGTTATTGGTTTATACACTATGTAATAGTTGCTAATTAAAACGCACGAATTTTCTTTAAACGGACTCACTTAAAAGAAAAACTTTTGAAAATATT
TAGGGACACTAATCAACATCTAAGTCATAAATCAAAAACGCATTCCAACTAACTGAAAAAGGGGAACAAGCTTAATTTGCGAGGTCCTGGCGAAG
GACTGGCATTTGTTTTTGTTTGCCTACAGGAAGCTTTTAGCTCTTATTGGCTCTTATCAGCCTGCAAGCTTTTATCCTGGATGGCGGTCGTTATT
TTTGGACGACAGATGCACATGCATATGTACACATATCGGACACCAAGGTGCAAGCTTTGGGATGCACATATATATGCATATACCCACATGACCAT
CTTTGCTACTGAGTGCATCCGGAACTTTCGATCCTGCAGCTGACAGGTGGTTTTCAATACTGTTTAACACATCGCAAAGTGAGCTCAAAGTCCGC
GAAAGAAGCAATTACTGCCTCCAAAGTGTGTAAATTTCGTCACAATTTATTTGCATCAATTGAATGTCATGCTTTAAAAGAAATTTTTAAAAGGG
GTTTATAATATAAATGGTTGAAAAGTGGCGGTATAAAATTTGTTATGATTTAAAAAAAGTATATATTCAATGTGAAATAATGTGTTTGCGAAAAT
CAAGTTCTTATTGACAAACTGAAGTTTAGTGTACTAAATCCATGAAATCCGAAAACCCAAAACCTTGGCGCAAACGTTTAATTATTCTAAAGCAA
TTTGCAGGCAATCAATAAAAGCAAGACAATAAGAAACTTTTTACACGCCTTCTGACAAATCGATTTTCTTGAGCTGATTCGACATTTTGCCAACT
AACTGTTGTCTAGGTATTCAATTAAATAATCTTAAGCCCAAGGTCCCGAAACGGTAACCAGCATATATACATACCCTGTTAGAGTATTTAAGACT
CAACTCATTAAAGCTACTTAAGCAATGTTTCCTTTTCGTAAATTTAAAACTCAATTGATCTTTGAACACTTCTAGTTTTGTTTTAAACTACAAAT
CTGTCGTAGCATATATAATCCTGCTTTAAACCTATTTAAAGACATTAAAGTTAACATTTTTCTTCGGCAGATATTGGGATTTCGATTATATAAAT
AATATATATTGAAATATATATGATCCCCAATCGTGTGATGTGAATAATATATATTGAAATATATAATCCCCAATCGTTTGATGTGGTCTCCCA
AAGATAGTGTTTTTTGGCGGTCTTAACGGGGAGCGACATTCTAAACGCCGCACCATCGCCTCGTGGGCCATCAGTGGATTAATGCAGGTCGCTAG
GCTCATGGCAGTCAGCTGATTGAGAGCAGCGCTCAGCTGTTCGGCGCAGGACTGTCCACTTCCGCCCGTTGCAACCCCCAAAAATCGGGGGGTGC
TGCGACAGCGCGGAGAGCGAATGTGAATTGTGTAGGGGTTGAAGACCCAGATTGGAAGCCGAAAGCCGAGTGCAGCAGATCGATTTTTCAACCCC
AAGTCGGATGGGCTGTACGGGACGCAGGGGATGTAGGGGTTAGGGGGTGGCAACTGAATGGGACTCCGGGACATCTACTTATCCAGATGCTGGCG
GGGATTACCTGCGCGTGCTGTTCGTGTACAGCTCGTAGAAGTGGTCGCCATACTTGAGCGGATTGAGCAGGCCAACCATTTTGGCCCGATTTTCC
GTTAGATCCAGTGCTCCAATCGATATTTTCTATATATTCTAATGCTCCGTTACCGTAGCCGTTACTGTTGCCGTCTACCGTTACAACGTTATGCT
CGCTCTCTCCCGTGAATCTCCTCTCTTCTTTGGCTAATGATTTATATTGCACAGCGGTTATTAAACAAAATATGAATTAACAACTAGAATTTAAC
TAATTTGCCGAGCATCGTCTGGCAATTTGAGTGCCCTTTGTTTTCGCCATTTGCCTTTTGTCACTTTCACCCAAAAAAAAGGAAACACACACCGA
GCGACAACGCAACGGTACAATGGGAACGAGGGAACTAAACTTTCGTCCCGCTTGCTCTTGTGCGCTTCCTGCGAGAGAGGACGCTCAGCTGTGTG
GGAGACAGTGACAGTGTTGGTAACAGAGCGGCATGTCCTATTCTGTGCTTAAAATCTTAAATTTTTCGGAGCTTTCCGATTTAATTTCTGCCTAA
ATTAAAGGTACTTTAAATCGCACGAGTATTTTCTTCAATTTTTTATTTTATATATCTTAAATCAACAATTTTGGTTTCCACCTTTCATCCATAGC
TAAGGCTTTTCAGTTTTATTTTATGGCACAACGCAAAAGTATCGATCACGAAATATCACATTTATTGTTCAACTTTTAATATCTGTGTGCCTTTT
CCCTAAAAGTTCCGTTATAAAAGTTAACATTTAAAAATATTTCACATACATTGCAATACACCAGCTGTTCGAGCAGTGCTGAAAAACGCCGACGC

ATCGCGAACTGGCAACGCTGTCAGCAGCTGTCACTTGCAACAAAAACAACAGGGGCAGGAAGAAGAAGAACTTTGACAGCTGCGGCGCAACCGAA
ATCTAAGAAAAACAATTTACGTAATTTAATTGAGCGAATTTCAATGGTTTGCGAGTGTACTAAAACGTTTTTTCCCCACCCGCAGGATGGGCAAC
GCGCTGACGCACTACATGAAACCGGACGTGATGC
(SEQ ID NO: 994)

Exon: 12239..12169
Exon: 12077..11808
Exon: 10190..9080
Exon: 8884..8498
Exon: 8331..7212
Exon: 7148..6449
Exon: 6386..6247
Exon: 6183..5624
Exon: 5565..4569
Exon: 4464..4186
Exon: 4122..1575
Exon: 1515..1368
Exon: 1306..1204
Exon: 1140..1001
Start ATG: 12239 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT25974
ATGGTTGGCCTGCTCAATCCGCTCAAGTATGGCGACCACTTCTACGAGCTGTACACGAACAGCACGCGCAGCCCATCCGACTTGGGGTTGAAAAA
TCGATCTGCTGCACTCGGCTTTCGGCTTCCAATCTGGGTCTTCAACCCCTACACAATTCACATTCGCTCTCCGCGCTGTCGCAGCACCCCCCGAT
TTTTGGGGGTTGCAACGGGCGGAAGTGGACAGTCCTGCGCCGAACAGCTGAGCGCTGCTCTCAATCAGCTGACTGCCATGAGCCTAGCGACCTGC
ATTAATCCACTGATGGCCCACGAGGCGATGGTGCGGCGTTTAGAATGTCGCTCCCCAAAAATGCAACACGATCGCAAGGTGTTAACGAAACGCAA
AAGTCGAAAGGACAAATCGGCCGCAGCAATGGCAGCGGCAGCTGCTGCCGCTGTTCTGGAAGGGAATGCGGGTGCCGGGGGACTGGTGAATCCGC
TAGATCCACCGCTGGTCAAGGAGCAACTGATGATCTTGCCCTCGTTTCCGGTGGCGCACATTGAACTGGATCCGAATGCGTCCAAGTTTGCGGTC
TTCTCGGCAATTAGATCCACGGTTCTGGAGGCAGAGACGCGCTACTCCCTGTTCCAGGAGGGCGGAGCACCCAGTGGCCAAAGCGGATCAAACCA
GAAGAAGTGGAGCAATAACGTGAACTCAGCCTGCTGCATGATGTGTGCCCACAGCTGTATGATAAGCAATCTACTCGATTGCTCTTGCCACGCGC
ATATGGCTATGCACGGCGCCGTTGGACCTGGGAATGCAGGTCCTGGCGGACCAGTTGGAGTCCTTGTCGATGGCCGGATACCGGCACCAGTGCCG
GTGGTCGTCGGCGGACCCGGTTTGCCAGCAGAGAAGCGACCACGTCGGGATAGCGCCAACAGCGATGCGGATTCGGACACAGAGGAGCCCACCGA
AAGGGAGCCCGTCTACGCCACTGTGCCGCTAATTGTGGGCGCCGGCTTGCGCAGTCTCTTCGAGCTGATCGCTGATGCCCGGCATGTACATCCGC
TGCTGTGCACCAAGGCGCTGAAGGCCCTGCTGGATGTCATCCAGGGCCAGCAGCCGGAAAGTTTTAAGCTAGAACCGGAGGAGCTGATCAATCCG
CTGTACGATCTTCTTCTCGATTTGGCCACCATGCCGGCCGCACTCAATTCGGCCACCGGTGCGGAGGCCAATTGGTCGGCCATGGCCTGTGCCGC
CCTCCTGGGACTGTGCATCGCACGCGGTGATACGGGCAAGATGCTCAAGGCTATTGCCGCCATGCTGATGACGCCGCGTCAGCTCTCCGCCCAGA
TTGTCCAGCTGCCGGTGGTGCTGGCCACCTTGCAGCACACGGTGATCAGTGCGGCGTTGAATAAGCCGACCAGACCGGATTTTCACAGCCACGGG
GTGCCGCACAATTCCCTGATCGATGAGTTTCCCGTGAAGTTGCCGCCCTTGAGCACAGGTGCTCCCATCACCTCGCCAGCAATGGCCTGCGATGG
AGTGTTTGTCTATTTACTCTATGGAGGAACGCTGCTAAAAATTGGCACTGGCTTTGGGGGATCCTACAAGGGTCACATCTATGCCCAGAATGAGG
ACTTCAGCCACGAGAGGAGCGCCTGGCTGGGCTACAGTGGCGGGCAGCTCTACTTTCGGCGCACCTGTCGCCGCAGTGCTGGTGATCAACTGCAA
ATGGTGGGCCTGGACACGCTAGCCATTAAGGCAATGAGTCCCCTGAGTATGCTGCATATGCGCGAAGGACTCAACTACGTGCTCTTTACGGACGA
CGACTCACTGCACGCCATCTGCAGCAATCGCGATGATACACTGGTGGTTAAGAAACTAAATCTGTACCACAATAGCTACAACATTGATCCGCCGC
CCTTTGAACTGCCGCTCCAGTTGGCCCGCAAGAAGTTCCGGACCTTGGGGTATGCGGCCTTCGAGGATGAGCTGCTCAATCAGTATCAGATTCAA
CGCATCCAGTCGGCCCACAATAGCTTCGAACCAAAGCTACCCGCTCCCTGCAGAGATGCGGATGTTGATGTTATGGGCATGGCCTGCGGCAAGGA
GTTTGGCTTGGTGCGTGCCAGTAATGGTCGCGTCTACTATTATGGGAAATCCGCTGCGCTCGGATTGAAGTGTGTGGGTCGGACCCCGACACTCA
AGCTCACCGAATTGGTCATCTCGAAGGCGGCCAATATAGTCCATGTGGCCGTGGGACACGATGGCATTCATGCACTGTTGGTCAATGATGATGGT
ACCGTTTTCTTTGCGGGCACAGCTCGTCGCGGTGAAGATGGTGATAGCAGCAAGAACCGGAGGCAACCGAAGGCGGTTAAACCGAAGAAGATGAC
CAAAATCGATGGCCATGTGGTGGTGCATGCCGCCTGCAACAATGGCACCTCTGCATTTGTAACCAAAACTGGAAAGCTGATCATGTATGGCAAGG
ATACGGCCCACTGTGATGCCATGGGCTTCGTCAGTGAGCTGCTGGAACAGCATGTGACCAAGGTGGCGCTGGGCAAGGCCCATTGTGTGGCTCTC
AATGCCAAGGGGCAGCTCTTCTCGTTCGGACTGAACAATAAGGGTCAGTGCGGCAGGATATTCAACAAGTTGCAGCCGGTGAAGGATGTGCCGCC
ATTTGCCTCATCCTCAACGGCCGCCGCCTGTTTTGCATCCCTGCTGCCACTGGACAAGCGCCTCAAATTGGACTTCTCCACGCTGTGCGACTACG
ATGACCATAATCTGGTGCAGGGTCAGTGCCGCGTGTGCGTCATTTGTCGCGAATGCACGGGATACAATGTTAGCTGTGTCTCCGCTCTAAATGTA
CCACTGGATCAGCGTTTGGCGGGCAGTATATGTCCCTGTGGTCACGGAGATGCGGGCTGTGCCAAGTGTGGCCTGTGCGCCGCCTGCATTGCCCT
CCAGGATAGCGATGAGGCCAAAACGGAACTAAAACCTCCACCCAGTGATGTACAACAGCGCCAGCAGCGTTCCAAAACCCTTATCATGCGCCGCA
AGGAGCGCAAGGGCGAACTGGAAACAGGAGCCGCCGGAGGAGGAGCTGCAACGCCCACTGATCTGGACAAGGATCCGCCTCGAGTGGCTCCACTG
GCGCCGCAGCTGCTACAGCTCACCAGCTCATCGCCTGTAGTGCAGGTGGCTTGTGGATTGCACCATACGGTGGTGCTCACCTTGGCCGGTGAAGT
CTACACTTTCGGAAGCAATCAGTATGGTCAATTGGGCAGTGGAGATCTGCAGCCAGTGAGCGGACCAGTTCGTGTTCAGGTACCGGGTGCCATCA
GCCAAGTGGCCGCTGGGAGCAATCACACCGTACTGCTGACATCGAAAGGAATGGTCTACACGTTTGGCAATTACCAGAAGGGTCAACTGGGCCGA
CTGCCCAGTGATTATGGACTGAAGCCTCCGCCCCAGGATGATGACTCTCCGGTGGGAGCTGGATCTGATGGAGGAGCAGGAGGATCGCCAACGGT
TGCGCCGGTGGGAATGCCGGGCCCGGAACGATCCCAATCGCCGGCCAATGTGCAGCCCAGTGGCTCCAAGGAGATGCCTCCACTGTTGCCGGTGC
TCACCCAGCGTCAGAAGTTTCTGTGGAATTGTTCACCTGGAGCCGTCTTTGGTTTGGGTCCCTGTTATGGCAAGAAGGTAACCTGGATTGGAGCC
AATGGAGATCAGACCTTTATCAAGATAGACGAATCCCTGATCACGGCACAAATGCTGCCCAAGATGCATGTGGTGGCCAATAAAAAGACGATATT
GCTCATTCCCAGCATTCCGCTGTCCTTCCATACGCTCTCTATAAATCGACGGGATGGTAGTTGTACTGCCCATTATCGTGGACAAACCAACTTTG
TGAAACTGATGCAAGCACAGCCGGAGCAACAGCAACCGGAGATCAACTCCAATTTGGATGTGGCCGTTACTCCGGTTGCGGATTCGCCGGCACAT
GCCTCCACTTCGTCCCTTCTTGCGGCTCTGACGGGCACAGCTACGGCTGGAGTGCCCATCAACGAGCAGATGTCCCGAAGCATGCACGAGGCCAG
GAATCAGATCTTTGAGGAACAGCTACCGGAGGTGGGATCATCTGCTGCAGCAGCAGTAGCAGCACCTGGGACACCGGTATCGGCGGGGTCTG
TGCCAAGGAGTCGTCGTGGTGGCAAACAGGGTACGAGTTCACCGGAACCCATTCCATCGCCACCACAACTAGCCTTCACCATGGATCCCACATAC
AATGTTCTCTGGGTTTTCGATGGAGCTGCACGGAAACTACGCTGCCACAATGTGGTGGCCAGTGACATCAACGACAGCGATGCGAACGCGGCCAC
TTATCGATCGTTGCTCTCGCCGGAGTTATCTTTGCCGGATCGGGTGGATTCGCGTGTGGCCCGCTCGCAGGCCTCCCTGAACTTACTCGCCTGTC
TCGACATCCTCACTTCGGCGCAGGACAACATACCCGGGTGCTTTGAGCAGCCTCTATTGAAGCAAACCCAACAGACGGCAGAAACGCAGGCCGGT
GAATTCCAGGTAGTCAATCGGTTCGATAACTTTGGCGGCGGATGGGGCTACTCCGGCCACAGTGTGGAGGCCATACGCTTCTCGGCGGACACCGA

Confidential - Subject to Protective Order

TATTGTGATCTGTGGCTTCGGGATGTTCGGTGGCCGCGGGGAGTACAGTTGCAAACTGAAGCTCTTCGATTTGGGCGGCGACGGTGGTGGCTACG
AGAAGGAAGGCATCCTGATCAGCGAGACCAAAGAGGTGCCCTACGAGTGCGGCGCCAGGAGTAAACATCATATCCTTCTGCCCAAACCGGTCAGT
GCGGTAGCTGGCAGATGGTATTTGGTGTGGGCCCGGATTGCAGGTCCCTCCTCCGATTGCGGATCCTGCGGTCAGGCGTCCGTGACCACCGAGGA
TCAGGTGGTTTTCTCCTTCAAATCCAGCAAAAAGGCAAACAACGGCACCGATGTCAACTCTGGCCAGATACCGGCGATTTTGTACCGATTGGTCA
CCCAGGATTGCAAACAGACGCCGGCCCAAATGGACGCCGATCCTGTGCAGCGTATTTCCCGGGCTTTTGCCAACAGTGTGAGTCGTGAGTGCTTC
GAGAGTCTGGTGGTCCTGCTAAGCTGGTCGTGGGATTGCTTTAAGTTGCAGCTGCGCGAGGAGCGCGATCGCTCCCGTCCATTGCAGCTGCAACA
GTCGCTGCAGTACCTCGGCTATGTCATTAAGTCATGTCTCCGCCTGTTGCGCAAGTACACAATCGAGATTTACCCGCAGAGGAACTCTTCCACAT
CGGTGGCCACGGGCGGTGGCTCCAATGCAGCCCATGACAAGAATACCCCTCGTGTGGTGGGCAACGCAGGAGTAATGGCTAAGTATTTTGGTGAT
CCCTCCACATCGGTGGCCCCAGCCATGATTAGCAGTGCCAGCAGCGGAGGAGCTCCATCTACATCGGCCTCGGCAGCTGTGGCACCTGGGAGCGG
AACTCCCGTCACCCGGAAGACCAACATGGAAAACATCCAGCTGGCGGAGTGCATTGGCAATGTTAGAGCTCTGCTCATTGGCATCTTTTGCGATG
ACATATTCAAGGATATAGCCACGGATGAGGGCTATGAACTATCGCTGGAGATTCTCGACGAGTGTCATCTGAGCTTTGTGGCCTGTTTCGATGCA
TTCTATCCGACGTCCTCGTTGAAGTGGAACTGCTTGTGCGATCTGCTTGCTCAGATGGATCGTGGAGCCTTGCATTCCCGCCTGCTAAGCGCGAT
CCTTGCTGGATTATGCTCGCCATCGGTTAAACTCAGAGCCACTTTCTCACTCCTTAGTGCGGCTGGAAACGAACGCCAGTCAATTATCAGTCCCA
GCGACAATTCCGGCTTGCCCATGCTCTCCTCCACGGATGCCCATCCGTATCCCGTGCTGGTGGAGCAAATGATATATCGCACACAGCAGGAGAAG
AGTGATTTTCTGAGCAATTCCTGGACATTTAAGGATGTACTCGTGCGTTTGCTAGACATTATTGCCAGTCCCATACGTTCTCGCATCGAGGCGAT
ATACAGCCGGAGCTTAGGAAGTCTTGGCTATCCCGGAGGTAAAGATTGTGTTAATCAAGGCTTGATTGACAACTGTTGTCATCTGCTGGCCAGAG
TTCTGGCCGAGATTGTCTATCAAACGGCGATGGGTGAATATGACAAGCTGTTCATGCCACCCAGAACCCTTCATTCGACGGGAGCTCGCTTTGCC
CGCTGCGATGTGAGTAGGACCTGGAATACCGGAAACTTTGGACCCGATGCTATTGCCTTCGCCGTGGATCGACCTGGTGTGGCCATAGCTGGCGC
AATGGTTTACTCGGGATCCGGGAGCTATGACTACCAATTGGAGTTGCTGTACGATAATACGGCGGATCTGCAGCCGCAGCACAAGTGGGAGACCC
TGGAATCGGTATCCGGCAGTTACGATCAGGATGCAGTTCACAACGATCTGGCGGAGATCAAATTTGACCATCCGGTGCATATCAAGGAGAATGCC
CGCTACGCCCTTCGTCTATGCTCCCAAGGAGCAAGGACTTGTTCTGGCGACGCGGGAATGCCGGCGGTTCGAGGGCCTTGTGGCGCCCAGTTCCA
CTTCTATGCATGCGATCTTAGCTTCAATGGAACCACTCCAGCTAGAGGTCAATTGCCTTGCATCCTGTACTACAGCACGCCTATGAAACAGGATG
GACACTCGGCGAGTGGACGAACGGGCGATGGATCCAATGTAGCAACTCATTTGGAGGATCGCATTATGCTTCTTGGTCCCCACGAGGTCTCCACC
CGCGATACAGCCCTGCAGATCGCCGCTGATATAACCAAAAAGTGTACTGAACTGCTGATTTTGGCACGCAATGCGATGGCTGCATCTTGTTCGCC
GTCAGATAATAGTTCCAATCACACACAGACCATCGATTCCGAGCACAATATCACACCCATCGAGGAGCACATGGACATCAATTGGGCAAACAATT
CCAGAACAGCTGCCCTGCCAACAGCCATAGATCCGCAGCTGTCCACAGCCAGGGATTTGGGCAAACGTATTGAGTCGTTTAGCAAGGGTCTCATG
GAGACCCTAAAGTTCGACAAGCGATCCACGAATCCCTTCGAGATGGAAATTGAAATCGGAGCCACCGAAGTCGAGGAATCGGCAGACTTGAGAAA
TGGCCAAAGCCAAAGTGTAAGCCAAAGTCAGAGTCAAAGTCAAAGTGTTCCGATAAATGGCAATGAACGAACCGCTGACTTTGAGTTCGCAGAGC
AATCGGCTCAACAGTCAATGCCCCAGCATCTGCACTCCGATTCGGAGGAGGCTCCGCTGGAGGTTGCCGGCATGGCTGCCGGTGGCGGAGTAAGT
GTGGCAGATGGATCTGGTGGAGTGGCAGGAGTGGGCAGTCAAGCAGCTGCAGTGCAGCTGCTCGAGGTCTTTAATCTGGCCGCCTCCAATATGTT
CCACACGTTACTGCCACTGGTCTATGCACATATTGCCAATTTGGCTTGCAGTGATCCAAAGAGTTCCGTCCAGATTCTGGGCTTAATCAAGGAGA
TTCTGCCGCATATCGCGGCCCTAAATCAGTTGCACGTGTCCAAGGATCAGCGACAGCCGGAGCCGGCTATTTTTGCTACACAGACCTCTGGTTCT
GGCAATTCCAATTCGAGCAGCACCACCAGTAACCATTATTGTGTAGTGGAGAGTGACCATCCGTATAAGAGTGCTAGCATTAGTAGCTATCGCGT
GGAGTTTCCACCTTGCGTACAGTGGCTCACCATCGAGTTTGACCCGCAGTGTGGCACTGCTCAACTGGAAGATTACCTGCTCCTGTCGATTCCCA
TGCGTCCAGCATCGCAGGCGCCGCCAGTGCCGCATGTGGATGACTATTTGGAGCAGGCGGATAACAATGTGAATGGAGCGGGGGACAGGAGGCGC
AACACGGGCGGTGGCATCGCCGGTAGTGGCGCAGCACCGAACACCCATCAACGCTCCGCCAGTGTCCAGTTGACCATGGCCAGTTGCTGCCGGAG
TCCAGGTTGTGGAAATGCTCCGGGATCTGCTGCCGCACCCAGTTCAATGCCTCTGCGCAGCCAGGATCCCAATGACAGGGAGTGGATTGTGGTCA
AGAAGTTTAATACTGCTTCCACCTGGCTCCACAATGTCCTCATTCTGCCCGGCAACTGTGTGGAGTTCTCCTTGGAAACAGCCTCACTTTACGCC
CAGGATCCGCACAACAATCGCTATGGCTTCAAGTGTCTAGTGGTTGGCTATGACAATCCCACATCGATTAATGCCAGCAACTCGTGTCTGATACG
ACTTGAACAGGAGTTGGCCTATTTGGGTGGCATGTGCAGTGCCAATCTGATGAAGAAGGAGCTCAATCTGCCAGATGACAAAGACGTGGAGGACA
TGAGCGGCATTGAGGAGACCATCAACACTCATCATACCCTGCTCTCTAAAGGATTTGCCCTATCTGAACCGCAGTTGACCGTTCACCAGGCTTTG
GAATCATATTTACCCATCGGGTGA
(SEQ ID NO: 995)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MVGLLNPLKYGDHFYELYTNSTRSPSDLGLKNRSAALGFRLPIWVFNPYTIHIRSPRCRSTPRFLGVATGGSGQSCAEQLSAALNQLTAMSLATC
INPLMAHEAMVRRLECRSPKMQHDRKVLTKRKSRKDKSAAAMAAAAAAAVLEGNAGAGGLVNPLDPPLVKEQLMILPSFPVAHIELDPNASKFAV
FSAIRSTVLEAETRYSLFQEGGAPSGQSGSNQKKWSNNVNSACCMMCAHSCMISNLLDCSCHAHMAMHGAVGPGNAGPGGPVGVLVDGRIPAPVP
VVVGGPGLPAEKRPRRDSANSDADSDTEEPTEREPVYATVPLIVGAGLRSLFELIADARHVHPLLCTKALKALLDVIQGQQPESFKLEPEELINP
LYDLLLDLATMPAALNSATGAEANWSAMACAALLGLCIARGDTGKMLKAIAAMLMTPRQLSAQIVQLPVVLATLQHTVISAALNKPTRPDFHSHG
VPHNSLIDEFPVKLPPLSTGAPITSPAMACDGVFVYLLYGGTLLKIGTGFGGSYKGHIYAQNEDFSHERSAWLGYSGGQLYFRRTCRRSAGDQLQ
MVGLDTLAIKAMSPLSMLHMREGLNYVLFTDDDSLHAICSNRDDTLVVKKLNLYHNSYNIDPPPFELPLQLARKKFRTLGYAAFEDELLNQYQIQ
RIQSAHNSFEPKLPAPCRDADVDVMGMACGKEFGLVRASNGRVYYYGKSAALGLKCVGRTPTLKLTELVISKAANIVHVAVGHDGIHALLVNDDG
TVFFAGTARRGEDGDSSKNRRQPKAVKPKKMTKIDGHVVVHAACNNGTSAFVTKTGKLIMYGKDTAHCDAMGFVSELLEQHVTKVALGKAHCVAL
NAKGQLFSFGLNNKGQCGRIFNKLQPVKDVPPFASSSTAAACFASLLPLDKRLKLDFSTLCDYDDHNLVQGQCRVCVICRECTGYNVSCVSALNV
PLDQRLAGSICPCGHGDAGCAKCGLCAACIALQDSDEAKTELKPPPSDVQQRQQRSKTLIMRRKERKGELETGAAGGGAATPTDLDKDPPRVAPL
APQLLQLTSSSPVVQVACGLHHTVVLTLAGEVYTFGSNQYGQLGSGDLQPVSGPVRVQVPGAISQVAAGSNHTVLLTSKGMVYTFGNYQKGQLGR
LPSDYGLKPPPQDDDSPVGAGSDGGAGGSPTVAPVGMPGPERSQSPANVQPSGSKEMPPLLPVLTQRQKFLWNCSPGAVFGLGPCYGKKVTWIGA
NGDQTFIKIDESLITAQMLPKMHVVANKKTILLIPSIPLSFHTLSINRRDGSCTAHYRGQTNFVKLMQAQPEQQQPEINSNLDVAVTPVADSPAH
ASTSSLLAALTGTATAGVPINEQMSRSMHEARNQIFEEQLPEVGSSAAAAAVAAPGTPVSAGSVPRSRRGGKQGTSSPEPIPSPPQLAFTMDPTY
NVLWVFDGAARKLRCHNVVASDINDSDANAATYRSLLSPELSLPDRVDSRVARSQASLNLLACLDILTSAQDNIPGCFEQPLLKQTQQTAETQAG
EFQVVNRFDNFGGGWGYSGHSVEAIRFSADTDIVICGFGMFGGRGEYSCKLKLFDLGGDGGGYEKEGILISETKEVPYECGARSKHHILLPKPVS
AVAGRWYLVWARIAGPSSDCGSCGQASVTTEDQVVFSFKSSKKANNGTDVNSGQIPAILYRLVTQDCKQTPAQMDADPVQRISRAFANSVSRECF
ESLVVLLSWSWDCFKLQLREERDRSRPLQLQQSLQYLGYVIKSCLRLLRKYTIEIYPQRNSSTSVATGGGSNAAHDKNTPRVVGNAGVMAKYFGD
PSTSVAPAMISSASSGGAPSTSASAAVAPGSGTPVTRKTNMENIQLAECIGNVRALLIGIFCDDIFKDIATDEGYELSLEILDECHLSFVACFDA
FYPTSSLKWNCLCDLLAQMDRGALHSRLLSAILAGLCSPSVKLRATFSLLSAAGNERQSIISPSDNSGLPMLSSTDAHPYPVLVEQMIYRTQQEK
SDFLSNSWTFKDVLVRLLDIIASPIRSRIEAIYSRSLGSLGYPGGKDCVNQGLIDNCCHLLARVLAEIVYQTAMGEYDKLFMPPRTLHSTGARFA
RCDVSRTWNTGNFGPDAIAFAVDRPGVAIAGAMVYSGSGSYDYQLELLYDNTADLQPQHKWETLESVSGSYDQDAVHNDLAEIKFDHPVHIKENA
RYALRLCSQGARTCSGDAGMPAVRGPCGAQFHFYACDLSFNGTTPARGQLPCILYYSTPMKQDGHSASGRTGDGSNVATHLEDRIMLLGPHEVST
RDTALQIAADITKKCTELLILARNAMAASCSPSDNSSNHTQTIDSEHNITPIEEHMDINWANNSRTAALPTAIDPQLSTARDLGKRIESFSKGLM

ETLKFDKRSTNPFEMEIEIGATEVEESADLRNGQSQSVSQSQSQSQSVPINGNERTADFEFAEQSAQQSMPQHLHSDSEEAPLEVAGMAAGGGVS
VADGSGGVAGVGSQAAAVQLLEVFNLAASNMFHTLLPLVYAHIANLACSDPKSSVQILGLIKEILPHIAALNQLHVSKDQRQPEPAIFATQTSGS
GNSNSSSTTSNHYCVVESDHPYKSASISSYRVEFPPCVQWLTIEFDPQCGTAQLEDYLLLSIPMRPASQAPPVPHVDDYLEQADNNVNGAGDRRR
NTGGGIAGSGAAPNTHQRSASVQLTMASCCRSPGCGNAPGSAAAPSSMPLRSQDPNDREWIVVKKFNTASTWLHNVLILPGNCVEFSLETASLYA
QDPHNNRYGFKCLVVGYDNPTSINASNSCLIRLEQELAYLGGMCSANLMKKELNLPDDKDVEDMSGIEETINTHHTLLSKGFALSEPQLTVHQAL
ESYLPIG*
(SEQ ID NO: 996)

Name: RCC1 (regulator of chromosome condensation) protein homolog
Classification: DNA_binding

Celera Sequence No. : 142000013384684
TCTTCACCTGGCCATTGACGTTTTCCAGCGCAGATGCAGCAACGTTACTCAGAGCACTCATTGCGTGTTGCTGATCCGGCTGGTGGTAAAGATGA
CTTTGCCCTGAGCTGCCAAACTGAGACACATTCTTCATGGAGCCATTGGACTTATCAACCTGGTATTCGTTGTAGCCGGAGCTGTTGGCGGACTG
TGGAGATGTTAGGAAGTTCGGCACATGGCGGTAGGACTTGCGCGGCTGGATGTGCTGGTCCAAGAACTTCATTTTCTCCAGGTATGGACGCGACA
GGTGTTCGTAGACAGGTGGATCGCCCTGCTTCCGCTGCGACACGTAGCGTTCGCGTAGGTACTTCCACCGCTTCTTGCACGTGTCCACTGGAAAG
GAGGGCAACATTTATATAGAGGATCTGCCGGAGGAGCGCGTCTTCCTCACCATCCGTGCGCAGCTTCATCGCAATCAGCTGCCAGGCCTCGTCCT
TCGTCTCGTACTTGCCACCATTGGCGCCGCCGTTGAGGTAGTACTTCTGCCGGTTGTAGATCACTCCGTGCTGCGCTACCTCGTCAATTAGCTGC
TCATCCATCATTTTAGTTTAATTCGTGTTTTCAGCTGCCAATTTGCCTTTGGTGTATGTCAGGCCATTTCCAACACTGTTCATGGGACATCGAAA
CAGTGTGACCGAAAATGTAGCAGCAGAGTGTCAAATATAATTTGAAGATATTGATATCGAAATATATTCGACAATTTGCATCATGTTTAAATTCG
TCAGCATTTTGATTTATATATAGTAATGCATTTAATTAATTAACACGCAATAAAATTAATAATTTCAGCAAAAGTAAATCATTTGCTGTTCCTGA
ATTTACTAAATAAAAATGTTTAAAAATTTAACTTATAAGTTACCTTCACAAAATTCTCGAAAAATAAAAGTCAGCTATAAAATAGTTGCTATAAA
CGTATTATGGTTATTTGAAATTTTAAGGTGGGTTCTTTTGCGAACCGAGATTCAGTCACACTGGCAATTTGGTACCCGAAGTTGAATTGCCGTTT
TGTGAAGCGGATAGTTACCTGCCGATAATCTTAAATAAAAATGTTTAAACTGGCCCGTATGCTCCTGCCGCAGCAGCGGATCCTGGCCAGCCCGC
TGCGCCTGCAACGCCTGATCTCTACCAGCGACGAGGTCAACGCAGAGCCCATCATCAAGTCCATGGACACCATTGGCGGCCTCCCCACCGAACTG
GTCAACGAACAGAAGCTGAAGAAGACTAGCAGGTAATCAATCTACCGGTTTTCGCACTTGACCTTTGCCTTGCCTGTTTGTTTTGTTTACATTTC
GACCGGTATGGGCATGGGCATGGTATGCATGTATCGGAGGCCTGTTTTGGGCGTGATTTTCGAAAAGGAGTTTCGGGGTCTTTTTTTCTTGATTT
CAAGTGGGGGAGAAAGTTTGTATCGAGCCGCTTATGCAGTCACGTAGACCATAGATGCGTGCATGTGTGTGTGTATGTATTTGTGCCTGCCTGGT
GGTGTCAGTTATGGGCTCTATTGTTCTTGACTTTTGTTTTGTCCACAGAACCTTATCGACGCTCCAAAATCACTCGGTTCCCATTGCCGCTCGCG
TCACGGTGTCGAAAGATGAGAGTCGCGACTTTATGGCCGTGTTCCCAGGTGAGATTTGTTTATTTATGCCCAGTAACAATTATCATGCAAATACT
AATGCTAATTATATTTCGATGTGCAGATCTTGTGCGTGACATCACCACCGTGACGAAGGCATACAATTGCAGCGACGCAGCCAAATGGTTCGCCC
AAGTCCTCCAGTACAATGTGCCCAGGGGCAAGAAGAACCGCGGCATCCTCACCGTGCTCACGTATAAGAATCTAGTGCCCACCCAGGATCTTACG
CCGGAGAACATAAAGCTCGCCCAGTATCTGGGCTGGTGTGTGGAAATGGTAGGAGTTTTATGCATTAAATAGTTTTCCTAATACAAAGTTATCGA
TCATCTTTTCAGCTCCAAAGTTTTTTCATCATCTCAGACGATGTGATGGACAACAGCACCACCAGACGCGGCCAACCCTGCTGGCACAAGGTGGA
GAACGTGGGCCTGACTGCCATTAACGATGCTCTTATGATTGAAAACGCCATGTATGCCATTCTCAAGAAGCACTTCAGCCACTTGGACTGCTATG
TCGCCCTAATGGAGCTCTTCCACGAAATCACATACATCACTACCTGCGGACAATCGTTGGACCAACTGAACTCGAACCGCTGTGTCTCGGAATTC
ACAATGGAAAACTACAAAGCAATTGTCGAAAATAAGACTGCCTATTACTCCTTCTACCTTCCATTCGCACTTGCTTTGCACTTGGCTGGGTAAGT
AATGGCCATACATATATAAGATTCCGCTTATTAATCTTCCGCTCTATTGTTTAGCTATAAAGACGCAGAGGCCTTCCGTCAATCGAAGACCATTC
TCCTAGAAATGGGCAACTTTTTCCAGGTTCAAGATGATTTCCTCGACTGCTTCGGTAATCCGGAAGTGACTGGTAAAATTGGAACCGACATTCAG
GACAACAAGTGCTCGTGGCTGGCAGTGGTGGCAATGCAGCGAGCCAATGTCGAGCAAAAGCAAATCATGGTCGATTGCTATGGCAAAGAAGGTAA
AACTAGCTTAGCAAACCCGCACAATTAGACATTGACTTTTGAATATTAACCTGCAGAACCAGCTAAAGTGGAGCGAGTGAAAGAACTGTACAAGG
AACTTGGACTGCCATCCACCTATGCCATTTTCGAGGAGGAATCCTACAACATGATTAAAACGCACATACAACAAACCTCACGCGGGGTGCCTCAC
CAGACCTTCCTGCAAATACTCAACAAAATCTACCAACGTGACTCCTAAATTACTCAAGCGCAACGACTTTACGGATACGTTTTTAATTAAATTGT
AGTTTTAGCATTTACATGGATGAACTGTTAGCAAGGGCTCAGCAATTACAACCGATATGAACTTTTTACTATACATACAATGTTCTTTGCTTAAT
CGTCTGTAAAATCAAAGGGCGCAAAAGCCTTTCGGAAATCTTCCACATACGCCACTTCTTCGTCCTTATCGAGAAGGCAATCCTTCCAGTTCACT
TTTTCATCGCAGTTAAGAAGATTCTCCGAACAGAACACGTCCCTGAAAAAATGAGTTTAGTCAAGAGTTGGTAGCTTAAATCGAGAAGTTAACGC
ACCTTGCGAAATGAATGGGAAAGTGTTTCATTTGCCGCGTTATAAGTGTGCTATCGTCGGGTAACTCGGCCAGGAAATAAGGTCCCATTTCAGGC
AGCATTTTCTCAGAATCCAATGCGGGAAGTGTCTCAAATTCCAGATTAAATTCCTCCGCCTTATCCTGCAATGTTGTGGGATATACATCATATGT
TATAAAAGGTTGAATGTCGTGAGCATACCTCAAAACTATGTTTTATCTTCCAGGCATAGCCTTCTTCAAAGGCAAGCGCGTTGATTTGTAGGTGA
ACCGATTTATAGTGCCGTTCAGTAAAACACACCACTTGGCCTAACGTTTTGAAGAACTTTCGCAAAGCTGCCTTGAACTTGTTGAGCTCCTTCCA
ATCATCTGGACTTAGTTGAGCAGCGCAGGGCACATGCTTGGTGGACAATATCATGACATGGTGTTTGTTAATCGGTCCTTTGGCCAGAGCAAGAT
AAAAATGTTCGCCCACAGTGATAATGAGATGCTTCTCCACATCAGGTGAGGATAAACAGAACCAGCATTTATCTACAAATATAGGAATAGTATTA
AGGATGCAGCTTGTAAAATTAAGTACTAGACAAACCTTGCTCAATCTGCGGTATTCTAGGACGTTTATCTCTTTTGTTATTATCACCGCCTTGTC
GCTTGCGTCTGCCACCATCCATGTCGTAGAAGTATTGTCGGTTTTCTGACTGAAAGAATATATAATTAGTCACTTGGAGTACTTATAGATATGTA
AAGGTTACCCACCGAATCATTCTTGCCAATAGCTC
(SEQ ID NO: 997)

Exon: 1001..1267
Exon: 1569..1663
Exon: 1737..1948
Exon: 2008..2369
Exon: 2430..2656
Exon: 2717..3025
Start ATG: 1086

Transcript No. : CT26006
TTCAGTCACACTGGCAATTTGGTACCCGAAGTTGAATTGCCGTTTTGTGAAGCGGATAGTTACCTGCCGATAATCTTAAATAAAAATGTTTAAAC
TGGCCCGTATGCTCCTGCCGCAGCAGCGGATCCTGGCCAGCCCGCTGCGCCTGCAACGCCTGATCTCTACCAGCGACGAGGTCAACGCAGAGCCC
ATCATCAAGTCCATGGACACCATTGGCGGCCTCCCCACCGAACTGGTCAACGAACAGAAGCTGAAGAAGACTAGCAGAACCTTATCGACGCTCCA
AAATCACTCGGTTCCCATTGCCGCTCGCGTCACGGTGTCGAAAGATGAGAGTCGCGACTTTATGGCCGTGTTCCCAGATCTTGTGCGTGACATCA

CCACCGTGACGAAGGCATACAATTGCAGCGACGCAGCCAAATGGTTCGCCCAAGTCCTCCAGTACAATGTGCCCAGGGGCAAGAAGAACCGCGGC
ATCCTCACCGTGCTCACGTATAAGAATCTAGTGCCCACCCAGGATCTTACGCCGGAGAACATAAAGCTCGCCCAGTATCTGGGCTGGTGTGTGGA
AATGCTCCAAAGTTTTTTCATCATCTCAGACGATGTGATGGACAACAGCACCACCAGACGCGGCCAACCCTGCTGGCACAAGGTGGAGAACGTGG
GCCTGACTGCCATTAACGATGCTCTTATGATTGAAAACGCCATGTATGCCATTCTCAAGAAGCACTTCAGCCACTTGGACTGCTATGTCGCCCTA
ATGGAGCTCTTCCACGAAATCACATACATCACTACCTGCGGACAATCGTTGGACCAACTGAACTCGAACCGCTGTGTCTCGGAATTCACAATGGA
AAACTACAAAGCAATTGTCGAAAATAAGACTGCCTATTACTCCTTCTACCTTCCATTCGCACTTGCTTTGCACTTGGCTGGCTATAAAGACGCAG
AGGCCTTCCGTCAATCGAAGACCATTCTCCTAGAAATGGGCAACTTTTTCCAGGTTCAAGATGATTTCCTCGACTGCTTCGGTAATCCGGAAGTG
ACTGGTAAAATTGGAACCGACATTCAGGACAACAAGTGCTCGTGGCTGGCAGTGGTGGCAATGCAGCGAGCCAATGTCGAGCAAAAGCAAATCAT
GGTCGATTGCTATGGCAAAGAAGAACCAGCTAAAGTGGAGCGAGTGAAAGAACTGTACAAGGAACTTGGACTGCCATCCACCTATGCCATTTTCG
AGGAGGAATCCTACAACATGATTAAAACGCACATACAACAAACCTCACGCGGGGTGCCTCACCAGACCTTCCTGCAAATACTCAACAAAATCTAC
CAACGTGACTCCTAAATTACTCAAGCGCAACGACTTTACGGATACGTTTTTAATTAAATTGTAGTTTTAGCATTTACATGGATGAACTGTTAGCA
AGGGCTCAGCAATTACAACCGATATGAACTTTTTACTATACATACAA
(SEQ ID NO: 998)

Start ATG: 86

MFKLARMLLPQQRILASPLRLQRLISTSDEVNAEPIIKSMDTIGGLPTELVNEQKLKKTSRTLSTLQNHSVPIAARVTVSKDESRDFMAVFPDLV
RDITTVTKAYNCSDAAKWFAQVLQYNVPRGKKNRGILTVLTYKNLVPTQDLTPENIKLAQYLGWCVEMLQSFFIISDDVMDNSTTRRGQPCWHKV
ENVGLTAINDALMIENAMYAILKKHFSHLDCYVALMELFHEITYITTCGQSLDQLNSNRCVSEFTMENYKAIVENKTAYYSFYLPFALALHLAGY
KDAEAFRQSKTILLEMGNFFQVQDDFLDCFGNPEVTGKIGTDIQDNKCSWLAVVAMQRANVEQKQIMVDCYGKEEPAKVERVKELYKELGLPSTY
AIFEEESYNMIKTHIQQTSRGVPHQTFLQILNKIYQRDS*
(SEQ ID NO: 999)

Classification: enzyme
Gene Symbol: Fpps
FlyBase ID: FBgn0025373

Celera Sequence No. : 142000013384577
GTTGGCCAAGTAGCGCGTACATGTGTGGGTTTTCGCCATTTAAGGCGTGCACCCAGCACGAAAGTCGCTTTGTACGCAATTTACCCAAAGTGTTG
GTCGGTTTTCGATTTTTGTCGAACCACCCCACGTTCAGTAAGTCTAGAGAAATCTCTTTCTAAACGGATTTCCAGGAAACCCACGGCACTCACAC
TGTTCACACGCTGCGGTAAAAATTCAGAGTGACCGTCGACAAGCGGTAGTACTGGAACACAAGTCGCTGTTCGCTCGAAACAATCGATGTGTGCC
AAAATTCGATCACGATATTCCTCGCAATCGATTGTATTCGCTATTTGCCTTCGTAAGTCCCGGTTAGACCAGCGGCATGAAAAGTTTAAATTCAC
TTCCACATTCGAGTACTATGAGATAAGATTACTGTACTTAAACTCAAAAAGATTCAAAACAACACTGATCGTTAAGCTACTAAGACAAATAGCTG
GCCGGTTCCAGTCCCACGATTTAAAAACAGTTCACTGAATAGCAGCATATGTAAAATTCCATACTTTCATATATTTGTATAATATGATTCACATA
AGGTTGTTGTTCAAATGGTTGAATACTACAATTAAGTCTTTACAACAAGAGAATGTAATCTGTTGGAAAACAATATTACAATCAAATTTATTAAA
CAAATATAAGATTCGGGTTTAAATATTTATACTGGTGGAAAACTTTGATGGGCGTAATATCGATAGCAAATAAAATAGCGAAGTCAGGCACCCCA
GCTCTGGGTCTGCAGCCCTGAACTTCAAGTGGCACCTCCAAAATAACGTAAAAAAGTGCAAAATAATACAAATTGAATTCAAAATATTTGCATTA
TTTTATGCTTTGTTTTTCTTTACCATACACACTGCGAAGCCGCAGCGAAATTGCCGGATATCCGCTAACATCTGGCGATAGTTGGCGATCGATCT
ATCGATAGTCGCTAATGTTTTCTTACATCACTAAAACTTTTGCAAGATGGAGCCTCTTTTGCTTGGTTTTAACAAATCAGTAGCAGCACGTGTAT
AAAAAGTGCCAAATAATTTTCAGAAAATGTTAGTATATACCCTAGATTAAGCGTTTGAAATGTAAAAAGCCGCAAGGCGATCTTGTGCCGCATCG
ATTCCGCAACTGCTTAGCATAATTTCCGCGTGTTTTAATGCAAAAAACGCGATTTTAAATTTCTGACGGTCAAAATGAGTGGAAAAAAATTACAC
GCCCGTATGACAGTGCAGGGAGTGGGAGTGAGAGGCAGCCACCATGCGAGCGAGAGAGAGCGAGCGCAGTGGTTGCTCCAAGAGAGTTTTGTTGC
TGGACTCGGTCTTTGCACCCCTCCCCCTTCGCCTTGGCGAAACCTAGAACTCCGAACTGGGGACTTTTGTTGAAGTCCGGTGACGTCGGTGTCGC
CACTTGACTGGATTTTATGCACTCTCGTCCGTCCGTTCGCTTGACTCATGACTGGACAATGACGCAGACCGCTGATTCTATCTTTAGTGGACGAC
GGCATTCGTGGGCTGATTTAGCCTTGCTCCAACTCAATTTTCGATTTGCTTTGGAATATTTGCCTGTCAGTCGGTTTTTTTTTCTATCCCCACC
CCGCCGTACTGTCAAAACTACTGCTATTTTCGATCAACTACTACCATTCGCAACTGGTGTTAGGCAACACTGGCGCCACTGTTACGTGCTAATAT
CGCTCGGCTGCTCTCGCCCGTTGACATTGACACGAACGACACTAGGGTCGTCCCGCTCGCACACGCTCAGGGGCGGACTCTCGCCGCTTGTCGCT
CAAAAAGGCTGCCTAGCTATCGCTTTCGGTCTCATACGTAAAGTCACCGCTTCGCAGAGCGCATCGCAGCACAAACGTAACGGACTAAAAGCAAA
GCGCTCGATAGCTCGAGAAAACAACACAGTCGGCGTTCGGCCCGAATTCTCCGTTATTCGTTCTAGACAAATAGGCAAACAGTTGATTGAGTGAA
CCGGGCCCAAGCCGTCGAAATTCAGGATATAAGTTTACCTAGTCAATTCTTTATTGTTGATAATGTGAGTGGTTGCCAAGCGGCGCTCGCGGTTT
TCGATTCTCCCTCCACCAGCCTTACTTACTTTTCGCTTTTCTGCCATTCGCCATAACCAACAATTGTGGCTGGAAAATTTTTTACCCCCGTCCCG
CTACTGCTTTTGTTGTTGTTTCCACTGTTCCGCCCCACTAACGCATTCTCGCTTTCTTGCAGGGATGACCGAAATGAGATACCTCAGGATGGCCC
CGCCAGCATGGAACCCGAGGGCGTCATCGAGTCCACCTGGCACGAGGTGTACGACAACTTCGATGACATGAACTTGCGCGAGGAGTTGCTGCGCG
GCATCTACGGTTATGGTTTCGAGAAGCCGTCGGCCATCCAGCAGCGCGCCATCATTCCCTGTGTGAGGGGTCGCGATGTCATTGCCCAGGCCCAG
TCGGGTGAGTAAATGGCTCCGAGTCCCCCATCATCATCTTCACCATCATCCCCCTCGATCAGTCACAAAGAAAAACTTTCGAGAATGTGCAAAAT
CGGCGAAAAAACAGCACGATGACTCAGCCGCTGCGCCTGTATTTCTTTGTTGAAATTCCGCTTTGCAGCACTCTCTTTCTTCTCCTTATACTCTC
TCTCTTCCGTCCGCTCTCTTCGATTGTCGGCGTCGTTGCGCTTGCGCGCCACTTTTCGCTGACCAGCTGCGTTTCGGTTTCTCGGCCGCCAGGCC
AGAAGAAAGTTCCCAGAAAGAAGGTCGCTCTTCGAGCGCTCTTGGCGAATTCCAGCTGCTATGCGTTTTTAAGGTCATCTGTTCCAAATGCGATC
TACCTACATTGCTCATTCGGCACTAATCCATTTTGCAGGCTCTGCAAAAGAGGCTCTATATACATATTAATATAGTTCATTCTCAACTCCTGTTT
TGTGTTCTGGCACTTGCACCTGCCTATCGATGTATAGGCAGGGATTAGTGGCCAGCTCGACCCTGAAATGGCACATCAGCTACCTGATGAAACGA
TGGACAACTGTCTTTATTCCATTGATCTTTCCGTCATTCAAGTTTACGCCTAACAGAATTGCATAACAAATGGCGTACTGGTTAGTCGAAAATTG
GAATTTTGCTGAATTTCCATAAGAATATCACATAGTTAGAAAAGTAATTGTGTATAGTCCGTAGCACACACTATTCTGCATACTAACCATTTTAC
CTTTAATCTCCTCCGTAGGAACTGGCAAGACTGCCACCTTCTCGATTGCTATCCTTCAGCAAATCGACACGAGCATTCGCGAGTGCCAGGCGCTG
ATCCTGGCCCCCACTCGCGAGTTGGCCACGCAGATCCAGCGCGTGGTGATGGCGCTCGGCGAGTACATGAAGGTGCACTCGCACGCCTGCATTGG
CGGCACTAACGTGCGCGAAGACGCCCGCATCTTGGAATCCGGTTGCCATGTGGTGGTGGGCACTCCTGGCCGCGTCTACGACATGATCAACCGCA
AGGTGCTGCGCACCCAGTACATCAAGCTGTTCGTGCTGGATGAGGCCGATGAGATGTTGTCCCGCGGTTTCAAGGATCAGATCCAGGATGTCTTC
AAGATGCTGCCCCCAGATGTGCAGGTCATCCTGCTGTCCGCCACCATGCCGCCGGATGTGCTCGAAGTGAGCCGTTGCTTCATGCGTGATCCCGT
CAGCATCCTGGTTAAGAAGGAGGAACTGACCCTTGAGGGTATCAAGCAGTTTTACGTCAACGTGAAGCAGGAGAACTGGAAACTGGGCACCCTTT
GCGATCTGTACGATACGCTGTCCATCACCCAGTCGGTAATCTTCTGCAACACCCGTCGCAAGGTAAATTCACTCATTCTTATAATTGTGTGAAGC
TGGATTAGTTTCAATCGCAAAGCCGATAAGTTGCTAACAAAAATGTCTACCCATTCTTCAGGTGGACCAACTGACCCAGGAGATGTCTATCCACA

ACTTCACCGTCTCGGCCATGCACGGCGACATGGAGCAGCGTGATCGCGAGGTCATCATGAAACAATTCCGTTCGGGCTCGTCTCGTGTTCTGATT
ACCACTGATTTACTGGCGCGCGGTATTGATGTGCAGCAGGTGTCGTTGGTCATCAACTATGATCTGCCCTCGAACCGCGAGAACTACATTCATAG
GTAAGTGCTCACCACCTCGCCCCTGAATCTACTCAGCTATGTGCTATACTAAACATGATACCATCACTTTCAATCTATTTCAGAATTGGTCGCGG
TGGTCGTTTCGGTCGCAAGGGTGTTGCGATCAACTTTATTACAGATGATGATCGACGAATCCTTAAGGATATTGAACAGTTCTACCACACAACAA
TTGAGGAAATGCCTGCTAATATTGCCGATTTGATTTAAATTTTTTCTGCTGAGCCGCAAAACAACTAAGAAAGAATTCTAAACAAAAAGTGAGTG
AGCAAAACAGCAAACAAGAACTGCGAAATCGATAACCGAGCGCAACTATAAATTATTCAAAGATCAACAAGTCAAGTTAAATATTTATTATTCAA
ATATTAATTCGAAAAGGCAGCCGACCGACCACCCAAAAAAAGGACTAAACCAGGACAGAGCAGCAACATCTTCAGCAGCGGCGCAGCAGCAGTAA
CATCAGCAGCAGCGGAAGCGGCAGCAACACCACCACCAATTGCCGATTAGCCGGAACCCCTCTGTATCCATTTAGTTCTCTGTGTATCATCAATT
TTAAAACTGCGTTGTCAACCAGCAACAACAAATATATACAAATATATAAAAAAAAAAAAACAAAACTTAAAACAACATTTGCATCTATCTAAAAA
AAGTAATATCTGAAACCAGGTACAAGATACCACTTGCTAAGAAGAGCGAGGAACTAAACGCAAAAGCCACAATATCAGAACACCTTTTTGCCGCA
CCTTTGTTTTAGCTTTTTCTAGAACTATTGATAAAAATATATTAAAACAAAACAAAATACATATGTACACATTATGTTTAAATATACCACTCCTA
AAAAACAGCTGACAACCGAAGCAACATTTTACGCTAAACACGAACACACAGCGAATCCACCCAGATCTATAAATGTATTAACATATAGCTATATA
TCTTTCGGGGTATGGCCAAAAAATATATGGTTGCCGCTATTGGGTGTATAGCATGAGTTGATATAGCTGTGGATATATACAATTGGGTGGTATTG
TAGATTATGTTTAACAAAGCGGAAGTAAATTCCTTATCTCAAAACAGTAGAACGAAAATGGCTGTTTTTGAAAAGTTTTTATGTATCTGTTACGT
ACGGGTTGGGTTAACCTCATATTAACCCAAACCTTTTTAGCCAATTTCATAAGCTTTCGCTTTAAAACCAGCTCTCTAAGCAAGATGAGTTCCAA
AAGTTAAACTAATTTTTTAAAACTTTCAACACCACTCCACTGCATATACTTTTAAAACGAAAGCGCAGTGGGTAAGTTGCATTTCGTTAAGCCTT
CACATCAACTTATCGGTTGAAATTCTGATAACAAGCTATCGATAATCTATCGATTCGACTCGCAGCCCTATCACGTCAGGTCATATTAATTTTTC
AATCCGCCCAGTTGGATGTTTGGACAGTTTCCTTCCTCGCGCCGGTCGATAATGTTGGCCAACTAACACCGACCTGTAGCACGTCACCCGTAATA
ACCCATAACCGCAACCAGTCCAAGCATCCAAGATGGGACAGAAAGTTTCGCGCACCGACTTCGAGTGGGTGTACACGGAGGAGCCGCAC
(SEQ ID NO: 1000)

Exon: 1001..1073
Exon: 2248..2474
Exon: 3249..3862
Exon: 3957..4180
Exon: 4264..4789
Start ATG: 2288

Transcript No. : CT26044
AGCCTCTTTTGCTTGGTTTTAACAAATCAGTAGCAGCACGTGTATAAAAAGTGCCAAATAATTTTCAGAAAATGGATGACCGAAATGAGATACCT
CAGGATGGCCCCGCCAGCATGGAACCCGAGGGCGTCATCGAGTCCACCTGGCACGAGGTGTACGACAACTTCGATGACATGAACTTGCGCGAGGA
GTTGCTGCGCGGCATCTACGGTTATGGTTTCGAGAAGCCGTCGGCCATCCAGCAGCGCGCCATCATTCCCTGTGTGAGGGGTCGCGATGTCATTG
CCCAGGCCCAGTCGGGAACTGGCAAGACTGCCACCTTCTCGATTGCTATCCTTCAGCAAATCGACACGAGCATTCGCGAGTGCCAGGCGCTGATC
CTGGCCCCCACTCGCGAGTTGGCCACGCAGATCCAGCGCGTGGTGATGGCGCTCGGCGAGTACATGAAGGTGCACTCGCACGCCTGCATTGGCGG
CACTAACGTGCGCGAAGACGCCCGCATCTTGGAATCCGGTTGCCATGTGGTGGTGGGCACTCCTGGCCGCGTCTACGACATGATCAACCGCAAGG
TGCTGCGCACCCAGTACATCAAGCTGTTCGTGCTGGATGAGGCCGATGAGATGTTGTCCCGCGGTTTCAAGGATCAGATCCAGGATGTCTTCAAG
ATGCTGCCCCCAGATGTGCAGGTCATCCTGCTGTCCGCCACCATGCCGCCGGATGTGCTCGAAGTGAGCCGTTGCTTCATGCGTGATCCCGTCAG
CATCCTGGTTAAGAAGGAGGAACTGACCCTTGAGGGTATCAAGCAGTTTTACGTCAACGTGAAGCAGGAGAACTGGAAACTGGGCACCCTTTGCG
ATCTGTACGATACGCTGTCCATCACCCAGTCGGTAATCTTCTGCAACACCCGTCGCAAGGTGGACCAACTGACCCAGGAGATGTCTATCCACAAC
TTCACCGTCTCGGCCATGCACGGCGACATGGAGCAGCGTGATCGCGAGGTCATCATGAAACAATTCCGTTCGGGCTCGTCTCGTGTTCTGATTAC
CACTGATTTACTGGCGCGCGGTATTGATGTGCAGCAGGTGTCGTTGGTCATCAACTATGATCTGCCCTCGAACCGCGAGAACTACATTCATAGAA
TTGGTCGCGGTGGTCGTTTCGGTCGCAAGGGTGTTGCGATCAACTTTATTACAGATGATGATCGACGAATCCTTAAGGATATTGAACAGTTCTAC
CACACAACAATTGAGGAAATGCCTGCTAATATTGCCGATTTGATTTAAATTTTTTCTGCTGAGCCGCAAAACAACTAAGAAAGAATTCTAAACAA
AAAGTGAGTGAGCAAAACAGCAAACAAGAACTGCGAAATCGATAACCGAGCGCAACTATAAATTATTCAAAGATCAACAAGTCAAGTTAAATATT
TATTATTCAAATATTAATTCGAAAAGGCAGCCGACCGACCACCCAAAAAAAGGACTAAACCAGGACAGAGCAGCAACATCTTCAGCAGCGGCGCA
GCAGCAGTAACATCAGCAGCAGCGGAAGCGGCAGCAACACCACCACCAATTGCCGATTAGCCGGAACCCCTCTGTATCCATTTAGTTCTCTGTGT
ATCATCAATTTTAAAACTGCGTTGTCAACCAGCAACAACAAATATATAC
(SEQ ID NO: 1001)

Start ATG: 114

MEPEGVIESTWHEVYDNFDDMNLREELLRGIYGYGFEKPSAIQQRAIIPCVRGRDVIAQAQSGTGKTATFSIAILQQIDTSIRECQALILAPTRE
LATQIQRVVMALGEYMKVHSHACIGGTNVREDARILESGCHVVVGTPGRVYDMINRKVLRTQYIKLFVLDEADEMLSRGFKDQIQDVFKMLPPDV
QVILLSATMPPDVLEVSRCFMRDPVSILVKKEELTLEGIKQFYVNVKQENWKLGTLCDLYDTLSITQSVIFCNTRRKVDQLTQEMSIHNFTVSAM
HGDMEQRDREVIMKQFRSGSSRVLITTDLLARGIDVQQVSLVINYDLPSNRENYIHRIGRGGRFGRKGVAINFITDDDRRILKDIEQFYHTTIEE
MPANIADLI*
(SEQ ID NO: 1002)

Name: eIF4A
Classification: translation_factor
Gene Symbol: eIF-4a
FlyBase ID: FBgn0001942

Celera Sequence No. : 142000013384577
CAGAGCAGCAACATCTTCAGCAGCGGCGCAGCAGCAGTAACATCAGCAGCAGCGGAAGCGGCAGCAACACCACCACCAATTGCCGATTAGCCGGA
ACCCCTCTGTATCCATTTAGTTCTCTGTGTATCATCAATTTTAAAACTGCGTTGTCAACCAGCAACAACAAATATATACAAATATATAAAAAAAA
AAAAACAAAACTTAAAACAACATTTGCATCTATCTAAAAAAAGTAATATCTGAAACCAGGTACAAGATACCACTTGCTAAGAAGAGCGAGGAACT
AAACGCAAAAGCCACAATATCAGAACACCTTTTTGCCGCACCTTTGTTTTAGCTTTTTCTAGAACTATTGATAAAAATATATTAAAACAAAACAA
AATACATATGTACACATTATGTTTAAATATACCACTCCTAAAAAACAGCTGACAACCGAAGCAACATTTTACGCTAAACACGAACACACAGCGAA
TCCACCCAGATCTATAAATGTATTAACATATAGCTATATATCTTTCGGGGTATGGCCAAAAAATATATGGTTGCCGCTATTGGGTGTATAGCATG

AGTTGATATAGCTGTGGATATATACAATTGGGTGGTATTGTAGATTATGTTTAACAAAGCGGAAGTAAATTCCTTATCTCAAAACAGTAGAACGA
AAATGGCTGTTTTTGAAAAGTTTTTATGTATCTGTTACGTACGGGTTGGGTTAACCTCATATTAACCCAAACCTTTTTAGCCAATTTCATAAGCT
TTCGCTTTAAAACCAGCTCTCTAAGCAAGATGAGTTCCAAAAGTTAAACTAATTTTTTAAAACTTTCAACACCACTCCACTGCATATACTTTTAA
AACGAAAGCGCAGTGGGTAAGTTGCATTTCGTTAAGCCTTCACATCAACTTATCGGTTGAAATTCTGATAACAAGCTATCGATAATCTATCGATT
CGACTCGCAGCCCTATCACGTCAGGTCATATTAATTTTTCAATCCGCCCAGTTGGATGTTTGGACAGTTTCCTTCCTCGCGCCGGTCGATAATGT
TGGCCAACTAACACCGACCTGTAGCACGTCACCCGTAATAACCCATAACCGCAACCAGTCCAAGCATCCAAGATGGGACAGAAAGTTTCGCGCAC
CGACTTCGAGTGGGTGTACACGGAGGAGCCGCACGCCTCGCGGCGCAAGATCATACTGGAGAAGTACCCGCAGATCAAGAAGCTCTTTGGCCACG
ACCCGAATTTCAAGTGGGTGGCCGGCGCAATGGTGCTCACACAGATCCTGGCGCTGTTCGTCGTGAAGGACCTGTCGTGGTCGTGGCTCATCGTG
GCCGCCTATTGCTTCGGCGGCATCATCAACCACTCGTTGATGCTGGCCGTTCACGAGATCTCGCACAACCTGGCCTTTGGACACAGCAGACCTAT
GCACAACCGGATCTTGGGCTTCATCTGCAACCTGCCCATCGGGTTGCCCATGAGCATTTCCTTCAAAAAGTACCATCTGGAACATCACCGGTACG
TGCCAATCGGTTCGAATTCATACCCTAAACCGCACCCTCACGCACACATGGGCATTAACACTTTTCTCTGGGCAATAGGGCGTAGTCACACAGTA
AACAGCGAAAACATCATCCCATTCCGCATTTATCCATTTAAAAGCCGGCTTGTGTTGTTCAACACTGATTGCTCTCCATTGGGTTTCATGTGAAT
TTTCACCCCGCAAACTTGTGAATCAGTTTTCATGTTGTTCCCTTTTGCCGGGCATCGAGTGCGTCTTAATTGCGCCGATTAGATAAGGTTGTAGT
TATATGTGTATCCGAATAGGCGCTCAATTGGTCACGTAGCTCAGTGATTTGCCACTCGACTTCTCGGCTGCAAGTCGCGTTCAGTTGAGTCACTG
CTTCGCCTTCCGCAAAAAGTTCCCGAAATATTATTCAAACTAATTTTATGAGTGTTGTTTATGTTTACAGTTACAGTCATTCACTATGTTTCTAG
TCGTAGATAGTGTTTATCTTATCGCCCAGGTGCACCATTGGGCGGATCATTGATTGTCGTTCAACAACGTCCCAATCCCAAATGTTCGCTTCTCA
GTCCCAACTAAGTCTAAAATAAGTCATGTACGTAAATCATCACAAACTATCTGCATTCTAAAAAAATTATATTGCTAACTACATGCTATGCATAC
ATTGTTCACCGTTCACCAGCTCAATAAACTGTAACGTTTATTTGTCCTTTCAGTTACCAAGGTGATGAGGCAATTGACACTGACATACCCACACT
GCTGGAGGCGCGCCTGTTTGACACCACATTTGGAAAATTTCTGTGGGTGTGCCTGCAGCCTTTTTTTTACATTTTCCGTCCACTGATTATTAACC
CGAAGCCACCTACACGCCTGGAGATTATTAACACCGTGGTGCAGCTAACTTTCAACGCCCTGATCGTTTACTTTCTGGGCTGGAAGCCACTGGCC
TATCTGTTGATCGGCAGTATTCTAGCAATGGGACTGCACCCGGTGGCCGGACACTTTATCTCGGAGCACTACATGTTCGCCAAGGGCTTTGAGAC
GTACTCCTACTACGGTCCGCTCAACTGGATCACCTTCAATGTGGGCTACCACAACGAGCATCACGACTTTCCGGCGGTGCCCGGCTCCAGGCTGC
CAGAGGTTAAGCGCATCGCTAAGGAATTCTACGACACAATGCCACAGCACACCAGCTGGACCCGGGTTCTGTACGACTTCATCATGGACCCAGCA
GTGGGACCTTACGCACGCGTGAAGCGACGCCAGCGCGGCCTGGCCTCCTAAGCCATCGATGCTATTCAAGGTTTCCTGCCATGAATGTAATCTCA
GCGTTAGACCTAAAACGGCTTTTTTATGTATATATACACCGTAGAGACATTTACAGCGGATGCAGAAGAAATAAGGGGAACAACCACACACATAG
CACCAGCTAATCTCTGTGATTAGATAAGGGGCATTCGGACACTTGCAGCGGCTGATATGAACAATTACGTGGATATAGTTTTTGGTATTATTGCT
AGAGTGTGAGCTTAGTTAGGTTCGTTGGCCTAACTGAGAGGCACTTTCGAGCGCTTTAATTAATTGTTACCTCATAAATTGGAAAGCCTGTTAAA
TCTAGTGTGTAATACTTGTCCTATTATACTATTGTCTTAGTATTTTCGATACATATTTATATTGCTTTCAGATCATTTATGTGCAGACACGATTT
GGTGTGATCAATCTTAATCCTTATCGCCGCCACCCTGGCCGATAGCAAGCCACTAATCAAGCAACCAACTACTATTTTTGATAGACTCTTGAAAC
TGTTACCTAAGAATAAAGTCTAAATAATTTGACCGGGGTGGCTGCATGTACAGAATACACTATAAAATTTGTAAGCAAACTAATGAAATAAATAA
CAACATCGTATTGTAACGACTCTGTGACCAATTAAACTTTTTGAAGCTTGCAAAGTTATTGCTTACGCCGATTGCATGTCGCACGTCAGTCATGT
GGGCACAGTGCTATCAACTGATAATGATAATTTCGATAAGCACCTGTGGAACGACAAGGTAGGCAATGCGGTTATATGAATTGCTTGCCAGATAA
CTCACACCTTGGAGAATGTGCACCTAGGAGATCGAGGATGTTTTTCTGCTTTGCAGCCAACTGGATTGGATTAATCATGGCTTAGTTACTTAATC
TATATGTCTATTGTATTGTCGTATTGTATTCTACGCCATCTGGAATGCGATGTATTATCAACATGTTCCTCTTTTAAGGTGCTCTTTAAAAGAGC
TTTGAT
(SEQ ID NO: 1003)

Exon: 1001..1515
Exon: 2239..2806
Start ATG: 1118

Transcript No. : CT26064
GTTGGATGTTTGGACAGTTTCCTTCCTCGCGCCGGTCGATAATGTTGGCCAACTAACACCGACCTGTAGCACGTCACCCGTAATAACCCATAACC
GCAACCAGTCCAAGCATCCAAGATGGGACAGAAAGTTTCGCGCACCGACTTCGAGTGGGTGTACACGGAGGAGCCGCACGCCTCGCGGCGCAAGA
TCATACTGGAGAAGTACCCGCAGATCAAGAAGCTCTTTGGCCACGACCCGAATTTCAAGTGGGTGGCCGGCGCAATGGTGCTCACACAGATCCTG
GCGCTGTTCGTCGTGAAGGACCTGTCGTGGTCGTGGCTCATCGTGGCCGCCTATTGCTTCGGCGGCATCATCAACCACTCGTTGATGCTGGCCGT
TCACGAGATCTCGCACAACCTGGCCTTTGGACACAGCAGACCTATGCACAACCGGATCTTGGGCTTCATCTGCAACCTGCCCATCGGGTTGCCCA
TGAGCATTTCCTTCAAAAAGTACCATCTGGAACATCACCGTTACCAAGGTGATGAGGCAATTGACACTGACATACCCACACTGCTGGAGGCGCGC
CTGTTTGACACCACATTTGGAAAATTTCTGTGGGTGTGCCTGCAGCCTTTTTTTTACATTTTCCGTCCACTGATTATTAACCCGAAGCCACCTAC
ACGCCTGGAGATTATTAACACCGTGGTGCAGCTAACTTTCAACGCCCTGATCGTTTACTTTCTGGGCTGGAAGCCACTGGCCTATCTGTTGATCG
GCAGTATTCTAGCAATGGGACTGCACCCGGTGGCCGGACACTTTATCTCGGAGCACTACATGTTCGCCAAGGGCTTTGAGACGTACTCCTACTAC
GGTCCGCTCAACTGGATCACCTTCAATGTGGGCTACCACAACGAGCATCACGACTTTCCGGCGGTGCCCGGCTCCAGGCTGCCAGAGGTTAAGCG
CATCGCTAAGGAATTCTACGACACAATGCCACAGCACACCAGCTGGACCCGGGTTCTGTACGACTTCATCATGGACCCAGCAGTGGGACCTTACG
CACGCGTGAAGCGACGCCAGCGCGGCCTGGCCTCCTAA
(SEQ ID NO: 1004)

Start ATG: 118

MGQKVSRTDFEWVYTEEPHASRRKIILEKYPQIKKLFGHDPNFKWVAGAMVLTQILALFVVKDLSWSWLIVAAYCFGGIINHSLMLAVHEISHNL
AFGHSRPMHNRILGFICNLPIGLPMSISFKKYHLEHHRYQGDEAIDTDIPTLLEARLFDTTFGKFLWVCLQPFFYIFRPLIINPKPPTRLEIINT
VVQLTFNALIVYFLGWKPLAYLLIGSILAMGLHPVAGHFISEHYMFAKGFETYSYYGPLNWITFNVGYHNEHHDFPAVPGSRLPEVKRIAKEFYD
TMPQHTSWTRVLYDFIMDPAVGPYARVKRRQRGLAS*
(SEQ ID NO: 1005)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: ifc
FlyBase ID: FBgn0001941

Celera Sequence No. : 142000013383842

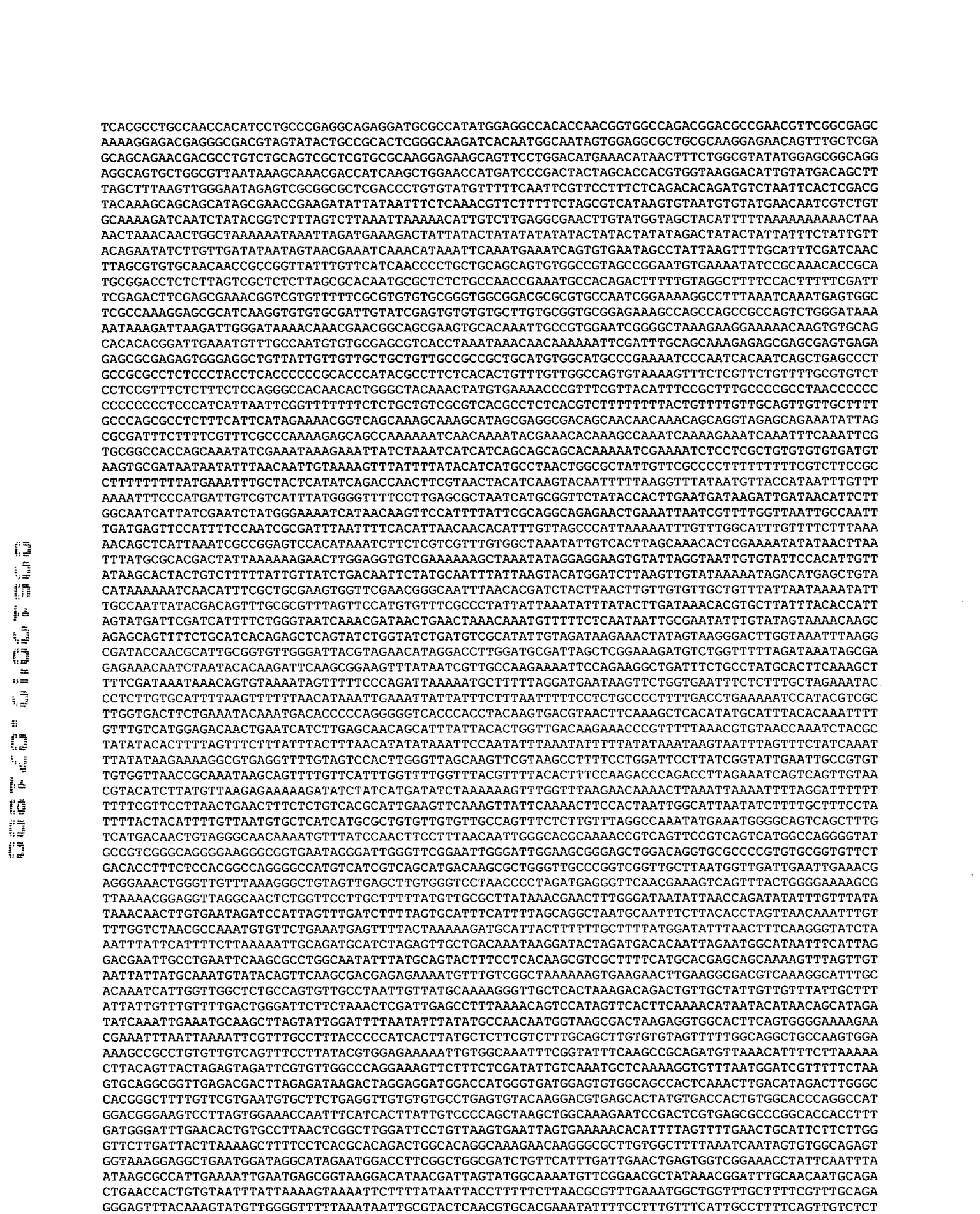
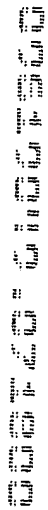
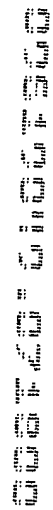


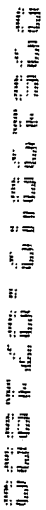
FIGURE SHEET 542



CTTTTTTTGCCTGTGAAAAATATGGCAACGTACTTAAGTTTCTTGATGCGCATACAAAAACTGACAAATTGCCTTCATGAACTACCCACCCACTT
TATTTTTGCCTTTGAGTACTCATTAAAACCGGGTAAGAATAAATCTTTACAAATTTCAACGTTCGCTGCGGGAAGTCTGTTTAAAAATGGGACAA
TGTGCATATTCTCTAAGTAATTTAGTGAGCCAAAATCACATTTTCCTTGTTACCAAAACATACGGGTTCGAAAAAAGATACCAGAATAGAGTTTG
TGTAAAACTCTGGCGAAAAACTGATTATTTGTTGGTGCATTTTTACTGTCAGTCATTTAAAGATTCATATTTTCCCCTACTAGTTTTAGTGGTAC
TTGTTTAATTATTTTCTTTTGGTCACTTGCTGTTGTAGTGGCCTTTTTAATGTGTTTCCCTGAGAGCTTTATTTTAACTGGTTAGCATGGGAGAA
CTGCGAGCTGGTTAAAAGGATAAGCGTTGCATGAAATATGAAAATGTCCTTGACCAAAATGCTGCCTGTTTTGAAAATCCTAATTAAACAAGCTT
ATTTGTACAAAAATAATTCACTATTCTTGTGATAAGATTTAACTATCATTTCCACTTTAACTTAAATAAATGGTAAACTGCTCATTCAAAATGCT
TATCGAATGCCTTTTAAATAGTAGTTTATCATAAGCTTGCTGAGTTTACCCCTCGATAGCTACACTCCTTTATTGGCCCACTGAAGCATCCATCC
AGCCGGTAAATCAATATGCCACCTCGAGAGGAGTCATCCATAACGACCTGCTTGCCAAATATTCGTGCGCAGTTAAGAGGCGAAAAAATCATGAC
AGCAGCTGGGTGTCGACAATGGATCCTTGTGCAGGCACCAGGATCGCGGCCCCAAAGGCGGGTAATGTCATTAACAACAAATTGAGCACATTAAT
AAATATGAATTATGATTGTTAATAAAAAACGTATGGCCAAAAGCGACGGAAGTGGAAGTGTGGCGTAGTTTCGGCGAATTTGCACGCCCAGTGGC
AGGAAGCTGACACCTATCCAGTGCCACGCCCACTTAGAAGGGGCGCAATAAACGGAGTTGCGGGTAAACCAAATGGTAATTCACCCTGTGGGCCA
CAAGCTGATGTTGCATAACTTTCAGCGCTCCATGGAATGCGAGTGTGTGGCAGACATCATAAATCAATTTTGGTCACGGGAAGAGGCAGCCGAGT
TTCCGTAGTTGAATAAAAATAGTCTATTTTATTTCGGCCAGATTCAATGGGGAGTCAAAGCTCCAAATGGTCAGCATATAGATAGAAGGAATGAA
AAGCCACTGCCAGTTCATCGAAAATTCCCATCGAAACAAGTTTAAGTATCGACTGGAAAGTTTATTTAGTCGTAACCTATTCCCTACTTTTAAGT
ACACTAAGCTAGCTGCTGTCAAACGTGGCCATACTTTTACCTTAAAATGCACTTTAAAAGCCATTTACAACCTAAATCCTCGTAAACCGCGCCCG
AGCCCGCAAACGATTCATCATAATGGTGGCCACAGCCATTTTAGCCAAGTTACAGCTCATCCGCAGAACGGTTGCCATTTTGTTCTTTATTATTC
AAGATACGGGTCGGAGGCGCTTAACTGGGGCCACAAATTGGGTACTACCTAGATATTTGTTGGCATTAAAAATGCCTTTGGTATATTCGATTTTA
TATTGAACTCAAGTGCGCTTTCAGTGTGTTTTATTGATAACGTCAGCTTGTCACGTTTTTTTTTCTTCGTCCCGCTCGACGCGAAAAGTGACAGC
CGTGAATTAGGAAAACGAAAAGTTTTCCCTCAAAAAATGTGTTCCTGTGTATTTGTAATGCTATCTGTGTAATTTGGACCCAACATTTGCCCAAA
CATAAGGGGCGTCCTGTTTTTGCTTCTTTCACGACTGACACTTGTATTCGAACTTTTTCCGTACACGAGTTTTCGGTTTGTTATTTACAGCATGC
CACATCACTTTCGTCATGATGATAATGATGATTCCTTTATCTTTGCAGCACCTTGCACATTCATCGCATTTCCTTTTGCCAGTGAAGTTTCTTGG
CTCTAATGTAATGTGAAATGCTACAATTAAGTGCTAGACGAGATTATCTACTAGGTTGCGTGTCAAAGACCATCTTTTGTCATCACAGCCTCCTC
CATTTTGAAACGTAACTGAAACTTCACACACAATGGACTTGAAAATTAGATGATGCCTTGCAAGATTGATTGCGATAGTGCTTAATTAAACAAAA
CCTGCCCAGTTCACCGTGTAATGTGATTTGGTTAATTGGAAAATATTTGGTCTTAACCATCATGATTAGGCGGCCATTGAGAAAGTTTCACAATC
CACTTGGTTTCGGTGTGAAACCGTAGCTTGACTAACAAATAACAAAAATAACTTCATTTAAAAATCGTTTATTTCCGTAATCGAAAGCTTACAAA
AAGGGCAATCATCTCTTTAGGGCGAATATTCGTTTTTAAAATGCTCGAAATTAACAGGCAGATGTGTCATATGGAAAGAGAAATATATGCAAATC
GAATCAGAATCTTAAATGTTTGTGGGGTTTTTTGTGTTTTTTTTTATTTTTTATTATTTGCCTTGGGCTGTGCATGCGTTTGTCATATGTATTTT
TAAGGCCCCACTGCTTTTGGCCATCTTTAAGGTTGGCTGGTTGTTGTTGTTTTTTTTTTTGACTGATTGCCGCCTTGGGCACGAGTGCGTGTGTA
ATACTTATCAGTCCATTCAATTTACATACAAAGTGCTAAGTATAATTGAAATTCGCAGTAATTTCCTACTGAGCTCCGTAAACTGTCAGTGAATT
ATTTACTTTCATTTCATGAGTTTTTTATATTGCAAGGAAATATTTGTAAAATTCATGCACTGTAATTTTCTTTCTCAGGATGACTAATCTATATT
CTTCTTCACTTTTCAACGCCTTTGTTTAATGATTTGATAAGCACTATTATAATTAAATTTCTAGCTATGTAGGTAACGCCTTTTTAATCTAATCT
TTTGGCCTACGACAACCTTCAAATCACTTGATATCAATTCTATTAAATTTCCAGGCACCCGCCCTAATGAGCGATAAAATGGGTCTTTTAAACTT
TTTATACTCTATTCAATCATTAATTTGTTTGTATTTATAAGCAAACCCCTTTGTTATTAAATGCAATAATCCGTTTATACTCTATGCAGCCTATA
AAAGAACCAATAAATAATTTTGCAAAACAGTTTACGCGGATTTTTTTTTAAAGTGCAATTAATTCTGAAGAGCTCTTGACTGGCTTTAGGAATTA
AAAGCAATTTGCTGTTAGAAGTTTAATGCACTCTTTAATTGGTCTTTTATCGTGCCACTTAAAAATCGTCTGTTTTTGGTACAATGTCAAAGCAC
GATTCTGATTTGTTCGAATTCCAAGATAGCTTATCTAACAAATTGGTAGCCAAATTCAATTGCTGCAGAAACCAAATGTACGACATGGTTTGTTT
TACAAGTGATTGGAAAATGCCGTCTTATCAACGAAAGGGTAACCAACTCAGTTACTAATAACTCTTGTTGTATACACGCATGTATACCAGCAAAA
AATATCGTTTTCAATTAGCTATAGAATGTTCAACCCATTTTCAGGATAGTTATCTTTTATTGAAGACCAATTATTTGGCAGAGTGTTGGCTGTTG
GGAACTCAACCCTTTGCCAAAATGAAGCTGATTATGTCTGCAGACTGCGCTGCTGGAAATTCAATTAATTTTGAATGCAATTTTAAGTGCACTTG
TGTAAAGCATTCTACTTAGCAGACGCTTTACCTTCTGCCTGCAACTAAATTCACTCGGACATTTTCGTTTTAAGTTTTGCTAGGGGTTGTGGTAC
TTTTTCGGTGTTTTCTGTTAAAAAAAGAGTTTATGAAATACGCTAATTTAAATTAGCTTCCGACCAGAGACTCAGTTTCACCACCCAGAGCTATT
CGACAAATCCAATTTCGCTTTTATTTCTCTACCCCGCCCATCAGATCGGGTAAACAATTTTGTTTTGGGTCTGGTTGGCGGTATCTTTATGTGAG
TCCCTAGTTTATATATTTATATAGTATATATTGCCTGTCGTCCCAATGTATTCCATTAGCCAAGCGAATGCTTCCCCGGGGAAACGCACAGTT
TATTTGCTTTGTTAATTAAAATTACGAGCGTCAGACAAATTTGTCTGCAATGTACATGCAATGGGATCATTAGAGGTGGTTTGATTTGTTGGTCT
ATGGTTCATTTGCAGCTAATTTAATTAACAGTTTGAGCAGCACTTTGGGGCTATGCTACTCTTTTAGTATATTTTTTTAAGAGCATTGTCCAATT
TGATCGGAATCGCCGAGAAAGCCTTTTTTATGCCACGGTGTGCCAGGCACACTTGCTTAATCTTCGGCTATTCAAGTACAAACCTGGGCCGTTTG
GTTTTTATTATTGGTTCAAACCATGCAAGGACCTATTCATAGTCCTCACCACAGATGCAGCGGAAAATACAGAGTTCCCAAAAGTGTGTAAAATG
CCGCGGAAATCGACTTGCCTGCAGTTGTTGCTTTTCCTGGCTCCAAATACCAAACCATTTCTGAACACACTTACTAAAATGTAAATATTAACAAA
ATCGGGTTTGCTTGTGCATTTGTAGTTCTGTTCCAGCTTTTAATTAAGATAGCAGTAAAAACGAAAATATTAATCATATTCCAGTTCCGAATATT
GATTGGTTATTTTTGTAATCTTCATTTGCAGTAGCATAGCTGGATTTCTTTTCCAATTCTAGGGCATCTCTCTTTCTCTCTCTGAGTTTCCAC
TTTGCTATCCTTCGGTTTTCCCTTGCCAAACCTAATAAATTTTGCATTGTGCGCGGCGTTTGGTTGAGCGTCGCAGTTACCTGAATTCAGATATT
GCCTTCCGGACATACAAGTTGGCAGAAGCTGAGGCTGTGGTCCTTTTTGCCCAACCCGCTATTCGAATCCTTAATATTCCCTTGTTGGCTGACCC
TGCGAAAGTGCCATATGGCATGCTAAATATTTTAAAACACGAAGTGCATGCTGTGCAGCTTGTTTTGTGTTTTAAAGTGATATCATAAGCCAACT
ACATGATGTTTGGATTTTGGAAAGTGTGAGCGACTGTTAAAATTTGTAGCTAGGTACTGAAACTTGGTCCTTTGTCCTTTAAGATGTTTGGAAAG
AGTTATGTGCACATTTGTGCGGCCCTCCTTCACAAATTTTCCGAGTTACTGGCTGTAAGTTATTTGCAACAGTTAACATGCAATATAACTGTGGA
AATTGTAAAGAAAATATTACTTTTGCTTATGTCTACCCAGAATTTAGAATTCGAGTGAGTTTTGGGAAGACAATTTTATAGCCTAATCTAAAAGT
CCCAACATCATTTGATTTCTATTAATATTGTAGTGTATTTCCCTAACTTCAGTATTATAAGAGCACTTTTAAAGTTTCCACTCCAAGGAACTTTA
GAAAAATCTTATTATTCAACTACAGTGCTCTTGACCTATGGCTTCCACTCGGCCTCGGTGCATCTAACTCCTCCATGTCTCAAGACAAAACAGAT
AAATGACTTTATTTGTTGAGTTTGCTCTGGCTGCAACATCCCCAACCGTAATCCTATCACCACTCGAGAAGTCAAGTGGCGAGGACCAACTGCTG
AGCTGGGATGAGCCCTTCTATGGATTCAATGGGTGAGCAAGGAGGTTCAGTCAAGCGGCTTTTAAGAAAACCATCTTACATCATAAAAGTATAAA
ATTGCTGCACAATGTGTGACCACGAATTACTTATTTCAAATAACATGAAACGGAACAAATTTGCATTTGTTTTTTTAAGCTATCATCTTTGCAAA
AATGGGTGAAAAGCATTTGCAAACTTACAACCTAAACCTCTTAGGTACAAAAAAGCGTTGAATTGCTTTGTTTTCCTTTCAGCCAGCTCCGGCTA
CTCCTCTCAAGAAGTCCGAAGTACACACCTGCTAACACGGGCAACAATCTTGGGGCAGGGAGTCCTGGCTGCACTGCATCCCCAGGGCACCGTTT
ATTCAGCAGACGATGACGGGGAAAATGTGCTGTGCAGAAAGGCAGTTTGCTTTACTCTACAGCGTCTTTGTGTTCCTTGGCGCATCAATTTTTAA
ACAGACCAAATGCAGCTGAATTGCATTTTAAAGCAGACCTTAACGGTTCGTCTGCAATGCGTAGAAATTGGCCGGAGGCCTATTTTAGATACATT
GTGTAGCTAACCCAAAATCCATTGTTTGCATTGCATTCTAGCTTGCTTTAGGCTAAAATACGAAATTGAAAATCTATTTAAAAACTAGTTACCTA
ACTTAAATGTGAGTTTAAGATTGCACAACATATGAAATACATAGAATATGACCAATTGACTAATTACATCTATTACATATGACTAATTTTTCATA
TTCTCTGTCTTTTCAGTAACTAGCAAAATAAATTAGGTAAGTGTTTGCCATTTTCTCTTACTCAACTTGAAGTTCAGTTTTCTGCCACAATCGCT
TAGGTTTTGAATTGGCTAAAATGAATCTACTGTAAACATCTGTTTCAAGTAAAAAACTAATATTTTACTGAGATTAGGGTCTGTTTTGAGATGTA
GGTTGATGGTAAGGGGGGCCTAATTTATGTTGAACAGAAGTACGTGCCAAATTTCAAAAAACTAAAGTCGAAAACTTTTTACGCCGACACCAGAG



AAACAAAAAGGTCTATGCTAATTTCGCTGGTTCGGGCAAGGTAATACCAATATTTGGATTATCCGGCAGTAAACATAAAGACTTCCAATTTAGTT
AGCTGTGTCCTCGTTAATCACCGCCGTCTGTTTGTTGTCATGCTTTATTTTGTTGAGCCCGGCTTGTCGTTTTCATTAACCTTAATTAGCGTGTG
CCGTTGACATTCGTCACTATCCACATAAATGCAATTGCCTTACTACACCCGTCACTATTCCCCGCCGCACAGCCATGATTATCAGCAGCAACATC
ATCGCCAAATGAGAGTGATATTTTGTGTCACACGTTTTCCACGTCGCTCCTCCGCATTATATGTATGTATGTGCTTGCCAGCTTTTCTGGACTGG
CCCGAAGACCTCTTCGTTGGCGTCTGATATTGACCATGGCTGGCATTTGTGGCCAACCACCCATCTCCGCCAGCCAGCCAGTTGCTCATTGCAAC
TGACTTGGATGACTGCCATCGCCGTTTGTGTCAGCTGCAAATGAGTTTCTGGGCCATAAACGTGAAGTGGAATAGTGGCAATGTGGATGCCTGGG
CCACCGAGTTTTGAATGGTCTAGGTTCAGAGGTCTTGAATATTTAGGATATCATTTTAGTATAGTGTAGTATAGTAATCTTAGAAACTATACGTT
TATACTATACGTTTCATATGCCAATTAGAGTGTTAAATAATATACCAACCAGCACTAATTACGACGCCCATGCCTTAAGTCGTTTTCCTCCCCAA
CTTGGCTTATAAGCCCCCAGTTGCGATGTCGCTTTTGCTCCATTTACTTGCCAATGACAGTGAGTTCGAAAAGTATGTCGACCTATCGCTTACTT
CATTCACTGCCCCCACATGGGGAACTAGTTTTTTTGTATTGGAATCGCATTGCACGCGGCCGGATCGTGTGACTTTGAACTCAATAAGTGTGGAT
TGGTCCGGTCGATTTTTATGACAAGTAGCGAAACCGAACAATATTAAACTGGATTAAAAAATGAACCAAAATGAGCCCGCCAGTTGTAAAAACTT
TCACGTACTTCATTTGCCAGATGAAAAAAAAAAAAAACAAGCTATTTGTGCCTTTTTCCATCTGACTGTTTGTCACGTTTGAAGTTTGTTTGGCG
TTTTGTTCGCAGTTTTTGCTTCCTACACACGGGTTTTCTTGGGATCTTGAGATCTTTGGGTCGCGGTCTGGGTTTTTTTTTATGATGGTTCTTCG
AATGCCTGGCAGCTTGAGGACTGCTTGTCAATAAAGTTCTTGACACCTTTTCTTCATTTGCACAGATTTCTCTCGCAATGACTTTCGGTTTGCTT
TCGAATGTATTGTTTTATACTCATTCGCACACATTCCATGTAAATTCAATTGCTTTTTTCGCTTAGCAAAATAAAGATACTCGAACGGAAGCTAA
TGAATATAAGATAAGCACGAATACATTAAAAGTTTATGGTAGAGAGTTCGTTAAACTTGCCAACAGCTCTTTATGACCTAGATAATTGAGCTTTA
AAACAACAAATGAATAGTTGGAAATGGGATGCTAAAAAATCCTGAACTATAAAGTAGTAATTGTACCAAAAAAAAAAAGTAATTGTTCTGCTCTGG
ATTTTCATCTATTTACTTTGCTTGCCTACAAATGCTTTATCATTCATAATTTGTATACTGCCGAATGAGAATGGCATAACGAAAACAATAGCTAA
CCCACTAAATCGCAATAAATGGCATTTGCATTCAATTTGTTGCATCAAATGCTTAATGACCGAGTGAACAAAGGCGGCAGCGACCTTTGGCAAAT
ACACGCACAAAGATATGAATATTTCTCCTTCCCGAATTTAATTGTCCAAACAAAAGCTACCCATCTCCACCTCCAAACTCAGTGCCCCGGACTAC
TACTGGTCACCTGCCTGACCTCGGAGTTAAGTTTGTGGTTGAATTGCTTGTGACTTGTTGTTGCTTCCTTGTCTTGGCTTGTTGAACTCTC
AAGGTAACAAGAAGTAGCAAGCTGGCCCCTTCCGCGGCTGCTATTTAATTTCCACGAAATGAAGAGGGAAGAAGCGGCAAATAAAATGTCTAAGA
TTGCGATTATCTTTTTAATAACATCTCGAGGAAGGCGAACATTACCACAAAAAAAGGCGGGAAACTGGCAATGAAAAGAAACTACAAAAATCACG
AATTTAATTACCACGCACCCCAGATAGCGCCTCAAATGAAGCAATAAAATCCCAGTTGCCTGGGAGTATTGGACATTGCAAAAGTATCTAAGTAG
AAACATTGACCGAATAGTAAATACAATATATTCAGTTTTTCCTACATGATTTGTTTAGTTTTTTTCCGCATGCCTGCATCTCAAAAAGCATAGCT
GACACAGGTCTTTCATATCAAAAGCGCCCCCTTAATCGTTTCAGAGTTTTGCTCTAAATGTTTTCAGGGTCCCCCCAAAAAATATGTGGCAGTTA
TTTATTTTAAATCTCATTCGTTTGTAAACGCCGCTTCACAAGAAAGCCAACAGACTGCTAAGAATAGCCAACAAATATCTACATAAAATCAAATT
TATCTCATTTTACACAACCCTTGCCAGGCCAACAAATGAATAAAATGTCATTGCTGAAATTCTGTGAGTGGCATTCATGCGCAAAAATCATTTCA
AGTAAATTATAACTTTTCCTCTTCACTGGTTCTAAAACACAGACATTGTTATTTATGCGATTTCCTTGTAAAAATAAACATTCATTACAAGTGGT
CAATTTGACTTGGTTATTTGAAGTATCGAAATATTTTGTTCGAAGTTCAATACCAAATGCGCCAAGTAACTATAAAGCAATATACTTTAATGAAT
AATCAGGTGGATAAACTGAAAGCACTGAGTAATTGAACTATAATATAGATATTTAAGGCCAAATTGAAAAGCTCTTCCTGAGAGTTGCCCCGATT
TCATCAGCCCTCCGCCGTATGAACGTGAGGCACTGGCTCCTGACCCTGCTGCTGATGCAGTTGTTGCGGAGGATTGTTCTGAATACTGGGGTGCT
GATGGACTGTCGGCTCCTGCTCCTTATCTTCCATTTCCATCTGCTCCTGTGGCTCGAGCGGCGTCTGCGGCTGCTGGGTTTCCTCGGAGGACTCG
GCATTAGGGGGATCCGGATCACCATCACTGCTGACCAGCGAGTAGTTCGGGGGCTTCTTAAGCAGGTAGCGTGTGTTCGGGTTCTGTCTCGTTTC
GAGCTCCAGGCGATCGATCAGCCAGCCCTGTTTCTGGTTGTTTGAGGCCCAGAAATAGACGGTCCCCCTGTCCTTGGGACCCTGGACATGGAACT
GCAGCTGGGCCTTGTCCTCGTCACAGCGATTCTTCTCGTTGGACAGATTAAAGCCCGACTCCTTGATGGGCTCGCCCAGCAGACCGGACCGCTCCA
CTGTGCTGGCGTAGCTGCTGGATGGCCAACTGATAGAACTCCGTCTGGCGTACACGGTCCTCAAGTCGCCAGCGCATGTAGGCCAGGCCCGAGAT
GGAGGCGAGTGCTCCGCAGATGCATATGCTGCCCATCGTTCGCTTCGAGGGCAGACCGATACGCAACTTTAAGGTTGGCATGGCGGCCTCTTAGT
CGGCAAGAAATCACTTTTAGAATTTTGTGTGTGTGTGTGTGGAGGTGTCAGAGGCCTACAAATACTTGAAATGCGAAACAACTCGATGACAATGA
TCTCAAAGATTTCGAACTCGTAGCGCCGTTCCCACAAGCACCGATGTATCACTAGATGGCACTTACCACCGAGCCTTGAAATCACTGCCGCTGCC
TGGGATCGGCGGGCGTTGCCTCCGCATAATTGCGCTGCAACTTCCTCCTTGGCCTGGCCAACTTAATGCTGCCTGCTGGCGAGCAGAGAGAACCG
GCGGCCTGGCTCAATTTCATAGTCACCACCCAAAAGGCGGGGACCGCAAAACGACGTAGAAGAATCCACAGATAGAACACAGAACTCGTTTTGTT
TCTCTGGCTAGCTGTACATACTAGTTTTTTTTTTTTGGTTTGTAGGCCAAATGAGCGGCGCCATTAATGACAGCCCGAAAAGTGAGCCGTCCAGTG
GAGATGGTTCACTACCTTGCATCCTTGTGGCCCTTGATCGTGGGAGGGTATCCAACAAGTAGAATAACGAACCCGAGAGCACGCGAATTCTTCAG
ACTGGGAGTTCTCTGAATTTTACATAATAACTTATAAAGCGAGATGTTTTTTTAATATTTGGTTCTGATAGGTATTTCATAGTCAGCTCAACCGC
GTCCATCGATATTTTTTTGTTTATCTCATTACAGCAGTTATATTTTTACTGGTCAGGGCCAGTGGAGTCGCGAATAGAAGCAGACGAGAGACCAA
TGAGTATCCAATTAGGGAGCACATAGTTATTTAAAAATAGTTTTCCAAGAACGCAGGGTATGCGATGAGAAATGCCCCCATAGCGCGTCGGTAAT
CGATACTCTTGCAACGCCTGTCACGGATGGGAACGGAATATTGCATCTGATACTGGCCAGAGTGCGGTTAATCTATCAATGCATCTTCAAGTTTG
AATTTCTGCTGCGGCGAGCCTGATGTTACATTTCTGGCCTAAGTGGCCTCTGGTGTGGCGGTCCTCCTTATCGAGGGGGGGGGGGGGGGTTGGAG
GATCATGAGTTACTCAGTTAGTTACTCTGTCTGTCTGCGTGCCCGTCCTTCTGCCCCCCACTCCGCTGGCCGGGAAATGTGACAATTTCTGTGTT
CGTTTTTTAGCCTCATTAAGACCTCTCTAAACACTGCCACTTAAAGACCATTTTGGTGTGCTTATCTTTATGGCCAAGACATCTAGTGCCTGCCC
CCTCCACCATCCACCGAGACATGTATGTATCTTCGACGGCAAGTACGCCTCATACATATGCTTAACATGACTTTGATGTACTCAGCGTGGTGGTC
AGAGTAAGATCTTTAATAAATCAAATTGCCTTGGTATTCGGGAAGGGGGTATGGGGTACTTAAAGCTTAATCTCTCTGCTTAAGTATTTCCCAGA
AAGTAATTCTATGAGTTTTATAGTCGTTCGGGAAGCCACGGGGTTTTGCAGGTGTTCATCGTACGTATACTGAAATCTGGGTATTAACTCTTTAGC
GCGATTGGCCATAAAAGCTAAGTTGAATGCAAAAATTGGTTAATAAGTGAGTCATTTCCGATCAAAAATTACAACCAATTGTAATGTACAGGAGG
AACTTGTTATCAGAAATTACAAACAGTTTCGAATGATTATCTTTACATAGTAAGCTTTTTCAAGCCGTTTTAGCAGTGAGTAATTTTAGCATTTG
ATGATTTCATATTCTTTACAACATAAGTTACAAGTTAAGCTGTAAAGATTAATTAATCCCCCGTATCAAATTTAACATTTTCTCTGGTAGACACT
GACGCACAATCCGAGAAAAGGCAATTTATCAACTTTTTAATGACATATGTGCTTTTTGTTAAGTTTTTATAAGCAAGCGTCAAGGCTTTTTAATT
AGTTTTATGCTGAAAACGAGTAAATGATGCTCAGCATAAATTAATTGTGAGTAGGGTCGGATCCGAGTTGAATCATAAAACTGGTTGCTTGTCTT
CCCAAAGATGAAATATGCAATTGAGCACAACAGTGCCGCAAATAAGTAATTGCCGACTAGTCTGCCTACGATGTTCTTCGTTGTTGATTATGTAT
TTTGTTTATTTAAATGATTTAGTCAATCCTAGTCGCTGCCCATCGATTCCTATACCTTCATTAGCTCAAATGGCCTTCAAGGCTCACCGGCAAAA
TTATCCATTTGCTTAAAATCTTAAAAGACCATAAATTATGAAAGACTACTGAAGATGCCAAGCAGAAGAGGACAGCGCAGTTGTTCGTTCAATCA
GGCACTTCTTCAGTCAGCCATTTGAGCGTTCACTCACTCAGCTATTATTTTCAATAAAAACAAAATAAATATGGCAAATTGTTGGGACCAGCCCG
CCTCGGCAGCCAGCGGCAAAAAGTAAAAATCAAACTACAAGTCCAAGCAAAACTACAGAAAACGCTGTGCGCCTGCGCAGCACGCAACGCCAAAA
GAAAAGCCGCTGGCCAAGTCAAAGGCAGAGGCAAAAGCTGCTTCTCGGATGCGGCTTAGTTGGAGCCAAAGTCGTAGCCAAAGCCAAAG
CCAAGGTTTCTGCCTTTGTAATTGCTTGTCTCCGCTCGGCTTCAAGTACGGGCAGCAGAAAAAAAAAAACAAATATCCAGCGACATGCGTCTGAG
TAATGTTAGCGCCATAAATAGGCAAGACAGACAGAAAGAGACGAGTTCGCCATAATGGAGTGCCTCGACTACCACATACCTGTTACTCAACTAAG
AGAAGTGCGAGATTTATGTTGGATTCATGGGCGCAGCATACTTGTCAAAGCGTCCAGCATACCCTTTGCTCGTAGGGTAACCAACATGCTGATCG
AACCTCGACGGTCAAACCTTGGTCCCAACTTGTGTGTTTAATTGCCAGTTGTAAAAATCTTTTAGGGTGGAGCTAATCACCAAGCTACAAATGCA
AAAATAAAACTTCCCTATAAGTGAGTTGAAGGCCAACTCGGCTTTATTCTTAACTGAAAGTTCAGTAAGATTAAATTCCTTATCCTTTAATTTGT
TCAATAAATTAAACATCTTAAATGCAAGCCGAATGGTAATTCTTTGCCCATTTTTAAGCCCTACTTAAATTTTTTATCTTGCTGTGGAAGCTTGG



CCACTCCCTTTTTTTAAGCAAATGGAAGCCGCATTGATTAGAGCAGCACATGGCACACATATGTTTGGACATGCCACCATGTGGACCATGGAACT
GGATACAGCAAAATCAGACCTCGAACTACTCTTCCGCCTGAACTATGGGATATTATCTTATATGCCTGCTGCTGGTTATATGCCGCTGTTTCGGT
TGCTGATACTTTTGCTGCTGTGTAGGAGCTCGGTTTCCATCTGGGAAATGGGTGAACAATGGTCACTGATAAAGTCCAGCGAAAGAGAGCTATTT
CGAAGCACTCGTCTGTAAAGTAAAGTAGCCGACACAAAACACCAGCGAAGCTAGCAGCTCGATGTGGGATCTGTGCCTGGGGATTTCTTTCTTTT
ATCATCGGCTGTCAGGCAATCGAAACTACATTCAAGAATTTTCTATTAAGAAAATGTAACCATAACATTTCCTGCAAAGGGAGCGGTCGGCTTTT
GTTTTGTTGTGCAACTTATGGCAACAAGTTAATTGTTTCTTTTATGTTCGTGTAATTGCCGGCGAAAGCCAGCGCTCACTTTACACTTTTTCTA
CTTCAAGAACAAACTAGAATAGCTCTTTTAGTTTTGCAATATAATATATCAAACGAGCTTCAAGGGGTCCCAAGAAAAAATTTTTTTTTTTAAGT
GCTATAAATAAAATGGGTGTAGGGTCTTTTAATCTCTCTATATACATTTCGCTACCCATTTCTTGCCTTCTTTCAGCAATTTGAACTTATACATT
TTGGATAGATAACATTTCAATTTAAAAACACACTACACTGGCAAAATAAATAAGGCAAATAGCTCTTTGTTCGGCTTGGTCTTTTCTGAAAGTGC
ACTGCGGTGGAGGTAGGAGTGGGAAGTCTTGGCACAGCCTCCTCGAGCTCTCCAAGATGCAGTCGCGGATTAGATGACAGATTAGTTAAATGCGC
ATGAAATGAGGATCCGTTCGCGCCGTTGCCTGCTGGTCGGTAGAATCCCAGAACCCGTGGCTGCCTTCAGAACGCTTCCTACTTGGCCTTATGAC
CATGCGGTGCCTCCTTCGCCCCCGGCACACGTTCCTCTAATGTCTTCATTCGTTAATCAGGCGTCGGGCCAAGCACGCGTAAATCGCCTCTATTA
ACAGGCGTTGTAATTGCCGGTTGCATGCAGGTGATTAGCTGAAGTCCGCTCCATAGCGGAATTAGCACCGAAAGATGCGTAGTTGAGATACTTTT
CGATTCCCACAGGAACTCTTACATTTATTAGTCGCCGGCGCATTTAATTTAAACGCGTCTGCTTGTGACATCACTGCCATTAATGAGCTCATGAT
GTAACGCACTTAAGGGTCGTAAAAGTTGAACATTATAACTAAGCCCACAGGCTTTTTTTATTCCTCTAGGGCTCGAATAAACAATAATTTAAATT
TAGCTAATGAACCTAATGACCTCAGGCTGCCCTTGAACGAGTTGACCGTAATTTATATAAGTGGAACAGCCATATACCGCCGCACAATCAGGCAA
TCATTCCCACAAAATAATTTCCTAATCGACTTCCTTCTGGTGGTAGTTCATATTTTTAACCGCAAGTATCCGAGAAACCATTGGTAGTCCGCTGA
AATAGCCACCATTTTTACAGCCCACGTGGCTATGCGATTGTATTTCCAATTGCATTTTAGCAGATCCGATTTGAGGCAATCAGCGATTTATGCCC
CATTACGTCTCGTTTACTAATAACCCATAAATGTGCATTCTATCACATTTGCCAGCATTTCACACTAAGATCTATTGCTATAAACTATGCGAGTG
GGTTCTCATATTTGTTTGGTTTCCACTTCATTGAGTTTTCCTTTGCTATCGGTTGGCCATCCTGTCTAATGTGCTTTGTTGGCTAAAATCGCTTC
TGATAGGATTAATAACACACCATTCGCATAACAAAGCATCGGTATTGCACATCAACAAAGCTTGTAAGAAAATAAGAGGAAACAATAAATAATGC
TGAGTCGACTGGAACGAATATTTAGATACACTGAATTGCTTGGTGAAGGATTGCTGATTACAATGAATATTAATTGTTCTGTTAAATATTTAGCT
AAAAGTTACAAAGGTTGTGAATGGGTTTACATAAATCCTATACATTTTTTGTAAACACGAACTGAAAGTATCATTCACTTTAAAACTTTGGCTTT
TAAACGAGGTACTTATATTTTAATTTTAAAGCAGTACTATGTATTTTAAGATCGATTTAAAGCCTCAACAAAAATCGCTGTTGCAATAACCATCC
TCAAATGCTCCTGCCTGTAGCTGTTTTGTTGTAATGACAAGGGTACAAAAGAACCTGCCACACCCGAAAACTTTTCCCTCGCTCCTTGCAACTCG
ATGTGGAAGAAATGTGCGCAAAAACCAACAAGTGATATTAAATGTTGCTGTAAAAGGGGGGAAGCTGCTCAGCCCTCTCAATATATTAATACCGG
CTACTTGTAGATTAAAGGGGTATACAAGACTACTTCACAAATATGCAAATGTGCTTCACAAATATGCAGTAGTATTACAATCTTTTTAAGGACTA
ACAATATTCATCTACAATCCAAACATTTTTTAAAAATTTGGTGTCCAATTAAGGTATACTCCTCTAGTGGAACTGTTGCTCAAAGTGCGAGCAAT
GAGTATCTGATAGTCGAGCCACTAGTCTCATATCTTGCTCGTTCGCATTTTTCGTGCGGTTCAGCGAGAAGAAGAAGACGGCTGGCATACGGAAA
AGCTGTATACGTATACGGCGAAAATGTTGAACGCAATTGTGCTCGCACTGCTGTCACTTTTCCATTTGGTTGCCGTCCGCATAAATAAATAAAAG
TCTGCGAGTGTGTCCGCATCCTGGTTGCCGGCTTTTAGCGCCGTTGTAGCTTGTTGCCAGCTTTAAGGCGCTTTAGGGTCCTTACACTTTCCGCG
ACTCACGATGATTCACCTCACCATTCACGTCCTGCGTTCGTTGTCATCATGACTTTGTTCTGCAAACGCACTCACCTTCTACTCGTACCGTATTC
ATGGCGCGTGTGATGAAAATTCGTTTTCACTCCTTGCGACGGCTGGGCGAAGTAATGAACCCGTGCTCACGTAAAACGCTTTCAGTTCGCTAGAA
GAATATTCTGTTTTTTCTTCTGCTCCACAAAGTACCTGCTAATTAGCTCTCACCGAGTGGTAATCATGTAAGTCAACAATTGAACGAGAAATTTC
ATTAGGGCAGCCAACAATAACAGCGCGAGTATCTCAAGTACCTGGTCCGCTGTTTGGCTCCTAACTCTCCGACCTCACGATTGCGTCACTTTCCG
CACACCGCGTCCTCTCTGACCAATCCATTAGTCGGGGAAAATCACATAATGCATGTAAACGATAATGAAAATGACATTAGTCCAGGCCGCACGAG
AAGCGGCAAAGCCAACAACAGCAGATTGAACATCAAATTCAGATGTTTCGCATTCCCAAGGGGAGGCAACAAAATATTTGCACAGAGATGAACT
TGTGAATGCCCTTTGAAATACTTTTTTTTAAAAATTAAGCAATTAGCAACATTTTAACTTTGCCAAACCGAATGCAATATGCCCTTAGATGCACA
TTGTAGCATAATAATGTAATCACAATCAAATGAGTTAACCAATTGAGAACAGGGTCTTGCTTAATCTGCAATACCCTGTAGAAATGCACAACCCA
GCGAACGGGAAAGCGAAATTAATGAAATTAAGCTAACAAACTGGGACCAAACCTCTGAGTGTGTGTGTGTGTGGGAAAATGTATCTATGTGGATT
GGTTTACGTGGTTCGCCCACGCGTATAGCATTAAGTTTTCCAGCTCCTTTTTTTTGTCGAAGCTACAATCTTCGCCCCTCCTCGTCCCCGCCCCAC
GGAAGTGATAATCGATTCGCACCTGTCCTGATGTGGGCGTGTGCTCTCCTGTTGCCAACTTTTCCCTTACCGCCAACTGTCGCTCATTATACGAA
TTAATGTCATGCATTCGCGTTCGATATTTTCCATCTTATATTTAGCATTTGTCCAGGGGAAAACAAAACCGTTGACATCAGCCAGTGGACATTGG
GTGCAATTGACTACGACATAATGGCATGCAATGACATATTATTGGCAGTTAAGAGACTGTTGACCTTTAGCTCTGCTGCAATCAATAATCCCCGG
GACGGAATTCGTGTTAAACAATAAATATTTACCTAATAATATCTTTGTGATCAGCAAGTCAGTCGATATAGAGGATAATGTCCCAAAAATGTATC
TGAAATTCTTACTTTATATGGATATTATTCCCTTTAGCCATATTCCCTTATCTTCACGGATTTCAACACAATTTCCTTTGCATTTTCTTCTCTCT
GTTAACATTTGTACTATAGAAACTTTGTTTGCTCGTTTGCTACTTACTTACTATCTGGGTGTTGCGGCAATTTATTGGGTTTTTGCTTCATAACT
TCAGTTTTTGTACATTTTGATCGCGTGATAGTTGGCGTCGCTAAATAGGCAAAAACTGGCTGGCGATATACATAAACCCGTACAAGGTTCTGTCT
CGACCGAAATCGGTGGTCCGTGGCAGCACCTACCCTCTAATTCGTGGCTTGTTTGTTTGCCTTTCGCTTTCGCCGCGTCTTTCCTTGGACGCTCT
CTTTTGGCCAAAAGCTTCATTAGTGCCAATGCACCCATCATCGCAGTATTTGTCGCTGCCAGTTGGCAGCAAAAAGGGAGCTCCGAATTGTGTTA
CGCGTCCATGAGGTCAAAACCAATCGATTTTCTCGACTTTTTCGGTCGCCTTTTTTTTATATGTGATACTCCTGTTTTGTTCTTTGCATTTGAGA
ATTTTGTTTTCTATGGCACACGCTGCGTATGAGCAATGTATTTGGATAGGTTTGAACTTATAACTTCCACGAAACTTTATACACAGCAAAGATAT
CAAGTGAATTTTTTGAATGGGCTAAACAAGGTAATATTAAACTAACTACGGGTGAAACAATCTATTCCATATAAAAATAAAAAAGATGGCTTGAT
TTGATATTTCCGTGACGGTTGTAATTATTGTTGAGTATGGACACAATAATTTGTTGTATTCCTTTGTGTGAGTAACATTGCACGGCTATGACAAA
TAATTGTAGCATTAGGTGAAACGACATTATTTTTAGTGAATTAGTGGGGTCCCGCCAACCAATAGGCTAAGTAATGTGAATCCAATATCGATCGG
TGCGAAAGTGTTTTTACGACATGCATCTAGACTTTATGTCTAATTTTCTCAAATTAGTTATATGAAATCATCCCTGGCTATCACATAAACCAATT
TTATAGTTGTTAGACCTGAAGTATAATGTGACTAATCAAGATTCAAGAAAACGTTAGTTTTTTATATGTATTTTTTATATTCGAGATCTCTTTAT
TTCTAGCCATCGATTGGCAATGCTAATGAAGTTAGTACGCAAGTGCCATTGGTTGGCTTGGGATCTCCTAGAATTTTACGAGGTGGCGTAAATCT
TCTTCCGCATGGAACCATTGGAATCGCCCGACGAACTGCGTGGCCACACCCTCAGCGAAATGGTTATAACTCAATTCTGTCGTTTCCGATGTCAA
AACAAATGAACTAATATAAATTGAAGACTTTATGAGTGTTTCTATGAGCGCGTCCTGTCCCAAGCCATAGTGTTCCTTTCTTTCCGAGTATAAAT
ATGCCAATGGCAAACATGGTGCGACAGGTATTTGGGCATTCATCAACTTGTGTATGACAGCATGTTGTTGGAACTGCTCGTACCATAGGTTCCAC
TCCCTCTCTGGTGTAGAGAATTCGATATTGACCATCAGGCCATCATTAAGTGGCCATAAAACTCTTTGTTAATTTATTAATGCGTAATTATCGAT
AATTACAGCCATATCTATTGACTATGGGTTGGCAGTTTTTTGTTTGTGTTGCCTGCCCGGCAATTATGTCATGCATTGTGTTGAATTTCCTGGCA
AATTGCTAATTTAATTAAACTTTATTGAACACTATCACTATTGATTTTCAGCCAAGCAGGCGAAGCGAACATGAACTGATTAATAAATAAATTCG
CCACTATTTTTACTTATCTAATAGTTTGAACTGTGCGGAAAATGAACCATAGATTTCTACCCCCGATCAAGTGGGTTTCTTCGATCAGCTCTACG
ATCCTCCCCCCCATTGACCCCCGCGCCCAATCACTTTATAAGCTAGCTATCCAAAAATAATCAGCATAGGCAGAAACACAGAGGCGAAGCAAACAA
TGTTTTCATAAACGATTTTCGCCTGTGACCGCGTCGCAGAAATTTCTGAGAGAGGCGCAAAAGGCGAAAACGAGAAATAATGAGGCATTCCATTC
GGCAGAGCCTCCCAACCATCTGGAAATGCCCAACAAGGGGCCAGCGCAATCTAATTAGACATAATAAGGCAGGCAGGCAGGCAGTTGGAGGGGGA
GGGGAGGCACCATCGGGTTGAGGGCACCACTGGTCATATACCAAAGAGTTTGTCAGCTCGCAGCGGATCGACTGTTGCCAGGCGAAGGTTAGTTT
CGCTATAGCCAACCAGCCACCTCCATCCACTCCAGCCGCTCCGACAACTCTTGGAACTGACCAAACGACCCAGCCGGCGAGGCCCCAAACAGCCT
CACGAGAATTGGCGATCGCAGTGCGGAGTTTTTCCGGCCATGCTCTGTGCTATTAAAATATATTACAGCAGCAATTTCAGTCGACTTTATTTTTG

Sub Spec Filed 2-28-06

CGCTCAGTTGCGGCTGTGGATGTCCGCAGTCCGCAGTCTGTGGTCCGTAGTCCGCGAACCGCTGTTCGCCGCTTATAACTTCATTTTTTATGGTC
ATGAAAGTCAATTGCAGTTTGGCATTTCTTCGATGGATTTTCCCTCGTTCGCCCGTGGAAATGCCAGCATCATCGCTTGGCTGCGACTTGGGATC
TGTATTGCGGAGAAGAAGTCGTAACTTGGCGTAGAAAACTATTATTCACTTTGCAATGGAAAACATAAACCTATTTTAATTGCACTGCCCACTAG
GCAAATGTGTAAATTTTTTTTGGCAATATATATTTTCTAACCTTTGTACCTATCTTAAAGAATTTTGGTTCTTGATGTTCATCTTGAGATAACCG
GTTTAATCAATATGAGAAGTTTATTAACCTTCAGTCTTATCGATGACTAATGAAGTATGCAAATCTATATATTATAACAAACCAAGGATACAAAA
AATGGAGATTTTTCTATACAGAACAGATTGAGCACAACATACCCTTGAACTCTAGGGTGCTTTTTTTTTTTTTGTAGCAACCCACATTCATTGTTG
CAAAACAAACGTGTGTCGCACTTCACGTTGCCGTTTTTGGGGGCACAACTTCAGTTGGCAAATTGAAAACTCATAATAATTCTCACGTTTCGCTC
CAAATTTTTTAAGTCATACAACTTTGGGGTTTTGCATAATCACCATATATCACAACGAGTCACACACGCCGCAGCCAAAACAAAGTGACGAAGAA
CAGCCGCAAAGTGTGTGTACGTGTGAAAAGGAACCTGAAAAATCATATAAACATATAAATAGTTTGGGTATCGAATGATTATAATGCCAAATGTG
ATCGTTAGGGTGGCAACTAAAGCTCCAGACGTGTTGCCAAGCCGACTTCCTCTGGTTCTGGGATTAAGTTTCTCTCTTCAATCAAACTTTTATCG
GAACTCAAATTGTTTGTGTACTTGGCTCGGTTTCCTGTGAAGTGAAGTGCGGATTGACCGACTCCTACTATGCAAATTCATCATCCGACAATGCC
CCAGAAACACACAAAACCGGTGGCACTTTAAGTGCCCTCCAGGAGGCCCACGCGTCCGCCTACCAACCAAATTAACGATGGAGCAATGAACTCAA
AACACGACGGTCCATACGGTCTAATAGTTTTGAATTTCGGAACTCGTGTGGACCTCTGATGGACCCCCAAGGCAAGTCCGCTAATGAATGTTTTT
GTCTTCTCCAGAAGCCGCGATTGATTTGTATTCATCTGGCCAACACACCTTGCCAATTGTTGTTTTTTTTTTTTTTGGCAAAGAAAATATACTTTG
TGCCTGGAAAATAATATTTTTATATGCGATATTCAGGTGTAAGGTCAGGTGTTTCTTATGGCAGTTCGCACAGAACAAAGGGCAGTAGATGAGCA
AGGTTTCAATAGTGTGCTCTAGGCAATCCCATACAAACCAGTTGTTTTTCTAAGCATTTACTGGGTACTTTTTTGCTTATAAAGAATTATCCAGC
CTAAAAAAACTTAGCGAGTTTGGATAAGAACTATCTGAACTCGAAGCGGAAGTTAAGGGCACGCTTAAATGACGTAAAATGTTTAACAATTGAAT
GCAGCTTTTATATTGTATATTGTATTTTAAATATGTATACTATTTAGCCAAAGTCGTTGCACCCGTGAATGAATATTTAATTTCGGTGGCATCCC
TCAGATTTATTGTGAATCACAAAGTTGCCGTGCGCACATTTTGTATGCACAAGACCTGAACTGCTTTCAAAGTGGCATTGAGATCTTTAAACAAG
TCGACACCCGCATCTTGGAGCAGAGAAGAGTGCTTGGCAAACGGAGACCCACGTAAGCACTTCCTGTGCGACATTTTGTTTGGTTAACCACGCTG
AATGATAAGCAATCATTCAGTTAATTGATAACGAGCTCAAACAATACGCTAGCTGAAAAGGGAAGCATGTACGATACGTGGGTTGGAGAAAACTG
TGCCAATTAGACAGGAATGCAGCAGTTTCATTTCAAGAGTCTGCGGCTTCAGTCTATTTGCTACCAAATGGAGCCCAATAAAAGGCAAGCAAAAC
TACATATATTCAGTTTCAACCGAATGTTTTTAATATTTATCAATTACCGGTCTAAGAAATAGCAGCAGTTGACTTATCACATTTTCTAATAGAAA
TATTTTGAAATTCCGTATAAAAGCTTACATTTGAAAATGTACAAGGAAATTAAAAAGCAATTCTACTGCTTTTTATTATTTAATTAAAAATAAAT
TCGAGTGAACATTAACAATTGATTTAAAGAGTGTACAAATTTTTAATGCAATAACCTACCTATTTCAAGTGAACAAAAAACATATAAAAAGTAAA
ACAACTTATGAGTTAAGTTTATAGATTTCTTTCTGTGCTGGTATCATTATTTAATTAAGATTGACATTTTAAAGCTGTTGAGATTTCCAAGAGTA
ATACGCGTTAAAATATGACGTCTTCTCTATCAAACTTAATCTTGTGATTACTCGTTTATTGTGTATTTTATAATTAAAATGCTATCAATGAAGAC
GTCTGATCAATAAAAAAAAAAACATGTTACACTCAATTGTTAAACACAGCCTGCAATTTTCAATTAAAACTACACGCTTCGGATAAGCGTTGCTT
ATATAAGAAATAAACTTTTATATTTTTTACTTTTCTAAGTACACAATAAATCTGTGCGAGTTTATTCATAAAAAATATAAATAGTTTAATTTAAA
TTCTGTTATCACGGCTCAATTTTCTAGCATAAGGCCAGCAATGACTTTCAAACTTATGAATTCTCAAACCTTTGAATAACGCCATCTACCGTAAA
GGGTGTTTCTTTTAAATCTGTGAGAGGGCGCTGCTGTAGAACTACATGTTTTCTACATGGATATCTACATGCTAGCATGGACATGATTTTAGTTT
CGCGCATCTGTTGTTTTTCAAATCATGTTTTACAAATGAACATATATTTTAATGTTAATTTTTTTTTGCAGCTACAACATGCGTTTTGAGCCTCT
GGGCCAGAAAATGTTCACCCGCCGCAATTGGTTGTTGCGCTGCAGCATCCTTATCAATGTGGCGGTGATCCTGTACATTGGCAGTCAATTGATGA
TCGGCGGCGGCAACAACTTCTCGAACGGCGGTGGCTTCCTGCTGCAGGAGCAGCAACAGGTGTCAATGATGCAAGTGGGCTCCGCCTCATCAGCG
GCCCAGGTGCAGCAGCAACAGCAGCCCACTCCCAAGAACCAGAACGTAAGATACATCTAGATAATGCTCAAGCGAACTTTGGAACTAACGCCTCG
TTTCCTCTTTAGCAGGTGGCCGAGATCTTCGAGTCCGAGGAAAAGCAGCTGGTCAATGCCAACGCAGATCCTCCAGCAGCAGCGGCTCAGGTGGC
TGATGGCGGTGCTGGAGCCCCGCAGTTGGCGAACGATAGTGGTGCCGGGGCGGCTGCTCTGGGCGATCCCTCCCAGGTGATAGGAAACATTGGGC
CCGGCGGTGTCGCCGAGGTGAACAATAGCCAGTCTGACGGCGGCTACATAGTCACAGGCGATGAGAAGGAGCTGGAGGAGCGTGTGCGATCGTTG
ATCAACTGCTTCGACCACGACTACCACCAACAGACCTTGCAGCGTGGCGACTTCTGGGTGCTGCAGAACTACGTGCGGGCGGAGCATGGCGACAT
CAAGTGCCATGAGTCGATCACCTACACCACGCACGCGGACTACACGTTCCTGGACAACCTGGTGCCGCTGTTGGAGCGCTGGAACGCCCCGGTGA
GCATTGCCATGCACGCGCCCGGCACGGACTTCCAGCCCACTCTGGACTCGATCCGGTATCTGCGAGAGTGTCTGCCCGGCAGTCACCTGGTGCGC
GCCTATACCACCTTCCACATCTACTTCGGAACCAAGCACATTCCTAAGTCTGTGCCCAAGCCTCACGAAGTCTTCAAGACGGGATACAACTGCAC
ACTTCCACCTCCGTACTTCAACGTCAGCTCCGGGCACCTGTACAAGGCGCAAAAGAAGTTGCTGTATCCGGTGAACGTTGGTCGTAACATTGCCC
GCGACTCGGCACTCACCCACTTTATTCTGGCTTCAGACATCGAGCTGTATCCGAACCCGGGTCTGGTCAAGAAGTTTCTCGAGATGATTGCTCGC
AACGAACAGTACTTGAGACGCAAGGCACCCAGGTGAGTTGCCTTCAGTTCCTTGACAGAAAGACCTTGTGATTGAGATCTAACATCTATTGCACA
TTACAGAGTATTTCCATTGGCCATCTTCGAGGTGGAAGAGAACTCCCCAGTGCCACACGACAAGACAGAGCTACAGGAGTTCCTTCGCACGGGCA
AAGCCATACCATTCCACAAACGAGTGTGCGCCAGCTGCCACGGGGTGCCCAAGTCCAAGGAGTGGATGTCCGCCAACGAGACAGATGAACTAAGT
GTGTTTCACATAGGTAATGAATTATAATTATATCTTTGTTGCATTTAGATTAATTTCTTATGTTGCCATTGCAGGAAAACGAACGGGTTACTATG
TGCACTGGGAGCCCATATATATTGGAACTCATGCCGATCCCCATTACGATGAACGGCTCAGCTGGGAGGGTAAAAGCGACAAGATGCCTCAGGTG
AGTCATTCCGCATTATTGCAAAGCAGCAGTAAACTTAATAATATTATTTATTCACAGGGCTATGCGCTTTGCGTAATGGACTACGAGTTCCACAT
ATTGGACAACGCATTCCTGGTGCACAAGCCGGGCATCAAGGTGCTGAAAAAGGACAACCGACGAGCGATGTTGTCCGGCAAGACAAACCAGCTGA
TACGGAAGATCATCTATCCAGAACTCAAAATAATGTATGGCATGCGCAAGGGATGTGCGATATAGTAACTAATACTGAAGCCAAGCTGAGGTCAG
TCCCGATTGAACGGGAAGGAGGAAAAGGCGAAAAGACTACAACCAACTTCACTATTACTATTTGCAATGCTATAGATCGGTTGTGTTGACTACCG
GTTCCCATTCCCTCTATAGCATTGAATGCGCACTTCAAGTGCGTGTTTTACAATTAGCTAGAGACTTAGCCCTAGAACTATAGAGCATTATGTAG
TTAGGCTTAGCTATAGGTCAGGACGTGTAACGCCATGGGGGCCTATTGGGTTTTACCGCGTTCTGGGTTATCTTTTTCTACTCTGCAAAGCCTTG
AGAGCATGGCTTACATAGACTTAACGTAGTTAAATGTGGCTTTTAGGTATCATGGTGTATTCCATTTAGCTGGCCATTCTTAAGTTGGAACTAGA
CGTCAAGTAAGCAGTCGGCCCTTTTGATAGAGCGTGCTTAAGAATACACGCCCAAAATTGATTCACTTCCAAGAAATTTCTGTAAATAATAACAC
ACTAGGACCTTTCATTTCTTCTGTTCTCTGGACATAAGCGGCCAGAGACCTGGGTTATGCGGTGTCCACCACTCATAGGCAGTCATTATCAGTTA
CTTTTAGTCTAGGCCATAAACTTAAGTTGAACGTTATTTAGTTGAATTTTCCATATACATTCATTAACGAGTTAAAAATAGTTTTTATTGGATAT
TCTTTTCAAAATACTCAAAAAGAGAAATTGAGAGCAACATTATTTTCGTATACCGGGGCGAGTTTCCTAGACATCAGCAAAACAAACAGTCTTAC
CACTTTTTTGTGTTTTATATATTTCCGCATTAAAGGCATAGATTAAACAATGTTTTTTGGGCAATGTAGACTTACTGCAAAGACCAAAATTTAGA
TTAGACCGATACCGGGCCAAAACAATTCCAACGTTAAATATTTGACTTGATTAGCAGAGTAGGAATCATTGAATTGAAACGTATTAAATAGACTT
TGAGAGTTAAAGCGTAATAGTAATAATGATAAAGACAAGTTTCAAACAAAAAAAAACACAATTACTATTAAAATTTATACAAGAAACACACACAT
TGAGAATTGATTTGTTTACTTACCGCACTGAATGGTAGGCAGAGCAATTAATGCGATTGAAGATTACATTTCAATAAGCATAAATGCGAACCGTG
ATATTTGTACTAGTAAAGCGATTTGGAGATGTTAAACCTATTTGATAAGAAATGAGTGGGCGACGATCAAAAGGAAAGATCAGAGACCCATATGC
ATTAAACTTAATCTAAATTTAGTTTTGTATATGTTTTTAATTAGTGTTGAACATTAAGTCAAACTTGTGCACATATAAATGTTAAAAAACAACAT
TGCGAAATCGAGTCCGCGATTAGATTTCGAGTGAAATGCTGAAGGTTTTTGTTGCGTAGGCCTTAACACAATAAAGAAATGTAATTGTAACTAAG
CTATCGGTTTTAGAGAGTTTAAAAAAGATTAGTACTTAGCTGAAAAACAGCAAATTTTACGTATGTTGTTGGAAATTGAATGATGTACGTTTTCG
ATGTGACTTGGGAACAACATACAACAATTGGTGTTTGTATAATTACATAAGCCTTGATTCCGCTGATATCATGTTTGCAAATCAAGTCTTCGCTC
AAAAATTGATTTAATTGCATATTTTCCATTCGTAAGACTAAAATATCACTAAACATAATAAAAATGTTGAAAATGTAGCTAAGAGCAGAATTAAA
ATATAATTAGAATACAACAATTTGAATTAAAGAATATATTTGTATGATGTAAAGAAAAGTGTAAAAGTGCCTTAGACAAAACGATAAACATAAAT

FIGURE SHEET 546

TATTTGTAAGTCCATTAATCAAGCAGCTGAATACTATTTAGTTTGCAATTAAATTGGCAACGCTGTGTGTTCATGCATACAGCATATTTTTGTAT
GTATATAAATAAAACCGAAGGGCAATGTATTAAACTATAATGTTTACTATATATCGAAATAGATTATTTTTTATAACTTGAGTCTATGTCACAAT
TCCTATTGAATGAGTCTTCTTGATGATTCACAGCCTGCCAATTATT
(SEQ ID NO: 1006)

Exon: 1001..1161
Exon: 1929..2083
Exon: 29997..30255
Exon: 30318..31192
Exon: 31262..31458
Exon: 31520..31632
Exon: 31693..31890
Exon: 32136..32961
Start ATG: 1132

Transcript No. : CT26212
CCGAAATGCCACAGACTTTTTGTAGGCTTTTCCACTTTTTCGATTTCGAGACTTCGAGCGAAACGGTCGTGTTTTTCGCGTGTGTGCGGGTGGCG
GACGCGCGTGCCAATCGGAAAAGGCCTTTAAATCAAATGAGTGGCTCGCCAAAGGAGCGCATCAAGAGCAGCCAAAAAATCAACAAAATACGAAA
CACAAAGCCAAATCAAAAGAAATCAAATTTCAAATTCGTGCGGCCACCAGCAAATATCGAAATAAAGAAATTATCTAAATCATCATCAGCAGCAG
CACAAAAATCGAAAATCTCCTCGCTGTGTGTCTACAACATGCGTTTTGAGCCTCTGGGCCAGAAAATGTTCACCCGCCGCAATTGGTTGTTGCGC
TGCAGCATCCTTATCAATGTGGCGGTGATCCTGTACATTGGCAGTCAATTGATGATCGGCGGCGGCAACAACTTCTCGAACGGCGGTGGCTTCCT
GCTGCAGGAGCAGCAACAGGTGTCAATGATGCAAGTGGGCTCCGCCTCATCAGCGGCCCAGGTGCAGCAGCAACAGCAGCCCACTCCCAAGAACC
AGAACCAGGTGGCCGAGATCTTCGAGTCCGAGGAAAAGCAGCTGGTCAATGCCAACGCAGATCCTCCAGCAGCAGCGGCTCAGGTGGCTGATGGC
GGTGCTGGAGCCCCGCAGTTGGCGAACGATAGTGGTGCCGGGGCGGCTGCTCTGGGCGATCCCTCCCAGGTGATAGGAAACATTGGGCCCGGCGG
TGTCGCCGAGGTGAACAATAGCCAGTCTGACGGCGGCTACATAGTCACAGGCGATGAGAAGGAGCTGGAGGAGCGTGTGCGATCGTTGATCAACT
GCTTCGACCACGACTACCACCAACAGACCTTGCAGCGTGGCGACTTCTGGGTGCTGCAGAACTACGTGCGGGCGGAGCATGGCGACATCAAGTGC
CATGAGTCGATCACCTACACCACGCACGCGGACTACACGTTCCTGGACAACCTGGTGCCGCTGTTGGAGCGCTGGAACGCCCCGGTGAGCATTGC
CATGCACGCGCCCGGCACGGACTTCCAGCCCACTCTGGACTCGATCCGGTATCTGCGAGAGTGTCTGCCCGGCAGTCACCTGGTGCGCGCCTATA
CCACCTTCCACATCTACTTCGGAACCAAGCACATTCCTAAGTCTGTGCCCAAGCCTCACGAAGTCTTCAAGACGGGATACAACTGCACACTTCCA
CCTCCGTACTTCAACGTCAGCTCCGGGCACCTGTACAAGGCGCAAAAGAAGTTGCTGTATCCGGTGAACGTTGGTCGTAACATTGCCCGCGACTC
GGCACTCACCCACTTTATTCTGGCTTCAGACATCGAGCTGTATCCGAACCCGGGTCTGGTCAAGAAGTTTCTCGAGATGATTGCTCGCAACGAAC
AGTACTTGAGACGCAAGGCACCCAGAGTATTTCCATTGGCCATCTTCGAGGTGGAAGAGAACTCCCCAGTGCCACACGACAAGACAGAGCTACAG
GAGTTCCTTCGCACGGGCAAAGCCATACCATTCCACAAACGAGTGTGCGCCAGCTGCCACGGGGTGCCCAAGTCCAAGGAGTGGATGTCCGCCAA
CGAGACAGATGAACTAAGTGTGTTTCACATAGGAAAACGAACGGGTTACTATGTGCACTGGGAGCCCATATATATTGGAACTCATGCCGATCCCC
ATTACGATGAACGGCTCAGCTGGGAGGGTAAAAGCGACAAGATGCCTCAGGGCTATGCGCTTTGCGTAATGGACTACGAGTTCCACATATTGGAC
AACGCATTCCTGGTGCACAAGCCGGGCATCAAGGTGCTGAAAAAGGACAACCGACGAGCGATGTTGTCCGGCAAGACAAACCAGCTGATACGGAA
GATCATCTATCCAGAACTCAAAATAATGTATGGCATGCGCAAGGGATGTGCGATATAGTGTAACGCCATGGGGGCCTATTGGGTTTTACCGCGTT
CTGGGTTATCTTTTTCTACTCTGCAAAGCCTTGAGAGCATGGCTTACATAGACTTAACGTAGTTAAATGTGGCTTTTAGGTATCATGGTGTATTC
CATTTAGCTGGCCATTCTTAAGTTGGAACTAGACGTCAAGTAAGCAGTCGGCCCTTTTGATAGAGCGTGCTTAAGAATACACGCCCAAAATTGAT
TCACTTCCAAGAAATTTCTGTAAATAATAACACACTAGGACCTTTCATTTCTTCTGTTCTCTGGACATAAGCGGCCAGAGACCTGGGTTATGCGG
TGTCCACCACTCATAGGCAGTCATTATCAGTTACTTTTAGTCTAGGCCATAAACTTAAGTTGAACGTTATTTAGTTGAATTTTCCATATACATTC
ATTAACGAGTTAAAAATAGTTTTTATTGGATATTCTTTTCAAAATACTCAAAAAGAGAAATTGAGAGCAACATTATTTTCGTATACCGGGGCGAG
TTTCCTAGACATCAGCAAAACAAACAGTCTTACCACTTTTTTTGTGTTTTATATATTTCCGCATTAAAGGCATAGATTAAACAATGTTTTTTGGGC
AATGTAGACTTACTGCAAAGACCAAAATTTAGATTAGACCGATACCGGGCCAAAACAATTCCAACGTTAAATATTTGACTTGATTAGCAGAGTAG
GAATCATTGAATTGAAACGTATTAAATAGACTTTGAGAGTTAAAGCGTAATAGTAATAATGATAAAGACAAGTTTCAAACAAAAAAAAACACAAT
TACTATTAAAATTTATACAAGAAACACAC
(SEQ ID NO: 1007)

Start ATG: 132

MSGSPKERIKSSQKINKIRNTKPNQKKSNFKFVRPPANIEIKKLSKSSSAAAQKSKISSLCVYNMRFEPLGQKMFTRRNWLLRCSILINVAVILY
IGSQLMIGGGNNFSNGGGFLLQEQQQVSMMQVGSASSAAQVQQQQQPTPKNQNQVAEIFESEEKQLVNANADPPAAAAQVADGGAGAPQLANDSG
AGAAALGDPSQVIGNIGPGGVAEVNNSQSDGGYIVTGDEKELEERVRSLINCFDHDYHQQTLQRGDFWVLQNYVRAEHGDIKCHESITYTTHADY
TFLDNLVPLLERWNAPVSIAMHAPGTDFQPTLDSIRYLRECLPGSHLVRAYTTFHIYFGTKHIPKSVPKPHEVFKTGYNCTLPPPYFNVSSGHLY
KAQKKLLYPVNVGRNIARDSALTHFILASDIELYPNPGLVKKFLEMIARNEQYLRRKAPRVFPLAIFEVEENSPVPHDKTELQEFLRTGKAIPFH
KRVCASCHGVPKSKEWMSANETDELSVFHIGKRTGYYVHWEPIYIGTHADPHYDERLSWEGKSDKMPQGYALCVMDYEFHILDNAFLVHKPGIKV
LKKDNRRAMLSGKTNQLIRKIIYPELKIMYGMRKGCAI*
(SEQ ID NO: 1008)

Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384661
GGGAGCGGATCTTCTTCAGACGCTCCAGATCGTCACGCAGCTTCGAGTCCAAGTTGGAGGAGGTCAGCTGCCAGTACTTGCCATCGATGATGTCC
TTCTGCCTGTTGAGGAACCAGTTGGGCACCTTGTACTGCAGAGGGTTCGAGATGATGGTCACCACCTTGTCGACCTGCAAACATGGCATTTAGGT
TGGTGTGCGTCTCGAACGGATTGGGCGTGCTCAACTTACCTCCTCCTCGGTGCACTCACCGGCGCGCTTGGTAAGATCGACATCGGCCTTCTTCA
GCACAATGTTGGAGTAGCGGCGACCCACTCCCTTGATGGCGGTCATGGCGATGCCAACCTTGCGCTTGCCGTCGATGTTCGTATTCATGATACGC
AGGATGTGCTGGAACTTCTCTGGGATGACGAGCGACTGCAAGAATGCAAAGAAAAAACATTAGTATAATGCATATAAACCACGCCATTTTTGCCA
ACAGCTAACGGCATTTGCAATTCACTATAAATTTGTCGTTTGGCGCTCAGAATCGCACATATTTGAGGTAACTCACCATTTTGCCGTTTGTATTC
TCGTATTTACTCCTCACTGTAAAGAATTAAGAGGTATTTTGTTTTAGAATTTTGGAAAAATCAAATGGGCAGCACACCACTCACCGGAAACGGGA
AAAGAAAAGAAGGCCGAATTAATGTGGCTGCCTGAGGCGGAGTAAAAAACCTAAAATTGCCTGCCACGTTCGGGACGCGTGCTGTTAATAGTTCG

CCGTGTGCTGTTAGGCGCACTCTGGTCCATCACTAATGCAAATTTAAAAATTCAAAAGGCGCCGAACTTTTGTTCAATGAAAATGCTTAAAGTGC
CATTTAGATATGCTCTGTGTGCACATTTAAAAAATTAAACTTCATATTTTATGTTTCTTTATATTTTATATTTTATTCCCCACATTTCGTAATAC
GTTTTATCGTACTGCATCCCTAGAGCACCGTTATATGAAAGCTTTTCAGAATGGGTGAAATAAATGGTAAATTATATTAGCTATGCGAATTTCCA
ATATTGATAAAAATGCATTGCATTTAAGCACTCAGCTGCGTTGGACAGGACGATGTCGTTTCCCTGCGCATCGTGTGCACCATGGCTCGCGACGG
CAAGCAGCACAACCTCGAGGATGTGGACATGTACGGGAATACCGCCCTATTGAAGGCCTGCTATTTGGGTCGATTTGAGTGCGCTCGTACGCTGC
TGGAATTCGGTGCAAATATCTTTGCTATGAACTATTTTGGTCAAAATGCCCTGACACTGGCCACTTATGCTGGGCATTTGACTTTAGTAAAGGAA
CTGTTGAGGCGAAGATCCTACAAGGATTTCAATCTGTCCTCGATGATCCCGGCCCTCTGTGTGGCTACACTGCAAAAACACTCCGCTTTGGTGGC
CTATTTTACTCAATTGGATTCGAGGGGCGTGCAAGAAACTCAAACAGTGCATGGTTAGTAAAAATCAAGTGTATTTATATAGTAACATTAAAGTA
AATTTATTTCAGGTCTGGGAGTTGCAGAGCTGCGAGGAATGATTAAAGCTGCAGGCCGCTTAGATAAGCGCAATGTGCGCTCTCCTCCCACTTTT
ATTAGCAATCGTCTGCGTTAATGTATTGTCATTTTGTAATAATTTATTAATTTTAATGTTTGAAATAAATATACTCTGTAAAAAGTGTGAACATA
ATATGTTAATCAAACCAGTTGGCAGGCCGCTCGCTGGCTGCTATCGATAGATTCAGTCGATATCGCCCGTGGCTTTTCACATCCCTATCCCGCTC
ATTTAGCCCGCCTGAAAGTAAAAAAAAAAAAACAGCCCACGTTAATCATTCATCCCAAAGTCACAGCCGCGGTAACATTACTGCTGTTAAATTCTT
AAGCCCGTCATCAGTATTTAAATAATAAAACACATTCAATATGTTCGAGGCACGCCTGGGTCAAGCCACCATCCTGAAGAAGATCTTGGATGCCA
TCAAGGATCTGCTCAATGAGGCAACCTTCGATTGCAGCGACTCCGGCATTCAGGTAAAAATTGCACAAAAAAGATTTTAAATGCATATCCCTAAC
ACCTTGTTCAACTTACAGCTACAGGCCATGGACAACTCCCATGTGTCGCTTGTCTCGCTGACCCTGCGTTCCGATGGCTTCGACAAGTTTCGCTG
CGACCGCAATCTCTCCATGGGCATGAATCTGGGCAGCATGGCCAAGATTCTGAAATGCGCCAACAACGAGGACAATGTGACGATGAAGGCGCAGG
ATAACGCCGACACTGTCACCATCATGTTCGAATCGGCTAACCAGGAGAAGGTATCGGACTACGAGATGAAACTGATGAACCTCGACCAGGAGCAC
CTGGGCATACCGGAGACAGACTTCTCGTGCGTGGTCCGCATGCCGGCCATGGAGTTCGCTCGCATCTGCCGCGATCTGGCGCAGTTCAGCGAATC
CGTTGTGATCTGCTGCACCAAGGAGGGCGTCAAGTTCTCGGCCAGCGGCGATGTGGGCACCGCCAACATTAAGCTAGCCCAAACCGGCTCTGTCG
ACAAGGAGGAGGAGGCGGTGATCATCGAGATGCAGGAGCCGGTGACGCTGACATTTGCCTGTCGCTACCTG
(SEQ ID NO: 1009)

Exon: 1001..1016
Exon: 1074..1478
Exon: 1533..1636
Start ATG: 1001

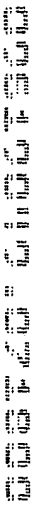
Transcript No. : CT26230
ATGGGTGAAATAAATGCACTCAGCTGCGTTGGACAGGACGATGTCGTTTCCCTGCGCATCGTGTGCACCATGGCTCGCGACGGCAAGCAGCACAA
CCTCGAGGATGTGGACATGTACGGGAATACCGCCCTATTGAAGGCCTGCTATTTGGGTCGATTTGAGTGCGCTCGTACGCTGCTGGAATTCGGTG
CAAATATCTTTGCTATGAACTATTTTGGTCAAAATGCCCTGACACTGGCCACTTATGCTGGGCATTTGACTTTAGTAAAGGAACTGTTGAGGCGA
AGATCCTACAAGGATTTCAATCTGTCCTCGATGATCCCGGCCCTCTGTGTGGCTACACTGCAAAAACACTCCGCTTTGGTGGCCTATTTTACTCA
ATTGGATTCGAGGGGCGTGCAAGAAACTCAAACAGTGCATGGTCTGGGAGTTGCAGAGCTGCGAGGAATGATTAAAGCTGCAGGCCGCTTAGATA
AGCGCAATGTGCGCTCTCCTCCCACTTTTATTAGCAATCGTCTGCGTTAA
(SEQ ID NO: 1010)

Start ATG: 1

MGEINALSCVGQDDVVSLRIVCTMARDGKQHNLEDVDMYGNTALLKACYLGRFECARTLLEFGANIFAMNYFGQNALTLATYAGHLTLVKELLRR
RSYKDFNLSSMIPALCVATLQKHSALVAYFTQLDSRGVQETQTVHGLGVAELRGMIKAAGRLDKRNVRSPPTFISNRLR*
(SEQ ID NO: 1011)

Name: plutonium
Classification: DNA_replication_factor
Gene Symbol: plu

Celera Sequence No. : 142000013384591
TCACTATAAGCTGCAATAAAGTATATCAAAGGCCTGTTCGGGCGGCATTCTGGGGGCTCGAGTTCCCTCCCCTTTCAGTGCAATCTTTCGTTTGT
TCATCCATTTCATAAAAATTCCTGATAATGCTTGATTTCCACAACATGCACAAGTGCGTGTATGTATCCGTTTTAGTACTGACTATATTCTACTC
TGTTTAAAATAAATATTACACGAGACACTCGTTATGTTATTGCCCCTTGATTAAAACATCTGAATTTCTAAAATGTAATTTTTGCATATCCGATA
GATATTTTGTCTGTGCTGCTTCCAAAAAAAAAAAAACGTTAAAACTCTAAATATAATTCACAATATTTTGTTTGTATAAATTATTATGCTGGCGGG
TGGTTACTCGTTATGTTATTGCTATATCTTTATCAATTATCTGCAAGCACAGATGATATACATATGTATGTACCTATTTATAACACAAAGCTGAT
CTTGAAGAGGGCAAAAATAGATTGAGTGCGTTGTCAACGCTCACTTTCAACATTTTATCACCCTTGCGCTTCAGCGAAGCCTGTCTTACGTGTCT
ACCAACTATGAAATGCAAAGTAACCGCCACTGAGTACTCTTAGTACACTTAACGCATAATATGCCTGGGGCTGGGTTACGCCTCGTTTCTATTTA
TGTACAAAACATCGATATCCAGATAGCAAGTACCCTCGTTACTTAGCTACTATCACACACACTGACTGAACCTGTTGCTGTCGCATTGTTGCTTT
GTCAGAGAGGTTTTACAACTAGTATCATAGCTATTTTGTGAGTATTGCTTCATTTTTATACAGGGTTTTTTCTTTTGGTAACACTAGGCTTTTCT
TACACTATTTATTGAATCGTTTTCCACCTTGATATTTTGCCGTCTTTGAGGGAGATAAGAACTAAGCTTTCAGTCGAATCTGAAATAGGTTGTAT
TACTGATTGTGGTTGCAAATGAAATAAAATAAAAATTCATAACTTATGTTCTTGCTAAATATTTATTTATGTAGTACCCAATTGAAAGTGTATAT
ATTGAAGGATCCTTCGGGCCATGCCGAAGTCATTCATTACACAAGTAAAAGTTTGGCATGTCTCCATTTCGAAACGGCTTCATATTTGTTTTCAA
ATTAAGACTAGAAACTGGACCTTAGTGTCTAAACTCTACTTTGAGACTGCACATCTATATGGCGCGATAAAGTCACTTAATAACTTAAATGTTAA
ATACGTGTGTTGTATGCAAAGTTATGTGAGGTCATCGAACGAAGCGGACAATTAGACAGATTCAAATATGGTTTGTGGACATGCTCGCACTTTGA
TGTAATCGATTCGTTTGATTAACGTTGAGTTGTTGGGTGTAAAACAAGTAAACCCAACAAAACCAAGTTAATGGGTTTCCAAAAAAGAACGACAA
AATACGAGAGATCGTGTAAAAGTTTGGCATTTTGCCCTAAAAGTTTATGCTATTTTACAAATATACAATGTATGCATATATAGATGTATATCGCT
TATGATTTGATTTGACTTGTTGATTGCCTACGAGCTAATAATACCTTAGGTTTGAACTAAGATTTCCATATCGTATGTACGTTAGTATATGTGTA
TAAGTATATATATATCTATATATAAGTTATGTATACAATTGTATAATATTGCAATTTCCAAATGTTCAGTTTCAATATGATGTATTTTTTTTTGT
ATGGGTTAGGGATCTGGCCGTTTAATGGATTGAAAGTCGTGGACCGGCGGCACCCATCTGTATGTTACAATACAAAATTGCTTGTCTTCTCTTGG
TTAATAATAATATTACAATTTCTGCTGTCATTTCAAGGGGGTTTTTCGTCGTCCACAGCGACGTCTCATTTACAAATTTGATCCCTATACTAATA
CTACTTTCTACAAATATATGTATGTGTAATTATATGTTACGATCGAGATTTTTCATTACTTTCGTTTGGGTGTTTGTTGACCCAGATTCAAATTC
TGTTTGAATTCACCATACATCATTCGCTTTGAGTTTTGTATTATTGCAAAATAAGATATTTTCTCTACTATTGTTGTTTTTTGTGCATCAGCGCC
ATATTGAATGATTAAATATAAGTTCTCACACCGCCTTTTCAAAGGGCAGACAGGGAAAAGTATTTTTCCTAAAATTGAGAGCTCCTCTCACTTAT



ATGACAATGATCTTACATTGGTATTCTGCTGTAACCATTTCTTAAAATTGTAAGCAAGATAAAATATAAATTCATTTGATTTTGTGGCTGATTGC
TCCAAAAGCCTATTCAAAACATTTTACCGATCTTAAGCAAGGCCTCGCAGCAAATAAATTGTGTCATTCAATTGTTCTCTGATTTAAAATTATTC
TTATCTTTGTCTTGTACTCGAACATTCTCACATTACTAAGATTCTTTAAATATTTAAAGGAGACAAAATTTACAATGCGGTAAACGTTTGTTGTC
CATTGCTTATCAATGTTAATATACATGTGCTATAAAATGAAACTGAGAAATACACAATAAAACCAAAACATAAATTAAATACTCTTTCTCTATTA
AAATGTATGTTTATATTAAAGTAATCCAATGGCATGAAAATAAAGTCCTGTCAAAACAGTGGGTAATAAGTAGGGTAAGGTATGTTTTCAATGAG
TTAATTAACAAATTAGTCTTCATTGGAGAATACTTCAATTTCTTTCGAGTACAAGACTATAAGATGGCCTTGGTAGGATCATGGGTAACATGAAT
TCCCTTTTGCTTGCCCTTTTGTCCATCGGCGTTTTAAAACAGGCCTTTGGCGCCGGCCAACTTACGTCGCCGGAATCACATGAGTCATCATTTG
AGCGTATTGTAAATGTTATCCTCTCCGGCCAATTCAACGGTGGTGATGTGGGCAGCGTGCCTCTCGCCCAGCGGTTCCTCGCCCAGGTACACAGT
ATGGTAGCTGATTGCGCTGCTCTTCACCGCCGCCGTAGCTCCATTCACCTCAATCCGACTGACCGACTGTGGTCCATTGACCGAATACTTGAGCG
ATGCATAATCTCCATCATCGTCGGGCACATGAGTGAACTGAGTGGCGCCCGAAAAGGTGTCCACTGTGTGCGAGGGACAGATTTCGGCGTATATA
TTCTCCTTGGTATAGTCCACAGCGGGAACTGGTCTACTGGCGGACTCCGATCGCAGGCAGTCCCCGCCGGAAATCACAAGCGAATCGCGCACACT
GGAGTAGGGCAAGTCGTCTTCCACCAGCGATGCGGGCGATATCGCCAGTTGGTTGAGTCCTCCTCCCAACAGAGAAACTCCACCGGCTGCCCTTC
TTCCAGTGACCGGTTCCTTGGTCAGCGCCTGTTGCTGCGCCTTTAGCAACATCAGATGTCGCTTCTCCTTTTCAGCCTCGTGAAGTTGCAACTTT
TGCGGCAAGCTAAACAGAGGTAACTGGTGCAAACTGGACGATGACTTGCTATACTGCCTGGTCTTCACGTGAAACTCGTTGTACAGCTTCTCCGT
GATGAAGGACTGTGGAGGTGGGGTCTGATTCTCCACATCTTCCAGCTCGGTACCTGCCTCACTGATGGCGTCATTGTGATTGTGGCTGGCCAGCA
AATCAGGTCGTTGCTTGCATTGACCATTGAGAAGCTCAATATCCTGCAGGGACATGGACTTTTGCATCATTGTGTCCAGAGACCTCGGCTCCATG
GTAGTCAGCATCGTTGTTTCGGTGTCGGACGCTGCTGTGCTGTTTAGGGAGATAGCATCTTGCTCTGGCTGTTCGGGATTCGAGCCAAAACGCTC
CTGCAGAAGCTTAGACATATCCGTATAGCGCTCCATGCTCATTCGCTTGGCCTGCTCATCGAGATCTAAGTCAGATTGATGTTTCTCTATTTGTG
GTTGCTGTTGCTGCGGATGATGCTTTCCGAACCACTTCTTCTTGGTAGACTGGAATACACGCATGCGCTCAGAGATGCGATTCAAACTGGATTCC
GAGTGAGCTGCAGCAGAAGCTGCCGCTTCCTTGGCTTCCAGATTCTCCAGATCCGATTTGCTGAGGAAAATAATGGAATCCTCCTTTTCGTGCGC
TGCTGCCATGGAGCTCTTCTCGCGTCTCAGGATCTTTGGAAAATGCAGTGGCTTCAAGATTCGTAGCCCCTCTCGATTCTTGCTTCCCGAACGTT
CCGAGCGCTGAATTAACTCAATCTCCACGAGCTTCAGGAATGGATCGCAATTAAATTGACAAAACTTTAGCATATTCTGCACATTCGTGTTAGCG
AGCATCCGTTGTTCGGAGTCAAATCCTAAATAACTTTTTACCAGCTGAATATCTCGACTGGGATAGAACTTCCTCAGCTGCAAGGGCGTCTGGGT
ATCGACGTCCTCAATGGAACAGCCAACAACCACATCCTCCTTGCTCACTTGACTAATACATAGCTGCTCGGGAATGTCGGGTCCGCCTGGACCGG
AGATATAGCGCAGTGTTAGCGGTAACTGCTTGGCCGCCGTCACCAAAGCACTCAAACGATGCACGCACTCCGGATTCAGCTTGCGCTGCGCATCG
CCCAGTTTCTGAAGCAGCTGAGGAATTCCCGGTTCAATCTCGTAGAACTTGCCCTTGGTGGACAGTGGGACGTACAACACCTGCCGGTTTTCATT
AAGCAGCTGGGCATACCGGTTCTTTTCCTTCTCCCTTCCCATGTACCCACTGCCATGGGACCTGGTCGCATTGCCGTTGCCATGTTGCGACATAT
TGACCTGATCCTGTTTGCCATCCTCGAAGACGGCCAACAGACGGAATACCTGCCCGCCCCTTGCCGTCGTTTTCACGTACTGTGGTCGTCCCTTG
TTTATGGGCAGGCATCCCTCGTGCGTTGGACTGCTCGTACTGTTGGGCGAGGATTCCGTAAACGCCGGCATGTTGTCCACTGAGACAAACTTGTA
AACCCGTTCCCGAACCAGCTGTATCAGAGATCCGTATTGTGTGGCCGTGGGGAGACCCTTCTCGCTTAGCATCGAAAAGTAACCTGCGGGAAAAA
GAAAAAATACAAATGTTAAAATTGTCCTTGTATCTTATGTTGTATGCGTATCTCTTCTATTAAAGTGGGTTCATCTAACCATTATACATTTCATA
AATAAATTAATTACAATTGGGTCAAAATAAATGTTCACAGAAGCTTCGCCTTCTCAAGGTCATAAAAGCATTTAAAAAAAATAGCACAAATCAAT
AATTAAAAACTAATTTTGAAATCTCTTTGAACAAGACAGATATTTTGGTTCAGTCGCTGAACAAATCTGTTTACTGTCTAAAATCTGAAAACCAT
TTTTCCGACAGCTGACAGCTTCGAACAGAATATAGTACACAATTTGCAATCCAAAAATGAGTACAAAAAATAAAACAAATAACGTGACGTGCGAC
TGGGCATCTCTTAGTATTGAGATATATGTATTTAATTTTCTTAAAATAAAAGCATTTTTTGTCAATTAAATGCAAAACCGACAAGTTTGATTGGA
GGGTTTGTAAAAAATAAAATTCGAATGTAAAAAGAGTTTCAGTTAGCGCAGGTGGATTTTACAGAAAAAAATGCAATGCAATTAAACATTACATG
TATCGATGAGTCCATTAATCATTTCATTTGGTTCAATTCGCGCCACTGAGCTTAAATTATAATGATACAATAAAAAAAATTGATGATAAAGAGAG
ACTAATGCAATCAGCGTCGAGACCAATTGAATCAACACAAGAAAAATCCAATATGCTCGTGCAAATTGAATCACTCCAATTTGCCATCCATTTTT
TCCGGACATTGCAAGCCTAATGAATAAAATGATAATACCCAGCGTCAGTAAGTCTATAAATGGGCAGATTGCATAATATTTGCACCCATTGGTTT
ACATTGCGCCTCGCCAAACGGCTGTGAAAAGTCACATGGCGTTGCGATTTGAAACAATGGCTGACCGCACAGTACGGCGAAGAAGCAGCAGTGGG
TGGTTGGTTGGGTACTGCAGGTGGTATCGGTGGTGTCGGTGGTGCCGGTGGTGTTGCTGGTGTCGGTGGTGGGCCACCGAAGAAGTCACCGCTGC
CAGACAGACTGGGCCAACAACCAAAACCACCGGCACTGGAACCCCGAATAGAGCTCATTGCATAACGCCTGATGAGCAATAGTTGCGATTACTTT
CCATTGTTGAACTGTGACTGTGTCACGCAAAAAAAAAAAAAAACATCAAAGTGCTGGATACATATGTCTGTATGTTTAGGGAATTGTGTACTTAG
TAACCTCGCACTGGGAGATCAGAGTTCGCTTGGCTGACTCACTAAGCGAGTTGAGTTGGTTACGAGTGGACCGTGTAATCAGGCAAAAGTAGTAA
GTATCTAAATGCATTCGTCATGAGAACACTAAATTGTGCCTTCAAATGTTCCCGTCTGGATTATGTAAATGGGCATGCGACTACAATCAGCCGTG
TTCGTGCCGAATCAGTCACAGGTTTTCCTCCCATTTTTTTTTTTTTTAATCATTCGGTTATGCCCTTAGCTACTGCCAATCGGCGCATCAATCGG
TGGGTCATTGAAGTTAATTTACTGTGAGCGATAAATTAACTTCCCTCAATGGAATGACAACTTGTTTGAAGCCGCCCTCGTCGGGGCCAACGTGT
AATTACAATTAGCCGCAGCACTTAAGTTCTAGCTGTTCTGTGAAAAATGTATCTTTCGCTTTTACAATTGTAATAATCAATAAATAGCAGGTAAT
TAGAACGCAAACGTACTATAAACCTGAGATAGCATACATGTAATAATATGACTACTTAACTATTGTAACAATCAATTTTAATAGTTAATAAACAA
TATGTTTGCTAATTGATTTTAGTTTATTACAGATACATACTGTTAAGCAATATGACAAATTGTTATTTATGATTTAAATAAACCCAGAACTCGAT
GCAATCATCCAATTCAGAAACTCACCCGGAAACTCCTGTGGAATGAGCAGAGTCTTCTTGCGCTGCGATGCCTGAGTCTTGGCGTTGTGTCCGTG
GTAGATGTTGCGCTGTCGCACCAGCCTGTAGAGCAGAAAAAGCTCATCGTGGCCGGGTGGAGTGCCACCGTTGCTGCTGTGGCGACCGTTGTTGT
TCTGGTGACCAGAACCAGAACCAGAACCCGAGCCCGAACTAAGACCAGGACCAGAGCCAGTTCCGTTTCCGGTGGCGCTGCCTCCGCTGGACGAT
GAATGGGTGCCGGTGTCAATGTTGCCACTGGAAATGTTTCCACCACCACTGCCACCAGAACCAAACGGATTCGCTCCCGTCGAGGAGCTGCTCGA
TGCCGCCGTGGAGGAGCCATGCGATGAGCTGGACTGCAGCGTTTCGTTTGAGCTCTTGCTCGCATGCAGAATGCGGACGACTCGTGGCAGGGAAT
TCCGCTCAAGGAACTCAATGGCTGTCAGCGCACCCTGTAAGATGCATTGTTTATTAGTTGAAGTTAGAGTTTATTTAAATAATTTCGAATGTGGT
TAGGAAACTTACAAATCGACAACGAATAATTAACCAACATTTTTGCGCGATTAGAAAACTTATTGACGTCATGTACACGAGAAAATTTAATATAA
AAAAATGTATATTCTATATTTTATTTAATCCTAATCTACGTTAATCTGCTTTTATGATATATTGTATTTGTAGAACAAACTTTGGGGGATTTTA
AAAACCCGTTTCTATCGTTATTCGAATTTTTTGCCATCAGATTATGTTACTATTTGAAATTGGTTTGACGTAGATTTGTGTATATATAGGTATAG
TGTAATTCAATCTTACTTCGCTGCTGCCCTTGGAGGCCTTGCTGTCCCCGGTGGAGTAATCGCCGCTGCCATTGAGTGCGTCACAGTATCCAGAA
TGGGCACCTCCCAGCAATCCTGAGCCCGATCCCAGGCCGTAGGTGCTGTTGTTGGCACTGCCGCGCACGCGTCGTGCCCTCCGCTGGTTCAGCTC
GATCTCGTTGCGGCGAGCTAGGCGGGCGTTCTCGAAATCGGCCACCGAGAACATATTCGAACTGGTGTCGTGGGAGTTGAAGCGCCGCAGTTTGG
GCTTGCGCGCCCCAGCCGCCGAATGGTGGCCGTGATGGGCGCCAACGGCTGCTCCACCTGCAGTGGCAAGAGCAAAAGGTACGAAAAAAATTAAA
ATAAAGAATAAAGAAACGCAACGCAACGCGGAGGAGTCGTGAGTGAGTGAGGTAGCACATTGTGCATCGGTGAGGTAATCGCATAAATATAAATG
CACATGTGAGTGTCTAATTGCCACCCCGTTGTCTGCAGTGGGAAAAACCCACACACCGTCGTATCAACTTCCACATCTACGAGTACAGTGGCAGA
GCTTCGTCTATAATGAGTGTATATTCCCCAAGCGAATTTCAGTTGGCGTGACGCAACAACAAAAAAAAAAATATAAAAAAAATAAGGCAAGTGGTT
CAAAACTGTTGCTAAGCGCAGCTAATTTTCAGTCAACGGTCAACGAGACGATGACACACAGTGGGCAAATATCGCCCCAAAGCGTAACCGCAAAA
TTAACAAGAATTTTCGAAATAGACAGGAAGGAATGTCGAAAGATCTTGCACTGAATTTAAAGTGGGGAAAATCGAACTTTTATTGTTCAAGACGG
CCATTTTTAGACCACAATAAATTTAATGCACTGAATAGCTGCACCTGTACACAACATTCTTGCCTGCTCGGCTTTGTTAAACATCGTTTCAAGGC
TAAATATAAATGAAAATCTTTTAGCCAAAGTTTTGTATATGATTTGGAATCTACGAACTTCAAGTTCAACTGGCCAGAAAGGCAATCTATCTCTA
TCTAATAATAACATGCAAATACTAAAAACGTAGGTATACACAAAACTCAAACTGCTCTATTTGCACTCGATTCTATAATTCAAAGTTTACTAATC

AGTGCTTATTTTTGCGTTTTAACAACGTTTACGCAAACAAATTTGTCACTAACAAGACTTTATTTGCAATACAAATATATTGACTATCAGCTAAT
TGATACTAAATTTTGCTATTGACGTTTGCCATGGGTCATTAAAAATACCTGCTTGGTTTATGAAATGCTTGAAAATTGCTTAAAAACTTGTGAAA
ACATTTTTGATTTATTTCCAAGCATAAAAATTCGTTATCAGGTCAATGATCTATGTGTAAGCTATTAATCAACGTATTTTATTATCGATTAGGTC
ACTTCGATTCGCATTTCCGGGTTATTGATTACTTGTTTAAAAAGTTTTGAGAACTTTTTGTTAGATTCGAATGCACTTGAGTTAATATCGAGGAA
GAACTGCGGGGGTCTATGACTTGACAATTTTAAGGTCGAATTGTATTTTTGGTTGAAAGATCCAATCGGATCGGATATCGAGGCACTAATAAAAG
AGTCAACAACTGGAGGCGATTAACGGCACACAAGTACGTAGACAACACATAAAGATAACACCTCCCTCATGGGCAACATATATTGTATTATATCG
TTATCGGGCCGACATCCAAAAAAGCAATTGTCTGTCGCCCCAAACAATACCGCATGAAATCACTTAGCCATATTCGTTTTTTTCCCCGATTTTTT
GTGTTGCTTTAGAAATATATAGGTATGTATGTAGTTGTGTAAATAAGCGAACTTCGAGCGTTGCAATTAAAAAGAGATATCGCGATTTTTGATTG
CTCATTGTTCGAATGCGGCCCATGGTGCGATTTGGATCCGCTGATTGGTGGTCGACGGCGCATTACTCACTTTAATTGCGCACATTTGGCTTAAT
TTTTTGCCCCACACACAACACACATTTAATAAATGCAGGCGAGGGCAGAAATCACAGCATAACACCGGGAAGGGGCTAAAACGTTTTGTGAAATT
GCTCTTATCTTTCGTGAAATATCAATTGCAGAGTAGACTTTCAGCCAGCGAGCGAGAGAGTAAGCCATATACATACATACATATATATATACATA
TAAATAGAGAGAGAAAGCGATAGAATGGATGAAGGGGGGTGGGTGTGAGATTGTCACGTTTCGTGTGAAATTATGCGAATCGACGCGCGCGCCTT
TTGCGAAAAGAAATCCCCATACAGACAACACAACCACCAGTTAGACAAAAAAAAAACTACTTCTGGTAACGAAACTGTTGTACCCTTTCAATCCA
ATCTAAAAACCCTTCTTCTGATCTTACCCTTTCCGGAATTTACCGCAGATACACATACTTATCAACAATATGACTTAATCTACACATCTTAGTCT
TTAATGGTCGAGATTTCTTTAGAACCATTCATATTTTTGAATGGGTAGACAAAAATAAGTCTTTCTAGGTCATCTTATCAACCATATATTTTAAA
ATTTAAGTGAGTAATGTTAATCACTTCATCTCTTTATTGTTCAGAGTGTTGATTGGTATTCCATCCAAACTAGCTGGCCATAAAAATAGCACATG
TTTCGGTTTTCACTTTTAAACGTTCTGCTCGAATTCGATTTGCACAAAAATAAATATTTATACGATTTGGATTCGCTTATCCCAAAGACCAGTAC
AGTTGGCTATCAAATTAATTAATTTAGATGCAAATTCGATAATCAAGAACTTTAAATCATACTGCAATCTCTTTTGAACTTTTTTCGTATAACAC
CACCATTGAAATTGATTACAACTTCGTTAATATATTGCACAAATCCATTTTCAAATCATTAGTTTCACTTACTGAAGTTTACCTGTAGTTGTAAA
CTTGGATCTTTTATTACGTGCTGTAAAATCTTGTAACGGCGCACCTTTTACGGAAAATGACGTAGAAAATACACTCATTTTTAAATAATTGGGTG
CTTGTTGTAAAAAATTAAATTCATTATTTTACAGCAGCAACCAATTGCTCGTAATTACCATACTGTATTGTGTGAAAATAGTTAGTGCCACTACT
GTTTCAGTCTCATAAAGTTGTATTTATCAAACTTCCTAAAGGAATCAACGCAAAAACATTTTCATTTTCGAAATGGTGTAAATTAAGTCTTCAGT
TTAATCATTTTTTGAGTGTATTAGGTCTTATCTTTTTAGTACATTCAATTCCCTTCGCAGGATTATTAAGTGTATATAAGGATGATCTGAATTAC
CATACCCTAAATGCAGAGCATTTACAAAATAAAAGCAAAGGCGACGTCATTGAGCAAACAATTACCCATTGCGCTCTCCCGCTCTCTCCTCTCTC
TCTCTCACGCTCGCTTGAAGCGCGTGCCTTGTCAACCTTCCCCACCACCCCTCCTCCGCACCCACTTCCACTCTTCGCGCTAAGCTTACCGTTAC
ATGCAGCTGCTGCTGCAGCTGCGACGCTGTTGCTGGGTGCGCCCGCTGCTGCTGCTGTTGCGACCCCGTTGCCGCCCACTGGGCCAGCGCCTGCT
CCACCCACTGTGGAGCCAGGATTTGTAGTTGTAGCTGTTGTTGTTGCGCCCTTTGTGGCTGATGCAGTGGGTGTTGTTGCTGCTGCCGCTGA
TGTTGTTGTTGCTGCTGCTGGTCCGCCGGGCATGTGCGGTCTACTGTTCATCAGCCAGTTGGCCAGGTGCCTCTGCCGCTCGAGCTCGATATTGG
TGCGCTGCATTCCGAGTCCGGACAGCTTTAAGGTCTCGTTCATAATCGCAATCAATCAAACCGAAAAAAAAAAAATGAATGCGCCACTGCAACGAG
CGGACGCGTCGCCGCCGTCGAAACGAATGTATTCCAACTCGGTACGTCTCGCGATGCCGATTTTCAGCGACCAACTGAGCAGACTTGTCCGACTG
CAGCGGCGCCCTCCTCGATCGTTGCTGCTGCTGCTGTAACGAGAGAGCCACAGAGAGAGAGGAAGAGAGAGAGAGAGAAAAGCGTGAGAGAAAAA
CAACGGAGAGCACAAAATGCGCGCACAGTGGGCAGCGTTTACATAAGTGGCGTCGCGGCCAGCGCAACTCGAATTCGCACAGTGGCCTCAATCTG
ACAGCTGCACACTCTCACAATTATCGGCAAAATAATATTTGCCGAGCTGCTCAATTTTGTTTGGCAAATATTTTTGCCTTATTATTAGACTACCT
ACTTATTTATTGAGTGTGGTTTGGGCATAGTAGAGTACCTTATATCGGGGAGTTGTGTCACCCCCAGTTTTAGTTTATGCATTTCTGAATCATCC
GTATTTCAGAAGAATGAACATTACCGTGAACAATTTCTTATTTCACAAAAGGCTACTGGATGACAAATTAAAATAAGATATAGTGCTTCCTAGAA
AGCTATTTTTCAAAGATATTCACTTTAATTGATTTGTATAAATTTACTTTAGTTTTAGTTTCACGAATTTTGTAGTTAATCTTTTCTATTCTAAT
ATTTATGCGTTTAAGTTTCTTTTTATTGTTGCCCTAATCAAATGATCAACTAAATTAGCAGCTGTGCAAACCTTTTCGCAGAGTTCATATACCCC
AAATCCAAGCGTAACAACAACAATTGCAAAATGTGTAAAAAGATGTTGAGCTTTAGCAAAAAAAAAAAATCTCCATCGTAATTGAGATGGTTGCT
GTGTGCCTGTGTGTGTGAGATGGATGTGCGTGTGTTGTGCATAAATTAAAATTGCGATGACGATGACGACGTTATCAGAAACTTGGCTCTCTCGC
TCCCTCGCTCGCTCACTCGCCCGTTCGTTCCTTGGCTTGTTCAATGTCGCCGCACCTTTTCGATTGTCGACCGCCCGCCGCCCACTTCGCCGCCC
CCCAGCCACCACCCACTACTCGTGCAACAGCGTAGAAAGCAGAGCCAGTTCGTCTGGCGTTGGCAGCAAAAACAACAACCGCGCGTCATCTTCAA
ACGTTATGCGACAGCGTAATCGGTGCGATTGTTAGAAGAGCGAGC
(SEQ ID NO: 1012)

Exon: 11870..11300
Exon: 8132..7807
Exon: 7444..6961
Exon: 5023..1001
Start ATG: 11633 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT26270
CTCTCACGCTTTTCTCTCTCTCTCTTCCTCTCTCTCTGTGGCTCTCTCGTTACAGCAGCAGCAGCAACGATCGAGGAGGGCGCCGCTGCAGTC
GGACAAGTCTGCTCAGTTGGTCGCTGAAAATCGGCATCGCGAGACGTACCGAGTTGGAATACATTCGTTTCGACGGCGGCGACGCGTCCGCTCGT
TGCAGTGGCGCATTCATTTTTTTTTTTCGGTTTGATTGATTGCGATTATGAACGAGACCTTAAAGCTGTCCGGACTCGGAATGCAGCGCACCAAT
ATCGAGCTCGAGCGGCAGAGGCACCTGGCCAACTGGCTGATGAACAGTAGACCGCACATGCCCGGCGGACCAGCAGCAGCAACAACAACATCAGC
GGCAGCAGCAACAACACCCACTGCATCAGCCACAAAGGGCGCAACAACAACAACAGCTACAACTACAAATCCTGGCTCCACAGTGGGTGGAGCAG
GCGCTGGCCCAGTGGGCGGCAACGGGGTCGCAACAGCAGCAGCAGCGGGCGCACCCAGCAACAGCGTCGCAGCTGCAGCAGCAGCTGCATGTAAC
GGTGGAGCAGCCGTTGGCGCCCATCACGGCCACCATTCGGCGGCTGGGGCGCGCAAGCCCAAACTGCGGCGCTTCAACTCCCACGACACCAGTTC
GAATATGTTCTCGGTGGCCGATTTCGAGAACGCCCGCCTAGCTCGCCGCAACGAGATCGAGCTGAACCAGCGGAGGGCACGACGCGTGCGCGGCA
GTGCCAACAACAGCACCTACGGCCTGGGATCGGGCTCAGGATTGCTGGGAGGTGCCCATTCTGGATACTGTGACGCACTCAATGGCAGCGGCGAT
TACTCCACCGGGGACAGCAAGGCCTCCAAGGGCAGCAGCGAAGGTGCGCTGACAGCCATTGAGTTCCTTGAGCGGAATTCCCTGCCACGAGTCGT
CCGCATTCTGCATGCGAGCAAGAGCTCAAACGAAACGCTGCAGTCCAGCTCATCGCATGGCTCCTCCACGGCGGCATCGAGCAGCTCCTCGACGG
GAGCGAATCCGTTTGGTTCTGGTGGCAGTGGTGGTGGAAACATTTCCAGTGGCAACATTGACACCGGCACCCATTCATCGTCCAGCGGAGGCAGC
GCCACCGGAAACGGAACTGGCTCTGGTCCTGGTCTTAGTTCGGGCTCGGGTTCTGGTTCTGGTTCTGGTCACCAGAACAACAACGGTCGCCACAG
CAGCAACGGTGGCACTCCACCCGGCCACGATGAGCTTTTTCTGCTCTACAGGCTGGTGCGACAGCGCAACATCTACCACGGACACAACGCCAAGA
CTCAGGCATCGCAGCGCAAGAAGACTCTGCTCATTCCACAGGAGTTTCCGGGTTACTTTTCGATGCTAAGCGAGAAGGGTCTCCCCACGGCCACA
CAATACGGATCTCTGATACAGCTGGTTCGGGAACGGGTTTACAAGTTTGTCTCAGTGGACAACATGCCGGCGTTTACGGAATCCTCGCCCAACAG
TACGAGCAGTCCAACGCACGAGGGATGCCTGCCCATAAACAAGGGACGACCACAGTACGTGAAAACGACGGCAAGGGGCGGGCAGGTATTCCGTC
TGTTGGCCGTCTTCGAGGATGGCAAACAGGATCAGGTCAATATGTCGCAACATGGCAACGGCAATGCGACCAGGTCCCATGGCAGTGGGTACATG
GGAAGGGAGAAGGAAAAGAACCGGTATGCCCAGCTGCTTAATGAAAACCGGCAGGTGTTGTACGTCCCACTGTCCACCAAGGGCAAGTTCTACGA
GATTGAACCGGGAATTCCTCAGCTGCTTCAGAAACTGGGCGATGCGCAGCGCAAGCTGAATCCGGAGTGCGTGCATCGTTTGAGTGCTTTGGTGA

CGGCGGCCAAGCAGTTACCGCTAACACTGCGCTATATCTCCGGTCCAGGCGGACCCGACATTCCCGAGCAGCTATGTATTAGTCAAGTGAGCAAG
GAGGATGTGGTTGTTGGCTGTTCCATTGAGGACGTCGATACCCAGACGCCCTTGCAGCTGAGGAAGTTCTATCCCAGTCGAGATATTCAGCTGGT
AAAAAGTTATTTAGGATTTGACTCCGAACAACGGATGCTCGCTAACACGAATGTGCAGAATATGCTAAAGTTTTGTCAATTTAATTGCGATCCAT
TCCTGAAGCTCGTGGAGATTGAGTTAATTCAGCGCTCGGAACGTTCGGGAAGCAAGAATCGAGAGGGGCTACGAATCTTGAAGCCACTGCATTTT
CCAAAGATCCTGAGACGCGAGAAGAGCTCCATGGCAGCAGCGCACGAAAAGGAGGATTCCATTATTTTCCTCAGCAAATCGGATCTGGAGAATCT
GGAAGCCAAGGAAGCGGCAGCTTCTGCTGCAGCTCACTCGGAATCCAGTTTGAATCGCATCTCTGAGCGCATGCGTGTATTCCAGTCTACCAAGA
AGAAGTGGTTCGGAAAGCATCATCCGCAGCAACAGCAACCACAAATAGAGAAACATCAATCTGACTTAGATCTCGATGAGCAGGCCAAGCGAATG
AGCATGGAGCGCTATACGGATATGTCTAAGCTTCTGCAGGAGCGTTTTGGCTCGAATCCCGAACAGCCAGAGCAAGATGCTATCTCCCTAAACAG
CACAGCAGCGTCCGACACCGAAACAACGATGCTGACTACCATGGAGCCGAGGTCTCTGGACACAATGATGCAAAAGTCCATGTCCCTGCAGGATA
TTGAGCTTCTCAATGGTCAATGCAAGCAACGACCTGATTTGCTGGCCAGCCACAATCACAATGACGCCATCAGTGAGGCAGGTACCGAGCTGGAA
GATGTGGAGAATCAGACCCCACCTCCACAGTCCTTCATCACGGAGAAGCTGTACAACGAGTTTCACGTGAAGACCAGGCAGTATAGCAAGTCATC
GTCCAGTTTGCACCAGTTACCTCTGTTTAGCTTGCCGCAAAAGTTGCAACTTCACGAGGCTGAAAAGGAGAAGCGACATCTGATGTTGCTAAAGG
CGCAGCAACAGGCGCTGACCAAGGAACCGGTCACTGGAAGAAGGGCAGCCGGTGGAGTTTCTCTGTTGGGAGGAGGACTCAACCAACTGGCGATA
TCGCCCGCATCGCTGGTGGAAGACGACTTGCCCTACTCCAGTGTGCGCGATTCGCTTGTGATTTCCGGCGGGGACTGCCTGCGATCGGAGTCCGC
CAGTAGACCAGTTCCCGCTGTGGACTATACCAAGGAGAATATATACGCCGAAATCTGTCCCTCGCACACAGTGGACACCTTTTCGGGCGCCACTC
AGTTCACTCATGTGCCCGACGATGATGGAGATTATGCATCGCTCAAGTATTCGGTCAATGGACCACAGTCGGTCAGTCGGATTGAGGTGAATGGA
GCTACGGCGGCGGTGAAGAGCAGCGCAATCAGCTACCATACTGTGTACCTGGGCGAGGAACCGCTGGGCGAGAGGCACGCTGCCCACATCACCAC
CGTTGAATTGGCCGGAGAGGATAACATTTACAATACGCTCAAATGATGACTCATGTGATTCCGGCGACGTAAGTTGGCCGGCGCCAAAGGCCTGT
TTTAAAAACGCCGATGGACAAAAGGGCAAGCAAAAGGGAATTCATGTTACCCATGATCCTACCAAGGCCATCTTATAGTCTTGTACTCGAAAGAA
ATTGAAGTATTCTCCAATGAAGACTAATTTGTTAATTAACTCATTGAAAACATACCTTACCCTACTTATTACCCACTGTTTTGACAGGACTTTAT
TTTCATGCCATTGGATTACTTTAATATAAACATACATTTTAATAGAGAAAGAGTATTTAATTTATGTTTTGGTTTTATTGTGTATTTCTCAGTTT
CATTTTATAGCACATGTATATTAACATTGATAAGCAATGGACAACAAACGTTTACCGCATTGTAAATTTTGTCTCCTTTAAATATTTAAAGAATC
TTAGTAATGTGAGAATGTTCGAGTACAAGACAAAGATAAGAATAATTTTAAATCAGAGAACAATTGAATGACACAATTTATTTGCTGCGAGGCCT
TGCTTAAGATCGGTAAAATGTTTTGAATAGGCTTTTGGAGCAATCAGCCACAAAATCAAATGAATTTATATTTTATCTTGCTTACAATTTTAAGA
AATGGTTACAGCAGAATACCAATGTAAGATCATTGTCATATAAGTGAGAGGAGCTCTCAATTTTAGGAAAAATACTTTTCCCTGTCTGCCCTTTG
AAAAGGCGGTGTGAGAACTTATATTTAATCATTCAATATGGCGCTGATGCACAAAAAACAACAATAGTAGAGAAAATATCTTATTTTGCAATAAT
ACAAAACTCAAAGCGAATGATGTATGGTGAATTCAAACAGAATTTGAATCTGGGTCAACAAACACCCAAACGAAAGTAATGAAAAATCTCGATCG
TAACATATAATTACACATACATATATTTGTAGAAAGTAGTATTAGTATAGGGATCAAATTTGTAAATGAGACGTCGCTGTGGACGACGAAAAACC
CCCTTGAAATGACAGCAGAAATTGTAATATTATTATTAACCAAGAGAAGACAAGCAATTTTGTATTGTAACATACAGATGGGTGCCGCCGGTCCA
CGACTTTCAATCCATTAAACGGCCAGATCCCTAACCCATACAAAAAAAAATACATCATATTGAAACTGAACATTTGGAAATTGCAATATTATACA
ATTGTATACATAACTTATATATAGATATATATATACTTATACACATATACTAACGTACATACGATATGGAAATCTTAGTTCAAACCTAAGGTATT
ATTAGCTCGTAGGCAATCAACAAGTCAAATCAAATCATAAGCGATATACATCTATATATGCATACATTGTATATTTGTAAAATAGCATAAACTTT
TAGGGCAAAATGCCAAACTTTTACACGATCTCTCGTATTTTGTCGTTCTTTTTTGGAAACCCATTAACTTGGTTTTGTTGGGTTTACTTGTTTTA
CACCCAACAACTCAACGTTAATCAAACGAATCGATTACATCAAAGTGCGAGCATGTCCACAAACCATATTTGAATCTGTCTAATTGTCCGCTTCG
TTCGATGACCTCACATAACTTTGCATACAACACACGTATTTAACATTTAAGTTATTAAGTGACTTTATCGCGCCATATAGATGTGCAGTCTCAAA
GTAGAGTTTAGACACTAAGGTCCAGTTTCTAGTCTTAATTTGAAAACAAATATGAAGCCGTTTCGAAATGGAGACATGCCAAACTTTTACTTGTG
TAATGAATGACTTCGGCATGGCCCGAAGGATCCTTCAATATATACACTTTCAATTGGGTACTACATAAATAAATATTTAGCAAG
(SEQ ID NO: 1013)

Start ATG: 238 (Reverse strand: CAT)

MNETLKLSGLGMQRTNIELERQRHLANWLMNSRPHMPGGPAAATTTSAAAATTPTASATKGATTTTATTTNPGSTVGGAGAGPVGGNGVATAAAA
GAPSNSVAAAAAAACNGGAAVGAHHGHHSAAGARKPKLRRFNSHDTSSNMFSVADFENARLARRNEIELNQRRARRVRGSANNSTYGLGSGSGLL
GGAHSGYCDALNGSGDYSTGDSKASKGSSEGALTAIEFLERNSLPRVVRILHASKSSNETLQSSSSHGSSTAASSSSSTGANPFGSGGSGGGNIS
SGNIDTGTHSSSSGGSATGNGTGSGPGLSSGSGSGSGSGHQNNNGRHSSNGGTPPGHDELFLLYRLVRQRNIYHGHNAKTQASQRKKTLLIPQEF
PGYFSMLSEKGLPTATQYGSLIQLVRERVYKFVSVDNMPAFTESSPNSTSSPTHEGCLPINKGRPQYVKTTARGGQVFRLLAVFEDGKQDQVNMS
QHGNGNATRSHGSGYMGREKEKNRYAQLLNENRQVLYVPLSTKGKFYEIEPGIPQLLQKLGDAQRKLNPECVHRLSALVTAAKQLPLTLRYISGP
GGPDIPEQLCISQVSKEDVVVGCSIEDVDTQTPLQLRKFYPSRDIQLVKSYLGFDSEQRMLANTNVQNMLKFCQFNCDPFLKLVEIELIQRSERS
GSKNREGLRILKPLHFPKILRREKSSMAAAHEKEDSIIFLSKSDLENLEAKEAAASAAAHSESSLNRISERMRVFQSTKKKWFGKHHPQQQQPQI
EKHQSDLDLDEQAKRMSMERYTDMSKLLQERFGSNPEQPEQDAISLNSTAASDTETTMLTTMEPRSLDTMMQKSMSLQDIELLNGQCKQRPDLLA
SHNHNDAISEAGTELEDVENQTPPPQSFITEKLYNEFHVKTRQYSKSSSSLHQLPLFSLPQKLQLHEAEKEKRHLMLLKAQQQALTKEPVTGRRA
AGGVSLLGGGLNQLAISPASLVEDDLPYSSVRDSLVISGGDCLRSESASRPVPAVDYTKENIYAEICPSHTVDTFSGATQFTHVPDDDGDYASLK
YSVNGPQSVSRIEVNGATAAVKSSAISYHTVYLGEEPLGERHAAHITTVELAGEDNIYNTLK*
(SEQ ID NO: 1014)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: B4
FlyBase ID: FBgn0023407

Celera Sequence No. : 142000013384789
CAAATTATGCATTTGAATTCTCTAGAAATGAGTACCAAACAACCCATAAATTCAAAATCAATGCTTATTGTACATCTATAAGTATTTTATATTTA
TTTTGGAATTTATCATAAATTTTGCTTGAATTTTAAATACACATCCATAGATCGTCATTAGCTATTCTCAATTCAGTTTTAAATAGGTCGTAACA
TAATAAGTTTGACTTGCAAGCAAAACAGAAACGAACAAAATGTATCTAAAAAATGTGAATACTTAAGTGAATCAATATATTTTATATGCTGTCTT
CATGTACATAGATAATAGATAATATATAACAATTACGATTACAAAAAAACACGACATTTTATGTGAGTGCAGGACAGTGACGGCGGAAAAAGGGG
GTCGGGACATGGAACAGGGGGGAGGGAGGAGAGGGGGACAGTGGAGCAGTGGGCGTAGGAGCACAGCTTGGATGAAAAATGAATTTCGCTTTCTT
GTTGTCTCTCTGGTCGAGGCGACGAGAGATAAAGTTCTATAATGTAAGCGTTAAATATATTATTTATATTATGTTTGTTATATATATAAGATCGT
ATATATGTGAGTGTGTGTGTGTGTGTGTTGCGTGTGCGAGGGAGTGGGGTTATTCCTATATCGTTTTAATGACTTAAAGAACTAGAAAACATC
ATCATCAGCAGCAGCAGCAGCAGCATCATCGTCATCAGTGTCATCCCTTTCGCCTGATTAATCTGGGTTAGTATCAGAATCGAATTATTCCACAG
GACAGAGACAGACACACAATAATTTAGTCTAGATACTTGTATTTGGAGGCATATATCGTGCGATTAAGATGTCCTGTCTACTTGATCCGCTGCAG
CTGCGTGTCGAAGGCATCGTGGGCCGCTTTAGTTTTCCTTTTGTTTTTTTGTTTTCTCCTTTTTGTTTGGTTTTTTTTTCACTTTCAGTTTAGTT

CCAAGTTCGGTTTTGTTCCGTTTATAAATATTGTTTATGCATTGTGTGTTGTTTCTGTGTTATCATTACAGTAATTATTTGTAATAAAGACGACG
GCATTCTAGGAATTGTTTATGCACAAAAGCAAATAGTTATTAGTTCCATGCTCCAATGCTAGCTTTAGTTTCATGTTTTTCTTTACTTTCATTTC
GTGTTAAGCTATTTCAATGTTTATTAAGTGTTCTTTCTCCATCTCCCTCTCTCTGGCGCGGCTATCATCATCTTTTTCTGTCCCAGTTAAGCAGG
ATGAGTGCTGCTTGAGTTCGTGGTTGATTGATTGATTCTCCTTTTGATTTGATTAGATCCCCGGAAAGCAGAGTGTCACTTAGTACCTGCTGTTG
TTAAACTGCGAATTGATGGCCGTATTAACGGCCGAGGAGGCTGCTTCCTGGACGTGCTGGTTGCGCAGAAACTCGGTGGTGAACTCCGCCTGGGC
CTTGGCCATACTGGCCCCTGTGCTGCGGTAGATCGAGTGAATCTTTGTGATCATCAGCACATTGGCCACGGCCACCGCTGTGAAACAGAATGCCA
CGTTCAACAGCAGAATGCCGACGATAATACCCGACGCTTGCCCATCGAACTGCCCGATGGCCGTAATAAAGCCACAGTAGCCCATCTTGTTGAAG
CCCACCGCCTGCACAATCGAGTACAGCGTTTGAAAGAAGTAGATGAAGAAGAAGACCATGAAGTTGAAGCTCGAATCGTTGCGGAATGCCTTGTA
CGCCGGTCGGAACCTGAAAATTAATCACACATCATCACATTATTCATGTTTTAAGAATCTTCCAGGTATAAACTCACCAGCAGACATAGGAGGCG
GGCGAGAAGAGCATCGTGTAGAAGATGGCCAGGAAGAAGGTCTCGAATTCGCCAGCGTGGAACAGCAAAATTAGACCGCCTATCACGTTGGCCAA
CAACGTCATGGTGTAAACTGTCGGAGAAAGTATTCAAAATAGACACATACAATCAGCATAATGCTATAATCTGTAGGGGAAAGCATTATTATATA
CTATATACTATGCATGCAGTAAATAATGCTAGAAATGCATTTAAAAACTATCTTAATACTGATAACATGTAAATCAAACAAATTTCATGCTCCCC
TCTTTGCAAGCATATTCTGCACAAAGGCACGCACACATCCAAGACCATTAGCCATTCAGCTATATCTGATTAATAATGGCATCGGCCTGTAGACG
ACACGCGATGACTAATTCCACAACCTATGGCACCGCTTATCAGCGAAAACATGTAGAAAACACAGCCATAAAGAACCAATACTCACAAATCCAAA
TGTAATACAATCGCTTGACCAGTTTCTGGAACTCGGGCGGTATCTCCACCTCGAAGTCCTGGTAGAAGCACGGCTTTACACAAAAGTTATCCGGC
AGCGGTGGCCAGTTGTTCAGCTGCGGCACATTGCCCTGTAGCTGCTGCTCGCGGCGGTCCAGTTCGGCGGCCTTGCGGTCCAACTCCTCCTGCCG
GCGCTGGATACAATGAAAATCATATGATTATCGACTGTTTTATATATACATTTTGTATGACTTAATAAATTGGCCGTATATGGTAAATACTTTAA
ATCTTATTCATTTACATATTTGGGAAAACAAAGGCGAAATTCAATGATAGGAATTCACATCCAAATCTTGAGTTTGTTAAACTTCTATCTTAACC
TCAGGCATTTGGCCTATCTATAGGAAATATTCTGTACAAGAATAAAGTGCAAACTTAAGCCTCCAAATCATATGTATTTAGATCTACTAACTAGT
ATTTCTTGAATTATTGTGTAGGGCCGAAGAAGCCAAGTAAATCAAGAGAAACCGCAGTTTGCACAGTGAAGACTCGGCGCGGCAGCCGCTTCTAG
TCTCAACCAGATAAATGCTCCAAAGCGGATATATCGTTGGCAGATCGAGATAAGCCCGCTTATCTTTCTGACTCTTGATGGAGAGTAAAATGTGA
TATGCCTGCCCTAATCCCGGCACTCTAGCAAAGTGATTACTGTACAGACTTTTAGGGCAAACTTTTAGTGTAACTGTGTGGTGTGGTCCATTTCG
ATTGTTTCCGAGTATTTGGATGTACATATGCGGTTTTTGGAGTATTGCGGATGTGGCCATGCCGGCACAGCACACCGCAGAGTGCTCACTGTTGT
GTGGGCGGTAACGCGAGACGACCGGCCAAGTGGGTTACCTGCAGCTCCTCCGAGGTGATCTGTATGCTGGTGCTAGGCGCCGAGGCGCCCAGGGA
ACTGGTCTGCGGGGGCGGAATGTTCTGCGATAGCGGCTGGACCACCGCCGCCGTGTTCGTTGAGTTGATCTGCAGCTGCGGCTTGGCCTGCTCCT
CGAATGGATTGTAATCCTCAAGAGAGACAAGGGCGGCGCCGCTCTGGAGTCGTCGTGCCTGCTGGATGGCGGGGTCCTGCGGGGGAAAACCGGGA
AATCCCAATCAGAAACCAATTCATTCAACATATGTGACGAATGCACCCAACACACACACACACTACACTCACAGGCACGCACACCAACACCCCAC
CTTTGCGTACGTGTGCGTGTGTGTGCGATGGGTTTTTTCTTCGGCTTCCGCGCTCTCTCTCCTAGCTCTTCTATCGCCTCACCGCAAACGGATTG
TCCAGATTGGGCTCCCCGAAGGGATTCTCGTCGAGACCGGAGCCGGACATGGGAATTCTACTTTGGATACGGCTGTTCAATGACCAGAAAAACGC
ACTGACTCGCACTTTGCTTTTCGCTGTGTATATTTTCCCTAAGACTCTGCTCAGTTATCGATGTCGGTTTTAGTGATGGTTCAGCATCGATAAGC
TTTCGTTGGGAATCAAAGTGTAGGCCTCAAATATCGAAAGAATTACTTTAAAGAATTAATGTTATTTGAATTACATATTAAATTCATTTTGGCAG
AAAAACTTATTATTTAACACATTTAACATTAATCTAGAATTCTGAAAAATGTGAATAACTGGTATACAATGGTCTGATTTTTTAGGACCTATTAA
TACATTTTATTAAAATGATAGCAAAAAGAAAAGATTCTATATACAATTGGATGTAAACCAGCAGTTATCATATGAATTTTAAATTTAAATGGCAA
CAATCGTGCCAATCGGAACTGCTCCAGCTGAACCAGCTGCGTGGAACCAGTTCCCATCCCTGGGGCCGCCATTCCGCAATTGGAATTCTAGTGTC
TTGGGTTGCGATTCGATTCATTTACCGCTGCCCGCGTCTCCAATTCGGTTGTGTGCGATTCTGTCTGCTCCGCATCCAAGTCAAACATCCAATCC
TTGCAAGAATGTCGAAGCCCAGCTACAAAGTCGGTGAGTTGCGTTATAAATAAACCCAAACGGATGGCAAACTCTCGAATCGAATCTCCGGCCGG
CAACAGGCGACATGTGCGGGTGAATTGCATCTATTCATGAGCACATGTTTCTGAGGTTAAAAGAGAGACAAAACAGAGGAGAGCACGTTGTTGCT
GGGGCAAAAAACGTAGAAATTCAGACCGTATGGTGTATAAATCAACAGTGCCTGCTTATCTGACCCTATCTCCCTTTTATATCCCACTCGACAGC
CGATATCAGTCTGGCGGAATGGGGACGCAAGGCGATCATTATTGCGGAGAACGAGATGCCCGGTCTGATGGCCTGCAGGAAGAAGTACGGCCCAT
CTAAGCCCCTCAAGGGCGCCCGCATCACCGGCTGCCTGCACATGACCGTCCAGACCGCCGTGCTCATCGAGACCCTCGTCGAACTGGGCGCTCAG
GTGGGTTCAGT
(SEQ ID NO: 1015)

Exon: 3761..3598
Exon: 3401..3174
Exon: 2473..2272
Exon: 1917..1788
Exon: 1723..1001
Start ATG: 3660 (Reverse strand: CAT)

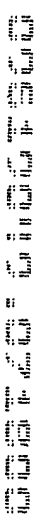
Transcript No. : CT26276
AACTGAGCAGAGTCTTAGGGAAAATATACACAGCGAAAAGCAAAGTGCGAGTCAGTGCGTTTTTCTGGTCATTGAACAGCCGTATCCAAAGTAGA
ATTCCCATGTCCGGCTCCGGTCTCGACGAGAATCCCTTCGGGGAGCCCAATCTGGACAATCCGTTTGCGGACCCCGCCATCCAGCAGGCACGACG
ACTCCAGAGCGGCGCCGCCCTTGTCTCTCTTGAGGATTACAATCCATTCGAGGAGCAGGCCAAGCCGCAGCTGCAGATCAACTCAACGAACACGG
CGGCGGTGGTCCAGCCGCTATCGCAGAACATTCCGCCCCCGCAGACCAGTTCCCTGGGCGCCTCGGCGCCTAGCACCAGCATACAGATCACCTCG
GAGGAGCTGCAGCGCCGGCAGGAGGAGTTGGACCGCAAGGCCGCCGAACTGGACCGCCGCGAGCAGCAGCTACAGGGCAATGTGCCGCAGCTGAA
CAACTGGCCACCGCTGCCGGATAACTTTTGTGTAAAGCCGTGCTTCTACCAGGACTTCGAGGTGGAGATACCGCCCGAGTTCCAGAAACTGGTCA
AGCGATTGTATTACATTTGGATTTTTTACACCATGACGTTGTTGGCCAACGTGATAGGCGGTCTAATTTTGCTGTTCCACGCTGGCGAATTCGAG
ACCTTCTTCCTGGCCATCTTCTACACGATGCTCTTCTCGCCCGCCTCCTATGTCTGCTGGTTCCGACCGGCGTACAAGGCATTCCGCAACGATTC
GAGCTTCAACTTCATGGTCTTCTTCTTCATCTACTTCTTTCAAACGCTGTACTCGATTGTGCAGGCGGTGGGCTTCAACAAGATGGGCTACTGTG
GCTTTATTACGGCCATCGGGCAGTTCGATGGGCAAGCGTCGGGTATTATCGTCGGCATTCTGCTGTTGAACGTGGCATTCTGTTTCACAGCGGTG
GCCGTGGCCAATGTGCTGATGATCACAAAGATTCACTCGATCTACCGCAGCACAGGGGCCAGTATGGCCAAGGCCCAGGCGGAGTTCACCACCGA
GTTTCTGCGCAACCAGCACGTCCAGGAAGCAGCCTCCTCGGCCGTTAATACGGCCATCAATTCGCAGTTTAACAACAGCAGGTACTAAGTGACAC
TCTGCTTTCCGGGGATCTAATCAAATCAAAAGGAGAATCAATCAATCAACCACGAACTCAAGCAGCACTCATCCTGCTTAACTGGGACAGAAAAA
GATGATGATAGCCGCGCCAGAGAGAGGGAGATGGAGAAAGAACACTTAATAAACATTGAAATAGCTTAACACGAAATGAAAGTAAAGAAAAACAT
GAAACTAAAGCTAGCATTGGAGCATGGAACTAATAACTATTTGCTTTTGTGCATAAACAATTCCTAGAATGCCGTCGTCTTTATTACAAATAATT
ACTGTAATGATAACACAGAAAC
(SEQ ID NO: 1016)

Start ATG: 102 (Reverse strand: CAT)

MSGSGLDENPFGEPNLDNPFADPAIQQARRLQSGAALVSLEDYNPFEEQAKPQLQINSTNTAAVVQPLSQNIPPPQTSSLGASAPSTSIQITSEE
LQRRQEELDRKAAELDRREQQLQGNVPQLNNWPPLPDNFCVKPCFYQDFEVEIPPEFQKLVKRLYYIWIFYTMTLLANVIGGLILLFHAGEFETF
FLAIFYTMLFSPASYVCWFRPAYKAFRNDSSFNFMVFFFIYFFQTLYSIVQAVGFNKMGYCGFITAIGQFDGQASGIIVGILLLNVAFCFTAVAV
ANVLMITKIHSIYRSTGASMAKAQAEFTTEFLRNQHVQEAASSAVNTAINSQFNNSRY*
(SEQ ID NO: 1017)

Name: SCAMPs
Classification: transporter

Celera Sequence No. : 142000013384663
TGTTTTTATTTAAAGCAAATATACCGGAATTTTGGCTGTGTGTAGTTTTTCTTTTCCAGAATTTTTCCTCTTTTCATTCCATTGCCTCTAGCAAT
TTCCTCTCCAAGTCGGCACATTTTATGCCTTTAATTACGCGCAGAACTAAAAAATTGCTAGTGGGTGTAATTGTAAAAAATCGGGTCAGCAATAA
TGCACATTAATTATGGTTTATTGTTGCTGCAAGTGTGTCATCGTGTAGGAATCGAATGAAGTAGTCGGTTCGTTTTTAGTTGGTTCGGGTTGCAT
TTTTTTGGCTGAGCCAAGAAATTGTTTTTCGATTTATCTTAGTCGTGTTGACATTATTTATTTATCTTTAGCATTTTTATTCGCACGGGGAATGT
TACAACAATTTGAAGGTTAAAATTTGTGGTATTTGTACGCACCACGCCTAAAGATTTAAAGAGCAACACACAATTTGGTTTGTTTATTTTGGTTT
CTCGCTCTTTCGTTTCGTGATCGAGATAGCTAGTAGTTCCTTCTTTTCGTTTTGATTTTCGTGGCATTAATTTTGGGTTTTCTAAAAAGCCAAAT
GGATCTAAAAATAGTTTCACCGATTCTCGTTTATGCTGCCGCTGCTTCAGCACGTGTATATGGGGAAAAATACGGATGTACATATGCGTTTTTCC
CCTAAAATCTAGAACTTATTTTGGCCAAAATTAGAAATTAACTAAAGTGGAAATATGCGGCAGTCCATTCTGTCGCCCCGCCACTTTCTCTGCTT
TCCCCAAAAATACTTTTTGACATTCACAGGGAAACCTGTCAGTTTTCCGCTCTCTGAGAGTCATTCCATATCTCTCTCTATTGGTTGCATTGCAT
TCTCTTCGTTTTCCACTCTCTCTTGTTTGCCACCCCCTTTTTGGTGCTACTGCCCTGCAGTTTTTAAGGTCAGTCGAAAATTTTCCAGCTGAGCG
TCAAGTTGAAGAAGAACTTATTCTAAATTCGGGAAAAACCCTTTTTCTCCATTTAATTGCAGCATTTTAACTGAAATCATGACTGAAGTTGAGCA
ACCGCCACAGAATGGCATAGATCCCACTGCCGGCGAAGATGATGACAATAGCAAAGCACGTCCCGCGGATATTGAACAGGTAAGTGCAGGCCGTC
GAAGTCCCAACTGGATAACAACCCCTCCACCAAACACTCACCACCACCACTTTACTTTCTCCTCCTCCAGGATATGCGCGAAATGGAGCGTCGCA
AGCGAGTCGAGGCTATAATGGGCTCGAAACTGTTCCGCGAGGAGCTGGAGCGTATCGTGGACTCGGCGCGCGATGGAGGTGCTGGCGCTAGTGGA
ATCCTGCAGCAGCTGTCGGACATTGTGGGCGTACCAGTGTCCAGGGTGGGCAGCGTCTTCAAGAGCAGCAACTGCATGGTGCCAATCAACGATAT
ACGCGGCGTCGAGTCCATGGGCTATGCCAAGGGCGAGAAGATACTCCGGTGCAAGCTGGCCGCCACATTCCGTCTGCTCGATCTGTACGGCTGGA
CCCAGGGTCTGGGGGCACAGATCACCGCCCGACTCAAGGTCGATCAGGAGTACTTCCTGGTTAACCCATACGGCCTGCTTTACCACGAGATCACT
GCCTCAGCGCTGAACAAGGTGGATATGCAAGGACAGATTGTGGAGCAGGGCACCACCAACTTTGGCGGCAACAAGAGTCGTAAGTGGCTGACAAT
TGAACCTATAATTGAATATATCAAATATATATTTATCTGTTTTTAACTGCCTTGCAGACTTTGTCCTCCATTCGGTGGTACATGCTGCCCGTCCA
GATATTCGATGCGCCATCTATATCGGCTGCAGTCCAGTCGTGGCTATTTCCTCACTAAAGACGGGTCTATTGCCCTTGACCAAGGATGCCTGTGT
GCTGGGCGAGATCACCACTCACGCTTATACTGGTCTATTCGACGAGGAGGAGCGCAATCGATTGGTCCGCAGCCTTGGTCCCAACTCCAAGGTGA
TTCTGTTAACTAATCACGGTGCTTTGTGCTGCGGAGAGACCATCGAGGAAGCCTTCTTCGCCGCCTGTCACATTGTACAGGCGTGTGAGACGCAA
CTGAAGCTGTTGCCCGTCGGTTTGGATAACTTGGTGCTGATTCCAGAGGAGTCGCGCAAGGCCATTTACGAGCAGTCGCGCCGGCCGCCGGAGGA
TCTGGAGAAGAAGTTTGCCGCCGTCGCCGCTGCCGAAGATGGTGCTGCTACTGCTGAAAAGGATGCAGCCGAAGCAGTACCCAAGGTTGGCAGTC
CGCCCAAGTGGCGTGTGGGTGGTGCTGAATTTGAGGCCTTGATGCGCATGCTGGACAATGCTGGCTATCGCACTGGCTATATCTACCGTCATCCA
CTGATCAAATCGGATCCTCCCAAGCCTAAGAACGATGTCGAACTACCGCCAGCTGTTTCATCACTGGGCTATCTTCTTGAGGAGGAGGAACTCTT
CCGTCAAGGGTAAGCGAATGCACTTAAATTGTACCTAAACAATTCCCTAATAAAATCTATTTACTTTTAGGATCTGGAAGAAGGGAGATATTCGC
AAAGGCGGCGATCGCAGTCGGTGGCTCAACTCGCCAAACGTTTACCAAAAGGTCGAGGTTCTGGAGACCGGCACTCCGGATCCCAAGAAGATTAC
AAAGGTAGAAATCATTACTTTCGAAGATATGAAGCAAACCAAAACCACCAACCTTAAGGAGATTGAGGGAAAATAGTTGAAATTGTTGGACACCG
AATCCTTCAACTCTTTACAGACATTCCACTTGCTATCCCCATATATAATTTCCATTTCGTTAGCACTCAGTTTTAGTTTCAACTTTGCCACTAAG
CTGCAACTATATTCACGCATAAAATTTTTAGAGTTTAAGTAAATGAAAGTAATCAATATACAAATTCTATATATTTATATACTTTGGAAATAGAA
TTAAAACTCGGGCTAAACCAAAATTATTTTACGTGCTTTGCTAGCAAGCAAACAAATATTGTGTAATGTGCATTAATCAAATAAATAAAATAAAC
AAGAAATAAAAATTTGCATAGATGATTTTGTGCCTCATTTAGGGATTTCGCTGCCTCAAAAACAAGACAATAGCGCTAAAACAATGCAAAGAAAG
AGAAAGAAATTTGCTATGAATACTAATCACTATGTAATAAATAAAACATTTTTTAATTTACCGAATCAATGATTTCATATTTAACCGCATTATTT
TTCATTCATAAAATTTTTCTTTGCATGTTTTATGGTATCTTTCTTTTATTCTCTTTGTGATTGGTTTTCATTGTTATTCAAGGCACAAAATCATT
TATGCTTGTTATTTTAGTTAATTTATGTTTATTTGATCATTGAAAAGTTTGATATCTAGGAACATATTCTTATGTATGTTAAAAATAAACATTTC
GAAAAACACTTGCATTGGAATGCCTACGATGTAACATTAATTTTAAGACTGGTGTAAACGAATTCACATAAGATCACACGTGTAAAAATCTATCG
AACAGTTGAATGGGAATGTTTGTTTATAATTAAGAATCTTCCCATATTGATATGAATCTTAGTATTCACTCCACATTAAAATCAAATTTCTTTCT
CTTTCTTTTCTATTTGCATTGATCCCACCCCACCCTCAACACACAACACATAATTTACAATATAAAACAAAATATGACAGTGGGTGGCTGAGGGT
TCCCCCACCCACTCAACGCCAGTGAGGATAGAAGATCCACTCCAGTTTGTGCCTGCAGGAACCAATCCAAGGGAATTTAAGCGTGTCCAGCAACT
AGTCAGTATTATAATACTCTTAGTCCCAATGAACTTTGTTAACAAGTGGAAGCTTTTTCAAACAGATTAAGGACAACCGCCGGGCAGATAAGATT
TCAGCCGGACCACAGTCGCATATTCTGGAGGGCGTGACATGGGACGAGGCGAGCCGACTCAAGGATGCAACGGTCTCGCAGGCCGGCGATCATGT
CGTCATGATGGGTGCCGCCTCCAAGGGAATCATTCAGCGTGGCTTCCAGCACAATGCCACTGTCTACAAGGCACCGTATGCTAAGAACCCATTCG
ATAACGTCACAGACGATGAACTCAATGAATACAAACGCACGGTGGAGCGCAAAAAGAAATCGGTGCATGGTGAATGTAAGTTAGCAATCATACAA
AACCAATAACCAAATAGTTACTTATAATGCATACAACAACTTTTGCAGATACCGACACAGACTTTTCGGAATCCGAAGCGGTCCTGCAGGCGGGG
ACAAAGAAATACCCACAAAGCGAACCCGAGACCGGTATGTTAACTATTTAGAAACTATACTGATTACTGGAAACTAATATTATGTGGATATTCTA
GAGCACCAGGTCATTGAGATCCAAACACAGCAAGCGCCAGTGCCAAGGCAGGCGGAAGTCGTGCTGAGCGATGGTAAGTCCAGTTTTGTACTAAA
AAATGTGATCTACTTGTTTTTAATTTTTATATATGATTAAAATTACTTCAATCATGCACACTATAAAACATTTCAAGTACACTTGTCCAAGAGTT
TTGTCTTACAAGTCATTATGTGATCGAAATTTTATAGTTCTATTTTTTATGTTCCGTTATTTTGTTTATCTCATTTTTATTTCTTTTGTTTTACT
TTTGTTTTTTGTTAACTATTTGTTTAATAATTTATTAATAATTTAGGTCTTTAAGATGCTGCTATATTTAAAACGTATTTTGCGTAGTTTTTAAA
TAATAATAATTTCCTTGTAGTATTATTTTCCTAGTTTTTTTTTTTTGGTATTCTTATTTTATTTGATTCCTAACATTTATTAACATTTTTATGCC
ATTTCCCTCTTTTCGTTTTTTTGCTGTATTTTCGCATTATAAATTTACCAACCACACACAAACGCCTAAAACTACACACATTTCAATGGAAACCA
ACACTTTCAAATTACTTAATGAAGTCAACAAAAAAATTCTTGTAGCAATTGATACTATCACAACTTCCTTTCTGTAAAATCCTCAAAATTATTTG
CTGTTTTGTTAAAAATCTTAAGCTTCTAATTAGTTATGTTTTATTAGTTAAATATTGTGCAATATAATTCACATTTACACAATACTTCCAAGGAA
CCAACTGTTGTACGGCGTTCATAAAATGATTTATAATTTCAACGTTCAACAATACGACAGCACATCAATCCCAAATGTTACAACAAAAAGAAACT
TTTTATAGTAGAAAAGCTGCAGTTTTAGTTAATCCTTTGTTTTACAAAATTTTCGTTTAATTTTCCGAATTTGGCAATTTGTAAATCAAAATTTG
ACCTTTCCATTATTTTTACATAGGAAAAAAGAACAAAACCAAATAAATTGGCAAATTGAACAGGAAAAATGCGAATTAAAAGCACTAGTTAGTAT
TGATATGAAAGCGAAGTGTGTGTAGGCTAAAAATAAAATAAACCAAAAATTTATAACAAAACGAAAGACCAGCAACCAACAACAAGAAGCAACCG
AAGTTCTCAACAGAACACAAAAATTCTACTACTACACTACCACAACTACTACATACTACCTTTTCTACTACTACTTCTGCGGCTGCTGCGCTCTA
TAACACAAAATAAAAATAACTAAATAATATGCAGTTTAAAAAGAAAAACCCTTTTGAGTTGGAGGTGAGTGCAGCCCCAAAGGTTTAGTGTGTAG



TCAAAAAAATAAAAAAAAATAAATAAAAAATCAAGAAAATAGTTTATAGAAAAAATGTTCAGCATAACAAAAACATAAGCCACCTGCACACTAAA
CCACATTCAACATGTCATATCAACTTTTGCTGAATGCTCTTAGTTGAATCACAATATGCGCTGTTAGCCAAGAAATTAAATTGCAGCTTGCTGTT
TTGTTGGGTTTTCTCCGTGTTAACCGCAATTTTCCATAAATTTTTGTTTTAAACTGCAGCTGTTTTCTGTTGATTGCTTCTTTAGTTGCCCAGCA
GCCATTTCGTACATTAGTGAACACAACTAATCCGTATACCATAAGTTTAAGGCATGCTTGATCGATACTAAACTCTAAAACTCATGCAACACTAC
GTATTTATAGTTTAAGGCAACTGATTACGTCTGTCTCACAATTGTTTAGCGATTTACTTGCGATCGTCTGTCGCTGAATATGATTTTATAATTTT
ATTTCTCAATACTATTTTAGCCACACTTAGTTTTATAAACGGCGAACGCTCTCACACAGCCACAAATCGCAAGCCGCCAACTGGCCGAGGTAACG
AACAAGACCCATTTGAAAGATACTCCACAGTACTTACATCCTTCAATGTACTCAGGCTAAACGCCCATTGTATATAATATCGTTGAAACATTATA
ATACCCCATATAATCCACTAGCAGTTCGTTGTTAATGGTGTATACTCAATATAACCCTTATATAATCCACAAGCCCATGGCAAATTATTGATGCA
CCACAACTAAACACTAGCTATAGTTTGAGGTTGATATTTACCATTGAAATAATTTATTGCGGTTTTCTTAGTTCATTACATTGGTTTTGGGTGAA
ACGATACATCGTCAACTCTTTTGCACAGGAAACTCGTTGTTTTAATTCAAATGCCCTTAAAAACTGCTCGTTTTTCCAAGCTCGAGATATTTTTA
ATAGGTCAGACTTAAGTACAACCAAAAATGGGATATGTTTTTCAGATTTATGGATCTGTAATCCAGTACGTATTGGCATTATGTATGTATTTCGA
GAGCCGCACTTATCTAAGATGCTGGCTCCGGACTTTTTATAGATTGTCACATATACTTACAATTTTTCGGCTTTTCTTACCTCCCACACCTGCAT
TTAATGTCGCTTTAACTAGACGATAGTAAGAATAATGAGTATGGAGACGACATGGAGAACCAATTATATGAGCGGAACAGGAACGTACACAATAA
CAGCAAGTGTCGACGTGATCTGTTTGCAACAAAGCGCAGGGATCCCCATCCATCACCGGAGCGTCTGTATACCTATGTCTATGCTACAGCTGCCT
CTGTGGGCCAGTGCGTCCAACCGGAGGTGTGTTCCGCTTTGTTGCGGGCTCTGCATAGCGAGCAGTTGGGCTACCTGGCGAGTAGCTATCGCGGA
GGAGCTGGGAACTCAAATGCCACCACCGCCAGCACATGCACTATAACCAGCGTCACGGGCTCCTCTACCGCATCGCGCAGACCATTGCAAAATGT
GAATATTATGTATCCGCAGCCGTATCGCACGGGCTCCCATTTTGGATTCAATTCACCACGCCAGCAGCCACGCACTGAGCATAAGCATGTGCCCA
GGGAGCGAGACTATAATGCCTTGGGCTACCGACCGATGCAACGAGGGATCAGTTACGAGGAGATCTTCGCCACACCTCGCTATGAACAGTTGTGC
CAGGTGTGTTTCGACAAACTACTGCGCCTTAAGCCCGAGCTGCAAAGGATTGGCAGTGGCACGGCTACTAGTAGTTGTGCGGAGGAGCAGGCAAG
TACAGGGAGCACTCCCTTGCAACGCCGCCAATTGCCGACTTTGCCTGAGTTATGCGATCATCGTAGGGAAATGGAAAAGTTGCCAGAACCTCCGA
GGGTCCAACGTAATGCGTACACACAGACACAGAAGTGTTCTCCATCCTCTTCCACCTATAATTTCCTTAGTCAAATCGAAAAGTTTAACTTCTCG
GAAGAATCGACGGACATAGATTATACTCCACGCCCCATTAACAGTGAAAGTAGCCTGTTGGGACTGATTGTGGAACAGGCAACCTCGAGTGCTGG
AGCGAGTGCCACAAGTGCTCCACCTCAAAGAATTTACTGTGCAGAACAAGTGGACATTACAGAAGTGTGGAGTTTTGGGCGTTGGTTGGAACCCC
AGGACCATATGATAGCGAGTAATGCAGATGAGTTTTCCCAACAGCCGCTGACCGAGCATTGCATCACATTGGAGTTTAATCAACAATATTCGACT
GGCGACAATCAGGTCGATCGCCAATTGATGACACGCGAAGAGCGTCAGCGTCGAAAGTCTGAGTTCCAGGAGCTTTGGCAAGATCATGTCGAGTA
CTTTGAATCCAAAGAACAGATGCATACCCATGAAAATATCCAGGAAGTCGCGACTCTTAGTGCTTATGATTGCTTAGACCAGGATATAGGCGAGA
TTGAAGACGGATTCAATGATGGAACAATCGCTGATGCAAGTGATGAGTTACCGAACATTCTGCAGATGTTCGAGGATAGTCTTACATTAGCCGGC
GAAAACCTAGAAAAGCTGGTGGAAAGTACCAAAAAACTACAAGCAATTCACAGTGAAACATCACCAGCCTCTTCCAATAGTTCCCTAGCCGAAGT
TTGTAATCTCTTTCGGTCGAGAAGTTTCGAGAGCATTCCTGCTATCGATGATACTGTGTCTGTACAGGAACCACTTTACGATTTGCCCATAAATT
CAAGTATCGAAGAAGATGACGGACTGCAACATAATTTTGTACAGGAGGAAAAGCGTGACGACGAAAAACCTCTTACTCCCATTTCAACGGAGCCA
GAGGAACCTTCGGATAAGGAGAAGGATCTTGTCGACGAGAAAGACATAGACGAAAATGAAAATCACGTGGAGGCTGAGTTCCAAAAGGCTCTTGG
CGAAACAATGCAAGTAACCGTCCTTATGCCAATGGAACACAAAACCCCCCTGAAAGATACAGATGAAAATGATCGTTTGGTTGAGACTGAGATCC
GAGATCCTCAAGAAGTTAGCTCCTTAGAGACAGATAACCAGTTTTTCACACCGCTGGAACGCGAGGTTCTGCATCGGATCGAGAAAGAAAGACTT
GACGAGGCGGAGCCTATATTTGGAAAGATTGACCATAGTATTCGCAACAAGATGACGCCAAAGAAGCTGCAAGACTTGGTCAGCGAAGAGATATT
TCGCACACAAACGCATGTATACACGAATCTAAGGACACCGATATCGAAGAATATACAGCATGACACCACTTTGACTCCCAGTGGCTCATCCCTGT
CAGCTCATAATATCAGTGCACCGTGCAGCTCAATGGCGCACACTCATCTAGTCACCCGACCAACACCCCGAATGTCGCGATCCTGGTCCGAAGAT
CAGCAAAGTGAGGATGACGATCAAAAGAAGAACGAAGCGGGAGAACGGGGATACATTGACAATGACACTCCCATAGATCGAGTCATCTCGTCTAC
AACATTTGTGTGCAGAAGAAGTCCAACCAGAAAGCGCAACTTTATTCAGGAGAATATTCGCAATGCCAGCAGACCACGAATTGCAGCCGGTTCGA
TTAGAAAACATAAAAGCAACATCGTAACTTCCCCTAGAGCCAAATCAAGCCCATCCTCGGTGTATACTTTTCAGTGTGGCCAACGGGATAGCGGA
GCACGCCTATGGGTTGCCTTGCCAACGTCTCCACGTGGTCAAAACGATGAGAAATCGTCTACTGCAGCTCGGGCTTTGTACACCGTTCGGGGTAA
TCCCCCATCACCATTTGCCAAACGTCGTAGACCCTTGGTTATCCTTCCACCAATGCGTAATAAAAATAAAGCCCATAATCGCGAGATGAGCTCAT
CTAATGAATCTCTGCACAGAACTCTTTCCAGTAGCACGTTCAATGTGGACGATGATGAAGATCCTGCAAATTCGGATAACATTTCAATGAGTACC
TTTCAGTTGGAGGAAGGTCAAGAAGTATCATCTCCTGCAACTCAGGATAATAGGAATGGGACTAACAGTTCTGTGTACTACAGCGCAAACGATAC
CACGCGAGAAGAGAGAGAATCTTCACAGCCAAGCAGGGACGAAGCAGAAGAGAATCTTGGAGTCATGGAATTTATGCCCGAATCAATTCCACTTT
TGGAAATACCAGATATCTGTAACCAACTCGATGAAGACGGATCATCGTTAGAACTCGCACGCTTAGCAGGCGGATTTGAAGTGGGTACAACAGAA
GACGACCAAGTCGAAGAAGTGGAACAACAGAAGAAGAGCATAGATAACGAATCCAAAAATGTTCTGCCTATGGGAATAGAAGAAATTAATGGCGT
TCAGGACAGCATTTGTTCCATGCAGGCGGATATTGATAAGGATGATATTGTTAATACCGATGATCAACCCTCGACTTCAAAAGCGGCAATGAAAA
AAATTCGCATATATGGTGGTGCGGAGCCCGAAGAGACTCCTCATTGCGAAGATGAGGATGTGGTGACGCTGGAAACGGTTTGCATTGTGCGTGGT
CTGGAGATGTTTGTGCGAGAGGTGGAGCCCATAAAGCAAGAGACTTCAGAGGAACTATCAGAGCTTGGGGGACTTTTTGAAAATGGGTTAATTGA
TGAAGGTGGCGAGGAGGCCATGTCCCAGTAGCAGTGAAACCAGAAGTTGATGAAGAATTTATGAAAAAATATTGAGGAACGAAAGGATAACACTA
ACTTTGAACACTTTTTTTTTTGAACATTTTATATTCGTTTATGATTTTAACATTGCTTGTCATTACCATTTTTTGTACTATTTTTCATATATTTA
ACATTGTAACATTGAAAACTTTCTTCTTTTGTAATGTAATTTATAGAACCATTAAAAATGTGTGAATTATTGGTTTTGTACTCAGCAAATTTATG
TTAAGTTATAAAGGGTATGGTGTTTATCTTTACAATTATGGGTTAAAAAAAATCGAACATTATGGGTTTATATTAATAATAAGACATTGTTTAAA
TTTAATTATTAGTAGTAAATATTCCATCATAATGTCTTAGAATATGTCATCCAGTGTTTCACGTCCCTTGTCCTGCGTCCAGTGTGTAAATTATG
TTGGTCGTGATAATTTTTGGAGGTTCAGGTGCTCAGAATCATACTTACATTACTTTCTATATCCACATCACCCGCCATTTGATATATATCGATTC
TAGCACTTGTCTCTCAACTGGCTCAAAAGTATGCGTTCCTTTATTCGCCTGGCCAATACATGTATGCCTGCATGAAAATGGCTCCATTAATGCAT
AAGGTTTATGTTATACACAAGGTCGAGCCCGTCAGCAAGCACAACTATCCGCCAGTTAACGATGGCAATATGAGTATTCATCACAACGAAAGTGG
AGCCGGATTCATGGCCCAAGAGTCCAGCGTTATTAGTAGCACCCCCGTACGCAATGCCTTGGCATCTGTATCATTGCCGGAAGAGAGGAATCATT
CTATTTTGGGCTTATCATCGACTCCGTATCGCACCATCTCGCATTTCGGGTTCAATTGTCCGCTTATTACGTCACCAACCATTCTCCTGCATCCC
GAACATCGATCCATTTGGCAACGGGTGGCCGAGCAGCGCGAGAAGGTTGTGTCCTTCATAGATCTCACAACATTGAGCTTGGACAACCGCAAGCT
GCTCAATGTGGTGACATCAACGCATCCAACCCAGTGCCAATCGCAATCGCAATCCTTTATCTCTGAGAAGCACATTCAGCTGGAAGTTACGCCAC
CGAAGCGAAAGCAGCGTGTCTACAGCGCCACCATCAGCAGTGGTCTAGACGACAGCCTCGATGAGCTGGACTCCCTGATGAGTGGCCTAGCCATC
AATATGCCGCGCAGTCGGGAGCAGGACAGCGGTCTGTACCGCAGCTACACCTTTCTACCCAGTAATCATGCTCTGCCCAAGGATACAGATGCCAA
TAATAGGGATCAAACGGATCGGGAGCGACCAGAAGCGGAGCAGGAGGAAAGTTTTCACTGCGCAGGCGACAGTGGTATTGGCGATTCCACCGGCA
GGCGTCCGCGTCTGGCCACCACCAGCAATGATTCGTCTATTCAAGAGGCCGAAGCCTATACCCAGGGCAAGCACGTCAAGTTGACCTTGAGCAGC
TCACCCACGCCGACGGCCACACAGTCACCTGCAACCATCGAAATTCTTATCAACGTATCGCTGCGCAATGCCGAGTGCGTCCAAACGGTCCAGAC
CCATGAGCAGGAGTTTCGCGCCAAGTTGGAGCGAGTAATCGACGAGGAGATCCACTATATTTCGCAGCAACTCGCATTTAAACAGCGACAGGCAG
AGTTGCATGAACAACAGACTACATCGCGGGCTCCAATCGCTACGCCTTCTTTCACAACTATGCATCCGCCGGCACCGGCTTCTTCATCATCCATG
GTTCACCGCAGCAACTCGGCACCAGAACTGTGCCACACCTATAGCTATGTGGCCGTGGGCGATTTGTCGACCAAACAGGATCAAGCCTCTCCCCA
ACTGCCAGCGGAGGGTGAGCCGTTGAATGATATACTCAGTAGTTTGGAGAAGGAACTGGAGCGTCTGCTGAATAGCGTGGTGACAGCCCACATGC
TGCACAACAAGGCCATCATACACGAGTGCCGGGCTCGCTTCTCGCAGCTGGCCGATGGAATTGTCAGCTCGTAGATACATATTATGATTTTGATG

GAAAATTTACATCTTCGCTTTTGTTGTGATATTTGAAAATCGACAACAGTGAAATGATTGTATAAAGCAACTAGATTAAGTTTAATGATGATAAT
TTGGAAATCTTCAAATCGAACTAATGCATTTTTTACTTCTTTGTTCTCTTAATTTAAATGTTAAGACTGTAACTTAAGCACAATATGAAAATGCA
AAGTTAAAACTGAATCTGAGCCAACCATTGTACATTTAAACATCTGTGAAATTGTTAAGTTTAATTTTTGTCGAATCTTGATTTTCGTTTCATAT
TTTTATAATTAAAATATAATAAATATAGTTTTCATTATGTTTAATGTTTTTAAGAAAGTTTTAGGTTAAGTGTTCATACTTACGAAACATTAATT
TCAATCAGTTAACTTTAATCAGCGCCCAGGTAAAATAATTTCATTTATTATTTATGTTTGTGTTTTGTACTGCATGTCTGCTTGCTTTTTAACAT
ATATTGCTGATCCTGCTGCATGTCCTCGTGTTTGAATAGCGAATCCTAAACTCCATCTATGTACTTATACATCCACACCAATCAAAACATTTAAT
ACATGTACATGTTTTAGTTAGATTATTATTCGTGCGTGTCTCATATGGTGAAAGTAATTACGAAATTAATATCAAATATTTTGTGTGCGTCCACT
GAGTTACATTTGTAGGAGACCCATGCCAAATTACACTGCTATACAAATTACTAACGACATTTTCGACCCTTTTGCAACAGGTGAAAACGTACAAA
ATGGCGATCATTCGGAGGCACACTTGAGCACCTTCTCGCAGAGCAGTAAAGAGGTAAGTACATCCGAACTGATCCTGCGATCCAAGATCTACGGA
TCTCTTCTTCAACTCGAACACTCACAAGCAGTAAGCTGGGTGGTAAGCGATTAGCAAGTAGAGTTGCTACATCGACAAGACAACCAGTTTTAAAC
AACATCATCATGCATTGAGCTAACCTCATTTGATTTACTAACCGAAGCGCAACCGATATTCTCACTGCAAATTTCTATTACGGTTCCAGGATGTC
TCCACGGACGGATCCCCCAAGAAAGACAAGAAGAAGAAGAAGGGTCTGCGCACACCATCGTTTTTGAAAAAGAAGAAGGAGAAGAAGAAGGCCGA
GGCCTAAGCTGACCATCAGCGTGATCCGTAGGAGTAGCAATCTTGACCAACCTCCCACCATCAGCGGGAACCGAGAAAAATAACGACAATGATAC
CACGAGAAAATGGAAACTTTAGCCAGATCAGCAAAAGAAGCATTATATAAAAAAAAGAGAGAGGCCTAAACAAGCAACGGATGAGCA
(SEQ ID NO: 1018)

Exon: 1001..1124
Exon: 1211..1694
Exon: 1768..2479
Exon: 2541..2664
Exon: 3691..3801
Exon: 3866..4160
Exon: 4229..4309
Exon: 4372..4443
Exon: 10929..12767
Start ATG: 1029

Transcript No. : CT26485
ATTTAATTGCAGCATTTTAACTGAAATCATGACTGAAGTTGAGCAACCGCCACAGAATGGCATAGATCCCACTGCCGGCGAAGATGATGACAATA
GCAAAGCACGTCCCGCGGATATTGAACAGGATATGCGCGAAATGGAGCGTCGCAAGCGAGTCGAGGCTATAATGGGCTCGAAACTGTTCCGCGAG
GAGCTGGAGCGTATCGTGGACTCGGCGCGCGATGGAGGTGCTGGCGCTAGTGGAATCCTGCAGCAGCTGTCGGACATTGTGGGCGTACCAGTGTC
CAGGGTGGGCAGCGTCTTCAAGAGCAGCAACTGCATGGTGCCAATCAACGATATACGCGGCGTCGAGTCCATGGGCTATGCCAAGGGCGAGAAGA
TACTCCGGTGCAAGCTGGCCGCCACATTCCGTCTGCTCGATCTGTACGGCTGGACCCAGGGTCTGGGGGCACAGATCACCGCCCGACTCAAGGTC
GATCAGGAGTACTTCCTGGTTAACCCATACGGCCTGCTTTACCACGAGATCACTGCCTCAGCGCTGAACAAGGTGGATATGCAAGGACAGATTGT
GGAGCAGGGCACCACCAACTTTGGCGGCAACAAGAGTCACTTTGTCCTCCATTCGGTGGTACATGCTGCCCGTCCAGATATTCGATGCGCCATCT
ATATCGGCTGCAGTCCAGTCGTGGCTATTTCCTCACTAAAGACGGGTCTATTGCCCTTGACCAAAGGATGCCTGTGTGCTGGGCGAGATCACCACT
CACGCTTATACTGGTCTATTCGACGAGGAGGAGCGCAATCGATTGGTCCGCAGCCTTGGTCCCAACTCCAAGGTGATTCTGTTAACTAATCACGG
TGCTTTGTGCTGCGGAGAGACCATCGAGGAAGCCTTCTTCGCCGCCTGTCACATTGTACAGGCGTGTGAGACGCAACTGAAGCTGTTGCCCGTCG
GTTTGGATAACTTGGTGCTGATTCCAGAGGAGTCGCGCAAGGCCATTTACGAGCAGTCGCGCCGGCCGCCGGAGGATCTGGAGAAGAAGTTTGCC
GCCGTCGCCGCTGCCGAAGATGGTGCTGCTACTGCTGAAAAGGATGCAGCCGAAGCAGTACCCAAGGTTGGCAGTCCGCCCAAGTGGCGTGTGGG
TGGTGCTGAATTTGAGGCCTTGATGCGCATGCTGGACAATGCTGGCTATCGCACTGGCTATATCTACCGTCATCCACTGATCAAATCGGATCCTC
CCAAGCCTAAGAACGATGTCGAACTACCGCCAGCTGTTTCATCACTGGGCTATCTTCTTGAGGAGGAGGAACTCTTCCGTCAAGGGATCTGGAAG
AAGGGAGATATTCGCAAAGGCGGCGATCGCAGTCGGTGGCTCAACTCGCCAAACGTTTACCAAAAGGTCGAGGTTCTGGAGACCGGCACTCCGGA
TCCCAAGAAGATTACAAAGTGGGTGGCTGAGGGTTCCCCCACCCACTCAACGCCAGTGAGGATAGAAGATCCACTCCAGTTTGTGCCTGCAGGAA
CCAATCCAAGGGAATTTAAGCGTGTCCAGCAACTAATTAAGGACAACCGCCGGGCAGATAAGATTTCAGCCGGACCACAGTCGCATATTCTGGAG
GGCGTGACATGGGACGAGGCGAGCCGACTCAAGGATGCAACGGTCTCGCAGGCCGGCGATCATGTCGTCATGATGGGTGCCGCCTCCAAGGGAAT
CATTCAGCGTGGCTTCCAGCACAATGCCACTGTCTACAAGGCACCGTATGCTAAGAACCCATTCGATAACGTCACAGACGATGAACTCAATGAAT
ACAAACGCACGGTGGAGCGCAAAAAGAAATCGGTGCATGGTGAATATACCGACACAGACTTTTCGGAATCCGAAGCGGTCCTGCAGGCGGGGACA
AAGAAATACCCACAAAGCGAACCCGAGACCGAGCACCAGGTCATTGAGATCCAAACACAGCAAGCGCCAGTGCCAAGGCAGGCGGAAGTCGTGCT
GAGCGATGCACTTGTCTCTCAACTGGCTCAAAAGTATGCGTTCCTTTATTCGCCTGGCCAATACATGTATGCCTGCATGAAAATGGCTCCATTAA
TGCATAAGGTTTATGTTATACACAAGGTCGAGCCCGTCAGCAAGCACAACTATCCGCCAGTTAACGATGGCAATATGAGTATTCATCACAACGAA
AGTGGAGCCGGATTCATGGCCCAAGAGTCCAGCGTTATTAGTAGCACCCCCGTACGCAATGCCTTGGCATCTGTATCATTGCCGGAAGAGAGGAA
TCATTCTATTTTGGGCTTATCATCGACTCCGTATCGCACCATCTCGCATTTCGGGTTCAATTGTCCGCTTATTACGTCACCAACCATTCTCCTGC
ATCCCGAACATCGATCCATTTGGCAACGGGTGGCCGAGCAGCGCGAGAAGGTTGTGTCCTTCATAGATCTCACAACATTGAGCTTGGACAACCGC
AAGCTGCTCAATGTGGTGACATCAACGCATCCAACCCAGTGCCAATCGCAATCGCAATCCTTTATCTCTGAGAAGCACATTCAGCTGGAAGTTAC
GCCACCGAAGCGAAAGCAGCGTGTCTACAGCGCCACCATCAGCAGTGGTCTAGACGACAGCCTCGATGAGCTGGACTCCCTGATGAGTGGCCTAG
CCATCAATATGCCGCGCAGTCGGGAGCAGGACAGCGGTCTGTACCGCAGCTACACCTTTCTACCCAGTAATCATGCTCTGCCCAAGGATACAGAT
GCCAATAATAGGGATCAAACGGATCGGGAGCGACCAGAAGCGGAGCAGGAGGAAAGTTTTCACTGCGCAGGCGACAGTGGTATTGGCGATTCCAC
CGGCAGGCGTCCGCGTCTGGCCACCACCAGCAATGATTCGTCTATTCAAGAGGCCGAAGCCTATACCCAGGGCAAGCACGTCAAGTTGACCTTGA
GCAGCTCACCCACGCCGACGGCCACACAGTCACCTGCAACCATCGAAATTCTTATCAACGTATCGCTGCGCAATGCCGAGTGCGTCCAAACGGTC
CAGACCCATGAGCAGGAGTTTCGCGCCAAGTTGGAGCGAGTAATCGACGAGGAGATCCACTATATTTCGCAGCAACTCGCATTTAAACAGCGACA
GGCAGAGTTGCATGAACAACAGACTACATCGCGGGCTCCAATCGCTACGCCTTCTTTCACAACTATGCATCCGCCGGCACCGGCTTCTTCATCAT
CCATGGTTCACCGCAGCAACTCGGCACCAGAACTGTGCCACACCTATAGCTATGTGGCCGTGGGCGATTTGTCGACCAAACAGGATCAAGCCTCT
CCCCAACTGCCAGCGGAGGGTGAGCCGTTGAATGATATACTCAGTAGTTTGGAGAAGGAACTGGAGCGTCTGCTGAATAGCGTGGTGACAGCCCA
CATGCTGCACAACAAGGCCATCATACACGAGTGCCGGGCTCGCTTCTCGCAGCTGGCCGATGGAATTGTCAGCTCGTAGATACATATTATGATTT
TGATGGAAAATTTACATCTTCGCTTTTGTTGTGATATTTGAAAATCGACAACAGTGAAATGATTGTATAAAGCAACTAGATTAAGTTTAATGATG
ATAATTTGGAAATCTTCAAATCGAACTAATGCATTTTTTACTTCTTTGTTCTCTTAATTTAAATGTTAAGACTGTAACTTAAGCACAATATGAAA
ATGCAAAGTTAAAACTGAATCTGAGCCAACCATTGTACATTTAAACATCTGTGAAATTGTTAAGTTTAATTTTTGTCGAATCTTGATTTTCGTTT
CATATTTTTATAATTAAAATATAATAAATATAGTTTTCATTA
(SEQ ID NO: 1019)

Start ATG: 29

MTEVEQPPQNGIDPTAGEDDDNSKARPADIEQDMREMERRKRVEAIMGSKLFREELERIVDSARDGGAGASGILQQLSDIVGVPVSRVGSVFKSS
NCMVPINDIRGVESMGYAKGEKILRCKLAATFRLLDLYGWTQGLGAQITARLKVDQEYFLVNPYGLLYHEITASALNKVDMQGQIVEQGTTNFGG
NKSHFVLHSVVHAARPDIRCAIYIGCSPVVAISSLKTGLLPLTKDACVLGEITTHAYTGLFDEEERNRLVRSLGPNSKVILLTNHGALCCGETIE
EAFFAACHIVQACETQLKLLPVGLDNLVLIPEESRKAIYEQSRRPPEDLEKKFAAVAAAEDGAATAEKDAAEAVPKVGSPPKWRVGGAEFEALMR
MLDNAGYRTGYIYRHPLIKSDPPKPKNDVELPPAVSSLGYLLEEEELFRQGIWKKGDIRKGGDRSRWLNSPNVYQKVEVLETGTPDPKKITKWVA
EGSPTHSTPVRIEDPLQFVPAGTNPREFKRVQQLIKDNRRADKISAGPQSHILEGVTWDEASRLKDATVSQAGDHVVMMGAASKGIIQRGFQHNA
TVYKAPYAKNPFDNVTDDELNEYKRTVERKKKSVHGEYTDTDFSESEAVLQAGTKKYPQSEPETEHQVIEIQTQQAPVPRQAEVVLSDALVSQLA
QKYAFLYSPGQYMYACMKMAPLMHKVYVIHKVEPVSKHNYPPVNDGNMSIHHNESGAGFMAQESSVISSTPVRNALASVSLPEERNHSILGLSST
PYRTISHFGFNCPLITSPTILLHPEHRSIWQRVAEQREKVVSFIDLTTLSLDNRKLLNVVTSTHPTQCQSQSQSFISEKHIQLEVTPPKRKQRVY
SATISSGLDDSLDELDSLMSGLAINMPRSREQDSGLYRSYTFLPSNHALPKDTDANNRDQTDRERPEAEQEESFHCAGDSGIGDSTGRRPRLATT
SNDSSIQEAEAYTQGKHVKLTLSSSPTPTATQSPATIEILINVSLRNAECVQTVQTHEQEFRAKLERVIDEEIHYISQQLAFKQRQAELHEQQTT
SRAPIATPSFTTMHPPAPASSSSMVHRSNSAPELCHTYSYVAVGDLSTKQDQASPQLPAEGEPLNDILSSLEKELERLLNSVVTAHMLHNKAIIH
ECRARFSQLADGIVSS*
(SEQ ID NO: 1020)

Name: ADDUCIN
Classification: actin_binding
Gene Symbol: hts
FlyBase ID: FBgn0004873

Celera Sequence No. : 142000013383756
CGGATTGGGTCTGCGCAATCCTGCCGATATTACGCTCAACGAGTACAACCGGAGCGAGGGTAGCAGTGCCGAGGAGCTGCTGCGACGAACTCCAC
TGAAGATCCGGGCTCCCGAGATGCTAACCGCACCCGCTGGTTATGGAACGGGTGCGTAGTAGATTGATTCGAAGCAAGAAGACATTTCAATAATA
TATTTTATATACTATTTCAGAACCCTGTCGCATGACACTTAAACAGGAGCCAGAGACTGGTTACTAGAAGAATAACGAACGGTGCAATATGCAGT
TTGCAATAGGACACCCCTTAAGCACACAACCCATACACATACAGGCCCTCTCTTGCTGTACTCCCCACCAAGTGCTATATAGAGATGAAATTGAA
ATGAAGAACTTACTTAATTGTTATGCCTTGAACCATTTTGATACTTTTTATTAGTCCTAAGTAGGTATTTTGGAAATTGTTGCTTAATTTTTAAT
GTTTAACGCAGTTGCAATATATTTTTGGAGTCATATTTTGCTCAAGAAGTTTATTATATACAATTATACTATATATATACACCATTTAGCATGTA
CTGAGTTTGTTGGTTATTTGGTTATCTTATACTTGTGCGTGGATCACAAAACATTCATATAAGGCCATGCAATATATTGTTTTAGGTTAGGGTGT
TGTCTAGATTATGCTGAAAGTGTAATATATATTTAATTTTAAACAAAGAACTATTTTTATATGAATATGTATAATATACAAACTATTTCTAAGAT
GGCTGAATGAATAAACAAAATCAAAATAAACACTGGAGAATATGAATGTAAATCGTTTACTGCGGCATTTTTACTAGTAATAAATATTACTATAA
TTTATAATTTATGCCATCTCTTTCAGCAACAACTTTAAATATCCAAACTGATAAAGCGATATATGTTCCTATGCTCCCACTTAGAACGTAACCCT
GATCCTGCATAGAAAAAATTCAATAACGTATTACAAAGACTAACTAACGTTTATTTATCGATATTGCTAATGCCCGTCTTCTCGACCTGGGCGAG
GAGCTCTTGGAGCTTGTTGTCGAAGAGCTCGCATCGAATGGGCATCTCCAGGGAGTAGAAGGGGTTCTTGAGCACGTAGTCTGAGTACAGCTCGT
AAACCTTTCGCAGCAGCAGATCAATGCCATTGAGACCCGTTTCCGAGATTATAATGAACTTGATTCCGGTCAGCGTTTGGAAGCAGTGCAGCGTG
AAAGTGTCCGCCTCTAGGATCTCGATGCCGGAACTCTTGGGCTCCGGACTCAGTTGGCTGGCGATGGCGAACAGCGGGTAGAACATGCTGGCCAG
AAAGATTTTCTCGTTGGTGGTCATCTTTGGCCGGCTGAACTTCAGGTTAATGGGATAGTTCTCCGGTGCATCCAGTGTCGTCCTCACATCGCGTC
CATCATCCAGGGTGACTCCATTGACGGGCATACCGTTGACCGCCACCAGGACATGGCCCACTGTTCGTAAGCATATATTAAGGTGGTTATGTTTC
TAAAATTCACAGACACACCCACCATTTATTCCATCCTTTCTGTTGAACGAGACCGATACCTTCTTGGAATCGTAGTCCAGCACCAAGTCCAGAGG
GTATGTAAAGGTCTTCTCGTGCTCAATGCGTGGCACATTGTTGTCCAGGTTGAATATAAGGCCACCCGATTTACTAACTATATAGACGCCATATA
TAATCATTTCTTACTATTACTAATTCTAAGTTTCCTAGGAATGTTTTTATATTTTATGCGAATTAGCGATGGTAGTGCCAGCCAGCTGTTTGCCG
CGGAACCAGTTCCAGTTCCGGCTTAGTTGCCATTAACAGTACATTAACATTGCGCCTTAACAGTTGGGTCCATCGAAGAAATTATAATTATTAGG
ATAAATAAACCATTAAATTATTATAAGAAGCATTATTTAAAATTTAGGAATAAAATGGGAAGTAAACTCTTTAGCCAGAATACTAAGAATACTTA
AAAAATATTTACAAGTTCAACCAAAAATCTAGTTCTACCAGGGCGGAGTAGCTCTTTAAACTGATTCCATCTTGCCTATCGCGTTCATTTAACTA
GTTCACGGCCGAACAGCTGTCTCGGCATTAGAATTAAAAATAAACATAATTGATTTTCTGCCCGAAAGTATACGTAAACGCGTAGGCGCTCCCAC
CTGGCAGTGCACCCGATTGACCGACTTGCAACCTCCACGGCCACCGATGGGCTCCGACGACCAGAGTGCCGGGGACAGGATCCAGAAGGGATTCC
AGATCAACTATATGATTCTGCGGGATGCCGACAGCGGAAAAATAATCTGGCAGGAGAACAAGGACTTCTCGGCACCGGACCAGGAGCATGAGGCC
CGAGTGCCGGTGAAAATACTCGACATGCGTGCCGTTTCCCGGGAGATCAACTTCAGCACCATCGAGTCGATGGAGAACTTTCGCCTGGACCAGAA
GGTGCTCTTCAAGGGCCGCATCATGGAGGAGTGGTTCTTTGAGATGGGATTCGTGGGTGCCAACACCACCAACACCTGGCAGTCGACAATCGAGG
CGGCACCCGAATCCCAGATGATGCCTGCCAAGGTCTTGAACGGCAATGTGACTATCCAAACCAGTTTCTACGACAACGAGACACTCATCACCAAA
TCGGTTGTGCGCCTGTACTACATTTAGGCAAATGTGAGTCACCTGCCGTTCTGCTGA
(SEQ ID NO: 1021)

Exon: 1717..1543
Exon: 1485..1001
Start ATG: 1717 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT26491
ATGATTATATATGGCGTCTATATAGTTAGTAAATCGGGTGGCCTTATATTCAACCTGGACAACAATGTGCCACGCATTGAGCACGAGAAGACCTT
TACATACCCTCTGGACTTGGTGCTGGACTACGATTCCAAGAAGGTATCGGTCTCGTTCAACAGAAAGGATGGAATAAATGTGGGCCATGTCCTGG
TGGCGGTCAACGGTATGCCCGTCAATGGAGTCACCCTGGATGATGGACGCGATGTGAGGACGACACTGGATGCACCGGAGAACTATCCCATTAAC
CTGAAGTTCAGCCGGCCAAAGATGACCACCAACGAGAAAATCTTTCTGGCCAGCATGTTCTACCCGCTGTTCGCCATCGCCAGCCAACTGAGTCC
GGAGCCCAAGAGTTCCGGCATCGAGATCCTAGAGGCGGACACTTTCACGCTGCACTGCTTCCAAACGCTGACCGGAATCAAGTTCATTATAATCT
CGGAAACGGGTCTCAATGGCATTGATCTGCTGCTGCGAAAGGTTTACGAGCTGTACTCAGACTACGTGCTCAAGAACCCCTTCTACTCCCTGGAG
ATGCCCATTCGATGCGAGCTCTTCGACAACAAGCTCCAAGAGCTCCTCGCCCAGGTCGAGAAGACGGGCATTAGCAATATCGATAAATAA
(SEQ ID NO: 1022)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MIIYGVYIVSKSGGLIFNLDNNVPRIEHEKTFTYPLDLVLDYDSKKVSVSFNRKDGINVGHVLVAVNGMPVNGVTLDDGRDVRTTLDAPENYPIN
LKFSRPKMTTNEKIFLASMFYPLFAIASQLSPEPKSSGIEILEADTFTLHCFQTLTGIKFIIISETGLNGIDLLLRKVYELYSDYVLKNPFYSLE
MPIRCELFDNKLQELLAQVEKTGISNIDK*
(SEQ ID NO: 1023)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384591
TTTAACATTTGAGTATTATTTCTGCAACTTTTTAAACTCATTCTCAGTTTTTTGTCTCAATTGAGTGTTTTGATTGAGTGGGTGTTTTTAACTCT
CTTAGCTGCATATTCCTCCCTTAAATGCAGTTTTTTTTAGCTCAACTACCAATTGAGTGAATGTTAACGGAATGTTAACTGCAATCTCAAGACTC
AAGCGCAGTTCTGAGTGAGTCAAATATGTGGCTTTGAGTGGAACAGACTAAGCTCATAAGAGTCATGAGCAGTATTTTGACGATTCTTTTGCCCA
ACCATGATATAAAATAATAATGACATATTTATTTTCAAAATGTTGGTATAATAATAAGCTATTAACTATCAAATAGCTATTGATATACATTCGTT
TTCCCCATTCTCTGCTCGAAAAAATATAGTTTTGAAATTTGAAAGCTGGAATTGTTAGCCCATCAAAATGCTAAATTACTTAGTTCTTTCTGTAC
CTGGTAATTAAATAAACTTTGTGATTCGTATTTGATTTTACATATACTACGTTTGCTTTTATTTCAACTCAGATCAGAGGATAGCTTGAACATAA
AATGGCCTACAAGCAATAGTATTTTAAGTCGTAATTGTAACTACTAAAAGATTAGGGGATTACATTTAGTACATGTCTTATACGGATTTTATTTG
AGTAGAAATTAGTCAAGGCAACACGGAACTATCGTAAATTTCAACTATTCTAGAAAATTGAAATATTTAAGCATAGTAACGGTGCTCTCGAAACT
AAACAAAAGGGCTTTAACATTGTAAAATAGAAAAATATAGCATGGAAACTTTCGTGTGTATAGACGTATTATAAAACCAGCATAAGACATGCCTA
TTGTGGATGTGTTATCTTATACTGCCTTATAAGGAAGTAGTATGATGCGAAGCGCTCCCCCTTCTTCATCGTCCCTCAGAGCACTAAGTCCAAAT
TAATCTTCCTCATCCTGTCCCAATCCCAGTCGCTGCCACTAGACGCTTTGTCACAGAGTGTCGTTGAACAAGCGCTTGGCCTTGTAGCTCGGATG
AATCGGTCCCGGTATCCAGTGTGGCTTAAGGGCACTCTTACCGGGCAACCGATTCGCGTCGTAGGGCACCTGCGGAGACAGCTTCAGCTGGCGGT
AGTAATCGCTCTTGGGGTAGATGCAGTTGCTCTTAGTCACGATCCGCACATGCTTGCCACTGCCCGTTTGTGGAGTCGCAAACTCTGCGCGCGCA
GGCTGTTTGGGTGTGGACTGCGGCAGCTTACTGTTGGCCTGCTTCACTTGCAGTTTTCGAGAGGGAACAAAGATGTCCTGCTCACCGTCCTCTAA
AGGGGCATCCCATCCGTTGGTCGGAGCATCATCATCAACACCGGCAGCCTTCGTTTTGGGAGTCGGCTTGGCCTTGGACTGTCCCTCCACCTTAG
GTGTGGGCTTGGGCTGCTCGTCTGTCTTCGGCTTCGACTGCTCCTCCTTCGTCTTGGAGTGGTCCAATTTCTTGCGCTTCGCAGGCTCTTCTTTT
TCTGCCTTCAAGGTCGGTTGATCCTCTATCTTGGGCTTGGACTGGTCATTCTTCGGCTTAAGCTGGCTTTTCTTCTTCACCTTCGTCTGGTCATC
TTTGTTCTGCTGTGGCGGTTCTTCCTTTTTTGCTTTCTTCGACTTGGGCTCGGCCTCCTTGACCTCCTCTACTACCCATGCGTTGTTTATGCTAG
AACGCACCTTTGCATTGTAATTCACCTTCTTCTGCAGCTCAGGAGGCAGAGCCTTGCTAATAACCTCATCGTAGTTGTGCTCGTCCACCTCCTCA
AAGTTAATGGACTGCAGTAGGCGTTTGCGTTTGGATTTGTTGAGCTTCTTCAGTTTTCTTCCGGTTGCAAAGACCTCGTCCTCCATCTTATCTAA
GGCAGCCACTTTTTGCTCCACCATTTCGGACAGAGTTTGTCCCTCCACCTTTGGCATTGTCCTCACGCCAAGTGGAAACTCTCCTCTCTGGTAAG
TCTCAAAGATCTGGATAAGTTTGCGCAATCCCTTGCGTCTCTTGCTGTTAAAATCGTTGGTGCGTAGCTGCGTCTGCAGCTCATCTAGTACGCAA
TCAGCGTTGAGCGGCAGCTCCGGCATGTGAACGTCCACGTTGCCCGCTCGGGGATCCAAGGATGTGGCCCGCGGCTGCTCCTCCTCGGCGTTGAC
CTCGTCATCCTCCTCGTCAAATCCAGAATCTAGTTTCTCAATGTCATCAATGGAGGCGGTGGGGAAACCCATCTGCTTCCAGGCATTGTACTTTT
CGCTGTACTGTCGTCCTAAGTCGCTCTGGTACATCAGATGATAGAGTACCCTTGTGCGGCACTGTGCCACTAGCTTAGCATCGCGTTGTGTAGCA
ATGTAGGTGACAAACGGACGCAAGAACATATTAACCTGAGCAGCAGTGATCTCACCATTGGCCGCCTTGGCCAGCTCCTCAAAGAAAACATCTAG
GTAGTGCATGGTCATGCCGCGAGACTTAGGCTGCTCCGACATCACAGAAAGCTGCATGCTGCTGTTGAATGCGGCTATCAGGTCCGCATTCCAGT
TGTTCTGTTTGAGGAATCTCAGTAGATAACGCACCATGCGGCGGGTGAGCATCAGGAATTTGTCCATGCGCCACTGATCTATGCCAAAGTACTCC
TGGCACATTGTGCGCATAAACGCACTAAAGTAGGCCAGACTGCAGGCCGTATTACCGCCGAAGCTGTCCACCATTTGAGCCAACTTCTCGGCCAG
CTCCTCCTGCACCAGCGGCTTATCCGACATCCACATGGTGTAGTACAATCCCTTCCAGATGCGCATGAAGTCGTCCTCGTTGAAGGGAAAGGAGC
TACCGGCACGCGCCTTGAACCACTTGCGCAAAATGCGGATCTGGCGATTACGCTCCACCACATCGTTGCAGGCAAGAGCACGTATAATTTTCACC
TCCTGGGCGACCACCATCAGCTCCTTGGCCACCTTCGGCTGTGAAGCGTCCTCCTCCTGCTCGACCTGGATTTCGGCCGCCTCGGCGTTGCGCTT
AACTGGCTTCTTGCGCGTCACCATTATCCGGCTAATTCAACTTTTAGTTGCGAAAAATAAGTGAGCTGTGTATATTGAATACGGTACGGCACGAC
CGCACGTGTTGCCGTTCGATGTTGCCAGATGTTCCAGAAACGACATTTTCTCCAAATTTCGTCCAACAGCTCTAAATGCATGAGCTGTACTGAAAATG
ACAACAAAAACTCAAGCTAATGAAATAATTTTCAAAGAATAAAATAAAGAAAAAAAGAATAATAAAAAGAATATTTAAATTGCTAGTTTTGATAC
TTCATGAAACGCTTGCTTTATACATTTTAATACAATTTTATATATTTTTAGCCATTTATAGGTTGTTATTTTATAGCTACCAGCGCTGACTTCTT
TACGGAAAGTGGCAACTCTCTTCCACAGCTGATAATTCGGTCTGCTTTTTGTAAATTTTGCTTGTCCAGCAAATTTAGTTAAATAATTCAAAGAA
ATCATGCCCGTGGTGAACGTGTCGGCTGCCGAGGAGTACCAGAAGTACATTAATGCGGATAAGACGACCGTAGCTCTATTCGCCGCCGAATGGGC
AGAGCAATGCGGTCAGGTGAAAGACGCGCTGGAGGAGCTGGCCAAGATTACTGGCGAAAAACTGCAGTTCATCAGCCTAAACGCTGAACAATTTC
CCGAGATTTCCATGAAACATCAGGTACGCTCGTATTTATTTTATGAAAATATAACAGTAGTTCCTCATTCATTTGCGATGCCACCAGATCGAGGC
CGTGCCCACAGTCATATTCTTCGCCAAGGGCTCCGCCGTTGACCGTGTCGATGGTGTAGACATCGCCGCCATAAGCGCCAAATCCAAAAAGTTGG
CCGAAAACGCAAGCAGCGCGGCGGCAACAGGACAAACGTTGGAGGAACGCCTAAAGGCCCTAATCAATACAGCTCCGCTGATGATATTCATGAAG
GGCGACCGAAATGGACCGCGTTGCGGATTCTCCAAGCAGCTCATCGGCATTGTGAACGAAACCAAGTATGCAAA
(SEQ ID NO: 1024)

Exon: 3064..1001
Start ATG: 3064 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT26519
ATGGTGACGCGCAAGAAGCCAGTTAAGCGCAACGCCGAGGCGGCCGAAATCCAGGTCGAGCAGGAGGAGGACGCTTCACAGCCGAAGGTGGCCAA
GGAGCTGATGGTGGTCGCCCAGGAGGTGAAAATTATACGTGCTCTTGCCTGCAACGATGTGGTGGAGCGTAATCGCCAGATCCGCATTTTGCGCA
AGTGGTTCAAGGCGCGTGCCGGTAGCTCCTTTCCCTTCAACGAGGACGACTTCATGCGCATCTGGAAGGGATTGTACTACACCATGTGGATGTCG
GATAAGCCGCTGGTGCAGGAGGAGCTGGCCGAGAAGTTGGCTCAAATGGTGGACAGCTTCGGCGGTAATACGGCCTGCAGTCTGGCCTACTTTAG
TGCGTTTATGCGCACAATGTGCCAGGAGTACTTTGGCATAGATCAGTGGCGCATGGACAAATTCCTGATGCTCACCCGCCGCATGGTGCGTTATC
TACTGAGATTCCTCAAACAGAACAACTGGAATGCGGACCTGATAGCCGCATTCAACAGCAGCATGCAGCTTTCTGTGATGTCGGAGCAGCCTAAG
TCTCGCGGCATGACCATGCACTACCTAGATGTTTTCTTTGAGGAGCTGGCCAAGGCGGCCAATGGTGAGATCACTGCTGCTCAGGTTAATATGTT
CTTGCGTCCGTTTGTCACCTACATTGCTACACAACGCGATGCTAAGCTAGTGGCACAGTGCCGCACAAGGGTACTCTATCATCTGATGTACCAGA
GCGACTTAGGACGACAGTACAGCGAAAAGTACAATGCCTGGAAGCAGATGGGTTTCCCCACCGCCTCCATTGATGACATTGAGAAACTAGATTCT
GGATTTGACGAGGAGGATGACGAGGTCAACGCCGAGGAGGAGCAGCCGCGGGCCACATCCTTGGATCCCCGAGCGGGCAACGTGGACGTTCACAT
GCCGGAGCTGCCGCTCAACGCTGATTGCGTACTAGATGAGCTGCAGACGCAGCTACGCACCAACGATTTTAACAGCAAGAGACGCAAGGGATTGC
GCAAACTTATCCAGATCTTTGAGACTTACCAGAGAGGAGAGTTTCCACTTGGCGTGAGGACAATGCCAAAGGTGGAGGGACAAACTCTGTCCGAA
ATGGTGGAGCAAAAAGTGGCTGCCTTAGATAAGATGGAGGACGAGGTCTTTGCAACCGGAAGAAAACTGAAGAAGCTCAACAAATCCAAACGCAA

ACGCCTACTGCAGTCCATTAACTTTGAGGAGGTGGACGAGCACAACTACGATGAGGTTATTAGCAAGGCTCTGCCTCCTGAGCTGCAGAAGAAGG
TGAATTACAATGCAAAGGTGCGTTCTAGCATAAACAACGCATGGGTAGTAGAGGAGGTCAAGGAGGCCGAGCCCAAGTCGAAGAAAGCAAAAAAG
GAAGAACCGCCACAGCAGAACAAAGATGACCAGACGAAGGTGAAGAAGAAAAGCCAGCTTAAGCCGAAGAATGACCAGTCCAAGCCCAAGATAGA
GGATCAACCGACCTTGAAGGCAGAAAAAGAAGAGCCTGCGAAGCGCAAGAAATTGGACCACTCCAAGACGAAGGAGGAGCAGTCGAAGCCGAAGA
CAGACGAGCAGCCCAAGCCCACACCTAAGGTGGAGGGACAGTCCAAGGCCAAGCCGACTCCCAAAACGAAGGCTGCCGGTGTTGATGATGATGCT
CCGACCAACGGATGGGATGCCCCTTTAGAGGACGGTGAGCAGGACATCTTTGTTCCCTCTCGAAAACTGCAAGTGAAGCAGGCCAACAGTAAGCT
GCCGCAGTCCACACCCAAACAGCCTGCGCGCGCAGAGTTTGCGACTCCACAAACGGGCAGTGGCAAGCATGTGCGGATCGTGACTAAGAGCAACT
GCATCTACCCCAAGAGCGATTACTACCGCCAGCTGAAGCTGTCTCCGCAGGTGCCCTACGACGCGAATCGGTTGCCCGGTAAGAGTGCCCTTAAG
CCACACTGGATACCGGGACCGATTCATCCGAGCTACAAGGCCAAGCGCTTGTTCAACGACACTCTGTGA
(SEQ ID NO: 1025)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MVTRKKPVKRNAEAAEIQVEQEEDASQPKVAKELMVVAQEVKIIRALACNDVVERNRQIRILRKWFKARAGSSFPFNEDDFMRIWKGLYYTMWMS
DKPLVQEELAEKLAQMVDSFGGNTACSLAYFSAFMRTMCQEYFGIDQWRMDKFLMLTRRMVRYLLRFLKQNNWNADLIAAFNSSMQLSVMSEQPK
SRGMTMHYLDVFFEELAKAANGEITAAQVNMFLRPFVTYIATQRDAKLVAQCRTRVLYHLMYQSDLGRQYSEKYNAWKQMGFPTASIDDIEKLDS
GFDEEDDEVNAEEEQPRATSLDPRAGNVDVHMPELPLNADCVLDELQTQLRTNDFNSKRRKGLRKLIQIFETYQRGEFPLGVRTMPKVEGQTLSE
MVEQKVAALDKMEDEVFATGRKLKKLNKSKRKRLLQSINFEEVDEHNYDEVISKALPPELQKKVNYNAKVRSSINNAWVVEEVKEAEPKSKKAKK
EEPPQQNKDDQTKVKKKSQLKPKNDQSKPKIEDQPTLKAEKEEPAKRKKLDHSKTKEEQSKPKTDEQPKPTPKVEGQSKAKPTPKTKAAGVDDDA
PTNGWDAPLEDGEQDIFVPSRKLQVKQANSKLPQSTPKQPARAEFATPQTGSGKHVRIVTKSNCIYPKSDYYRQLKLSPQVPYDANRLPGKSALK
PHWIPGPIHPSYKAKRLFNDTL*
(SEQ ID NO: 1026)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384832
CGTTGCCAAGCCCCAAAAAGGGGGCTCACCAGAACGAGCACAGTAAAAGAGCAAGCTGAATATATTTTCTAAGTAAAATTTATTTATTATGTATA
AATAATTCTCTTTTAGCTCTCGCACAAGCGCTATTAACGTTAGTAATTTACAGTTCGCTCTGCAGTCCTCGTTGCCGAACCAGGGACTCACAGTC
GGGTATCCAGGTCACCTTTGGTGGGATTTAGGAGATCCCCCCTGCTGTAACCACTGGGTGTCCCTGGTCGGCTGCGAAGTGGAAATCAAACGAAA
CATAACGGCACAAATAGTTGGCTTAAACAATTACAATAACAATTGTGGAATATATAAATTTGCATACAGGCTAAAAGTGAAGTGGTCCCGTCTCC
ACAAGCATAGCTCCCACTTCACTTACGTTCGTATTCGTAATTTAGTTAGAAATTAGATTTCTTGTACTTGTTGAACATCGTTTGCTTTAGTGTTG
TTTTGCAGTTCCCATAGCTATCTATCCAATATATAAATACGAAAATCAATTGTAAAGAAGAGGGATATTCGGGCCGGTGCCACCGCTGCGCCATG
GTGGTTATTTGTTGACTTGGGCGCAATGGAGCCCCAACGGGTACAGAAGGAATGATTGGGATAGATGCGACTCGCTTCTGTGATTTTTGACTTTG
GCTACCCTTAAACCCATAAGAGAGATGCAACGCAGAGGTTACAATTTTTACAATAGAACGTTTGTTAATTTGTTGCTTAGGCGCTGCTTTATCCA
CTACTATATCTACCAGTTATTTATCATCCTCAGTTATACATTTATACAATCCTATTGCACACATACGATTCTCATATGTCTTGCTTAGCACCCCC
TCAAGATACATATACATAATCATATACATACATAGATATAGATATTTTGATACAGTTATAGTTAAAGTTAAAAAAATACCTCACACTTGATAATA
ATGAGTGTAAAGACCCGCCCGCGACTATGGTATGAAGTTAACCCCGACCAGCTCGAAAGAAAGTGATAGTGTAGGAGGCATAGGAAATAGAGGGT
CGAGAAGGCCTTGAGTTGGCGGTCCTAGACGGGCCCAATATCACTTTGGTATCTGGCGGTCAGGTAGTTGGCCGCCTCTGTCATTTGTTCCAGGC
ACTGGTACAGACCGTTAAGATGCCTCCGGCAGCGCTTGGCCAGCTCCGTGGCCTTGTCCCCCGAGCCCGGCTTCGATTTGGCGACGTCTACAATG
TCGCTGCCGTCGCTGCTTTGGGCGTTGTCGCTCTTGTTGCCATCGGACTCTAGCCCCGAGTCGTTTTCCTGCGATATGTCCGAGTCAGAGTCACT
CATGTTGCTCACCGAGTTGGTGGACATCATGGATGCGGTAGAGGTACGGCGCACATGACCCTTGACACTTCCGGATGCGGTTGTGCTTGGACTGC
CGCTGTTGAATTCAGTCTTGCTCTCGCTGGGATTGCAGCTCGAAGTGGAACTGGTACTGGCGTTGAGCTGCTGTTCGGAGTGCTGCTGGTCGTCG
TCCTCCTGGTTGGCGGTCCAAAGCAGATCTTTTTTCAGGGAGTTCAGCATGTTGTACAGATTGAACAGCTCGGAGGCGCTGAGAAAGTCTTGGAC
ATTTTTTGAATGCGCCGCTCCCCGCTTGCCGTGGGCACTGGAGGTCTGTGTCAGCTGGTTGGCGGTCGAGTCCTTGCCGGTTGCTGGGATGATGT
CAGTGCTGTCGCCGATCTGGGGATAAATTATGTAAAGTGGGAGCCATAAGTTGTTGGTTCCGGATCCGGATGGCTGGTCAAATGGGGGGCTGGGG
TTCTTGGGTTATGCGGTACCAACCTGCCGATCCATGAGCCTGCATGGCACCAGTATGGTGTCGTCCATAATGTTGACAGTCTTTACAAACTTTTC
CATCACATTGACAATGCTGTCTTTGGAGAACTGCTGCTCATCGTGACGGGCGATGCGGCGCAGGCAGTTTCTGAAAAACAGAACAATCGAAAGAT
GAGCTTGGGCCAGAGCACAATAAACCAGTAGAGCGTGTGCAGGGGAACCAGTTTGGATTGGACAATAGTCTGCGTGATTAGTGACTATGCCACAT
CACGCCAGACTGGACCAAGCGCTGGCCGTTCTAAAGCGTCGTTAAGTCTGCGGCGATCAGACTTCCGCCACTCGAAGCCATCTTTCTTTGATGCT
TTCGACTGGAGATGGGTGCGCCTCCTGCTGACCAACGTGGCATATGATATATATGAATTGGTTTCTATGCAAATCAGCGACTCGCTGGCGTTGTC
GCAAATTCAATTTGTATAAAATAGAAAACCAGTTGGTGCTTTATACCTGACATTGCTCGTGTGGCTCTTAAAACAAAGCACAGACGGACGGACAG
AAAGATTTCTATTTTGGTTTCCAAAGCCAATTTAACGCGTCCACGTGCTGTCGGTGGCGGGGTGCGAGGGTAAAGCCCGACTTTGCTCGCAAGCT
TCAATGTAATGGTTATACAATCCTGGCTGGTCGCATTAACTTTAATTTCACGAAAAGATCGCGTAACATCTCCAGGTCAAGCCCCATAAACTTGC
CTGAGCTCCCTCCATTAACCCGCCGGGAATATATGTTAGTTGCTGATATCTGGAGCTGGAGCGGCCAAAGTCTAGAGGCGGCTTGGCTTATCGTC
GCTAGACAGTTCCCAGACAGAGCTGAAGTTGCGTATCTCCCGCACCTCCTATTTAATGCGGCCAGATTGCTCGGGGCGGATCGGCATGTGGGCAG
CCAGTTCGGGGCCGCGTGATCGCAGCTAGTTGACAGAGCGAGCGCCGAGCGCACTGATAAATTTAGTTTCAGTGACTGCGCCATTTAAAGACCTC
TACCCTACAGTTCTATCCCTGGCCAGCGCCCGCCCCGATGCCATGGCAATCCAACTTAGAAAATCTAGATATCGATGACTGAAGTGTAACGCGCG
GCAGGCCGGGGTGGGGTGGCCACGCGAGTACTGCGTGCTCCGAACTCTGCTGACCGACATCGTCTCACTGTGGTCTAGAACCACAATAAGATCTA
GATCTAGAGAAGGCTGGCGCGGGTGTCAATGTTCTTTCCACTGGCACGGCCAGATGTCGTGGACGTCGACGGAGGATTCCCAGCCACTGAACAGA
GTGACTAATTAAGCTAATTGCAGCGGGTTCCAATCATGGAAATCCGCGTAGGAATGCGAAAACAATTACCATCTTATCAACGCTTTTCGCTTAGA
CACTCGACCATAATTGACTGCCATCTCGTGGAAACCTGAGTAATCGCCTCTATTTATTTTAAATTATAGATATTTTCTAGCCCTGACCACGACCC
TTGCTTCGCTTAGTCACTTAAGCTGGCCACACGATAGTTCAACTTATCACTGCATTTTGAATCCTTTCCTTGCGAATCCTCTGAACAGATCCCGA
AAGCCCAAAAACGCCGGCTTGGGCAACACGCCAGATGCTACCAGCCAATTGACCAGGCAATAGGTACACCTGAAGTGTTATGGAAATTTGGCTAA
GCCCCACAAGCGTCACGCGACATGCTCGCCAAGAAGGGCGGGGTAAGCAGCGGGAGAGGGAGGGTACCGCATACAACGCCGAAATCAGGCGACTT
TTTCGCTCAGCGGTAGCTAAGGGCGGTGAAGGAGTGCTGAAGGGGTGGTGGTTTGGTGGGTGGCTGATGACGAGCTGGCTTTATGTGGCAAGCGA
ATCAAACGCTTCTCTTCGCACTCTCTCTTCGGTCCGTTTCGCCGTTTTCTCTTTGCCGCCGAGTGGCGTGATGTTGCCCAGAAACTGTACAGCGG
CCAGAGTCGCCTCCATCAGCTGAGCAAGATGAATGAATCTCTAGCGATGCTCTGCCTTCCCCTCACCTTCCTACCATCGCTCATGCAACCATGTT
TAGTGGTATTTCTCGTATTTGCAATGTTGAGCAATGGCATATACATAGCCATACGAACAGAGTTGACCAATATTTGGTTTACTTTGGCTTTGGCT
GCGCCTCGACCTCCAGCATAATCGATTTTTGATACGCCCGCAAATTAGATATTCTACCTACTCGGTGGCCGGGTTGGCCGGATTGGCTCGGCCAT
CGGGCATAGAGCATTGACGACCGTAAGTTGGCGCTCAAGGCGACACCTGCCTCAAAAAGTGACACACTGCCAGCGCAACGAGGTGAATCAGAGAA

TTTTCTGCGATTTAAGCGCCCCAAGGAGGCGGGCAGCACCAGAAGCGATGAGTAATGGCTATGGCCGATAGCTGGGCTGGCGGACTGGTGTCAGT
GGACCGGAGGTGCGCACAGATAAGGCATCTTATCGCTTATCCCAAAGCTGTGATTTGCCTCCGCTGGCTCACTCGAAACATTTGGGCAAACAAAC
GGCAAAAAAAACACCAACATACTTCTGTATAGGTGTACAATATATAGCCGATTGTGTCATATTAGCGCTGGCTTGATTTTTTTATTTTATTTTAT
TTTTTTTGTATTTGTTGTTG
(SEQ ID NO: 1027)

Exon: 3485..3376
Exon: 1970..1829
Exon: 1726..1001
Start ATG: 3380 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT26531
ACCTATTGCCTGGTCAATTGGCTGGTAGCATCTGGCGTGTTGCCCAAGCCGGCGTTTTTGGGCTTTCGGGATCTGTTCAGAGGATTCGCAAGGAA
AGGATTCAAAATGCAAAACTGCCTGCGCCGCATCGCCCGTCACGATGAGCAGCAGTTCTCCAAAGACAGCATTGTCAATGTGATGGAAAAGTTTG
TAAAGACTGTCAACATTATGGACGACACCATACTGGTGCCATGCAGGCTCATGGATCGGCAGATCGGCGACAGCACTGACATCATCCCAGCAACC
GGCAAGGACTCGACCGCCAACCAGCTGACACAGACCTCCAGTGCCCACGGCAAGCGGGGAGCGGCGCATTCAAAAAATGTCCAAGACTTTCTCAG
CGCCTCCGAGCTGTTCAATCTGTACAACATGCTGAACTCCCTGAAAAAAGATCTGCTTTGGACCGCCAACCAGGAGGACGACGACCAGCAGCACT
CCGAACAGCAGCTCAACGCCAGTACCAGTTCCACTTCGAGCTGCAATCCCAGCGAGAGCAAGACTGAATTCAACAGCGGCAGTCCAAGCACAACC
GCATCCGGAAGTGTCAAGGGTCATGTGCGCCGTACCTCTACCGCATCCATGATGTCCACCAACTCGGTGAGCAACATGAGTGACTCTGACTCGGA
CATATCGCAGGAAAACGACTCGGGGCTAGAGTCCGATGGCAACAAGAGCGACAACGCCCAAAGCAGCGACGGCAGCGACATTGTAGACGTCGCCA
AATCGAAGCCGGGCTCGGGGGACAAGGCCACGGAGCTGGCCAAGCGCTGCCGGAGGCATCTTAACGGTCTGTACCAGTGCCTGGAACAAATGACA
GAGGCGGCCAACTACCTGACCGCCAGATACCAAAGTGATATTGGGCCCGTCTAGGACCGCCAACTCAAGGCCTTCTCGACCCTCTATTTCCTATG
CCTCCTACACTATCACTTTCTTTCGAGC
(SEQ ID NO: 1028)

Start ATG: 106 (Reverse strand: CAT)

MQNCLRRIARHDEQQFSKDSIVNVMEKFVKTVNIMDDTILVPCRLMDRQIGDSTDIIPATGKDSTANQLTQTSSAHGKRGAAHSKNVQDFLSASE
LFNLYNMLNSLKKDLLWTANQEDDDQQHSEQQLNASTSSTSSCNPSESKTEFNSGSPSTTASGSVKGHVRRTSTASMMSTNSVSNMSDSDSDISQ
ENDSGLESDGNKSDNAQSSDGSDIVDVAKSKPGSGDKATELAKRCRRHLNGLYQCLEQMTEAANYLTARYQSDIGPV*
(SEQ ID NO: 1029)

Celera Sequence No. : 142000013384828
TCGTCCGGATGCTTGTCCTTGAAGTGCTCGCGGATGCCGTCGAAGTCCTCGGCCAAGAATATGCACAGCTCGCAGCCCATGACTATGTAGCGCTT
GATCAGTTCCTCGTCCTCTTTGCAAAACGGCGGCAGGCGTTCCATCTTGAATATCCTCTTGGGCGGTCCCCGCTTGACCACCATCTTCTCCTTCC
CCTTTCTGCCCACCGACACCGTTCCTCTTTTCGTTTTAGCCGGCTTGGCCACGTCCCGTTTACGTTTGCGTCCACTCCGGGTCACGATCAGGTCG
TCGGTGTCATCATCCTCGTCGTCCTCGTAGTCCTCATCCTGTTCATTGTTGGCATCCTCAAAGAGGAGTTCCATGTCGGGTGACTGTCGCTCTGT
TTTGATGCCCACCTTGCTGTCTTCCGGGGACATGGGTTGGCTAAGGTCTAACTCGTCCAGGGGATTCACATTTATCTGCGCACCGACATCGTTGT
CGACGGCAAGGACGTCGGCCGGCATGAGCACCTCCTCCGGCCAGGAGGTGTTCACCATCTCCGGATCCTGCTTGAACTTGGAGGTGGTGGCGTAT
ATCACCTGGGCCTCCTGTATGGACACGTAGAACTGATGGAACTCGGACACCTGCGTCCAGCAGACGTTGCAAATAACCTTGGATATCTCGTCGTT
GGGCAGTACCTGTACGCGTTCCGGAGACGAGATGGTGGTAAAAAAAGATTCCCAGGCACAAAAGTGGGTGGAGGGCAGCAGCTTACCTCGAACCA
GAAATGTTGGCGCAGCACCTCCGCCACCTTGCTCTCGCCCGAGTCCACATCGAAGATCTGTAGACACATCTGGGCGCCGCTCACTCCGCGTAAAC
AGAGGCGGCAGATATCCATTTCGCATTTATTTGATAAAACTATAATAAAAAGTAGTCATTTACATAGCTCTGTCGATAACTCCCATCGCAACTAT
CGGCTGCATCGTGATTTGTTCGCTGTTCATTCTGTGCACTGGTTGTACGACGTCGGTCACACTGGCAAATTGTTGGTTTTCCTATTTTCGTATTT
GCTGATAATGTGCATATTGTGTGGAAAAGATGAGTAAACAAGGGAATAAAAGCAAGGATTCGGCTGCCGCATCCGCCACTTTAAAAGTAAAGGTG
TCCTGTGTAGCCGGAAAAACGAGCCTAACATTTTTCGGTCTTGTTTTCAGCGGATAAGCGAAAAGAAGTTGGAGGCCTTCACGGTGGGCACCTTC
TCCAAACGACAATTGTCCAAAAAAGAGCTCGAGGACCAGAAAAAAAAGGAGGATGCAGCTGCTGCGGCACATGTAGGCGCCTCTAGCAAATCCCT
CCTCCACGCATTATAATCCAATACGATTTTTAGGCCTTCAAAGAGTTCGTAGAGACTTTCCAAGATGCACCCACCCCCTCCTCGAAAGTTTGGGT
CAAAGCCGGCACCTATGATGCAGGATCCCGGCGGGAGGACAAGTCGGAGAAGGGCAAGCTATACAAGCCGGTCTCCAAGCTGATGGAAAAGAGCT
CCTCGGACAAGGTCGAGGATTACGCCAAGACCCTGGCCTCGGATCTCAAAAAGGACTCGGGTCCATTGAAGAAGAAAAACCAGGAGAAGAAAAAG
AGCAACTTGGAGCTGTTCAAGGAGGAATTGAGACAGTAGGCCCACTTGGTTGTGCATGTGTGTATTCCATACTAATTGTTTCATGCCCACAGGAT
TCAAGAGGAGCGTGAGGAGCGCCACAAGTACAAGCACATGGCCTCAAGCCATTCCGCACCAGCACAGCAACCGGCTGCATCAGCTGCTCCTGTGC
CCAGCAGCAGTGTCTCCACCACCTCCCAGAACTCAAGCAGCTCAAAGGAGTCTGGTTCGTTTGACACGGGCGATCCAAATACCACAAACCTGTAC
CTGGGCAACCTGAACCCCAAGATATCCGAGCAGCAGCTTATGGAAATCTTTGGGCGATACGGTCCCTTGGCCAGTATCAAGATCATGTGGCCCCG
CTCCGAAGAGGAGAAGCAAAGGGGACGCAATTGCGGCTTTGTGGCCTACATGAGCCGCAAGGATGCGGAAAGGGCCCTAAAGACACTGAACGGGC
GCTACATCATGGGCTACGAGATGCGTCTAGGATGGGGTAATCTATAGATCTTATATTGAAGTTCTTATTCCTCATACATCTTACTTAATATTTCA
GGAAAGACTGTGCCCATAATGAATACGCCCATTTTTACACCGCAAGCATTGCTTGAGATGACCCTGCCTCCGCCTCCTTCAGGATTGCCCTTCAA
TGCCCAACCTCCACCCAGTGAAGCTGATGTGCTGCCCAAGAAAAACTACAAGGAGTTCAACCAAGAGGACAAAGAGAATATGGAGCGGGTAAGTG
AATAATCACCTGCTAGCGTCTAAAGAAATAAAAATGAAAATGTTCAATTTTGTAGATACTTGCCAAATGCGTCGTTAAAGTCCATATACCCACAG
AGAAGTATGAATTGCACCAAGGACATTCACTTAACAAGAACTCACGTTACTGTGCTTTTCTTTTTTTCCAGGGCTGTTCTTAATGTTATCCATCG
GATGATCGAGTTTGTAATACGCGAGGGACCGATGTTTGAGGCTTTGATCATGATTCGGGAAATGGAGAATCCGCTCTTTGCGTTCCTCTTCGACA
ACGAGAGTCCTGCCCACATCTACTACCGATGGAAGCTGTTCTCTTTGCTACAGGGCGATACGCCCAATGAATGGCGGGAGGAGGAATTCCGTATG
TTTAAAAACGGACCGGTTTGGAAGCCCCCGATTGCCAACTTCTACACTCAAGGCATGCCAGATGAGCTGGTTGTTGATCCCGATGCTCCTGTGGT
GCACAAAGGAGCCTTGTCCAATGCGTACGTTTAGCATAGATAATCCTCGAAACATAAATGTTTACTGTACTGTAAATGTATACTGAAATAGGCAA
CGCAACCGACTCGAGGATTTGATTAGGCACTTAACTCCTGAACGCGCCCGCATTGGAGATGCCATGATCTTCTGCATTGAGCACGCAGATGCGGC
TGATGAAATCTGCGAGTGCATCGCCGAGTCTCTGTCAAATATCAATACATTGGCTTCAAAGAAGATTGCTCGACTTTATCTGATCTCAGATATAC
TGCACAACTGCACTGTTAAAGTTGCGAATGCTTCGTTCTTCCGTAAATCGTATGTATATATGTTTATCAAAGCATACACATTGAAATATCCCCTA
TTATTTAGTGTGGAAAAACAATTGTTGGACATCTTTGATAACCTGCATAACTACTACTTGAACATCGAGAGTAGATTGAAAGCTGAGGGCTTTAA
ATCCAGAGTCTGCAATGTTATCCGCACATGGGAGGAATGGACCATTTATCCCAAGGATTTTATGGCCCAGCTGACGGCCAAATTCTTGGGCAAAC

CTGTTAGTTAATGAAATTCATTTCAAATTGTGCATGTAGTCTAATGGAATCTTGTGTTTAGTACGTCAAGCCAGTCAATAACTCACCTCAAGCCG
AGGAAACGCGATTTGATGAGGCTCTGGACGAAGATATCGACGGTGCGCCCCTTTCCGGAGAGGAAAAGGACGACGAGGATCTAGACGGAGTGCCA
CTAGATGGAGCTGCTTTGCTTAAGAGCGCCTTGAAGCGAGCCATACCTGATGCAGATGCTGGTACTCCAAAGCGTGACACACCTAAGAAAGATGA
ATACCTCGATGAAATCGATGGCATACCATGTAAGCATAAGAAAGTGATTTAAACCTTCTTACTACTAAGTAAATAATCCTTAATTCCAGTGGATG
ATGATCTCGACGGTGTACCGTTGGAAAAAGAAACCAAATCTACGGCTAAGTTGCCTGGCTTCATACCCTCAAAGTGGGAGACAGTTGATCCCCAG
CAAGTAGAAGCGCAGGCGATTACCACCAGCAAATGGGACACTCTCGATCCGCCAGATCCACCGAAGTTCTTTAGCTCGGACGACGACAGTGGAGA
AGACAATCCGCAAAAGTACACCGACGAGATGCGTCAGAAGTTAAGAGACATTGAGTCGAAAGCAATTCAGTACCAGGACGAACTGGAGTCCGGAA
AGCGCCGCCTGGAACCAGGTTGGAGTGTCCCCGAACAAGTGGAACAATTCCGGAAGCGATTACTTAAACAGGTAAGATTTGTAACATACAGTAAG
TCGGATGTAACAACTGAATTCTTTGCGAACGAACAGGACTCGCGATCTGAGGCAACTGTAGACTCCCCGCTCAGCTACATGCACATAAAATCCAA
GAGCTCCAAGGTGAGTGAGAGTCCAGCGCTGTTCAGAAGCAGTTCCCGCAAACGATCCCACTCGCCGTTCTCTGGTGGCGAATCCAAACGACGTG
ACTATTCACCCGAAACCTCGCGCTCATCCAAATCCTCGAAACGCAATCGGTCGCGTAGTCCGTCCAGTTCACCGAAGCGGTATACAGAGCGGTCG
TCTCGCAGCTCCCGCTACGAAACTCCTGCCTCCGGATCGTCGCGATCACGCAGTTCTCCAACCTCCTCGCGCTCCTCTCGCAGAGAAGAGCCATC
GCCGCCGAGACATCGCAGCGACAAGCACAAGCACAAACATAGGCACTAGAGTGTCTGCTCTTCGGACGATTTGTATTTAATTAAACATGGATTCT
ACATAAAAACACTTTCGTCGTTTGTTTTAAATACACAGTATATATAATTTTAAATCTAAATCGTTTGTTAGGAAGTGGGACACACGCAAAACAGA
CGGCCCAGGCAGTTCGATTCCGCTCTGCGAATTTGTCTAAAAACATGAATCTAAGCAAGCTATCTTAAAATGGTTACGTTTTGTTAAGGAAAGCC
GGCCAACCAACACCAGTCCTCGAACCGCCTGAGCCTGGTCATATAAGCAGTGGTGATTATCATAAGGTGAATACATAGATGTGGCTTAAAAGTAG
ATGCGAACAGCCTCCTCGGCATTCTGCTCCACGGGGCAGTAGGGGCACTTCAGTATGTGGCCAACACTCAGCTTGTGCAGGGCGTCGTTGGATAT
GACATGACCGCAGGTCAACTTCTTCGGCGGATTGTCCTCGGAAGTCTGCTGGCGCAATATGGGGCAGGCAAAGATCGAGTGGAATCGGAATTCCG
GCTGCAGATCGATCTCAATGGGCAACTCGTCGCAGCCGTTCCACATGCCAAGGACTTGGCGCGACTGCATCACCTGCTTGATATTGAGCAAGGCG
GGCAGGGCAGTGCATCCGGCATTGACCACAACAGACAGGGCGGAGTTCTTGCTAATGCCTAGCAGTTGGCATGCGTCTTTGAGGAATATGAACGA
CAGTTCGGTCCACTTCTCCTGGCCCAAGAAGTGCTTGTAAGGCGAGTTCTCCAGTCCACTGGGCAGATATATAAAGCTGGCCATCAAGTTGGCTA
TTTCGTGCTCATAGCGCACAGCAAACTTCTTGAAGTTCAGTCGAGCGTAGGAGATGGCCTCGCGCTGCGAGTCCAATCCGTAGGAGACCAGCTGC
ATGAAACGCATGCGGTGCAGCCGGAACTCTATGAGCGAGTGGCGGTCACTCAGCTGCTGGGAGTACATCTTTGCCCACTTGAGGGCGTCAGTCAG
ATCC
(SEQ ID NO: 1030)

Exon: 1001..1131
Exon: 1191..1307
Exon: 1364..1650
Exon: 1708..2126
Exon: 2187..2368
Exon: 2431..2474
Exon: 2542..2874
Exon: 2942..3184
Exon: 3239..3422
Exon: 3482..3734
Exon: 3795..4156
Exon: 4217..4609
Start ATG: 1075

Transcript No. : CT26551
CGTCGGTCACACTGGCAAATTGTTGGTTTTCCTATTTTCGTATTTGCTGATAATGTGCATATTGTGTGGAAAAGATGAGTAAACAAGGGAATAAA
AGCAAGGATTCGGCTGCCGCATCCGCCACTTTAAAACGGATAAGCGAAAAGAAGTTGGAGGCCTTCACGGTGGGCACCTTCTCCAAACGACAATT
GTCCAAAAAAGAGCTCGAGGACCAGAAAAAAAAAGGAGGATGCAGCTGCTGCGGCACATGCCTTCAAAGAGTTCGTAGAGACTTTCCAAGATGCAC
CCACCCCCTCCTCGAAAGTTTGGGTCAAAGCCGGCACCTATGATGCAGGATCCCGGCGGGAGGACAAGTCGGAGAAGGGCAAGCTATACAAGCCG
GTCTCCAAGCTGATGGAAAAGAGCTCCTCGGACAAGGTCGAGGATTACGCCAAGACCCTGGCCTCGGATCTCAAAAAGGACTCGGGTCCATTGAA
GAAGAAAAACCAGGAGAAGAAAAAGAGCAACTTGGAGCTGTTCAAGGAGGAATTGAGACAGATTCAAGAGGAGCGTGAGGAGCGCCACAAGTACA
AGCACATGGCCTCAAGCCATTCCGCACCAGCACAGCAACCGGCTGCATCAGCTGCTCCTGTGCCCAGCAGCAGTGTCTCCACCACCTCCCAGAAC
TCAAGCAGCTCAAAGGAGTCTGGTTCGTTTGACACGGGCGATCCAAATACCACAAACCTGTACCTGGGCAACCTGAACCCCAAGATATCCGAGCA
GCAGCTTATGGAAATCTTTGGGCGATACGGTCCCTTGGCCAGTATCAAGATCATGTGGCCCCGCTCCGAAGAGGAGAAGCAAAGGGGACGCAATT
GCGGCTTTGTGGCCTACATGAGCCGCAAGGATGCGGAAAGGGCCCTAAAGACACTGAACGGGCGCTACATCATGGGCTACGAGATGCGTCTAGGA
TGGGGAAAGACTGTGCCCATAATGAATACGCCCATTTTTACACCGCAAGCATTGCTTGAGATGACCCTGCCTCCGCCTCCTTCAGGATTGCCCTT
CAATGCCCAACCTCCACCCAGTGAAGCTGATGTGCTGCCCAAGAAAAACTACAAGGAGTTCAACCAAGAGGACAAAGAGAATATGGAGCGGATAC
TTGCCAAATGCGTCGTTAAAGTCCATATACCCACAGAGAAGGCTGTTCTTAATGTTATCCATCGGATGATCGAGTTTGTAATACGCGAGGGACCG
ATGTTTGAGGCTTTGATCATGATTCGGGAAATGGAGAATCCGCTCTTTGCGTTCCTCTTCGACAACGAGAGTCCTGCCCACATCTACTACCGATG
GAAGCTGTTCTCTTTGCTACAGGGCGATACGCCCAATGAATGGCGGGAGGAGGAATTCCGTATGTTTAAAAACGGACCGGTTTGGAAGCCCCCGA
TTGCCAACTTCTACACTCAAGGCATGCCAGATGAGCTGGTTGTTGATCCCGATGCTCCTGTGGTGCACAAAGGAGCCTTGTCCAATGCGCAACGC
AACCGACTCGAGGATTTGATTAGGCACTTAACTCCTGAACGCGCCCGCATTGGAGATGCCATGATCTTCTGCATTGAGCACGCAGATGCGGCTGA
TGAAATCTGCGAGTGCATCGCCGAGTCTCTGTCAAATATCAATACATTGGCTTCAAAGAAGATTGCTCGACTTTATCTGATCTCAGATATACTGC
ACAACTGCACTGTTAAAGTTGCGAATGCTTCGTTCTTCCGTAAATCTGTGGAAAAACAATTGTTGGACATCTTTGATAACCTGCATAACTACTAC
TTGAACATCGAGAGTAGATTGAAAGCTGAGGGCTTTAAATCCAGAGTCTGCAATGTTATCCGCACATGGGAGGAATGGACCATTTATCCCAAGGA
TTTTATGGCCCAGCTGACGGCCAAATTCTTGGGCAAACCTTACGTCAAGCCAGTCAATAACTCACCTCAAGCCGAGGAAACGCGATTTGATGAGG
CTCTGGACGAAGATATCGACGGTGCGCCCCTTTCCGGAGAGGAAAAGGACGACGAGGATCTAGACGGAGTGCCACTAGATGGAGCTGCTTTGCTT
AAGAGCGCCTTGAAGCGAGCCATACCTGATGCAGATGCTGGTACTCCAAAGCGTGACACACCTAAGAAAGATGAATACCTCGATGAAATCGATGG
CATACCATTGGATGATGATCTCGACGGTGTACCGTTGGAAAAAGAAACCAAATCTACGGCTAAGTTGCCTGGCTTCATACCCTCAAAGTGGGAGA
CAGTTGATCCCCAGCAAGTAGAAGCGCAGGCGATTACCACCAGCAAATGGGACACTCTCGATCCGCCAGATCCACCGAAGTTCTTTAGCTCGGAC
GACGACAGTGGAGAAGACAATCCGCAAAAGTACACCGACGAGATGCGTCAGAAGTTAAGAGACATTGAGTCGAAAGCAATTCAGTACCAGGACGA
ACTGGAGTCCGGAAAGCGCCGCCTGGAACCAGGTTGGAGTGTCCCCGAACAAGTGGAACAATTCCGGAAGCGATTACTTAAACAGGACTCGCGAT
CTGAGGCAACTGTAGACTCCCCGCTCAGCTACATGCACATAAAATCCAAGAGCTCCAAGGTGAGTGAGAGTCCAGCGCTGTTCAGAAGCAGTTCC
CGCAAACGATCCCACTCGCCGTTCTCTGGTGGCGAATCCAAACGACGTGACTATTCACCCGAAACCTCGCGCTCATCCAAATCCTCGAAACGCAA
TCGGTCGCGTAGTCCGTCCAGTTCACCGAAGCGGTATACAGAGCGGTCGTCTCGCAGCTCCCGCTACGAAACTCCTGCCTCCGGATCGTCGCGAT

CACGCAGTTCTCCAACCTCCTCGCGCTCCTCTCGCAGAGAAGAGCCATCGCCGCCGAGACATCGCAGCGACAAGCACAAGCACAAACATAGGCAC
TAG
(SEQ ID NO: 1031)

Start ATG: 75

MSKQGNKSKDSAAASATLKRISEKKLEAFTVGTFSKRQLSKKELEDQKKKEDAAAAAHAFKEFVETFQDAPTPSSKVWVKAGTYDAGSRREDKSE
KGKLYKPVSKLMEKSSSDKVEDYAKTLASDLKKDSGPLKKKNQEKKKSNLELFKEELRQIQEEREERHKYKHMASSHSAPAQQPAASAAPVPSSS
VSTTSQNSSSSKESGSFDTGDPNTTNLYLGNLNPKISEQQLMEIFGRYGPLASIKIMWPRSEEEKQRGRNCGFVAYMSRKDAERALKTLNGRYIM
GYEMRLGWGKTVPIMNTPIFTPQALLEMTLPPPPSGLPFNAQPPPSEADVLPKKNYKEFNQEDKENMERILAKCVVKVHIPTEKAVLNVIHRMIE
FVIREGPMFEALIMIREMENPLFAFLFDNESPAHIYYRWKLFSLLQGDTPNEWREEEFRMFKNGPVWKPPIANFYTQGMPDELVVDPDAPVVHKG
ALSNAQRNRLEDLIRHLTPERARIGDAMIFCIEHADAADEICECIAESLSNINTLASKKIARLYLISDILHNCTVKVANASFFRKSVEKQLLDIF
DNLHNYYLNIESRLKAEGFKSRVCNVIRTWEEWTIYPKDFMAQLTAKFLGKPYVKPVNNSPQAEETRFDEALDEDIDGAPLSGEEKDDEDLDGVP
LDGAALLKSALKRAIPDADAGTPKRDTPKKDEYLDEIDGIPLDDDLDGVPLEKETKSTAKLPGFIPSKWETVDPQQVEAQAITTSKWDTLDPPDP
PKFFSSDDDSGEDNPQKYTDEMRQKLRDIESKAIQYQDELESGKRRLEPGWSVPEQVEQFRKRLLKQDSRSEATVDSPLSYMHIKSKSSKVSESP
ALFRSSSRKRSHSPFSGGESKRRDYSPETSRSSKSSKRNRSRSPSSSPKRYTERSSRSSRYETPASGSSRSRSSPTSSRSSRREEPSPPRHRSDK
HKHKHRH*
(SEQ ID NO: 1032)

Name: RRM-type RNA binding protein
Classification: RNA_binding

Celera Sequence No. : 142000013384474
CCAGCAGAAAGAACGATATCTTCGGCATCAATGACGGACAGCTGGCGGCGGATGATCTTCCATATGCCACTCTGAGCTATGCCAATGGACCGGGC
TATGATAGTAACTACCTCAGGGAAGGCGGCGCTGTGCGGAGGAAAAATCTGAGAGCCATCAATATGAAGAACAAGGACTTCATGTTCCCCAGCAC
AGTTCCCTTGGAATCGGAAACGCACGGTGGCGATGATGTGGCCGTTTTTGCTAGTGGACCGTATGCCCAGCTTTTCACCGGAGTTTTCGAGCAGC
ATTTCATACCTCACGCCCTTGGTTACGCCTCTTGCCTCAGTGATCGTAACATGTGCGTGGATGGGGGCGTGGCACGGAGACCACGCTGAAACTTG
GCGGGGATCAAAGGTTAAGTGAAGCACAATGAGTCTAAGCGACAAACGTATTATTCTCGTTTAAGAGAGAAGCCACTAGAAGATAAGCAAATCGTT
TAAGGGGGATACTAAAATAAATAATTGAAATCTAAAAAAAGCATCGATTACTATTTGTGCCAATATTATACGACATTTATTTGCAGATAAGAGTC
CGTTCCCGTGGTTATCTTATAATGTCGATTCTTTTTTGCACTTTAGAATTTGATAGCAAAATGTCGATTTTACGCGGGGAGGTTATCGATTGACA
TGTGTCAACTGCTTAAATTTTGTTTCCTTTTCAGTGTTGGCTAATATCAACATGTGACTGCTTGCATCCGCACTAACTGTGGTTTTTGTCTTTAC
TAAATCTAACAGCGTACTGTTGCCAACACTAAAATGTTAAATTATTTTAAAACTAACAGACGACTTGGCGCCAAATTTGAAATAAAATTAAAATG
TTTTCGAATATAAAAGGGACAGACAACATTAATGACTAGGGTTTTATTGAAATATACATGGGGCTAATTGCTGGACATATCAGATTTAAATTATA
TTTTAATATGTATAAGTGTATATCATTTTCATTTTGTGCTGTTTTTATTTATCTTTTTACAATTAATGCCTTCTGGCTGCATATATAACATAAGG
ATTCACACAAGTGGCACTTAATTATACAAACTTAACTTTAAATTTTCTACACAGTTTTTTTCCCTTTTGCGAAAACGAAGCACAAATAGTCAGGC
GAATTAGTAGCATAATACATTACGCATAATAACAATATTTAAAATTAGGCATACACATAGTTCACAGTATTTTGCACGATTGCTTGGACGTCGTC
TTTGGTTTCCTCTCCACGGCTCTAACCGCCTCCTCGAAGACCTGCTGCAGGTTCTGCTTCTTCTTGGCGGAGCACTCGACCAAGTTGAATGCGTG
TATCTCTTTGCGCATCTTTTTTCCCTCCTGAAAAAGTCGAGAAAACTTAGCATACAACTGTGTCAATCGTTTAGTTACTAACTAACCTGTGTGGT
CACGAACTTCTCCGAGTTGGGAATGCGCAAGTCCAGTTTGGTGCCCACGAGAACCACGGGAACGTGGGCGGAGAAGTGACGGATCTCCGGCCACC
ACTTGCTTTTCACGTTTTCGAATGAGGTCCTACTGCTGATCGAATAGCACAACAGGAAGCAGTTGGTCTGTGGAGCGAGTACGAAATGTATTAGC
AATAGGTAGGACTAATTTCCCTATCAGTAGTCAATGCTATCATACTTACACTGGGATAGCTCAGGGGGCGCAGCCTTTCGTAATCCTCCTGGCCG
GCAGTGTCCCAGAGGGTCAGATTGTAGTCCCGATCATCTACGGCTATGTTGCAGGCGTGATTGTCGAACACTGTGGGTATGTACTCCTCGGGGAA
CTCGTTCCGTGTGTAGGTTATCAGCATGCAGGTTTTGCCCACCATGCCATCGCCCACGATGGTTATTTTCAGCGGGCGCGGACTCTTCGTTATGT
TCGCCGTCATTCCCGGTTTTTTTCCCCGTTCGTCTTTGTTAAGCAAGAACTGCAAAGAGGACAAAATAGAGGCGTCACAATCGGGATTGCAACAT
TTGGTGGCAGATGTTGGCGCACTGTGTGTTTATCTTGGCGCACCCACACTTTCATCCAACCGGAAATCTCCAGGCTTTGCCCCTAGCTGGCTTCA
CTTTGATACTTGCAGAATACAGCAGAAATGGGATTACTGCTCATACAGAATATAAGAATGTATAAGAATGAACTTCAATAGCATTAGCTGGAAAT
ATTGCTGAGTAAGTAAATACAATACACCAGTCTAATCTACATTCTATTTCAGTTGAGTTCGCTTGAAGGAATATCGGTTTCCATTGACGTTTTGA
AGTTTTCATTATTGCTGGAATGTGTTTTATAGAGTTAAATATATAAATGCCACATTTTAAACAAATTATACGTATCTATATCATAACAGCGAACA
GTCCACCTGAATTAACCTTGTTGATCATACAACCCATATCGCACATGAACTTCAAAACTTTTAATCTAATCGCCGGTCGAATTGAAAACGACAAA
AGTCTGGGCAATTGGAGCTTTTACGACGGGCCAACTGTGGACTGGACTTCATCAAGCGCAATTGATTCTGCGAAATCTCTAATGGAAATAAATGT
GCTTTTATGGCTGTCCCCCCCGTCTTACATAACAATTAAATAAAGGCCGGGCCAAAACTGAAAGACTTTCACCATCTGTCCAGGCACAAAAACAA
ACAAACTAACAAAACCGCATTTGTTTCATAAATTTTTCATTTTTAATTAAAACTGGTTTCGTCGGTTTCCAGTTGACCCAAAACATAGACTAGAT
TTCCCTACGCAGCCTCCATAACGACACAAAATCCAAATCAAAAGACATTTGCCCGATTTACAAATGAGCGATGCCGTTAGGTATTCGTATTCGTA
TTCATCTTGTGAGTGGGAATTCTTGGGGTACCCGTTTAAGCAGAAAACTCATGCGAATACCAGGAATTATTCACTGTTTGCGGCATGACTCATCG
CGTACACTTGTTGATGTCTCGGGCTCCATTCAGTTTCCTTACATAATTGCAAATCAGAGCGGTGGAAGCGTTTATTAGAAGAGCTAGACCACAAT
CTTGGCTTGGTGGCTGACTCATCGGTGAGGGAAAACGCTTCCTTCCCTCCAACCCACACCAAATTTCATCTTTGAGCTGCATTTTAAATTATTCA
GAAAATAAAGATTGAAAACCGGTTGCGTTGCGACATTCATCAGCATTCACCGTTCGACGGCACTGCACTTCCCAACTTTGACCACGAAAGGCAC
AAAACCACAGCCAAAGATCCCCCTAATACATACATATAAAATAATAATTTAATTGTTCACCCCTATAAGTACAAAAGCTTATTCATATGGATGAT
TGAATTTAGCAAACAAAATGTTGTGTTAGAAGTCAAGTAATAAATACACTTTCCAACCAACCTATCAGTTCGCAAGAAGTAGATGATAACATTTA
GATAAGCAGTGAAAAGTGAAGAAAAGTACCAAATACACTGCAATTTCAAGCTAGTATAAAATTCACCAATATCTGGAATGCCTTGTAAGACGCGG
CAAATGCGTGAGTAATAAACATAAAACGCTTTCTTGGCACGCGATCCACAGATGCTGAACTTTGACTGGGGCACTTTGATGCCGGGGTCAACACA
ATTAAGCCCCCCATCATTGATGCGAGTGGCTTCAAGTTGGGGTTAAGTGCTATTCGCTTTTTTAGGTTCGCCATTTTTTGATTGATTTTGTAAAC
TTTTCCTAAAGCCTTGAATAGTTTAAATGTATTCCAACGATCAAGCTTCTGAACAAATTTTATTCCAATTCTGTATGAATGACGTTACCAAATTT
AAATCGGATGAGTTCGTTCCAGCAAAATGGCAGCAGAATCCCCAAATAGAAGCAGTGCTTTTTTTTTCTCTACTTTTGTTGCCAAATTAGTAAACA
AATCCAAATGAACAATTGACCATTAGGTAGCCACTAGCGCAAAAATGGGCGAAAAAAAAAATAAAGCGAACAAAAACACAAATTTGGCCAGAGAGC
AACAACGAAACTAAATAAACAGCACACTTTTGTTTTGGCCTCTTTGGACGCGTTTTAAATTATTATAAACAAACAGCTTTGGGTGCTGTTTTAGT
GACTACAGAAATGTGCAAATAATTAAGTCCCAATGCTACCGAATTCTTCTATTTATACAACCAGCTGATTAAGCAACACGTAGGAAGCAAACTCG
TGAATGAGTTTCCTCAGTTCCACGATGTAAACTTGTGGATTAAAAAACAGGTGTGCGAGCAATGGTCGAAACTTTCCAGGCATGCCACCAAGTGG
GTGGCAATACCCCCCTGCTACCCTGTACAATGCCGCATCATCATCATAACTTATGCCTTTCTATCAGTTCGGAAAACAGCGGAAACTCTTTATCA
AGCTCGCTGGCCGATGATGATGAAAATGAAACTGTATCGAGCGAGAGCGCGCGGCTCGTAATTAATACACATAATAAATTATTTAAACATAATTG

Celera Genomics Confidential

CTGTGCATTTAATGCACTCCCTTGAAACATGAAGTGCACATGCCCGGCAGTCCGTGAACAACTTATTCCAGTTCATTGTTATCTACAGGCTTGGC
CTCTTGTAAACTTTTCATATCAAGTTACGAACTCGTCGTTCTCGGAATCTTGTCCCAAGAACAAGACTTGTCACATTTCACACTCTCTCTTTCTT
TGCATTGATTCGGTGGCGATGATTTCCCAAGATGAGGAAAGGTCTCAAAGCGACACATCTGCACTATGGCTACTCGTATTCATGTGCAATTCACT
TGGGTCACTCCAGTTCAAACCTCGTCTTGGAGGCGTCTCTTATCAGCCTCCTTAATAAATGGGTGCATGCATCAGTTGGATTCCCGTTCCCATAT
AGCAGACGGTCCACAAATAACTCAGTTACACAAAGGCGGAGTTAGTCAATAAGTGAATTATACGTATAGATGGATCATCCGACTACGCAATTAAT
TAAATAATTCCGCAATAACGAATGTGAAGCGACGTCAGTAGAATGTAGGTAATTCTTTTATATAACTAAGATTACTCGGCTTGAGTTTCTTAAGA
ATTTCGTTTTATTAGAACTTGCAGTGGAGCAGCAGTATAACTAATCGTACGCCCAAAACCAGATCGAATTGGTACTCCAAATCGTCTATATAGGT
AGGTACATTTCTATATAGACACCTATTTCTATTCTACACCAAAGCGAAAAAAAAACACTTTTATTCAACTCTGCTTCTTGTTGCGAAAAATATAC
GAACTGTATATGTGCATGTATTTTTATGGTTTCTCGCATGGGTTTTTGTATTTAATAAACTGATTAGATAAGATAGATGTCGGTGAATGCGGTGT
ACATAGGGAATTGGACTTGAAAGAGCAACGGCGATAAGTGGATGTGGAACCATGGCGAAAACCCATGGTTACCTGGTCAGAGGAGCCATCGAATC
CCCAGAATCAGATTGGATCCGGGCAGATTGCAAGGGCACGCGCTGCCAATTAGGTAAATTAATTGAGGTTAATGCGGAGTGTTTATTGTGCCATA
GGTCGCAATGAATTGATTAGCGACATTATGGATTGTATTGGATTGGGGCGACAGGCGATTCACGTACTCGGTTTCCTGCGACGTCCTCTAAATGG
CTGTGTAACCATATAATTGTTTGATAACTAAAAATGGTATCGAGCCCATTATGGTGGAGAATCAAGTCGCCTGCCAAGATCCCCGAAGAATAAGA
GAGCCCCACAACAGCGATTGGAATTGGAATTGGGACTGGAAGAGGAAGCGAGAGCAAGAGAGTTGGGATCGTAAACCGAAACAACTTGGCATTCC
AGAGCTGTGGACGGATGGGCGGTCGGATCGGGGGGAGGTTTGGTGGGGGGGGGGGGGGGGTGCGGTGACGTGAGCGCAATACAAAGTGACTCAGGT
GATGGTGAAAAAGGAGGAACGATCACGAAGATAACTCTCCCAGTGAGTGAGATCTATGCTAATAGTGTTTACAGCCAAAGATAAATGTTGTTATT
TTAACAGCTCGTGCAATCGCAGACCCACTGAGCGCCCACACCATCGCAAGGTCGTCGCAATTGGGTGTTATTGAATTCATTCTGCGCTGGATTCG
ACATTTGGCCAGCTAGCTGCTGGCGAGGATGAACTTAGTGGGATACGAGTGTTGCGTAGACGCTTTGAACTGGACGTACTTTTAGATACGGGACT
TGTGTGCCCGTACTTTTATCCGTATGCGTACTATTTGCAATAATCAATCGAACAACACGTCTGGCTGGCGATGACGTGCGACTTGATCGCAGTGT
GGATGTGGATTACTCGAACTGGCGGCGGCGAGAGTATAAAACCGGATAAACGAATAGCAACAACCGATCGCACGCGATGTCGTCGAACAACTGAA
CCTTTGGCGATTCCGATTCGTTTAGCTCGCAGAGTTCGAGTAGCTCGCAGATACGCGAAGAGCGAACGAAGAGAGCGCGGTGGAGCAGCTCTCTC
TCTTAGCACTTGGCACACAATGTTTCCTTATCAAAGGTTTCGGTTTGGATAAGAAGAATTTGGCGAACTACAGCTCCAGGTTTCTAATCCCTATA
AATATTTTTGCATTTCTTTTTGAGTAAATGATGTGATGTCTGCAATTCCAACTTAATGTTTCGTATTCAAGTTGATAACATTTTGGTTTGAATGC
TTATTTTTAGAATACAGAAGCTCAATGCTCATATAAGTACATAAATAAGCCCATGATTAAAAACCACCATAAATAAGTTCATAATGATAAATTAG
TTACTTCTATTTACGCATTTTCTACTACGAATAAAACGTTTGAATCAAACTTCGAAGTGCGTCAAATTATTAAGACTGAACTACTCACGCAATTA
CTTAACTGAGAACGCAAAATACTACTTTAAAGCTACTTGTGAGCTACAAATCCTGTTGCGTAATATCCCGCCCTGCAACCCGAGTATCTGGCATA
AGCCATTAATCAACGACATTCCGCAAGTGCGTGCCTCCAAACTGGGCTTTATATCTGTCCGATGTAGGGGTAATTAAGCCAAAGAACCGCCTTGC
GGGTTAGACCGAATAAAATGCGTTTACTGCGAGTATGTGGCACTGGCGTACATGAGTTCAATTAGCCGACACGTTGATGGGGCACTACATTAATT
AGAATTACCACTGCACTGGGCAAGTCACTGCCGTACAAAGAATAAAGGTCAAGTGACAAAGGCTTCGACCCAGACCCAAAAAGTCGGGCGGTCAC
AGCAAAGAGAAGAGCCGGAAAATTATTAATACACAAATATGAATGTGCAGCATTTCCAATTAGGGATAGCTACTTAAGCGAACACATGAGCAACA
TGTGTGCCACTACTGCAAACACCAAAGATACTTCTGGAAGACT
(SEQ ID NO: 1033)

Exon: 6358..6160
Exon: 1949..1665
Exon: 1587..1417
Exon: 1357..1001
Start ATG: 1910 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT26615
GTTCGACGACATCGCGTGCGATCGGTTGTTGCTATTCGTTTATCCGGTTTTATACTCTCGCCGCCGCCAGTTCGAGTAATCCACATCCACACTGC
GATCAAGTCGCACGTCATCGCCAGCCAGACGTGTTGTTCGATTGATTATTGCAAATAGTACGCATACGGATAAAAGTACGGGCACACAAGTCCCG
TATCTAAAATTCTTGCTTAACAAAGACGAACGGGGAAAAAAACCGGGAATGACGGCGAACATAACGAAGAGTCCGCGCCCGCTGAAAATAACCAT
CGTGGGCGATGGCATGGTGGGCAAAACCTGCATGCTGATAACCTACACACGGAACGAGTTCCCCGAGGAGTACATACCCACAGTGTTCGACAATC
ACGCCTGCAACATAGCCGTAGATGATCGGGACTACAATCTGACCCTCTGGGACACTGCCGGCCAGGAGGATTACGAAAGGCTGCGCCCCCTGAGC
TATCCCAGTACCAACTGCTTCCTGTTGTGCTATTCGATCAGCAGTAGGACCTCATTCGAAAACGTGAAAAGCAAGTGGTGGCCGGAGATCCGTCA
CTTCTCCGCCCACGTTCCCGTGGTTCTCGTGGGCACCAAACTGGACTTGCGCATTCCCAACTCGGAGAAGTTCGTGACCACACAGGAGGGAAAAA
AGATGCGCAAAGAGATACACGCATTCAACTTGGTCGAGTGCTCCGCCAAGAAGAAGCAGAACCTGCAGCAGGTCTTCGAGGAGGCGGTTAGAGCC
GTGGAGAGGAAACCAAAGACGACGTCCAAGCAATCGTGCAAAATACTGTGAACTATGTGTATGCCTAATTTTAAATATTGTTATTATGCGTAATG
TATTATGCTACTAATTCGCCTGACTATTTGTGCTTCGTTTTCGCAAAAGGGAAAAAAACTGTGTAGAAAATTTAAAGTTAAGTTTGTATAATTAA
GTGCCACTTGTGTGAATCCTTATGTTATATATGCAGCCAGAAGGCATTAATTGTAAAAAGAT
(SEQ ID NO: 1034)

Start ATG: 239 (Reverse strand: CAT)

MTANITKSPRPLKITIVGDGMVGKTCMLITYTRNEFPEEYIPTVFDNHACNIAVDDRDYNLTLWDTAGQEDYERLRPLSYPSTNCFLLCYSISSR
TSFENVKSKWWPEIRHFSAHVPVVLVGTKLDLRIPNSEKFVTTQEGKKMRKEIHAFNLVECSAKKKQNLQQVFEEAVRAVERKPKTTSKQSCKIL
*
(SEQ ID NO: 1035)

Classification: enzyme
Gene Symbol: RhoL
FlyBase ID: FBgn0014380

Celera Sequence No. : 142000013384474
CACCACCACCATCTCGCACAATGCGTCCGTATTGATCGCGCTGCTCGCCGTGATCCTCCTTGACCACCAGTTCGCGGCCATTCACCTCATAGCGG
TTCATTTTCTCCAAGGCCTTCTGTACGTTCTCCGGATCCTTGAACTCTACGATGCCACAGCCGCGAGCCTTGCCGCTCTCATCGAAGAACAGCTG
GACGTACTCAATGGAGCCGACGATGCGGCGGAACAGATCCTTCAGATCCTGCCAACGGTAGTCGTATGGAATGTTCGAAATGTAGACCCGGCAAT
TGCGACGTTCCCGGCTACGGTCGCGAGCAGCGACGCCACCTCCCTGACTACCAGCGCCGTTTCCATTGCCATCAGCGTCCGTGAAACGGGAGCCA
CGTGCTCCGCGTCCACGACGGTCGCGCTCCTTCTCGCGGCTCTCCACCGAGTTACTAGCGTCCATGCTCATTGTTGTCTGCAAGGGATTCGCAAT

GCGTTTTGTAGTTCTTGCAATATTCGTAGTAGTACACACCCGGAGCGGCGTCCGCGAAAACAAAATGGCGACCGCGTCAATCGACTTTTTCGCCA
AATGTTCTTTTCTATGCTAGCGTTATGGCTTACCTTTTGATGTTGGCTGTGCTCTTAATACTGGTAATATTTCTATTTTGCTGCTTTCGGCGTAG
TAAATTTTATACAATGAACAAACGCTTGTGACAAACTACAGTTTCCGAGATCAATAGAAAACCGTACAAAAGTCTATGTTAGAGTTGACAGTGAT
ACGATGACAGCACATTCATCGATGGTTTGATATTTGGACGTGTCTCAGATTTCTATCGACTAGACATCGCCGATATTCGAAAATGCTCTTCGAAT
TATCGAAATGTAGGCATACTGCAATTTACGCGCGCAACGCAAAAATTCAAATAATAGAATATTTGGCTCAACAAGACAGGAGACTTTAGATGGAA
AAATAGAATCCACAAAAGCAAAACTATGGAATAACTAAAACCACTTTTCATAAATAGTACACACAATCGATTTATTTCGTTTCTTTTTGTATGGC
AAAAATTAATACAAAAAATTAAATATTAAATGTATGTATGTATGTATAAAAAGCTTAAAGCAAACTATATAATGTAAATTTAATTGGCTGTTTGT
TTTCTCTCCGATTGATCTGTCAGTATGGTAAGTAGAAAGAAAGGCAAATCTCAAGAACTCATACGGATTATAATTTCATCATCGTAGCACCACAG
ATATGTGTTTAACCGAACATAAATCTAGTTTGGGGCTAGCGAATTTACTCGTTTGTGCGAAAGTTGCTGTGAGCTTATCGGCTTTTGCTTGTTTG
TTCTCTAATGATGAATACTAATGGAATTCTGCTCGTGCGTGTGTGCGAAAAAAGATTACATTTATGTATGACTGTCGGGTTGAAACCAATAGATA
ACAGGGCTGTAAAAATACACAATATTTGTTTACATCGCGTTTCGGTTTTAAGCACGGAGTATCTGTTGAAGTACAAACAACATAGAATCAAGTTA
AGTGCTGGTTGAAAACAAACGGATATAGCAGCTGAACCAAGGCAGTTACAACAGTATTCATAGTTTTTATGTAGAGGTACATATTCATTTTCATT
TTCGATTTGCTTCGTTCGTTTTTGTTTGCTTGTTATTGTTAATACTCTTAAAAGGGCGCCTCGCAGCCTTTCAAACGACACAAAACACACACATT
CACAAAATCATTTCGACGTACATAAAACTCTAGTTACTTAAATTAATTACAATTTCTCTTCTTTTATCTGACAATTGCACCGACCAACACGCTCC
CACATGTGTGTGTTTTTCGCATTGTGTGTCCAAAATGGACAAACCATCGAGCCCAGGACGATCGGCGATTCGCCGACGCACATACAGACAAACAG
GCGACATTTGAAGAAATAAAAAGTGAATAATAACCAATGCGTGGCCGTTTAGAGCATTTTACATTTAAATCTACGATTCGGCTTGTTCATTTTGC
GGCCCCTCCGCCCCTTGTTGTCCTTGTCCTTGCGGATTTCGCGCACCAGTGTGTAAAATGCATCGTCCACGCCCATGCGCGTCTTGGCGGATGTC
TCAATGTATGGAATGCCGTACTGTTTGGCCACCTGAGAACAACCATAATTAACGGAATGTTCGCTCGGAACTCTGAAGGCCGGTACTCACCTCTC
TTGCCTGCTCGTTGTTAACGTTCCACGAGGCCAGATCACATTTGTTGCCCACCAGCACCATGGGCACCTCTTCGGCATCCTTTACGCGCTTGATC
TGCTCACGGTAGGTGCCGATATCCTCGAAGGACTTCGCACTGTTGACGGCAAAGACCAGCAGGAATCCCTCGCCAGTCCGCATATACTGATCCCG
CATGGCCGAGTACTCCTCTTGGCCGGCGGTGTCCAGGATGTCCAGCAGGCAGGTCTCTCCATCTGCAGGGGAATATAAAATGCATTTGAATATCG
CAACTTCTTAAGGTCTCTTCTAGTATAAACGGGAAACCAAACCAGCGAAAGGGTGCAGAAATCTCTAGAGTATTTGGACCTGTGCAGCCCTAGCT
TTGCCAGATCTAAGTACATATAACTCACCGATAACCACTTGCTTTCGGTAAGAGTCCTCGATTGTGGGGTCGTACTCGTCCACGAAATGGTTCTG
GATTAGCTGGATGGTGAGCGCGGACTTGCCCACGCCTCCGGCTCCAACGACGACCAGTTTGTATTCCGTCATTTGGCTGTGGCGTCCGTTTTCGA
TTTGCCGTAGTCAAATGTCACAGTAACAGTCTCTTTCTCGCGATCGATGCTTACTCTCTTGTGAAGCGCCCGCAGATGCAGTCTCTCTCTCCGTA
CGCTTGTTGCGTGTGTTTGTGTGGGTGACTGTGCGTGTATGGGCTGCAAGTGGAGTAAATTATTAATTAAGATTGATTAAAATAAATTAAACGCA
TAATTAGGCAGGAATTAATGCACGTCACTGAGTCACTGTGACTAGGCGCTTACTCGCACAAACACACACGCACCACTGCATGCACACAGCCAGAC
GGGCAACACAAAAAAAAATGGGAAAAAGAGATCAATGACTCAAACTAAAATTAAAACCCATTCGCTCAATGCAAATTAGTTAGTCTCCCCCATAG
CCGAGTTGTTAACTAGGTGAATTTGCTAATTCGGCGGCGTTGTTTTTAGCCCTTTTCTTTATTATTTTTCTTTTGCCTGCCGGGGCTGCGGACCT
TCTTTGTTGCTGCCTCTTCAGCTAGCTCCTCCTTGTTTTTCCGCTCCGCTCCTCTCTATCAATACTCTGCCTCTCTCTTCTCGCGCGCGGCGCAG
TTGCTGGGCACGTTTCACGTCACTTTCGCGGCTAACGGTGCGACAGGCGGTACTCCTCGATGGCACCAATTTAATTGCCGTGCGGTAATTGCAAT
TAACAGCGCAGGAAAACAATAAATCCGTATGTGAAATGAAGATGAAATCTAGGCTGTACGTAGCTGTGAAGATACTAGAGCTGGCACCAAGCCGA
TGGCACTATCGATAGCGATGGCTGCATTCTGGCCGGCACCATCGATGGACTTGCAATAGCGATTGCTATATGAAAACTAATCTAAAGAGGTGGAT
GCACTTCAGTCGACTCTCTATAATTTGCTTAAACTAATAAATGATTTGATCAATACAGCTTTCTGTAAAAACTGGCAGACGCTTTCTGCTTTTAA
TAATTGTTAATTTAAGTTCAACGGGCTGGCATCACCGTTTCTTAGCACGGACTCAAGCCTGAGTCTATTATTTCAACCACCACTGTAACGAAAAC
AGCATGGACAGATTGAAATTCAATAATTTGGTAAATAAACGATTTTATTTAAAATTATAGAGTTTTAATTAAAAAGAACTTTTACAGGTGATATC
CAACAAGAAGGTCATTCAAAAGGCACGCGCCCAGACCATCGCCAAAATCGTACAAAAGCTGCGAAAGACAAAAGAGGCTCTGGCCAAAAATCCAG
ACAGTGAAAAGGAAAAGATTCGTTTACGCAAGAACACAGAATGCCTGGCCCAGTTGAAGGCTCTAAAATATATGGATATGGTACGCCAGTCGCTC
CTGCAGGAGGGCACAAATCCCAATGCGGTGATTGCTAACGAGCGCTCCACGCCGGATGAACTGGGCATTGCCATGCTGCGGCTAAACAAATTGAT
GCACGGACTGGTGGACAAGTTTGTGGAAACCTTGAAGCTGAGCACCACCGATAAGGAGGCCAAGTGGCGTGAGGAGATCCTAGAGACGAGCAAGC
GAAGGGCCAAAATAGAACGCACTGAGGAGCGGAAGAGGAAGCGCAAGGAGCTGAAGGAGCAGAAGGCCCAAACCAAAAACCGACTGGAGTGGTTA
GAGCAGAACAAAGTGGTGGATGCAGATGTTAATGGAGCAACTGCGGAAACGCCCACTCTTCAAGTCAGCAAAGTAAATGATCAGGAAATACCACA
GTCTTTTGCAAAAACTG
(SEQ ID NO: 1036)

Exon: 3482..3229
Exon: 2893..2594
Exon: 2437..2181
Exon: 2122..1001
Start ATG: 2732 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT26623
TACGTACAGCCTAGATTTCATCTTCATTTCACATACGGATTTATTGTTTTCCTGCGCTGTTAATTGCAATTACCGCACGGCAATTAAATTGGTGC
CATCGAGGAGTACCGCCTGTCGCACCGTTAGCCGCGAAAGTGACGTGAAACGTGCCCAGCAACTGCGCCGCGCGCGAGAAGAGAGAGGCAGAGTA
TTGATAGAGAGGAGCGGAGCGGAAAAACAAGGAGGAGCTAGCTGAAGAGGCAGCAACAAAGAAGCCCATACACGCACAGTCACCCACACAAACAC
ACGCAACAAGCGTACGGAGAGAGAGACTGCATCTGCGGGCGCTTCACAAGAGAGTAAGCATCGATCGCGAGAAAGAGACTGTTACTGTGACATTT
GACTACGGCAAATCGAAAACGGACGCCACAGCCAAATGACGGAATACAAACTGGTCGTCGTTGGAGCCGGAGGCGTGGGCAAGTCCGCGCTCACC
ATCCAGCTAATCCAGAACCATTTCGTGGACGAGTACGACCCCACAATCGAGGACTCTTACCGAAAGCAAGTGGTTATCGATGGAGAGACCTGCCT
GCTGGACATCCTGGACACCGCCGGCCAAGAGGAGTACTCGGCCATGCGGGATCAGTATATGCGGACTGGCGAGGGATTCCTGCTGGTCTTTGCCG
TCAACAGTGCGAAGTCCTTCGAGGATATCGGCACCTACCGTGAGCAGATCAAGCGCGTAAAGGATGCCGAAGAGGTGCCCATGGTGCTGGTGGGC
AACAAATGTGATCTGGCCTCGTGGAACGTTAACAACGAGCAGGCAAGAGAGGTGGCCAAACAGTACGGCATTCCATACATTGAGACATCCGCCAA
GACGCGCATGGGCGTGGACGATGCATTTTACACACTGGTGCGCGAAATCCGCAAGGACAAGGACAACAAGGGGCGGAGGGGCCGCAAAATGAACA
AGCCGAATCGTAGATTTAAATGTAAAATGCTCTAAACGGCCACGCATTGGTTATTATTCACTTTTTATTTCTTCAAATGTCGCCTGTTTGTCTGT
ATGTGCGTCGGCGAATCGCCGATCGTCCTGGGCTCGATGGTTTGTCCATTTTGGACACACAATGCGAAAAACACACACATGTGGGAGCGTGTTGG
TCGGTGCAATTGTCAGATAAAAGAAGAGAAATTGTAATTAATTTAAGTAACTAGAGTTTTATGTACGTCGAAATGATTTTGTGAATGTGTGTGTT
TTGTGTCGTTTGAAAGGCTGCGAGGCGCCCTTTTAAGAGTATTAACAATAACAAGCAAACAAAAACGAACGAAGCAAATCGAAAATGAAAATGAA
TATGTACCTCTACATAAAAACTATGAATACTGTTGTAACTGCCTTGGTTCAGCTGCTATATCCGTTTGTTTTCAACCAGCACTTAACTTGATTCT
ATGTTGTTTGTACTTCAACAGATACTCCGTGCTTAAAACCGAAACGCGATGTAAACAAATATTGTGTATTTTTACAGCCCTGTTATCTATTGGTT
TCAACCCGACAGTCATACATAAATGTAATCTTTTTTCGCACACACGCACGAGCAGAATTCCATTAGTATTCATCATTAGAGAACAAACAAGCAAA
AGCCGATAAGCTCACAGCAACTTTCGCACAAACGAGTAAATTCGCTAGCCCCAAACTAGATTTATGTTCGGTTAAACACATATCTGTGGTGCTAC
GATGATGAAATTATAATCCGTATGAGTTCTTGAGATTTGCCTTTCTTTCTACTTACCATACTGACAGATCAATCGGAGAGAAAACAAACAGCCAA

TTAAATTTACATTATATAGTTTGCTTTAAGCTTTTTATACATACATACATACATTTAATATTTAATTTTTTGTATTAATTTTTGCCATACAAAAA
GAAACGAAATAAATCGATTGTGTGTACTATTTA
(SEQ ID NO: 1037)

Start ATG: 416 (Reverse strand: CAT)

MTEYKLVVVGAGGVGKSALTIQLIQNHFVDEYDPTIEDSYRKQVVIDGETCLLDILDTAGQEEYSAMRDQYMRTGEGFLLVFAVNSAKSFEDIGT
YREQIKRVKDAEEVPMVLVGNKCDLASWNVNNEQAREVAKQYGIPYIETSAKTRMGVDDAFYTLVREIRKDKDNKGRRGRKMNKPNRRFKCKML*
(SEQ ID NO: 1038)

Classification: signal_transduction
Gene Symbol: Ras85D
FlyBase ID: FBgn0003205

Celera Sequence No. : 142000013384590
GTTTGGCTTGCGTATTTCCGGCATTTCTGTATTTCTCGAAAATAACATCTTTTCTTTTTGTAAGATGATAAAAAGGTTAGGATGTTAAAGGTGGT
CGTGGTCCCACGATGAAAGAAGACATTTTTATTAGTAGTTTATAATTCGTATATTTATTTCGATAATACACCTATTATGAATACAGTTCGCATCT
TTGATTGTTTGTATTAATTTGCTTTGGTACAGTTAGGGACTTTTTCTTATCAGTATGCTATTTATTAAAAGTAATGAAAAACTTGTTACGATACT
TTAGATTTGGATAAAAACCAGAATTAATTATAACAGACATTCTAAAAAAATAATCACTGATACATACATACGTTTTAAAAGATTGCATTCGTATA
AATATTCGAGCATTAGAAGTAGAATACTGTCGGAATGGAATTAGTCGAATTAACATACAGATAAGGAAACGTCCCTAATGACTATACTAATACAA
AGTTCAGTGGAGATTTCGCTCTTTTCAAGGGCGCCTCAAACATTGTTCCTAACACTCTGGTCAGAATTCAACAATAAAATTAGAGAATACATTTG
AAAACAAACAAATAATTGATTCAAATAATGTTCAGCAATTACGATACGTTAAATTTGTCGTTTTCAAAGTGAATGCTTTGGTTTCTTATATTTTT
CGGTGTTTGGTTTCGCTTTTATAAAGGACAACTCGAACTACGGAACAATCTGAGGCTGGCTGCTTCCATCGTGGCTAACTATTAGCATGTGTACT
AACTGGTGAATAGCTGCGCTATGCTCCCACATACAACATCAACCATACCCATAACAACGCGCTTACATATCTTTGGCGAGTGACCACTACGTTCA
ATTGAATCGAAAAAAGGGAAGAGACTTGTGATGTGTGTAACGTATACAATGTCAAAGAGCTACAGTTAGAGAGTGTTTTTCGTGTGTGGTTTTCT
TAAAACGACGACAGATTTTGTGTTTGACCCTTCCGAACCAGTCCGAGGTCCTAAACAACCACTGCTCCTGCCTCCGAACGGCTAACTGGTAGATC
GGGACAATTCTTCCAGGTGTCCGAAAGCGGATCATAACATTCGACAGCATTGATAGTCACTTGGGCTCGGTAGAAGTTTACCTCGCAGGGCTGGC
AGAGAAGCATACAAAAACAATGATTAAATTATGAATCAAATAAATTGAAATATACTTGTTACCTGATCACCGCCAGCTACGTAGAGCAAGCCATC
GGCGGCGACCACGGCAGGAATGGCTCTGGGCACGTTTAATGCACACACTGTAGTCCACTTATCCTCGTCGAAGCTGTAGCGTTCCACGGAGCTGA
GAATGTCCTGACTGATGCTACTGCCTCCAACCACATACAAGTAGCGATCCAGAACGGCCACACCCATTTGACAGCGAGCTGTTTGCATGCGGGCC
AGCTCGTTCCACTCTTTTGTCACTGGATTGAAGCTGCAATGGATTTTTATAAAAATATATAACTACGAATATAAATATTTTTTGTTAAATACCTG
ATTAAATCCGGCAGATGACGGGTTGTTGTTGTGCAGCCACCGACAATGTAAATGAGACCCTCGAAACTGACCACACCCATGCTGAATCTAGGCTG
CGGCATGCTGCCCATTAATTTCCAGAGATCCTGCTCCGGATCATAGCACTCCATGGAGCCGCCGATGTCGTCGCCTATCCAACCGCCTACGGCAA
ACAGATTTCCGCCCATGGTGCAAAGACCGAACTCGCAGCGCGGCACAATCATCGGGGCAATCGGTTGCCAAACATCGTTCTGTGGATCATAGACC
TCGCCATTGGCCAGAATCTGTGAACCGCGCTCTCCTCCTACCACATAGATCTTGCCATTCAATGCTGATACACCTGGCAGGATGCGTCCCACCTC
CATAGGCGCCGTTTCCGTCCACTCGCGCCGGAATATATCGAATTTGGCCACCGTCTCGAAGATGCAGTCGGCCGAGTTCCAGGTTCGCGGCGTAT
CCCGATGAGATCCACCAATGATATATATGTTCTTCTTGGCCAGCTGACGCGGACATACCCGCAGCGGCACCAATTGTCCGCGCTTGGACGCAATG
TCCCGGCAAATGGAGCGCAGGGCTATCTTCACGGACATGTCGCGACAGTCGTCCTTCAGAGCCTTGTCGATCACCTTTACCGGAACAAGCGCCAT
GCGCACGTGGGACAGGACATCGAAGACGTAGCAGCGGCGCTGCGTCACGTCGTGCTTAATCCAACGAAGCGCCGCCTGGAACACCTGCGACTCGG
AGTCTACACGCAGCAGCTCCGAGTTCAGTAGCTGCGAGAGTAGAGTTTGTGGCGTTTCTAGGAACTCATCTTCAAGCGTTACCTGAACGAAGAAA
GGAAAGTACCAATCAGTTAAAATAGAAATATATATTTTTGCCAAATGCTCAAATTTAAACGATAAATTATTAGGTTCAAGGCAGAAATGAAAATA
ACTTTAAATATTATTATTTTGATATTTTTTATCGTTTATCTCGTTGAATATTTTCGTTTCCAATAAATATAGAACATTGCTTGACTATTTCCATG
ACCCACTTTTCGTTTGGGCGGTACACCTACAAATCAAGCCTTTCAAGTGCATCCAACTCACCGCTGGGAAATTCGCGTGGACAAAGTTCAGTGCA
CTCTTGGCCAACGACTCGCAGTTGTGGGCCTCGGCGAAGCGTAAAATGCCCAGGGCATTGGAGGCGTGCAGCTCGCGGCAGAGGAACTCGCAGCA
CCCGTCGACCACCTCGTTTAGCTGCAGCATGTCGGCGGCGGCCAGGAGCTCCTGGACATTGGACTGTAAGATCAAAGAAGGGATTAGAATTTGGA
GACCAAGCGACTAGGTGTATGGACTCACCTGGGTGATTTCGCAGCGACCCGTATAGATGAAGTCAAGCAGGATGTGCAGGATATCGCCGTCGATT
GTGTGCAGCACAACGGATTTTTGCTTGACCTCATTTAACCCGAGCTCGGGTCGAAACATGGCCTCGAAGTAGGCACTGGCTGCACTCAGGACAGC
CCGGTGGGCACTCAATGTTGCCATTCCGGCGATGATCTCCACGTCGCAGAAACGGGACTGCTCGCGCAGTTGGTTGAGATTGGAAAGCACCTTGA
ACGGATATTGGGCGTTGCAGTAGGAGGGCAGGTTTGTGCGATGGCTGGCCGCTGTGGCTCCAGATCCCAGATTTTGGCCAAAGAAGTCACCGTCG
CCGCCGCCGCCGGTGGGATTCTGATTGGCGTTCTGATTGGCATTCGCATTCGGACTGGTATTGCCATTGTATTCGTGTATCTGGTATGTTTTCAA
CGGTGGCATTTCGTCAACTGTTGGGTTTTTACTTTTCGGCGATCTTGAATCCGATATCGCCTTAATAAATGCACTTTTCGGGGGCGACAGCACAG
CTCAGACTCTTCGCATTCAATTGTTTGGCTTAATTAAACTTAATTGCTGCACTCTGCGCTCACTTCACCCTTTGTTGTTGCTGCTGCTGCTGTTG
TTGTTGTCGCAGTCCGTTTATTTTTCTCCAATCAAAAGGCGAGCACACACACCCACACACGCAATACAAACGACTGCAGGCAAAAGGTTAGCATA
TCACAAATTAAAACAACCGAAGTCCGCTACTAAGACAGCTATTTCCCCATTAAGATGAAATAGTGTTTTTAATATTTACAAACTGGCATATTTCT
TTGACTTTTCAATGCACTTTAGTATGTAGCTGGAACTGGAGTCGATGTTTTTGGGCGACTATCGATGTTGATAGAAGTTGCACTATGCCTGAATA
TCGATAAGTTCAGTTTTTATCCAGAACTTATTGATAGTAATCGCTGCTATCATCTTTGGTCCACCTCTTGTTGTTATTTAATTATTTGTATTTTA
TTTTCAATGAATTTTCAATGAAAAGCTGACAAAATGATATCGCGCAAACTACTAAACCTTCGACTGGGTTACCTGGCACGCCGTTGGGCCAGCAC
GGATCCGCTGAGCATTCAGAACGAGAAGCTGCAGGCTTATTTGGAGTCTCTACGCCAGGAATACTACGCCGTGCGAGTCAACGCCGCCGGAAACA
GCAAATCCTACGCCCGTCTCGCCCAGCTGGAGGGCGTGGTCAGTGCCCTGGAGCAGCGACGCGTACTAGAACGGCACATCACCAGCGCCAAGGAC
ATGGAAGCGGAGAAGGACGAGGATATGCGTGAGCTAATGCGCGAGGAGAACGAAGTCTATGTGGATCTACTGGGCAAGCAGGATCAGGCCTTACT
GCAGGAGCTGCTTACGCTCTCTGACGATGAGGAGTATCCGGCTCTGATCTTCGGCCTGAATGCCGGCGCCGGTGGCCAGGAGGCAATGCTATTCG
CCCAAGAATTGTACGAAATGTACACCGGCTATTTCGAGCACATGGGCTGGGAGTGGGAGGAGTTTGCCAGCGAGGGCACCGACATCGGGGGTCTG
CGGCACGCTAGTCTGATGGTGAGCGGCGAGGATGCCTTCCGCTGGCTGCGCTATGAGGCTGGAGTTCACCGCGTACAGCGGGTGCCGGCCACTGA
AAAGTCTGGACGCATGCACACCAGCACCGCCTCAATTACAGTGATTCCCCGACCCGCCGACATCCAAGTGCACATCGCTGAGAAGGATCTGAAGA
TCGAGACGAAGCGAGCGAGTGGAGCTGGTGGACAGCATGTTAACACCACCGACTCGGCTGTAAGAATTGTTCATCTGCCCACGGGTCTGGCGGTG
(SEQ ID NO: 1039)

Exon: 3750..2879
Exon: 2818..2627
Exon: 2362..1518

Exon: 1458..1203
Exon: 1135..1001
Start ATG: 3334 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT26720
TCGACTCCAGTTCCAGCTACATACTAAAGTGCATTGAAAAGTCAAAGAAATATGCCAGTTTGTAAATATTAAAAACACTATTTCATCTTAATGGG
GAAATAGCTGTCTTAGTAGCGGACTTCGGTTGTTTTAATTTGTGATATGCTAACCTTTTGCCTGCAGTCGTTTGTATTGCGTGTGTGGGTGTGTG
TGCTCGCCTTTTGATTGGAGAAAAATAAACGGACTGCGACAACAACAACAGCAGCAGCAGCAACAACAAAGGGTGAAGTGAGCGCAGAGTGCAGC
AATTAAGTTTAATTAAGCCAAACAATTGAATGCGAAGAGTCTGAGCTGTGCTGTCGCCCCCGAAAAGTGCATTTATTAAGGCGATATCGGATTCA
AGATCGCCGAAAAGTAAAAACCCAACAGTTGACGAAATGCCACCGTTGAAAACATACCAGATACACGAATACAATGGCAATACCAGTCCGAATGC
GAATGCCAATCAGAACGCCAATCAGAATCCCACCGGCGGCGGCGGCGACGGTGACTTCTTTGGCCAAAATCTGGGATCTGGAGCCACAGCGGCCA
GCCATCGCACAAACCTGCCCTCCTACTGCAACGCCCAATATCCGTTCAAGGTGCTTTCCAATCTCAACCAACTGCGCGAGCAGTCCCGTTTCTGC
GACGTGGAGATCATCGCCGGAATGGCAACATTGAGTGCCCACCGGGCTGTCCTGAGTGCAGCCAGTGCCTACTTCGAGGCCATGTTTCGACCCGA
GCTCGGGTTAAATGAGGTCAAGCAAAAATCCGTTGTGCTGCACACAATCGACGGCGATATCCTGCACATCCTGCTTGACTTCATCTATACGGGTC
GCTGCGAAATCACCCAGTCCAATGTCCAGGAGCTCCTGGCCGCCGCCGACATGCTGCAGCTAAACGAGGTGGTCGACGGGTGCTGCGAGTTCCTC
TGCCGCGAGCTGCACGCCTCCAATGCCCTGGGCATTTTACGCTTCGCCGAGGCCCACAACTGCGAGTCGTTGGCCAAGAGTGCACTGAACTTTGT
CCACGCGAATTTCCCAGCGGTAACGCTTGAAGATGAGTTCCTAGAAACGCCACAAACTCTACTCTCGCAGCTACTGAACTCGGAGCTGCTGCGTG
TAGACTCCGAGTCGCAGGTGTTCCAGGCGGCGCTTCGTTGGATTAAGCACGACGTGACGCAGCGCCGCTGCTACGTCTTCGATGTCCTGTCCCAC
GTGCGCATGGCGCTTGTTCCGGTAAAGGTGATCGACAAGGCTCTGAAGGACGACTGTCGCGACATGTCCGTGAAGATAGCCCTGCGCTCCATTTG
CCGGGACATTGCGTCCAAGCGCGGACAATTGGTGCCGCTGCGGGTATGTCCGCGTCAGCTGGCCAAGAAGAACATATATATCATTGGTGGATCTC
ATCGGGATACGCCGCGAACCTGGAACTCGGCCGACTGCATCTTCGAGACGGTGGCCAAATTCGATATATTCCGGCGCGAGTGGACGGAAACGGCG
CCTATGGAGGTGGGACGCATCCTGCCAGGTGTATCAGCATTGAATGGCAAGATCTATGTGGTAGGAGGAGAGCGCGGTTCACAGATTCTGGCCAA
TGGCGAGGTCTATGATCCACAGAACGATGTTTGGCAACCGATTGCCCCGATGATTGTGCCGCGCTGCGAGTTCGGTCTTTGCACCATGGGCGGAA
ATCTGTTTGCCGTAGGCGGTTGGATAGGCGACGACATCGGCGGCTCCATGGAGTGCTATGATCCGGAGCAGGATCTCTGGAAATTAATGGGCAGC
ATGCCGCAGCCTAGATTCAGCATGGGTGTGGTCAGTTTCGAGGGTCTCATTTACATTGTCGGTGGCTGCACAACAACAACCCGTCATCTGCCGGA
TTTAATCAGCTTCAATCCAGTGACAAAAGAGTGGAACGAGCTGGCCCGCATGCAAACAGCTCGCTGTCAAATGGGTGTGGCCGTTCTGGATCGCT
ACTTGTATGTGGTTGGAGGCAGTAGCATCAGTCAGGACATTCTCAGCTCCGTGGAACGCTACAGCTTCGACGAGGATAAGTGGACTACAGTGTGT
GCATTAAACGTGCCCAGAGCCATTCCTGCCGTGGTCGCCGCCGATGGCTTGCTCTACGTAGCTGGCGGTGATCAGCCCTGCGAGGTAAACTTCTA
CCGAGCCCAAGTGACTATCAATGCTGTCGAATGTTATGATCCGCTTTCGGACACCTGGAAGAATTGTCCCGATCTACCAGTTAGCCGTTCGGAGG
CAGGAGCAGTGGTTGTTTAG
(SEQ ID NO: 1040)

Start ATG: 417 (Reverse strand: CAT)

MPPLKTYQIHEYNGNTSPNANANQNANQNPTGGGGDGDFFGQNLGSGATAASHRTNLPSYCNAQYPFKVLSNLNQLREQSRFCDVEIIAGMATLS
AHRAVLSAASAYFEAMFRPELGLNEVKQKSVVLHTIDGDILHILLDFIYTGRCEITQSNVQELLAAADMLQLNEVVDGCCEFLCRELHASNALGI
LRFAEAHNCESLAKSALNFVHANFPAVTLEDEFLETPQTLLSQLLNSELLRVDSESQVFQAALRWIKHDVTQRRCYVFDVLSHVRMALVPVKVID
KALKDDCRDMSVKIALRSICRDIASKRGQLVPLRVCPRQLAKKNIYIIGGSHRDTPRTWNSADCIFETVAKFDIFRREWTETAPMEVGRILPGVS
ALNGKIYVVGGERGSQILANGEVYDPQNDVWQPIAPMIVPRCEFGLCTMGGNLFAVGGWIGDDIGGSMECYDPEQDLWKLMGSMPQPRFSMGVVS
FEGLIYIVGGCTTTRHLPDLISFNPVTKEWNELARMQTARCQMGVAVLDRYLYVVGGSSISQDILSSVERYSFDEDKWTTVCALNVPRAIPAVV
AADGLLYVAGGDQPCEVNFYRAQVTINAVECYDPLSDTWKNCPDLPVSRSEAGAVVV*
(SEQ ID NO: 1041)

Name: KELCH RELATIVE
Classification: actin_binding

Celera Sequence No. : 142000013384252
TGGATAGTGTAGCGGATGCTACAGAAATGTTCTTGTGAATTCACACACTTGCCATGTGAGTGTGGCTATAGTTAGTTGTTTCAGAATTAAGCAAA
AATAACAGCAGCAGCAAGAACAGCGAAAAATCATTTTGTTGGCCCACCAACTGCTTGAGTTTTCTATTTTTAACACTAAAATTGTAGGTGGCTGT
GTCGGAAAGAGACGGATGGCCACGAATACTTTGTTGTTGGCCAACACATCACCGTGTGTGTATGTATGTACGTTGTACATATATATGTACATATG
TATGCCACATCTGCAAGTATTGAATTTATGCTTTTTTATAGGTAAATTCCTTCCTTTCTCCAAAATTCACACAAATTCGAATATCGTCTCCGGGG
AAAATCTCCCACGCTCGACAATTTCTATATTGTGATCCAACTTCAATAGATCAGTGCGAATCCCCAATTTTCATCCTGCTATCCACCGGCTTGTC
CAAATCACAGGGTTAGGGATTGGGTTGTGATTCGTGGTGTGGCGGATGAGAAGTTTTGTGGGGGGGGGGTTATAGAGAAGAAGACGTCGTGCCGA
CAAAAACATAATCTGGCGCCGAGCCCAGACATTCATCTGCATTGCTTCTGTTGTTGTAATGTTTATTATTATACGTATACGTAATATGTGTGTCT
GCCTTGGTCGATAGCGAACGCGAAAATGAGAGATCTTGTTTTTTTAAAAAATTACTAAGAATTACTACTCGTACAGTGGTGATTGTATATATTTA
AGGTTGTGTCCTTTACCTAGGCCATCGACGTTAACTGGTCAGCAGGAGAGCTTAAGTAAAGATTGAATAAAATTGGTTTGGCCCACGCTAATTGG
TGCATTGTAAACTGGAATCTGAATCCCTAGCGTTCGATTTTAGCAAGCACCAACACACACTGGATTTTTCGGTTATTTGGGTTATGCAGTCAATA
AGGAAATACATATTTACATATCGAATTGCGGGCATTGCGGAATAATCTTTTCATTTCAACTTTGGTATTACTGGAATCAGGAAAATTATGGTGGA
ATAAGGGTAAAACATTGTCAATGAATTAATTTGGGGGAAACAAAGTTTCAAAGTAGGTAATTATAAGGAGAGTGCAAGATAGAAGGTTCCCAGTA
CTGTTCACGGAAAACTTACCCATAACCCTGGGCGGGCATGTTTCATGATCTGGACCTGCAGTCGTTTGATAGAATAGATATTGGATTGATAAATT
GTCCTTTTGCATTTTGGCTCAAAGAGGGTTCGAAACACCGCCGGAAGAGAAATTATTATTATATATAGATAGCTATATTAAATGTTAAGTATGCC
GCCACTTAGCTTCGGTTAGTTACAAGTAGTATACGTATTTATAGATAGAGTACAGACATACGCAAAAGATATTGATTTATGGAATAGAATGTACA
GAATAGGTAGTTTTGAAAGTAGTTCTAGTACCTAGCTGTATGATTTTTAGTCACAAGAGAGCTAAACTGTTTGTGTTCGCTAAAAACTGCAACTG
CTTTGAAAAAGAATATCATCATTTCAAGTGTCCGACACTAGAGTGTTCGGAGTGCTAAACGTTTGAAGAACTATGTATGTGCTACGGTTAAGTCA
TTCACACTTACAGAACAGAACGGCTACGAAGTCGGTGTCCTCGATGATCTTCTGCAATATCTTGGCATTGACCTCCTCGATGCGATCGGGCAAGT
CCATGGCCTCCAAGGAGGTGAGGAAATCGAGCACTCCTTCCTCGTCCATGAGATCCCCATCATATATGATGGGCTCCTTTTCCCTGCGGTTTTCG
AGATATGGATTCGATTCGATTAGGTCTTGTGTCTTGTTTGTGGTGGGGGAATTACCTACCTGAAGTAGGTGAGGGCGGGGAAGTTCTTGATGCCA
TACTGTTTGGCTAGTCGTTTGTCGTTGATTTTCACGAAGTCCACACCGAAGGAGTCGGTGTCATCGTCGATTTTCTCGAGTTCCGCTAAAACCTT
ATCACAGGTCACGCAGCTTCGCGCATCTGAAATCGTAGAAGCCGAGCGTGTGAGTACTAAAGATCGATTATATGTAGATACCGGCAGCGATTGAC
AGTCGGCAACTGCTGCATGTGACGCCACAAGAGACCATAACTAAATTCCCATTCGAATTGAAAGCCCAAAGCCCAAAGCCCTGGCAGAAGTGGAG

CCAAATGCCGCAAAGATTATTCATTCCTATATAGTAGATGCAGGATGCATCATCGGACCGCGCAATCGAAAATAAGCCTGAATGAATGAATGAAA
TGACAGCAGCGCCAGGCCAATTCTGTGCTATTAATGCGGCAGCAACTGCCAACAAATATGCTGAAATTCTAAATTAATTCATAAAATTCATGCGG
CCACTATTAGGGAAATGAATTGCAGCCCACAAAAGACCACCGTTGGCCCACGTCTCTACAAACGTTCTGGTTGGTTAAACGGCAGACCAGACTGC
AAAATCGGAATCATTAATACATCGCCGAGTAAACAGCCATTTCGATTGTTTGGCAATCCGTTCAAAACAATCTTTCACTGCTTGGAAAGTAATCG
CGAGTTGGCCGAATACCCCCCCCCCCTGCCTACTCCATACTCCTAATGCTGTTATTTACGGGCTCCAACACTAAGGTGTTTCCTGTGTACACCAG
GTGCTTTGGAAAATCCACTGCAGGATGTTTGATTTAAAATCATCAGAGTGCTATCGCATGCAGTGCAATAACATAAATAGCGTTCACTTGAAATA
ATAAACACATTTAGCTTATCGATAGAATTCGTTTACATATTGAACTATCTGCGATTTAATTGCCAAAACTATTCAATGCTCTGCCATTTGCGTAG
ATATTCCATGATTATTTCGATTGTCGGCCAGCGTCATTGGGCCTGAGGCTTTTGGACTTAAAATATTTTCATTGTCAACAATTATTTTTGGAATT
GCCGCCAATGCTAATGAAACACATCGTGAGGTATATGTACATATACATATAAAGGAGAATATTACAATCCGAAGATCACTTTCGTGTTTATTAAC
TTTGACATTGGGGAACAGCGCGCAAATGCCCAATCTATATTTAAACTGATTAAAGAGATTTAATAAATAAGCCATTCTTTCACGCGAACGGTAAC
CATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGTTACCCAAAAACAGGTCACCAATGGGACCCACTGGACAAGGGGATTGAAAATAAATTTAAAAGGGCAGG
AAATCTGTTGGCAACTGCTGGAAGGAAATTAAATTCTGCTTCATAGGTATGTAGGTATATTTTGTGCCAAAAGTTTGCGCCAAAATAGACTAAAA
AACCGAAAATATAAAAAGCTGCAAAGACGATTTCTCACAGCCAAGAGAGATTTCTCTACTCATAAACAGATCGCAAAGATAGCGCAGAAATGAAA
AAAATATAGAAAAGGGAAGGCAGCACAGACTACTGGCAACTCGGGGAGGAAATGAAGAAATAGAAAAAAAATAAAAAATTAACCCGAATGAAAAT
CGCGGACATTTCGAGCAACGAATTTTTCACATATTTTCATTTGTATGTGAATTTTTAGAATTTTCACTAGCGAAAATTTATATAATATGGCTTCT
GTTACTATTTCGAGTCCGGTACGGTCCGGTCTGACGATAAATGAGCGGTGCCCGGACGACCCCGAGAGCACTGGCATAACCACCCTCCCACTTAC
ACCAGAAAACGGCCACGTAATCCTTGTCGGCCAGGAGCTTCTCCAGCTGCTTGGCATTGACCTCCTCGATGACGGCCTCCGGCTCCGGAGGCGCC
ACTGGCTGCGAGCCCTTCTTGTTGTTGTTGTTGCCTGCACCACTCACATGTCCGGGAAAACTCAGGGCCAGCAGAGCACACACGAGCAGCGAGAG
AGTCTTGAGGCGGGTGAAAGTCATCCTGCGATCGGTTACGGTTCTGATGTGCTTTAGGCCCTTAACGCGAACATGCGTGCGCGTGTCTGCTCGTT
TTGGTGTGTTCTACAGTTTATAGTGTTATAATTGTATAATTGATTCGTTCTCGTCGTTTGGGGTCTTTCGTTATTAAAATTTGTATTCCTTTGAG
AATCGGTCACTATTTTTAGTTGATAATGGTGTTTCTTCTTTCGCAATTTATTTTATGTATAACAACTTTTTGTTCACTGATACATATATACGGGG
TTCGTATATGCACAGGCGAGATATATGTGGGGTATATACGAGAATAATTAGATTATATATGTGGTTTCTTGCTTCTATTAATTGAACGTTTTCCG
CGGACTGTACTCTTTGCTCTTCAGATTTTGTTCCACTCCGTGCAGAGGTCCGCTCGCAACTGAAATTATTTTGGTGGAATCTCGGTGCCATTCAA
GAGGCCTTGCCCGAGCTTTAGGGATCGGGATCGTGGACTTCGTGCTTTGGCGCAGCTTTTCCGCTCCCCCGAAAAGCTTTCGCGTCGAGCACAGG
AGCGCCAATCGAGTGAGCAGTGTGGTGAAATCAGGCAAAGAGCAAGAGTTTCCCTTTTGAATTGCAGTTCTCTGTTTATGCATTCGGTGCAAACA
AGAAAGTGACTACGAATAGTCCTATAAAAACAAACTCGGAGAATCGCTTTCATTATGCGCTACAACAATTCACAGTACTTTGTATTCCCCATTTT
CCCTTTGGTAAACACTTTTAACAATGTGTTTCGAGCTAACATTTTGTCAACGTTATGCTTAGTCTAAAATAGAAAGGATTAAACTTCCCTTTGCT
AAGAGACATAACGTGACATTGTTGAATCTTTAAGTTTTATAGTTCCAAAAATCTATGCGTTTATAGAGATAGGAGGACATGAACAGATCGAATCG
GTTAATGATCCTCAATAAGAATAAATGTAAATTCTAGGGACGGAAACGTTTCCTTCCAGCAGTCAACTATTATG
(SEQ ID NO: 1042)

Exon: 3919..3706
Exon: 2021..1865
Exon: 1793..1627
Exon: 1195..1160
Exon: 1020..1001
Start ATG: 3919 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT26754
ATGACTTTCACCCGCCTCAAGACTCTCTCGCTGCTCGTGTGTGCTCTGCTGGCCCTGAGTTTTCCCGGACATGTGAGTGGTGCAGGCAACAACAA
CAACAAGAAGGGCTCGCAGCCAGTGGCGCCTCCGGAGCCGGAGGCCGTCATCGAGGAGGTCAATGCCAAGCAGCTGGAGAAGCTCCTGGCCGACA
AGGATTACGTGGCCGTTTTCTGGTATGCGCGAAGCTGCGTGACCTGTGATAAGGTTTTAGCGGAACTCGAGAAAATCGACGATGACACCGACTCC
TTCGGTGTGGACTTCGTGAAAATCAACGACAAACGACTAGCCAAACAGTATGGCATCAAGAACTTCCCCGCCCTCACCTACTTCAGGGAAAAGGA
GCCCATCATATATGATGGGGATCTCATGGACGAGGAAGGAGTGCTCGATTTCCTCACCTCCTTGGAGGCCATGGACTTGCCCGATCGCATCGAGG
AGGTCAATGCCAAGATATTGCAGAAGATCATCGAGGACACCGACTTCGTAGCCGTTCTGTTCTGTCCAGATCATGAAACATGCCCGCCCAGGGTT
ATGGTAATACCAAAGTTGAAATGA
(SEQ ID NO: 1043)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MTFTRLKTLSLLVCALLALSFPGHVSGAGNNNNKKGSQPVAPPEPEAVIEEVNAKQLEKLLADKDYVAVFWYARSCVTCDKVLAELEKIDDDTDS
FGVDFVKINDKRLAKQYGIKNFPALTYFREKEPIIYDGDLMDEEGVLDFLTSLEAMDLPDRIEEVNAKILQKIIEDTDFVAVLFCPDHETCPPRV
MVIPKLK*
(SEQ ID NO: 1044)

Celera Sequence No. : 142000013384828
CTGGTGGCGCGACTGGCGCACTATCGAGTCGATTACATACAGCCCGGGTACTTTGTACTCCGGCTTGCACTTCAAGATGAACTTCTCCACACTCT
GGACGACGTGCTTATACAGCTTGATGGCCCGCATCGCCGACTTGGTGATGGCGGCCATCTTCGCTTTGGAAATGGGCGGTCGGCTGTCATAGAGT
CCGGAGAGCTAAGGAGAAATATAGATGTTACAGTACGGCTATAGTTTACGGATATCTGGGACATGGAGTTATCGTTATCGGGTGCTGGCCAAAAA
GCAACCCTGAGCGGTGCTGTTCGGTGCTCTGCCTGCGCCTCCAGCAGGATCTGTATACCTCCCGCACATTGGACAATCCGAATACCGACTTCAAG
CGGACATTGTGCAACCACGCCGGCTGCTCCATAACGAACCTCGTTTCTAATGCATCTATAGCTTACCTCATTGTTGAAGGCAACCACGGTTTCCA
TGTTCAATTGCTTGGTTCACTCACGGCACGCACACACAATATTTAGTTTTGCATACTTTGGTTGGTCAACACAATCGTTTAAAACTGGCGAAAAA
CAATTTTCTCGACCTTTCTGCGGTTTCCACGGCTTTTAAAAAAACTTTTTACAAAGCGTGAAAAAAATGGCTGCCCTAAAGCCTGAAGCGTTGCC
AGACCTGTAAAGTTGACATTTTCAAGGCATTTCTGGAAATTGTGCTGTTAATGGCAGTGTGACCGTATGTGGTGCATAACGTTTCGGTATTAAAA
AATTTTCCAAATATTTATAAAAAATAAAACGAAATAGAATTTTCATTATGGAATCCAAAAGTTTCATATAAAAAAATAATGACAACAAAATAAAA
ATGACCTTAAATAAATTTAAATGAAATCAAATCTTCTTAAATGTACTACCTTTTAAAAATAATCGCTATCGGCGGTGTCGATCTTTTTAGCATTG
TGTCGATGACAATACATCTGGCAACACTGGTCAATATTAAACATATATTAAACAAATTAAAATGAGCTCAAACCACCGTCCTCTGGACGATTCGG
ATATCCTCCTAATACAAACCATCCGCGAGACGCCGTCGCTGTACGATCCCCAGCTGCCCTCCTTTCGGCTGTCGCAGCGCAAAGAGGAGGACTGG
GCAAAAGTGGCGGATTTGCTAAACATCTCCATCTCAGACGCTCGGCGACGGTGGACGTGTCTGCGGGATCGCTATTCGCGGGAGCTTAAGCAGAA

GCGCCTGCATCCGTCCGGCGAGTTTGGTCACAATGACTTCTTTCGGAAGATGGACTTCCTGCGGGACTTTGTGCGCAAGAGACGCGAGCGCAGAG
GACGCGAACGGGATCGGGAACAAAAGCCAACCGGGTGGATGAAGGTTGATTTACAGCGACGGCGTCGTACCCGCCTGCCTATTGACACAGAGACC
TTGATCGAGGAGCAAGGTTCGCACGCCTACGATGAGGGCGAGGAGCAACACGACTACGACGCTAAGCTGGAGTCTCATACCACACAATCGGAGAC
GTATTCGGTGGTCGTGGAGGCGGACGATGGGCAGGAGCCCGAACAGGAGAGCTTCGATGAGTTCCTGGGGGATGCGGAGTGCGAGCAAAAGGTCA
AGGTGGTCACAATTCATCCGGAAATCGCTGCTCCGAATGCGACGTCCGCACCTGAGCCTATTGAGTCTAACCACGCGGATCTGAACTACTTGGTC
TGTATGCCGCCCAATGCGAATCAGGAGCGAGAGCATTCCGCCCCAGAATTACCCAATCCCACGGCCGTCATCACCCAAAAGACTTGCGAAACAGA
GGACGACTTCTTTTGCAAGTCGATTGCCGCGTATTTGCGCCAACTGTCGCGCGTGCACAAGATCAAGGCCAAGGTGGAGATGTACCAGATTCTAG
AGAAGTACATACTGCTCGAGGAGTGCGGAAAGGGGTCGGGTGCGGGCGGATCAGGCTAAGCAGGTTGCATGCAATATGTACATAGGTTTTAACAT
AGTTTTTTAATGCAGTACAAATATACAAAGAGACGAAAATCTTTTGAGCTTAATCTAACTTTGTGCTTAGGAAAAAATGGAGTCTTAGCAGAAGT
CCTCGTTGATTATGTTGGCATCTACGGCCAGGCCTCGTTCCTTTAGTGCCTTGGATACTAGGCGGTGTTTCTCCTGCCGCTGCTCCTGTTCCCTA
CGCTGGGCGTCCAGGATTTCATCGACGGATATCTCTTTGAGTGGCAGTTTCTGCTCCTTTTCACGGTCCTTTTACGCATATTTAAAGGGTGTTAA
TCAGTCATATTGAAAAAGTATCGAGTAAAGCTTACTATTTCGCCCAGTAGCACCACATTCTCCCCGCGAATGATGAAGACTCCGCGAGGAATGTC
GCCGTATTCGTTGCCCACATGTATCCGCTCGATGGTGCGTTGCAGCACCAGGTTGGCGAACTGGTCCACGGACCGCAGGTATCCAATCAGAGTCC
GTCCGTCTCTCAAAAGTACCATCAGTTTCTCTGCAATGCGCCGGTTTTCAACGACTGGCCTTCCTTTCATTCGGATTTACTCACTGTCAACCTCT
TCCAGGAGGTGAGCCGTGCCCGCCAGCGGATTTAAGTCGTCCATGCTATGAAAATATGTGGGATTTAGATAAATAAATAAACTGAAGCAACTAAA
CTTTGGTCTAAATTTTAGTATTTAATATTAATGTAACCCTCGCTGAAGGGTTTAAAAAACCACAATGCTCTAGAAAAAAATACTAAAAATATTAC
TACACTGTTCAACGAAACTTATAAGATATTGCTTACTGAAATTGATGTTTTTAGTTTTAAAATGCATAGATATTAAATAGTTATTATTAATTTTC
AAACAGTTAAAAATAAGATTTCTGCTCTAACATCAAATATTTTTACGCTGTTCACAGAGTTACAAAATAAAAAGAAGTTGACCAAAAAAATATCA
AAACTTGTACTCAA
(SEQ ID NO: 1045)

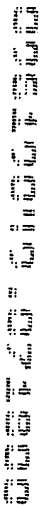
Exon: 1001..1959
Start ATG: 1012

Transcript No. : CT26756
AACAAATTAAAATGAGCTCAAACCACCGTCCTCTGGACGATTCGGATATCCTCCTAATACAAACCATCCGCGAGACGCCGTCGCTGTACGATCCC
CAGCTGCCCTCCTTTCGGCTGTCGCAGCGCAAAGAGGAGGACTGGGCAAAAGTGGCGGATTTGCTAAACATCTCCATCTCAGACGCTCGGCGACG
GTGGACGTGTCTGCGGGATCGCTATTCGCGGGAGCTTAAGCAGAAGCGCCTGCATCCGTCCGGCGAGTTTGGTCACAATGACTTCTTTCGGAAGA
TGGACTTCCTGCGGGACTTTGTGCGCAAGAGACGCGAGCGCAGAGGACGCGAACGGGATCGGGAACAAAAGCCAACCGGGTGGATGAAGGTTGAT
TTACAGCGACGGCGTCGTACCCGCCTGCCTATTGACACAGAGACCTTGATCGAGGAGCAAGGTTCGCACGCCTACGATGAGGGCGAGGAGCAACA
CGACTACGACGCTAAGCTGGAGTCTCATACCACACAATCGGAGACGTATTCGGTGGTCGTGGAGGCGGACGATGGGCAGGAGCCCGAACAGGAGA
GCTTCGATGAGTTCCTGGGGGATGCGGAGTGCGAGCAAAAGGTCAAGGTGGTCACAATTCATCCGGAAATCGCTGCTCCGAATGCGACGTCCGCA
CCTGAGCCTATTGAGTCTAACCACGCGGATCTGAACTACTTGGTCTGTATGCCGCCCAATGCGAATCAGGAGCGAGAGCATTCCGCCCCAGAATT
ACCCAATCCCACGGCCGTCATCACCCAAAAGACTTGCGAAACAGAGGACGACTTCTTTTGCAAGTCGATTGCCGCGTATTTGCGCCAACTGTCGC
GCGTGCACAAGATCAAGGCCAAGGTGGAGATGTACCAGATTCTAGAGAAGTACATACTGCTCGAGGAGTGCGGAAAGGGGTCGGGTGCGGGCGGA
TCAGGCTAA
(SEQ ID NO: 1046)

Start ATG: 12

MSSNHRPLDDSDILLIQTIRETPSLYDPQLPSFRLSQRKEEDWAKVADLLNISISDARRRWTCLRDRYSRELKQKRLHPSGEFGHNDFFRKMDFL
RDFVRKRRERRGRERDREQKPTGWMKVDLQRRRRTRLPIDTETLIEEQGSHAYDEGEEQHDYDAKLESHTTQSETYSVVVEADDGQEPEQESFDE
FLGDAECEQKVKVVTIHPEIAAPNATSAPEPIESNHADLNYLVCMPPNANQEREHSAPELPNPTAVITQKTCETEDDFFCKSIAAYLRQLSRVHK
IKAKVEMYQILEKYILLEECGKGSGAGGSG*
(SEQ ID NO: 1047)

Celera Sequence No. : 142000013384828
AAGGAAAAATATTAGAGATATACATTATTTGAATATATCGTTATTTATTTATTTTAGTTTAACTTAAAAATTGTCCTAAATCAATTTAAAGTGCA
TCAGCCTGAAAGTAGGCAAGCTATTTTGCAACCGACTTGGTGGTGAAGCCTTTTCATCACGGCCAACAAGTATGCAATGGTTTTACAGGCTTAGA
GCATTCAGTTCCATGTTCAATCGACAATTCATTTTAATTGAATTACCAAATTGCTAATGAAAAAATCGTATTAATTCGATTTTAATTTATATATT
AATTTCGATTTTATTAGGCTTTTTCTTTACAATTTGTTCGGCCTGCGTTCTCTTAAAATGCTTTTGTATAGTCTCGTCGCTCTTCGTCTCTTTCA
CAACTACTACTCAATGCTCGCTTTTGATGACTTTCTTTCGCACCTTTTTTATCGCGCTCTCTCTGCGCCTCTCTCTTTTACGCTTATAGCCGGCA
AGTAAAGAAGAAGCATAAATAGAAATGAAATATAAGTAAGCGGAATGCAAAATACTTTTTCTTTGGCGCCTTCCTCCTCACACACACACATTCGC
ATTCGTATGTGAAACCAGAAAGAACAATATAGTATTCATACTGCACCTGTATATCGACTATAAAGTACGCTGTACGTTGTATGTTGTATTTTACC
ATATGTATAGCTTATGTGTTTCCTTTTTTAATGCGGTAGCCTAGGATGTTGAAAATTATTTTAATTACATTTTTAAATCCTTTTAAAAAGACCCT
TGGCTCGGGACTTTAAATTCACTATTTATTTATTTTTATTTTTTCTCACTTATACATTTACCCAACTTGCCTTCGTGACTATATACCCTGTGTAG
TTCACATATAGAGGGTATAATAAATCTCCCACCGGCTTTTCTTGTGGTGGCCAACGACGTCGACTGCGCTGCCGGTGGCTCTGCATTGGCATTTA
GGCATTTATGCCCACGGCAGTCGAACAGCCGCTTCAGATTCTCGTCATCGCTCGTGGAAGGCACATCGCAAACGCCGCTCTCGTTCTCGAATTTA
TTGTGAAAGCTCAGCCGCCCACCGCCCGCCGGAAAAGTCTCGCGAGTGTCCCGAAAAAATCGAGTTAACCCCCCAAAAAAATCTATCATATAAAA
TCCTAACAAAATGAGCAGTAAGTTGGGTCACAGCCAAATCCAGAGCAAGCAAAAAAGCAAGAAAATAAAAGAAAAAAAGAGTGTGTGTGTATG
CATGGCTAAAGCTGGAAACTGAGAACTGAAAAGTCGATAGAAAACAGCCTGCCCTAAGTTAAAGCTCCTTTGGCGTTTCCTGCTAATCAATCAAT
CAAGCAACAAATCGCCTATCCTTCCATTTCGTAACACTCGCTTCAGGTTGGAGTTATGCAAAATCCGAATTCGATTTGAATGCAAAATCAGAAGC
TGAATCGAAATCATAGCGATAATCCCACTACTATAATATATATAATTATAAATCGAGCATAGAGCGCGCGCGATGTTGGTGTGGCTACGACCTTT
ACTGACCTTCACTAGCGTACGACTCTGCCCACGGCCCCCCGCCTCATCACCATCACCGTCACCACCCCCTGTTTCGTCGCTCTCTCCCTTCGCTC
TTAGTTTCTCTCTATTTTGAAACACTAACGTGCAGGAAAACATTTCAAAAATGCGAACATTGCACTGGAAACCGAACCGCTGCCAGTCAGTCGTC
TGGCATATTTGTTTGTTTATGAAAAGTTTGTGCACAAAATCGCTGATAACGTGAAGCTCACATAACCTTCAAGAAGAGAGAGAGAGAGAGAGATA
GATGGGGAGAGAGAGCGAGCTTACAGTTATGTTAATTCCGTTTTGTTGTGATTCCATTACATCGATTTCTGCGCTTTGTACCTGTCGCAATGCTG
GGTGGTGACCCAGTAATCCCACGTAGCGCCATTAGCAGCCGCCTTATCATCCATCCGCCTTATCAGCAATGCGATTATTTCCGCATCTGCAGCCC
ATTGAGATTAGCGGCCCATTAAGGGATGCACTTCGCCTTGGCATTTTTCACACGCATTCGCTGACGTCCGGCGATCTTGTTTGAAGCAATACAAT



ATTCACAATCTATATGTGGTACACCCCATGGATGTGTGATTCTATTTTTAAGTTCGATATGTATGGGTCGGAATTATGGCTGGCGACAGGCGCTA
ACAAGTTTTGTCTGTTTCGAAAATAATATTATATTTGCCTTTCAAAAAGTTTTCCACGCCCGAGAACATTCTTTTGTGTCGCATCGCCATCGCCC
ACTAGTAAAGTGTGTGATCTCTCACATTTTTCTCTTTCCTTGGAAATGCCATTAAATCTGCACGGATTTATGCCCGCATTAATCATCAACCTACG
GCCGGCCACAGCAGCTGCCTTCAATTTTCTAGCCCGCAGGGATCTCCAGCATCTCGCGTTTCGGTCATCTACAGACACATCCACATCCACAGCCA
CATCCATGAATCCATGGTGATTCAATTTTCTAAAATTGCTGCGTCGCCTGTACCGAAGCGATCCAATGCATCGCCTACCAACCAGCAGATACAAT
CTCATTTCATTTCACTTCGCATCGCCGGCGCTATTTTTAGTGGCCTGCTCTTTCGGATACAGCATCGGCATCCACAAGATACACACGCCGCCTGC
TGAGGTTTCCCGCAGAACTCGTTCCGCGCCTTGCACTCGCCAATTTGTGCGTTGGTGTCGCCGGCGATCCTCGACACGACTTCCTCCCAAGACCA
CTCCCTTCATTGCATACCATTATGCACTTCCAGCGTACAGGCCAACATGGATAACTCAAACTCTATGCTAGACATAACCATATATGTAGAAGGTG
ATGTTTGGTATATTATAAGCTACTTAAACACACAGGATAACCTACTAACTATACAGAATTTGCAATAGAGTTATTGTGCCGAGCTAGCCAGGCTT
GACTGTACTTCATTTCTTGTGCGCCGGCTGCAAATTATGCGATGCTTTAATGGGGACCCTGACAAACGGGTTTCAGCGAGGGAAGGGATGTCCCC
TTCAAGGTCTTGGCTGCCCATTCATCTAATTGGTGACCCCATTCATGGTGGTATCTGGCGTTAATCTGATCTGGGCCTCATCACGCCTGAACGGG
AATTTGTTCAGTCACTTGACCCAGACCCAAAAGCTCAACCCGCAGCCCACGACCCCCGACCTTTTTTCCCAATTGCTTTGGCAGGGCGCTTTATC
GGCTTTATTGTGCTACGGCCATACGCAATTGATAAAAGCGGGTAGTAGAAAACAGAGCGCAAACTCTGCTCAGCGAAGAGAGCGCTTAAGAGAGA
GTTAAAGGGAGAGCATATCTCCGAAGAGAGCTCTCTCTCTCCCTACACTGTCAAAAAGTTAAGGAATTTTCCCACAGTTAGCTGTCACATAAATT
GCTAATTTACCTATTTTTAAGTTTACGTGCTAAGCATATGTTTAAGTAAAATGTCGCGACGCATTCATTTTGACAATTTCAACAGTTGTTGAAAT
TTTTGTATATTTAGACCGAGTGTTGTTTATTTAATTTTGTTTAAATCGCCAAATTTATGACGATTGCCGAAAATTCCTTTTCACCGTTCTGCCAC
ATAAGTTTTATTGTTTTGTGAAATTTTTTGTCATTTTTCGCACACACATCCGGTAAGTCAGAAGTTATTAAGATTCATTCTAGTTTTGCCGAAAG
TAAATGATTTCATTTTTATTTTAGGCCCAACGAATCATTTCACAAGCACACACAAACGCAAATAGAAAAGAAAGCATCTGTGTATCTCTCACTCG
CACACACACCAATGCAAATACAAGACCCAGTCACACTCACCCACACACACACACACACACACATTAAAGAATCCGGCGGAGGATATAGATCGTCC
TGATCTCAGTCCAAATCAAGATCAAGATCAAGATTAGGATCAAGTTCAGCCTAGTGAATGCATTTGAATGCCGCTGATTAGCTCGCTGTGCAGCA
GTTACCATCAGAATGCGCATCCGCATCCGCAAATGTGTCCACATCCGTATCCGCATCCGTATCTGACTGCGAGAAGGTAGTTGTTGTTATCCACC
TACTTGTTGTATCCTACGCTTCACAGTTCCTTTTCAGTTCGCTTCTCTAAAACCAAACAACCAACAAAACCAAGCCCATGTAAACAGAACTCTAA
TCTGACACTTAACCCGACTAAAGTTAGCACAACGAAATGTATCAAGAATATAACATATATATACACACTTGTATATATATATATTCATCTATCTA
TCGATTTGTAGTATTAATACCCGAATAATAATGTTCTAAATTCCATTTACTTGTCAATAATCAAAATTGGAAATAAAAAATAATTCGTACATCTT
CTCTCTCTCTTTAACTCTAATGAATTTTTAATTATCTAAACAGCAAATCTGCATGGTTTAATAATTTATAGAAACGAGAATTTCTTCGAAATTCA
CTTGTAAATTGTGTACCATACGGATTCTAGAACTAATTCCCCATCGAGTGAGAAATCTGCACCGAAACAAAAAAAAATCAAACTCATAATCGCCT
CATAAACGTGTATATAGATACATTCATATGTATATCCTAGCCAGCGCCATGAATAATTATCTACAGCTTTTTTGCCCAACTAAATGCCAACTACG
CAAAATTCTAATTGCCCGTTCGGACGCGCCTGAAATATGCTCAGCTCGATTTTGCCAATTCATTAATGGATCTTTATTATTTTTTTTGTTTTTTT
TTGTTTTTTTGCAATTTTATCCTCGCTAACAAAGCAAATGAATTTTGGTTGCATGTGGGCGATGCTGACGCAGTTGGAGATCTGCACACACCACTT
GAACATATATATCTATATATCTGTTCTATTTCGAATGGGGAACCCGAACAATCGCTTGTTTATTTATAATCCGTAACGTTTTTTGCTGAATCCGA
AACTAATAAATACAGCCAACTGCTGCAGTGAAACGTGCAGTGCGCAACAGTATCTTTTTGTGTTGTAACCCAATTTGTATCTCTGACTTTAGCTA
TATATCTCATCTCTCTTGGCTACTCCATCGATAGCGTTTAATTTGCAATTGTATCTCCATCTCTCGTTTCGAATAGAATTCGCTTGGGTGACGCT
GACGACAAATGACACGTACTCACTGGGTGCCTTGGTCTTGGCCCACTCACTGAAAAGGGCCAAGACCGCCCACCAGCTGGCCGTTCTGGTCACGC
CCAATGTCTCGCAGGCGATGCGCGACCGACTGAAGGAGGTCTACAATGTGGTGCAGGAGGTCAATGTGCTCGACTCACAGGATGCCGCCAATCTG
GCGCTCCTCTCGCGACCCGAACTAGGCGTGACCTTCACAAAACTCCACTGCTGGCGCCTCGTTCAGTTTGAGAAGTGCGTCTTCCTGGATGCGGA
CACACTGGTAAGATATGAAGTATTCCAAGGGCACAACATGTAACTTGTGAGCTAACAAAGACTTAAATAACTACTTTCAATTTGATTTCGTAGGT
CTTGCAAAACTGCGATGAGCTCTTCGAGCGCGAGGAACTGTCGGCTGCTCCGGATGTCAGCTGGCCGGATTGCTTCAATTCCGGCGTGTTTGTGT
TCAAACCTAGCGTGGACACCTTTGCCCAGATCACAGAGTTTGCCGTGAAGAATGGCAGCTTCGATGGCGGTGACCAGGGTCTGCTGAATCAGTTC
TTTGCCGACTGGTCGACGGCGGACATTAAGAAGCATTTGCCATTTGTGTACAATGTGACGGCTTATGCCTCGTACTGTTATCTGCCCGCCTTCAA
ACAGTAAGTTCGCTATCTCTGTGGAATGGAAAAGCAGTTTGTAATGGCATTTGTTTGCTTGCAGGTTCAGAGATAAGATTAAGATTTTGCATTTT
GCCGGCAAGCTGAAGCCCTGGCTGATTCAGTTCAACTCGGAAACAAAGGTGGCCAGCGTTTCGTCGGAGTATGCTCATGCCCAGGATTTGATTCA
GCTGTGGTGGAACATCTTTTGCGAAAATGTCATCCAGTCCCTGTCCACCGAAATGGTAAGTGCTATTTATACAATGGATAACGCACATTTTGGAA
ATTTCCAGCGTTACTTGGTGCCCCCAAATGATCTTATGTCTCCCTTGTTTTTGAACGCCAGACTGAAGCTAACCCTTTGATTTTTACTGTCTAA
CCCAATGTATTTGCTCCAAATCTCAAAAACAAAAAACCCTGCTTCGTTTTCTAACACGCTAATCGCAAGCAAACGCCAGGAAATGTTGCTAGTGA
TCGACCCGCGGGAGAAATGGCCCAAGGGTCCACTACTTTAGAGGTAAGCAGATCTTCAATTGCCGAATCGCACATATCGCACCAGATCTGTAGAT
ACCTTGAGCACAGCCCTGTGTAAATATCTTAATTATAACTTAAATATTTATTTATTTATTTAGCTAACGATTCAGTCATCTTTCTGTGCGCCAAG
TAAATAACCCAAGCAAACAAACTCAATTTCGATCTATTTGCCATTTGTTTTTTGCCGATAGCTGGCCTCGATATCGTTTCATTTCCCGCCTCTTT
TCTATCAACTCGGTTTGAATATACTTTGTTTTCGTTTTATTTATTTTTATTTTTTTGTATTGGTTTGCAATTTTCTGTTGATTTTTTCTCGATTA
GCAGCCACGCCCCAGAGTAACCCATTTTCCTTTTTTTTGTATATTTTCTTTCACTTTTTTGGCACCATAGGCAGACCAATTCTCAATTTATTTCT
TCTGTATTTTTTCTGTAATATTTGTGCAACTGTGTGTGTCTCTCGTGTGTGTGTGTGAGTGCTCGTCTTAGTGTTCACTTTCTTTCTGT
TTTCTTTTCCTTTCTAATTTGCATCGATTTGGCAAAGAGCCAGGAAAATGTTTCGGTTTACGCCATCGATAGATGGAAATGATTCAAATCAAGAT
GGTCGGTTGCGGGTGATGCCAAAAAAAAAAACTCAACTGAATCATTAGATATATCCCATAACACAAACAAACACACACACACACACACTAGCACGC
ATTCGTGGGGATCTCCTCTCTCTTGATACACACAAAGAAATTTTGATATAGAATGGAAAAATAAATTTTATCTTATTCCAAATTCATTTAATTTA
AGAGAAATAAATAATTTTTTTTATATTATTAATTTATCAAATTTTGCTGTGTGTACTTTTCTTTTTCTCCCTTTGTTATGTTCGTGCCGTTGGGT
TCTTTATTTTTTGCAAATTGATTTACTTTTCATTTACTCTCTATTTTTTGAACTCTGCTCTCCTGTGTTGCGCATTCTGTAAATTTATACTTTGC
CATAAATAATACGTGGACTGCCGTATCGCATATAACTCTGTATATCTAACATTGTCTCAGTGCCTTTGCCTAAATATAATACGCACGCAAAGCGA
ATTCGCGGCGGATGAGCTGCATCAGCGGCAGCAGCATGAGTTCTACCAGCAGCAGAAGCTGCACCACCACCTGTTGCATGTGCGCCAGTTCCGCG
ATCCTTGGGCAGATTACTATGAGAATCTGGAGAAGGAGCCGCAGGAGCAGGAGCAGGAGCAACAGCGCCACCAGCACCAGCAGCAGCACCACAAT
CCCAGCCAGAATCACAGCCAGGACAATGGGAATGCGGATGCAGCTGCGCATGAGAATGATAGCACGATTGCAAATGCAAATGCCACTGACTGGCA
TCATGACGATGCATGCCACCCACCTGCGCCGACGAGGCCTCTGCCCCAAATTCAAAACCAAGCCCACAATGCCAATGCCACTGCCAATGCCGAAG
ACTTTTCATTCGTAGATGTGAATAGCAATGAGCTAAACATTTCACAGCCACCTGAACACGCCTCCTACTCCTCCGACACAGCCACGCCCACTGCC
ACAGCCACGCCCACTGCCACGCCCACGCTAACGCCCACGCCTCATCATTCCGTGCATAGTCAGACAGTAGAAAAAGCGACAAGCCACCAACAAGA
ACATGAAGTTGCAGCCACAACGCCGCCTGAGGTAAAGGCAATCAATCCAAACCCGGCCTGAGAACTACACAGAAAAAAAAAATTCCCTAATGGTT
GTATGGGTTTTTCAAATCCAACATAGCCCTAAGCAAATGCTAGAACTTATTATTTATGATTTTCCTGGCACCTCATGCAAAATGGACTTCATGCT
TATATATGGAAATATCAGAATATTTAGTTACAAATTGGAATTTTTTCTGTGTAGGAATCCCGATTCCCAACCAAACAAACCAAATGCATTGGATA
ACGGTGTGCAAGTGTAAAAGTGCTAGTCCAAGTGATAGTGATAATGTAATGTCCTGGTTTTCGTCTAGTCACTGTTTTGCATACGAATTGTCATT
GTCGTCTTCATTGTCCTTCGGTCATCGTTCATTGTTCATGGTCCTTGGTCCATGGTTCTTGGTTCATGGTTCAGCGTTGTGTTTGTGGCCTGGAT
AAGGGGCATTTGTTGATTTATTATTAGTTGGCCTGGCACCTGGTCAAGCATTAATGTAGATGGAATATGGGGGGCCTCGCTACCCTACAACATAA
TCAACATCATCATCATTTTGAAACCCAAACGCAGCAAAAGCCGGCACTCCATCCTCGTGTTGCATGCGCATTTTATAGCCACCTGCATCTCCTGC
ATTCGGCCCACTTTCACATAGTAATCTGCCCGAGAGTTGCTGGGACACGCATTGCAAACGCAAGCAGCCGGAGCTCAACGCGTCGTATACTTGAT
TTATGCCTCGAGTAGCACTTCTGTTGTCACATTAATCATACGCCCTGTGCACCGTAACTAACATCTCAATGTTGTCAACCGCTCGTCTGCGTACT

AGTGCTAGTAAATGTTTAACCCGTAGTGCATGAAATGTCGTAATATACCACCCGACTGCATATGTATATTCTCCTCCCTTGCTCCATCATAATGC
AATCAAGCTCTTAATCAATTTAATTAACATACTTTCAGGCGGGTCTGGCTGGTGCTCTGTCACAGCTACGCATCGGTCAGCAGCGCACTCCCGAA
CAGGAGGCCTACGAGAACCAGATGCGCCGCCAGTGCTGGGAGTCTGGACAGATTGACTACACCGGCGCCGATTCGTTCGAGAATATCTGGAAGAA
AATATCGCAGACGCTGGAGAGGAAGACCGATAAGGAGTCGGAAGAAACTGGTAGCTCATAGATACAAAACCGAAACTAAACAGAACAAACAAATG
CAAATCGTTCGTTATTCGTCGTTTTGTTGCCATTTTTTTCTTGTACACGCGCACACACGTACACACTTAACACCCACCCCTTCTCCACCCTAAAA
TGAAAACCCCAAACACGCACACAATCGTATTTTATCCCCCCTCCCTCCCCACCTTTGGGAGGCAGGCGAACTGTTGCCAATGTCAAGGAGCCGCC
GGTCTAATTGAAATTTAAGGTTTGGCCAAAAAATGTTGTCGAAACGAATTCTTCAGAGTGTCATAAATGCAATTTTTATTTGCCTTCCCTGTTAC
AGCCACCCACCCCCCCGTCCACACACGCACACACACACACACACACGCGCGCATCTTGTTAAAAAGAATGAGCGAGAAAGCAGAGAAATTTTAAT
TAAGTTTTCAAATTAAACTTTTTGCACTGCTGCTACTGCTACTGCTGCTGCTCTCGACATACGTGATGTGATGCGATGTGTATGTGGGCGACACA
CTTGGCACAGTTGCCCCAATGCCCTGCCCCTCCCCCTGCCCCTGCCAAGCCCTTGGACAAAATCGAGAAAAAATGAGGCCCGGCCACAAAGTTTT
ACACTTCATTGTGTTTTAATTGAAATTTTTGTACTTTCACCCAGTCGTGTGCTTACCGATTTATGGCGATGACTTTCCAGCTCATCTGCATCAAA
ACTCATTGTGGCATAAAGGCCATTTCCTGTCCTTGCCCCACCTATCCCACCCCTGACTACCCTTTTTCCCTCTGCCGCCCCCAAACACATATGTA
CATATGTTTTTCCTATGAATAAAACGCAAACAATGAGTGTATACAATAACTCTGGAAAAGATAAACGAAAACCATTTAAAATAAAGTAAAAATCA
AAAATGAAATTGTAGCCCACATGTTGTGGCTATTGTGTATATGTATCTATGTGTGTGTGTTTATGTGTGAGTTAGAGTGTGTGTGCGAAGTGC
CCCGCCCCCTTTTCGACCACTTTTCGGATCGAATTCGAGCTGAGCGTTAAATGTTTGTTTCAAGTGTTTTGGCAGCCTAAAATTTCTATCTATAT
ACGTATATATACCATTTATGTTATAATTTACATTTTGCAAATATTGTCGTAATATTTATTCGAGAACAACAACAACAAGAACAACAAAGAAATCC
CAAACAACACAAACAAAAAATTTTCAATTTATGAAACTATGTTTTCGAATTTGCATTTTTATTTTAGCAATTAAGTTAAGTTACGTTCTTCTTTC
CCATGTTGTCACCTTTTCAGTTGTGTACTTTTAAGCCATCTTAGCCATGGCAAGCATTGTGTCTAAGTCTTGGGTCTTAGAACCATCACATAGCC
ATAAGAGCCAGCACCATTCACCCATCGCATCTTAGCCATCAGCCATCTTCAGCCATCACCAGCAATACAGCAACGCAGACGATGTAGCTGAATCG
AATTAAAACTACTGTCTCGTTACCCCTAACCACATTTACAGATAATGATAACGATAGTGATCCCGCTAACCCACTAAGCTCAGCTCGATTGCTAA
ACGAAGCCGCCAGCATACTGCTGCATCCGCCCGAGAAATCACCAACTTCAAAGGCGATGAAAGCGAATGGGGCGACTGGGAATGGCTCCCATCTC
GACCAGTCGCATCCCACCAACTCCCCAGCAACTAACAAACAGCCTGCGAATGCTTCAGCTTCCCCCAATGCCTCCTTGAAACAAAATCCACAGAA
GCGACAGGAGAAACCGCAGCCCCAAGCGGAACCGGAACTGGAACCGAGACCACAACCACAACCGCAGCCAACAGAGCAGCACATCAGGATGCAGC
CAGGCGGCGGAAATGGCAGCGTCTCCAAGAGCGGCAAACAGAGGTCCGCACGCAAGTTCAAATAGCAATTACTGAAGCTGCTGATGCACTACAGC
TGCCTGCCACACCTGGCGTGCCGCTGCAAGTCGCAGTATCGGCGGCTGGAACCCAATCTGGATACCGAACCCCAACCCGTCCACGTCTAAACCCG
ACGATTGATAGACAGATCCGAGGAAGTACAAAGCGTATGCCACGATAAATGCTGTACAAATTGCTTGCTAAGTGGCTCTTAGACGAAAGTAAAGT
AATCAAATCGAAACGAACTAAATTTATATATTTATATTAAATTATTAATGCAACAATTATCAGAGCACACAGGATTTCAAAAGTATATAAATAGG
TTTTCATTAACTTTATATCGCTTGAGTCTTTGAAAGTAAATGTTTAAAAGAGAAAACTCTTTTAAAATGCATAGTAGGTTATATTTCTTGAGGCC
ATATAGCTCCACGACTTTTTTGATATCGTCTAAGGGTCCCTTGGTTTACCCAAATACCACGCTGCCTTACAAAGGAAACACATGCAATATCTTAA
ACTTAGCATATAGTGTAAGACAAGAGCTAATACTAGATGTAAGCCGCAAGTGCTTTGGATAACCCTAGATGCAAACACACACTCAGGAGCTTGGG
ATGATATCGCCTTATATGCCATATATACTATACACACATGCATCCACACACCACAGAGCTACTGACCTCCGCGGACATCGAAGACGGTAAGGTGG
AGTTCGACAAGGCCACGGGTGCCACCACCACGTACAAGGTGATCGAGGGTGGCTACGAGGTGATCACCACCTCTCCGCAGCCCAATGGAACCATC
AAGACCCAGGTGCGAACCTTCTGGGATCCCAAGCCCGTTAGCGAGGAGGATCTGAAGAAGGAGCAGGAGAACAAGAAGCTGGTCCAGAAGCGTCT
GGGCAAGGAGATTCGCATCGATGAGCGCACCACCATGCTGACCCGCGCCATCGAGGGTGGCTACGAGGAGGTGTACACCACCATCAACGAGGATG
GAACTCGCAGCTCTCGCACCAAAACCTTCTACGACTCCGTTCCAACCGAGGTGGATGAGAAGACGGCCGCCAAGTTGAACAAGAACAAGAAGAAC
GTGACCAGGAAGTCGTCGGTGGACTCTACCGATTCCACGGAATCCTCCCGTCGCATCGTCCAGAAGCAGCAGAAGAATCTGGTGCAGAACTATGA
TGAGCAGACCAACTCCACCACGACATCAGAGCGCAGGGTGTCGGTGACTCAGAACATCGAGATCACCGAGAACAATCGCACCGTGCGCAAGAACT
CGCTGCAGGAGCAGAACGTCAAGGCTATCACTACCACCTCGAACACCTCGTCCAGCGACAAGAAGCAGAAGAAGAAGCCCAAGTCATCGGCTCCA
CCACCACCCGCTGATTTCTTCCAGAACGATACCACCTCTGTGGCCTCGAAGCGTGTGCCCGGCGGTGTGGAGTACACCTATTCCACGCAGCTGGA
TTCTGGCAAGACCATCACCACCTCGAAGACTGTCTACGAGGAGGAGGAGGTGGAACTCACCGAGGAGGAGATCCGCCAGTACAAGAAGACCCTGA
AGGACGCCGAGAAGCACAAGAACGTCTCCACCACCAAGAAGCTCAAGTCCGAGTCGGGTACCAAGAAGATCGTTCCTTCCGAAAATCCCGGAGAT
GTGACCACCGTGGAGACCATTAAGATCGAAGGTGGCACCGAGTACCACTACACCACCGTGACATCCGAAGGCATCGTGAAGAAGGCCGTGAAGAC
CGTTTACGATCCAGTGCCCAGCCAGAAGTCCAATCCCGATGACACCGACGAGGAGGAGATTATCGAGGAGTACGAGGAGGAGATCATCGAGCCCG
GCGAGAAGAACGTCAAGACTATCGAGACCGTCAAGCAGCTGCCCAGCAAGTTCGAGGGTGAGGATAAGCCAGTCCACTTCATCCGCAGCTAGGTT
ATATTAACCCATTTTCTTTTTTTTCGCAGAGGAAGTGACCATCACTCATGAGAGGAAGGAGAAGAAGGTAAAGAAGTCCATGGTCATTAGCCAGT
AGAGATCGCCGCTTGCCCACACCGAAACACACTCAAACACACACGACACTCACACAACACACAAGGCACAAGAATACACACGAAAAAAAAAACAA
GCTTATGAAATGGCCGGAAAATAGAGAAGAAAGGCCCTGCGAAGATCCCGATCCCAAGCTAATTCTCCTGACCTATTTCAGCATCCAGTTCAGTT
AGTTGCTGGCGGTCTTTGCACGCTACTCGTTAGCTTTGTTATCAATTACCAGCTGTCTAGTGCCCTAGAAATGTATTACGAAATTATCCAAAATT
TATTACAAGAAACTATCTAACATAATTGTAGCCTCTTTTGTTAACAACAAAATAAAACTCAAGTTTTGGTTCTAATTCTTCTTGGTCTTCTTCTT
CGTCGGAGTGCTCTTCGGCTTGGAGCTCCTGCGGCAGATCAGGATTAGAACTACGATTGGCAACAGGATCACAGCGAGACCTAGACCCACAATGT
CCAGTAGGTAGAACTGGTACCAGGGTAGATGTACACCAAGCGGCCACCAGATGAGGAGCACCTCGGTGCTCGATCACATAGTTGATCCAATATATG
GCCGTATCCATGGCACCGAGTGGTCGATCGCGGAATATCCGGGAGGCCTTCTTAATGTTATTCCTATACTTTGGATTCTCAATCAGTTCCATCAG
CAGACCTCGCAACTCCTCCACCGTGACTTTCCGGTAATCCAGTCCCAGTGCATATTCTGCACTCTTACCCTGGTTAATGTTCTGATGCTGATCAC
AGTAGACTGGCATTCCCAATATGGGAACACCATTGTACACCGCCTCCTGGGTGCCGAAGAGTCCTCCATGGGCAATGAAAACCTTGACATTCGGG
TGCGCCAGAATGTCGCCCTGAGGTAACCAACTTTGCACCTTAACGTTAGCCGGCAAATTGGGCAGAGATTCATCTTCGAATTTCCAGAGAACGCG
TTGCTTCAGACTGCCAAAGACTTCCAGGAATACTTTGAGCTTCTCAGGCGGC
(SEQ ID NO: 1048)

Exon: 1001..1157
Exon: 11742..12987
Exon: 13045..13112
Start ATG: 1151

Transcript No. : CT26824
CTCGTGGAAGGCACATCGCAAACGCCGCTCTCGTTCTCGAATTTATTGTGAAAGCTCAGCCGCCCACCGCCCGCCGGAAAAGTCTCGCGAGTGTC
CCGAAAAAATCGAGTTAACCCCCCAAAAAAATCTATCATATAAAATCCTAACAAAATGAGCAAGCTACTGACCTCCGCGGACATCGAAGACGGTA
AGGTGGAGTTCGACAAGGCCACGGGTGCCACCACCACGTACAAGGTGATCGAGGGTGGCTACGAGGTGATCACCACCTCTCCGCAGCCCAATGGA
ACCATCAAGACCCAGGTGCGAACCTTCTGGGATCCCAAGCCCGTTAGCGAGGAGGATCTGAAGAAGGAGCAGGAGAACAAGAAGCTGGTCCAGAA
GCGTCTGGGCAAGGAGATTCGCATCGATGAGCGCACCACCATGCTGACCCGCGCCATCGAGGGTGGCTACGAGGAGGTGTACACCACCATCAACG
AGGATGGAACTCGCAGCTCTCGCACCAAAACCTTCTACGACTCCGTTCCAACCGAGGTGGATGAGAAGACGGCCGCCAAGTTGAACAAGAACAAG
AAGAACGTGACCAGGAAGTCGTCGGTGGACTCTACCGATTCCACGGAATCCTCCCGTCGCATCGTCCAGAAGCAGCAGAAGAATCTGGTGCAGAA

CTATGATGAGCAGACCAACTCCACCACGACATCAGAGCGCAGGGTGTCGGTGACTCAGAACATCGAGATCACCGAGAACAATCGCACCGTGCGCA
AGAACTCGCTGCAGGAGCAGAACGTCAAGGCTATCACTACCACCTCGAACACCTCGTCCAGCGACAAGAAGCAGAAGAAGAAGCCCAAGTCATCG
GCTCCACCACCACCCGCTGATTTCTTCCAGAACGATACCACCTCTGTGGCCTCGAAGCGTGTGCCCGGCGGTGTGGAGTACACCTATTCCACGCA
GCTGGATTCTGGCAAGACCATCACCACCTCGAAGACTGTCTACGAGGAGGAGGAGGTGGAACTCACCGAGGAGGAGATCCGCCAGTACAAGAAGA
CCCTGAAGGACGCCGAGAAGCACAAGAACGTCTCCACCACCAAGAAGCTCAAGTCCGAGTCGGGTACCAAGAAGATCGTTCCTTCCGAAAATCCC
GGAGATGTGACCACCGTGGAGACCATTAAGATCGAAGGTGGCACCGAGTACCACTACACCACCGTGACATCCGAAGGCATCGTGAAGAAGGCCGT
GAAGACCGTTTACGATCCAGTGCCCAGCCAGAAGTCCAATCCCGATGACACCGACGAGGAGGAGATTATCGAGGAGTACGAGGAGGAGATCATCG
AGCCCGGCGAGAAGAACGTCAAGACTATCGAGACCGTCAAGCAGCTGCCCAGCAAGTTCGAGGGTGAGGATAAAGGAAGTGACCATCACTCATGA
GAGGAAGGAGAAGAAGGTAAAGAAGTCCATGGTCATTAGCCAGTAG
(SEQ ID NO: 1049)

Start ATG: 151

MSKLLTSADIEDGKVEFDKATGATTTYKVIEGGYEVITTSPQPNGTIKTQVRTFWDPKPVSEEDLKKEQENKKLVQKRLGKEIRIDERTTMLTRA
IEGGYEEVYTTINEDGTRSSRTKTFYDSVPTEVDEKTAAKLNKNKKNVTRKSSVDSTDSTESSRRIVQKQQKNLVQNYDEQTNSTTTSERRVSVT
QNIEITENNRTVRKNSLQEQNVKAITTTSNTSSSDKKQKKKPKSSAPPPPADFFQNDTTSVASKRVPGGVEYTYSTQLDSGKTITTSKTVYEEEE
VELTEEEIRQYKKTLKDAEKHKNVSTTKKLKSESGTKKIVPSENPGDVTTVETIKIEGGTEYHYTTVTSEGIVKKAVKTVYDPVPSQKSNPDDTD
EEEIIEEYEEEIIEPGEKNVKTIETVKQLPSKFEGEDKGSDHHS*
(SEQ ID NO: 1050)

Celera Sequence No. : 142000013384430
CTCTCGAATTGCTTCAAGTTCAGCCAGAAATTGAAACTGCAGTGGAGCTTGTTGGCTAGCCCAACAGCAGGGTATCAATAATAGTAAATAAAGTA
GAATCGTATGGACGTTATTTATTCTCTGTTGAAAATTCCATAAAACCAGAAATTGATTACCCACTACTAAGAATCTACAAATACATCACAAATGG
CCACTTCCCATTAAAATTTCAAGTATTTTCAGTGACTGCACGTGAATCCGGCTAATGATATCTACTAATATAGATAAATATAGCACACATGCTGC
AATTAAATATGAATTTTTTGCTTATCAAATAAACAGAGCTTAATTTCCTACTAATTAGCTATTTTGAAGTGCATGGTGGTAGTCGGCTCTCCGAT
GGATTAGATAAGACCTATCGCTCTGCAAAAAAAAAATGTAGGTCAGCTGGAATTTCGAGCATCCAATTTCAGATTTTGGAGCTTTCGGGTGTTACC
CGTTGCTAATGGGTAGATCTTAATTGGACGACCTCCATGGCTTCAAGTTCAGTGCTGGTCAATCGTGGCATATGTGAGTGCTGTCAATAATACCA
CTGATACTTTTTTAATGCCGCTCGTTAAACGGTTCCCACCGACCCAGAGGGCGGTACTTGCTATTTGACACTCTTTCGGCTGGCGAGTGCTCCAT
ATTATATTAAATTGAATTTGGTGGCGATGTCTCGCTATAAAGCATGATACGCCCGTAGTCGATGTGTCCAATTCCCGTTAGGCAACCAAACGACT
GGAATCGAGCGATCCACCAATTCTCGATCGGGCTGCGAATCGATCCGATTACGATCCAAACCGAACCGATTCGGCGACATTCAGTTCGCCGTTCG
AAGAGCTCGAGTGCGCGTGTCAACTGGATCAGCTCCCCCCCCCAATAGCTCCCCACAATCCCATCCCTCTGTACCTTTAAAGGCACTCATATATGT
ATATATATATAACTTTATTTTTTCAAGATCACGGCAGAGAGCAGGGCACCGCTCCTCCTTGCTCACACCTACAACTACACTCGCCTTTAACTCTC
TCAATCTCTCCAGTTCGGTGCTCGTGTCGGTCGTAAACATAACTCAAAAAGCGCTGCTGAAGTCAGTAGCCGGCTAAACGCGACTCGGATCGGAA
GTCTCCGCTCCTGGCAATCAGAAAATCCCCTCCACGCGATAAGGGTGTACATAAAAAAAAAAAAAATAAATAAAACAAGTTAAATAAATATATAAG
AAAATCACATAAGAAATGCAACTTTTCGACGACTTTTGCAAAAGCTTCAACAAGGAATTGCAAAGGGCGAATTTCGGCTTTGCGTACAATCGAGT
TCATTTATTCTACAGATCTCAGGTGAGGACAGTTTCACGTAATAGTCGTCCAAACACAGCCGTCTTCTTTATCGGTGCTGTTACAACTCAGGTGG
TGGTATCATACGTGCCAATGCAAATAGCAGTAGCGAAAAATAAGTACATATATACATAGTAGTCACTGTCATTAGTGTTCCGTGCAAAAACTTCG
TGTGAGATCACAGAGGCACGTGTTTCTTAAATATGAAAAGCCAAGGGGCTAGTTGTTCGTTCGCAAATGTCGAAGTCAATGCATTTGAAATGGTA
TTCCCACAATAATTGGCCTGTACAAACGACGTCGCACTACGACCCAGGCTATCAGCAAATTAACTAGATAAGTGCAATAAAAAACATGATAAGCA
AAACACCCGAAAAATAAAGGGTTTTTAAAGAGTAAACCATTAAAATTCCTATCATAACAATTTAACGAAGCTCCGCGCATTAAGCCAAAATATAA
CCTGAGTACCCCAGGGCATTCTATATCTGCCATCCATTAGAAATACACTTAAAAGGTAAAACTGGCTTGTATACCAAATGTTCATTAGAGTGTGC
TCAACAAAAAAAAAAAAAGCGAAGTTCACAGAGAACATAAAATGTTATGGTGAGAACACATTGTACACGCAGGCATTGTTAATTAATTCGTATTTA
ATTAGCACAGCTAAACTAAAAGCTGGGCTCTATTCAAAGTTGTATTGCTCTAAACAAATATCACGAATAGAACAAACTAAAGTGTAACCCAAATG
GATATGAAACTATGTTTTTAACCAACTGTTCATGAATGAAGGCAAACCATCAAAAACCATCAGTTAAGTGTAAAAGAATCTTTTATCACTATATA
TTTGTACACTCATGAGCAAATATAAAAGTTATATGGACAAAGATATCTACAAGACCATGATGATGATACCAAGTTAGATAAGAATTATGAAATTT
TGAGCTCCCTTTTTCGACAATTCATTCTGAGTATAATCCGGCAAGAAAATACCAATCGGCTACATTAATGTTTTTGTGTCAACATTATGAGTCAT
TTTAAAATCACCAAAATAAATTCCCTTAAAAAAGCCAAGTACTGAAAACCCCTGATAGTTATTGGAGCTCTTCCATAACACTGATTACACATTTC
TCACGAATGAAATACTAATCAAATCAAAACAGGAACCAGACAATAGTTTTGGCGCTCGCCATAAATATTCTTGCTAGACCTTATCAGACAGCCAA
CAACAAGCCATAAACATCCATGAAGGATCGCGTTATCTAACGAATCAATGTTTTTATTTCCGCAATATTTAAGTTCTAAACAAATAAATTTGAAT
AATACTACGCACGCAACAAAACTAAAAGCTGTGATGCGACGAAGGTGATATCAGTTAGACAGGCCCTAATTCGGACTACGTCATTGCTAGTGATA
AGCGCTTAGCATGTTTGTTAACGCGGGCAAAGGTGTGGAATATTTTAATTAAAATATTACATGATTATTAATCGATGATCATGTAAGGGTCAGAC
TGGTGCACGCGATAAGGAATTCGCTATCAATCGCTGTCACAGCAACAATGTAACAATGAATTATTGCCCATATATAATATATTTTTAATTTAATC
AATTGTATTACATTAATTATTAAATAGCTAAAACTATATAATTCTCGTATTGCAGTGGCAAAAAGATGAGATCAACACAATATACTTGCTCTACC
GATGGATTTGGGCACTGTTTTTCCTGGGCGTGTACATCATGTGCGTTATCGTTCAGTTTTGCGATGGAAAGTTCTTCATCTACATGACCAACTGG
GGATTCGGGCTCTGTACGATCACCATGCTGATTTCCGCCGTACAAGTCACCTGCTGGCACTTCGATGTGAGGAGCACCCGGAGCCTGGTACAGGA
GTCCGGTCACAAGGCGGAGACGTCGAGGGGCCTGAAAATCTACTGGTGGCTCTACAATATGACACTGTCGCTGGCTCTGATCATATCAACAGTAT
ACTGGGTGTTCCTCCATGGAAAAATGAGTGAGTATTGCCGTATCTGCGTTCATTATTTACATTGCTTTAAATGACAGTGGTGGGTGTGCAAGCTA
TTACATACCTTACGATATCTATGTGCAATAGAGAGAAAGAGGGCATATTTTATAACATATTTAATGAATTTCCTTTCGTTACAGACAAGCCCATG
CGATTCCCTGCCATCAGCATTATCACCCACGGCATGAATTCTGTGATGATGCTAATCGATTTCCTGGTCATTGCATTTCCGCTTAGGATACTTCA
CATGGTGTACGGAATGAGTCTGGCGATATTCTTCTTTTTATTCACGCTGATCTACCATTTATGCGGGGGAACAGATGAGTGAGTACTTGAAATCT
TACCCGTATACCTTGCAATTTAGAGCTAATCACCTTCACAATTCTCCTTCAGATTTGGCAATCACTACGTGTATCCCATTCTGGATTGGAACAAT
CCCAACCGCTGTATGGTGACCTTTGTGGGCATCTTCCTGCTCATTATGTGCTACTGGGTGCTGCTCTTTGGACTCTACAAGTTGAAGAGAATGTT
CAATAGGGCATTCAGTGTGGTTTGGTCTCCTCATGCTGTGGGTCTGATATGAGGGAGTTAATACAACAAAAAGTCATTGAATATCACCTCATGGG
CACCCGCACGTATACCATGTTCTTATATGCATTGCCAGCATTATGTAACTCCCATTAACAAATCCATCCAAAAACGACACTGAAAAGGGAGTCGC
ACACTTGCATGCATTTATTTATATCTAGTATTTCATATTGTAAGTTTTAATCATTTGGTTCCTTAACATTGAATTGGTTTAGTTAGGTTAATTCT
TATACATTATGTTGTTATTACATATTTGGTTTAAATAGTATAAATATGAAATTTGTTGAAAATACTCTACCCAAGGGTTAGATAAAAAGAATAAT
GGAATTGTATTAAAATATATCACGAATATCAAAAGTGGAAAGAAACGAAATAAAGAAAATGTGGCGTTATTGAATTTAATTGTGGAAATCGAATA
TTTTATTATTATAGACATGAACAGGATAATTTTTATAAAAGTAATATCTAAATTTATTTTCGCTGTTCGTTTTTTAAACAATTATATAAGTAATT
GAAACTCATTATATTTCATTCAAAATTAAAACAATTGTAGATAACATTTTAATTGTTCTGCATTTCGAGCAAGCTTATCTCTAGTCTTTGGAAGC

Celera Confidential

AATTTGTAAATAATTTTTCAAAATGTTTTTTTTTTAATACCCTTTCATATTTTATCAGCACCGTAGAGATCATTAAAACATTTACTGTGAAGTGG
AACAGGTTGAATGACACTAAAGATTTCGGTAACCGGAATACTTACTTTTTCGCTTACTTTTCTAACCCAAATCTCGAAGACTTTTGTTATTCTTC
AATAAAATGCTTACTAAGCTTTTTTCGTTGTAATGCTGCAATTAGGTTACAAATCCAGTTTTAAGAAAGTGCTAAGATCTTTCTAAATATTACGA
AACAATTAAGACATTAACAAAAACGAGCTCTTTTCTTCTCTTTTATACCAAGCTGTACCCGCAGGTAAAATGTACTTTTATGTGGCTGCAAACAT
TTGCCAAATAAAAGCACACACAAATGCACATAATTTAGGTGAGCGAGTAATTAAGCCCAAAGTGGACAAAAGAGGAGGGCAAAAACGGAGCCAAA
AAGCATCCATCGTTTTTTATGGCTACTTGGTCGTTCGTTCTGTCAATACAATACCCAAACACTGTAAAAACCAATTGGAAGTTTTTTATTGAAAA
CATTAATAAAGTCATTAATATTGTTGTTGTTATAGATTCCAGAGACATTAAATAGTAAATAGTATTTTAAAGTTAACAAACACATATTTATGTTA
CAAAATCCCTGAATTGTTTTCTCTGTACAGCTTCTCTCTTTCTCTCTTGGCTCTGCCGTAAAATACATGTGCGAGCACACCTGCCTGCGTCGACG
TCACCGTCGGCTGCGCAGTCGCCGCCGCGTCT
(SEQ ID NO: 1051)

Exon: 1001..1352
Exon: 3001..3352
Exon: 3505..3688
Exon: 3758..4352
Start ATG: 1251

Transcript No. : CT27002
GCTCCTCCTTGCTCACACCTACAACTACACTCGCCTTTAACTCTCTCAATCTCTCCAGTTCGGTGCTCGTGTCGGTCGTAAACATAACTCAAAAA
GCGCTGCTGAAGTCAGTAGCCGGCTAAACGCGACTCGGATCGGAAGTCTCCGCTCCTGGCAATCAGAAAATCCCCTCCACGCGATAAGGGTGTAC
ATAAAAAAAAAAAAATAAATAAAACAAGTTAAATAAATATATAAGAAAATCACATAAGAAATGCAACTTTTCGACGACTTTTGCAAAAGCTTCAA
CAAGGAATTGCAAAGGGCGAATTTCGGCTTTGCGTACAATCGAGTTCATTTATTCTACAGATCTCAGTGGCAAAAAGATGAGATCAACACAATAT
ACTTGCTCTACCGATGGATTTGGGCACTGTTTTTCCTGGGCGTGTACATCATGTGCGTTATCGTTCAGTTTTGCGATGGAAAGTTCTTCATCTAC
ATGACCAACTGGGGATTCGGGCTCTGTACGATCACCATGCTGATTTCCGCCGTACAAGTCACCTGCTGGCACTTCGATGTGAGGAGCACCCGGAG
CCTGGTACAGGAGTCCGGTCACAAGGCGGAGACGTCGAGGGGCCTGAAAATCTACTGGTGGCTCTACAATATGACACTGTCGCTGGCTCTGATCA
TATCAACAGTATACTGGGTGTTCCTCCATGGAAAAATGAACAAGCCCATGCGATTCCCTGCCATCAGCATTATCACCCACGGCATGAATTCTGTG
ATGATGCTAATCGATTTCCTGGTCATTGCATTTCCGCTTAGGATACTTCACATGGTGTACGGAATGAGTCTGGCGATATTCTTCTTTTTATTCAC
GCTGATCTACCATTTATGCGGGGGAACAGATGAATTTGGCAATCACTACGTGTATCCCATTCTGGATTGGAACAATCCCAACCGCTGTATGGTGA
CCTTTGTGGGCATCTTCCTGCTCATTATGTGCTACTGGGTGCTGCTCTTTGGACTCTACAAGTTGAAGAGAATGTTCAATAGGGCATTCAGTGTG
GTTTGGTCTCCTCATGCTGTGGGTCTGATATGAGGGAGTTAATACAACAAAAAGTCATTGAATATCACCTCATGGGCACCCGCACGTATACCATG
TTCTTATATGCATTGCCAGCATTATGTAACTCCCATTAACAAATCCATCCAAAAACGACACTGAAAAGGGAGTCGCACACTTGCATGCATTTATT
TATATCTAGTATTTCATATTGTAAGTTTTAATCATTTGGTTCCTTAACATTGAATTGGTTTAGTTAGGTTAATTCTTATACATTATGTTGTTATT
ACATATTTGGTTTAAATAGTATAAATATGAAATTTGTTGAAAATACTCTACCCAAGGGTTAGATAAAAAGAATAATGGAATTGTATTAAAATATA
TCACGAATATCAAAAGTGGAAAGAAACGAAATAAAGAAAATGTGGCGTTATTGAATTT
(SEQ ID NO: 1052)

Start ATG: 251

MQLFDDFCKSFNKELQRANFGFAYNRVHLFYRSQWQKDEINTIYLLYRWIWALFFLGVYIMCVIVQFCDGKFFIYMTNWGFGLCTITMLISAVQV
TCWHFDVRSTRSLVQESGHKAETSRGLKIYWWLYNMTLSLALIISTVYWVFLHGKMNKPMRFPAISIITHGMNSVMMLIDFLVIAFPLRILHMVY
GMSLAIFFFLFTLIYHLCGGTDEFGNHYVYPILDWNNPNRCMVTFVGIFLLIMCYWVLLFGLYKLKRMFNRAFSVVWSPHAVGLI*
(SEQ ID NO: 1053)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: rost
FlyBase ID: FBgn0011705

Celera Sequence No. : 142000013384623
TTTTTTCAATGTTGTTTTAGCTTGAGTTGCCTAATCTATGCAAACGAAATATATGAAGTGAAAATTGATATGCTGATCTCCACCATCCTATATAC
AATCCATAAATCGTATATATACAGAAAGAGAAATGTATTAAACTCGGCCAATATCGAAACGCATTTTTTAGATGTTGTTTTTGTGTTTTGAACTGCA
TTCGACCGTTGACCGCAAATGTACCTAAGTGGCTATTGTTAAAACAAATCTGCTCTTTGGCAGTTGAATGTGCGAATACAAAGAATTACACAATT
TATACAAAACATATTTAACCCAAATGTATACCCTTATACAGACATCTCTATATAAATATATTTATGTGCAAGTATTTGATGAAATAAATATTCAA
ATTATTAAAAAGCATTTCTCCGATGAGTTGATATTTGTGTTTTGAATTTGGCATGGGAAATATATTTATTAATAGCTTGAAAAGAGAGGCAACGT
CTTTTTGAAATTAAAAACCTTTGTTATATGTATACCTTGTAATTTAAAATTATTGGTATTTTACGTAAAGCGTATAACTTTAAAGGAATGAGAAA
CCATTGTAATGTAGAAAATATTTAATAATATTTCTTTAAATTCATTGTATGGTAACTTATGTAGTTACCGCTTTATTTAATTACTAAGTACAATA
TCTTGTTGTTTTATGCCGTAAGCTTGTTACGAGCGGAGCTGAAGTTCCAGTGTGTCCAGTCTGACGATAAGAAGACAGAAGATATCGTCCTCCAG
GAAAGGTCTTGGCGTTAGTACCTCTTTTCGCCGTGATGCCAGACCGGGTTTCAGTCTGGGCGCCACAATTGAAATAATAATTTTTTATTGCTATA
ATAGCCATGCTAAGATAATAGAAATTTTGAAAATTGAGTATTTTTTGAAAGTTGTTTCAATGACTTAATTTTATTTTAAATAAATGCGCCACTTT
GAAAGCTTGAAAAAAATACGGCTTCAGGGTCATGGTATTTAATGTCGTGGAAATACCACACTCTGGTAACTCTGAGCGGGCGTCACTCTTTTCGT
CTCTGGGCACACTGTCGGCCCTCGCACGCGTATTTTTCTGCCGATTTTGCGTGTAAATTTAATTGTGAAAACATAGTAAAACAGCTGCAATCATG
GCCAATTTCGATCTGACACGCATCAATTGCCAGTTTTTGGACAGGCATTTGACCTTCCCGCTGCTGGAGTTCTTGTGCGGCAAGGAGGTTAGAAA
AGCGACCAGGCGGTGCTCCGCTGGCGGTTGCCGAGTCACCAGTACATAACTATGGGAAATCTTCATATGTGTGACTTTCGTTGCAGATCTACAAC
CAGCAGGAGCTGCTGGAGTACATTTTGGAGACGGTGAACAAGACGAACATGATCGATTACACGATGGACACCCGCAAGCGTCTCAATCTCAGCCA
GGAGATGCCCGAGGAGCTCGTGCAGCGCAAGGCGGAGGTCCTGGCCACGCTTAAGCAGCTGCAGAACGAGGTGGCACCCATCATGAAGGCCACCG
ACATTCTTAAGAACGGTGAGAGCATGAAGGACTCGAAGACCTTCGTCAACGCCCTTCAGAAGGACTACAATTTTAAGGTGGAGCACCTGGAGAGC
GCCTACAAGCTGGCCAAGTACCTCTACGAGTGCGGCAACTATCAGGAGTCCACCTCTTACCTGTACTTCTGCCTCATCGTCATGTCGCCCAACGA
CAAGGTGCGTATGGAGCTAAATTAACATGAAAAGCGGCAAAAACCACTAAAACAAGAATATTAATTGATATTGTCTCCCAAATTTTGCAGAACTA
CCTTAATGTGCTGTGGGGCAAGCTGGCCGCCGAGATTCTGACCCTCAACTGGAACACTGCTCTGGAGGATCTGACGCGTTTGCGCGACTACATTG
ACAACGCCAACTTCAGCACCATCCAGGCCCTGCAGCAACGCACCTGGCTGATCCACTGGTCGGTCCTGGTCTTCTTCAATCACCCCAAGGGACGC
GATCTCATTATTGAGATGTTCCTGTACAAGCCCCTGTATTTGAACGCCATTCAGACAATGTGTCCGCACATCATGCGTTACTTGGCCACCGCCGT

AGTCATCAACCGCACCCGCCGCAATGCTCTAAAGGATTTGATCAAGGTGATCCAACAGGAGTCGTACACGTACCGCGATCCCATCACCGAGTTTC
TGGAGTGTCTGTACGTGAACTTTGATTTCGAGGGAGCGCGTCTGAAGCTGCACGAGTGCCAGACGGTGATCCTCAACGACTTCTTCATCGTGGCC
TGCCTGAATGAGTTCGTGGAGGATGCCCGCTTGATGATCTTCGAGACATTCTGCCGCATCCACCAGTGCATCACCATCAGCATGCTGGCCGATAA
GCTGAACATGAAGCCCAACGAGGCTGAGTGCTGGATCGTCAACCTTATCCGCAATGCCCGTCTGAATGCCAAGATCGATTCGAAACTGGGTCATG
TGGTGATGGGCACCCAGCCCTTGAGTCCCTATCAGCAGCTGGTGGAGAAGATCGACTCGCTGTCCATGCGGTCGGAGCATTTGGCAGGTTTGATT
GAGCGCAAGAGCAAGCAGAAGCAGAATCAGGAGTCGGCCGACTCCTGGAAGTACTACTAGTTGCTGACTTTTTATCCACAATTAAGTTAAGACTC
TTTGTACCCTTTAAAAACCGATGATTGCGCGCAGTCGAGCGAATAAATTAACATCTTACTCATTCGCTCAATTCAACATTTGATTTTATTTCCTT
CGGAATCAAAATTAGTTATACAAAAAACAATACCAAGGCGGGAATTTGTAATTTCGCTAGCCTACAGAATGCAAACGTCTGCTAATCCTAGAATT
AGTTGTTTGTACCTACAAGTGGGTGCTGGATCTTTATGACGATCTGGCCCCGGATCACACTATTGATTGCTACCGCGATTTCTGCTTGACCACCA
ACCAGGATCTGACGGGCAGGTCCTGCAAGTAAACGATCCATTTGCGCACCAGCAGCAGCCACACTATGCCGTACAGAACGCAAATGCCCGACTCC
AAGTAGTACCCATCGAAGGTTATCTCGCACTTGCCAGCCGACGCTTCACAGCTCTGCGGGAGAAAATTAAGAAAAATATTTGTTTAGTTACTTTT
ATCTCATAACTGGCAAAGTTTATCTTTTCCTGGTTTGGGGTAAAACTTTCACCATACATATGTATCCATATACAATAATAATAATAATCTTGTAT
GCTGTAGAATCTCTCTCTGAGCACTCACCTGTTGCTCCTCCTTGCCCTGGCAGGTATTTTCCGCATTATTGGAGCACTGCTTCCAGGTGAGCACG
TCCACCAACCACAACACCACTGTGTTGGGCCAATTACCGCCCAGATTGCACAATGTGTTCAAAAATGTCATGTAAGTGCCACCGACGGCTGGATC
GGAGATCTTGGCGAAAAAGGCCATGGCGGCCACAAACATGGAGTACAGGAATACTTGGTAGATGGCATAACTGGTGATCAGCAGGACGTAGTAAT
AAGCAGGCACGGCTCCTCCACGGACAATATAGGGTGTGATGTAGGCCAAGCCAGTGGCCACTGTTGCCATGATGATGCGATAGGGAATGGCCTTC
AGATAGACGTCCATCGGACGTGGTCCGTTCGTATATCGACCGACCGCCAGCGGCAGAATGAGCTGCAGAGGAATTAGGGGAATGGCGAGTAAAGC
CAGCTTATCCTTCGGTACACCAGCGTCAATG
(SEQ ID NO: 1054)

Exon: 1001..1227
Exon: 1322..1714
Exon: 1801..2736
Start ATG: 1138

Transcript No. : CT27364
AAATACCACACTCTGGTAACTCTGAGCGGGCGTCACTCTTTTCGTCTCTGGGCACACTGTCGGCCCTCGCACGCGTATTTTTCTGCCGATTTTGC
GTGTAAATTTAATTGTGAAAACATAGTAAAACAGCTGCAATCATGGCCAATTTCGATCTGACACGCATCAATTGCCAGTTTTTGGACAGGCATTT
GACCTTCCCGCTGCTGGAGTTCTTGTGCGGCAAGGAGATCTACAACCAGCAGGAGCTGCTGGAGTACATTTTGGAGACGGTGAACAAGACGAACA
TGATCGATTACACGATGGACACCCGCAAGCGTCTCAATCTCAGCCAGGAGATGCCCGAGGAGCTCGTGCAGCGCAAGGCGGAGGTCCTGGCCACG
CTTAAGCAGCTGCAGAACGAGGTGGCACCCATCATGAAGGCCACCGACATTCTTAAGAACGGTGAGAGCATGAAGGACTCGAAGACCTTCGTCAA
CGCCCTTCAGAAGGACTACAATTTTAAGGTGGAGCACCTGGAGAGCGCCTACAAGCTGGCCAAGTACCTCTACGAGTGCGGCAACTATCAGGAGT
CCACCTCTTACCTGTACTTCTGCCTCATCGTCATGTCGCCCAACGACAAGAACTACCTTAATGTGCTGTGGGGCAAGCTGGCCGCCGAGATTCTG
ACCCTCAACTGGAACACTGCTCTGGAGGATCTGACGCGTTTGCGCGACTACATTGACAACGCCAACTTCAGCACCATCCAGGCCCTGCAGCAACG
CACCTGGCTGATCCACTGGTCGGTCCTGGTCTTCTTCAATCACCCCAAGGGACGCGATCTCATTATTGAGATGTTCCTGTACAAGCCCCTGTATT
TGAACGCCATTCAGACAATGTGTCCGCACATCATGCGTTACTTGGCCACCGCCGTAGTCATCAACCGCACCCGCCGCAATGCTCTAAAGGATTTG
ATCAAGGTGATCCAACAGGAGTCGTACACGTACCGCGATCCCATCACCGAGTTTCTGGAGTGTCTGTACGTGAACTTTGATTTCGAGGGAGCGCG
TCTGAAGCTGCACGAGTGCCAGACGGTGATCCTCAACGACTTCTTCATCGTGGCCTGCCTGAATGAGTTCGTGGAGGATGCCCGCTTGATGATCT
TCGAGACATTCTGCCGCATCCACCAGTGCATCACCATCAGCATGCTGGCCGATAAGCTGAACATGAAGCCCAACGAGGCTGAGTGCTGGATCGTC
AACCTTATCCGCAATGCCCGTCTGAATGCCAAGATCGATTCGAAACTGGGTCATGTGGTGATGGGCACCCAGCCCTTGAGTCCCTATCAGCAGCT
GGTGGAGAAGATCGACTCGCTGTCCATGCGGTCGGAGCATTTGGCAGGTTTGATTGAGCGCAAGAGCAAGCAGAAGCAGAATCAGGAGTCGGCCG
ACTCCTGGAAGTACTACTAGTTGCTGACTTTTTATCCACAATTAAGTTAAGACTCTTTGTACCCTTTAAAAACCGATGATTGCGCGCAGTCGAGC
GAATAAATTAACATCTTACTCATTCGCTCAATTCAA
(SEQ ID NO: 1055)

Start ATG: 138

MANFDLTRINCQFLDRHLTFPLLEFLCGKEIYNQQELLEYILETVNKTNMIDYTMDTRKRLNLSQEMPEELVQRKAEVLATLKQLQNEVAPIMKA
TDILKNGESMKDSKTFVNALQKDYNFKVEHLESAYKLAKYLYECGNYQESTSYLYFCLIVMSPNDKNYLNVLWGKLAAEILTLNWNTALEDLTRL
RDYIDNANFSTIQALQQRTWLIHWSVLVFFNHPKGRDLIIEMFLYKPLYLNAIQTMCPHIMRYLATAVVINRTRRNALKDLIKVIQQESYTYRDP
ITEFLECLYVNFDFEGARLKLHECQTVILNDFFIVACLNEFVEDARLMIFETFCRIHQCITISMLADKLNMKPNEAECWIVNLIRNARLNAKIDS
KLGHVVMGTQPLSPYQQLVEKIDSLSMRSEHLAGLIERKSKQKQNQESADSWKYY*
(SEQ ID NO: 1056)

Name: eIF3-p48
Classification: translation_factor
Gene Symbol: Int6
FlyBase ID: FBgn0025582

Celera Sequence No. : 142000012789666
TATTGCTTACAATGCCAGCTATCGATAGTAACGATAGTAGTGTCACAGTTAACTGTTTCATGGCTGGCTTCGTGCACAGCTCACCGAGACTATCG
ATAAATATCGCATCTGTGTGGCTGCACACCGAATTCGTAATACACCAAATACCGGTACCGTACTCGATGGCATTATTTAGGAACTTTCCCATCGC
CGCGGCAAGACTGAAATCGACTGGCCTTTAGATGCTCTTTGGCGGTGGGCGCCGCTTGACTTGCCAGACTCTCCAGGCCGAGTGTGTGTGTGTGT
AGTGGTTGTGCTAGCAGAGCTGTTGCAGAAACTAACTGGGAAAACACAAGATAGACGCGTGTGCGGCGAGCAGTAGCTAAATTGAACTGAAGTGA
ACAGAAAATATTTACACAAAATAATAGAGATACAACTTCGGAAAAGCAAGCATACAACACACCGGGACTCCGCAATACGGGTTTTTTATTTCGTC
TACTCTTCCGTACCTGGGCAGAGATTTAGATTTATCGCCTCCTCCACCCACTACTTCATCATCGACATCACCAGTGCTGTTGTTGTTGCTGTCGT
TCCGCCTTCGCTCTCACGTAATCCGCCCCCGCACCACCTCGCCCGTCGGCCAACCGGCCCACAAACTAACTGACTGATAGACCAAAAATCGATTA
GCGGACTCTCTTCCTCTTCAACATCTTCGGCATTCGTGTGTGCGTTGCTTTGCGTTACGTTACGGTTACCGTTACGTCGCCCGCGCGTGTGTGTT
GGTGTGTGAGCAAGGTGTGGTGTGTATAGAAAATCGATTGGCAATTTGAACCGAAGAGCGCTATCGTCGCCGCAGTCGCCGCGTGTGTGCCGTTA
CGCGATTTTCAACAGCAGCCGCGCAGTAATATTGCTTTTATTTTTTTGCCTGTGAGTCCTCCTAAGTGAGTGCGAAAGAGAGAGAGCGAGAGTGA

GCTCTCTAAAACCTCTGCAGAAAATAAAAAGGAAAAGAAAAACACCGGACATGGATAAATCAGCGGCCACGAACTCGGCCACTGCCGATGGCCAA
AACGAGGCAGCAGCAGCAGCCGCCGCCGCAGCAACAGCAGCTGGGTGTGGCAGCAACAACAGCAGCAGCACCAGCAGCAGCAACAACACTGCAAA
CAGCAATAATGCACTGCAGCGTTTGGCAACAACAACAAGTGCCGTTGTGGCATCCCCGATGACGATCAACCTGAACATCAGCACCACCACCGGCG
GCAATTTCGGCGTCAGCGTCGAGCCGCACATCAGTGTCGAGAGTCTGAAGAAGATCATCGCCAAGAAGCTGAAGGTGGCCAAGGATCGCATCTGT
CTGCTGCACCGGGAAAAGTGAGTACCCCTTTAGTATTTTTTTTTAATTTACGTTACATTTAAAAGAAACTTGGCTTGAACTGTAATTTTTTGGCA
GTCAAGTTTTTTGTTGTTTGTTACTAATTTAAAAATTAATAACAGTTAATATGGCTTAGATCGCCAATTTTTATGTTATTTATCTGAACATTTTC
TTTTTGTTTAATTGACGAGACTAATGTTGAATGTTAAATATTACTTATTAATCTATGCATTATATTTGTTACATAAAAAGGATTGTTAAGGTTTA
ATAAGCCTGTGTTTGGACAAGTGTGTCATTTGCATATTGCCCAGAATATCTTATGATTGTGCCAATGAGGTAATATCAATAAACCAGAAATAACT
GATAATGCAAAATGTTTCGCAAAGAATATTATCTTGAAAGTCAGGTGAAAAGTTAAGTGTGATATCTTTTATAGAAAAATTCTTGAGGAGTGAAT
AAGTCCTGTTCTAATTAATCCTTGCGTTAAGAAAATCGTATGGCTTCGGTGAAACGCCTTGTATGTTGAGAGTTTTCTTTTTTATATTTTTATTG
GATATCCTCTTTTTTTCGAGCTTTGTTTGGTTAAAATGCTTTTGATTATCTTCTTTCACCGCTCCACCCCCCTCCACAGAGCTCCTTCTCTAACC
CCTTTGTTGAGCTTTGTTAGAGGGAGAGATATAGAGAGAGAGCGAGAGAGGTGTGCGTGTCTGTGTGTGAGCGTGTTTTTTAGTCGCTAAGCTGC
CATTGTTTAGTTGATTTGCTTGCTGTTCTCGTTATTATTATGATTATTATTGATATAACCTCCAAAATAATGGCATGTTTGAAGGGTTAAGCACA
AAGAGCTTGAGTGTGGTGGAGTCCTTGTGTGGAAGGGGGGGGGGGGGTGTACCAATTGATCTAATCACACACATACACACGTACACACATGTACA
CTTAGTCTGAAAGCGATTTCATAATCTATTTGTTATTATACAAAACAACGCAAAATAAAAGTAGCTAAATG
(SEQ ID NO: 1057)

Exon: 1001..1351
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT27494
ATGGATAAATCAGCGGCCACGAACTCGGCCACTGCCGATGGCCAAAACGAGGCAGCAGCAGCAGCCGCCGCCGCAGCAACAGCAGCTGGGTGTGG
CAGCAACAACAGCAGCAGCACCAGCAGCAGCAACAACACTGCAAACAGCAATAATGCACTGCAGCGTTTGGCAACAACAACAAGTGCCGTTGTGG
CATCCCCGATGACGATCAACCTGAACATCAGCACCACCACCGGCGGCAATTTCGGCGTCAGCGTCGAGCCGCACATCAGTGTCGAGAGTCTGAAG
AAGATCATCGCCAAGAAGCTGAAGGTGGCCAAGGATCGCATCTGTCTGCTGCACCGGGAAAAGTGA
(SEQ ID NO: 1058)

Start ATG: 1

MDKSAATNSATADGQNEAAAAAAAAATAAGCGSNNSSSTSSSNNTANSNNALQRLATTTSAVVASPMTINLNISTTTGGNFGVSVEPHISVESLK
KIIAKKLKVAKDRICLLHREK*
(SEQ ID NO: 1059)

Celera Sequence No. : 142000013384504
AAACTATGCGTCACCCAGCGAGTATGTGGTCCTCTTCGGCTGCATGTGTATGACCTGCGTGGGCGGTTCGAGACCAAAGGGGTAACTCACTTGCA
AACAAATTTTTCGGTCGTTCGGCCATTGTGTGTGGTGGCTGAAAGTATCGATGCGCCTTTGTGTGGCTGTCCTAAGGATGTTTTGTCCGTTTTCT
GCAGGCGCCGCGCCCCGAATACAACACGTCGACTTGATGCTCCTTTGGCCCTCCGATCGCCTGGTTACTGGGCCGCCTTTGATGGGCTCTTCGCC
GTTTGCAACGCAACTACTTTTTCAGCAATCGAGCGCACTGATATGCACTTTTTCCGCAATTTCGCTAAACATTTACATAAATAGCAACCAAAACT
TAAAAGAGCTAGAGATGAAACATTGATTATTTGCGGCCAATCGATAGCCATCGATAGTATGCGCACTAGCTTGCGATAAGCAGTCCTGCAAGGTG
CAAAAGTAGTGAGGTGGGTAATAAAACGAATATAAAAATGTCACCTATAAATAATTATTTCTTTAAAACCAAGAGATTTGAGTTTCTATTTTTCA
CAAATTAATCCCAGCTTTGTTAAAGTTTTTACTAGTTGAAAAGTTACATTTCGTCAATAAGTGACGTCGACGCCTACATAAACCAATCTGCGCCA
CCTTAAAATCAATGCACAATCACCAGTGATTTAAAACCAGAAAATTAAAACATACATAATCATGTCCAGCGGATTTGTTCGCAGCAGCTACAAAT
TGTTCGTCGGCAACCTGCCATGGACGATAGGTAGCAAGGAACTGCGGACCTACTTCTCAAAGTACGGGCACGTGGCCAACGCGGAGGTGGTCTTT
GACCGGCAACTGGGCCTGTCCAAGCACTATGGCTTTGTGGTTTTCAGCCAACGGGATGCCTTCAACAGCGCCAGCAACCAGAACACCCATTTCCT
CGATGGACGAGTGCTCACAGTCCAGCGGGCGAATGAAAGTCCTCAGAGTTAATCAATGAAGAATTTAATGATTTATTGGTTAGACCAAAGGAAAA
GCATGAGAAATGTTTGTTAACAGCTTAGTTTTACACAAATGAATGCAGCACTTGCTTCAAATCGTGGCATCTTTGATTCATTTGGGCAAGTAGAA
CTTGCTGTTGGTGCCCACCACGTCCGCAACATTAGTGTGACCCAGCCGTGTGATCAGCGCCGACAGCTCCGCCTTAATGTCTTCCACAAGAGCGG
GTCCCTCGTACACTAAAGCCGTGTAGATTTGGACGTAGGAAGCTCCAGCTTCGATCTTTTCGTATGCATCATAGCCGGAAGCCACTCCGCCGACG
CCTATGATGGGAATCTTTCCATCGGTGAGCTGGTACATCTGGGCGATCATCTCTGTGGAGCGGGCCTTGAGTGGAGGACCACTTAATCCGCCAGT
TTCCTCGGCCAGCTTGTTCTTTTCGATGTTTTCCCGCGACACCGTGGTGTTTGAAACGATCAGGCCATCCACGCGGCTCTTCTTGCGCTTGATTA
CCCACACGATGTCCTTCATGTCGTCCAAAGATAGATCCGGCGAAAGTTTCAAGAGTATAGGCACATTCTTGTTCTTATCCAGGGAGGATTTCGTG
TCGTTGACCTGTTCCAGGAGCTCTCTTAGCTTCTCCTTGCTCTGCATATCGCGCAGGCCCTTGGTGTTCGGACTGCTCACATTAATGACCAGGTA
GTCTGCTACGGGCCCGAAAACCCGAACACCCTGTACATAATCCGCTATCGGGCTCATGGTGGTCTTGTTCCGGCCCAGATTCACGCCCACAACTC
CATTGAAGTTCTCCTTTTTGCGGAGCAAGCGCAGCCGTTGGAGCACGGCCTGATGCCCGTCGCTATTAAATCCGTACCGATTAATGATGGCCTTG
TCCTCGGTCAACCGGAATACTCTCGGCTTGGGATTGCCCTCCTGAGCCGCCGGGGTAACTGTGCCCACCTCTATAAATCCGAATCCTAGATCCTG
CAGGCCGTCCACCGCCTCCGCGTTCTTATCGAATCCCGCTGCAATGCCAATGGGATTGCTAAGCATCCGGCCAAAGAACGACGTGTGCAAGTTCT
GGTCATCATGGTACTGTGAAACCGGGCACAGGCGGTACTTGCACGCCAGCACGGCCAGTTGATGGCTGGCTTCCGCCGGAAGAAGTCGCACCGCT
GGCATCACGAAGGTCCGGAACAACTGGTCCTGGTTCTTGTATGCCGTAATGCCCGCCACCAAGGCAGCTCCTCCGACTGTAACGATTCCCAGCGA
CCGCAAACGACCCTGTGGGCGGAATCATTCTGTAATCCGGTCCCGTTTAAGCCGTACTTTACTCACAACTCTCCGCGTGGCGTTTTTAGCATTCT
TTAAGTGATCCTGATCCATGACGACTATCGCCGGATATCGATTGTACCCGATAGAGTATTAAAAGTATAATATGTAAAAAAGTAAATGCATGTAC
TAGAGTTTTAACGAAAATTCAATTTGGGAGTAAGTCTGGCCATTTTGAAGGAAAACTCATGCGATATATAGTTACTACGGCAAGCATCAATAATT
TTCTTTTTTTTTCTGTGTAGCAAATGAACCCCTTCTATTCACAACCATGCCGAAGAGAATCGATAGTCCTCCAGTGTCACCTCTAATGGTTGAGTC
AGTTTGTTATGGCCAGCTAAAAATTAGAAATTTCGTTCTCTAAACGCTGATTTGGCCACCCGAGGCAACCATGAAGGGCGGCACCTTTCGCAACA
CGCAGTGGGATCCCACGCTGCTGTCCTCACAGATTGTGTCCATGCAGTTCTGCGTGTACTTCACCCTTGGCCTACTCGTCTTCGTGGCCAACAAG
TTGTCCGGGGACAACTATAGTCTGGATCACTTGTTCGAATACCATGTATGCCATATGCTATATACCATATATCATGGAAACCCCTCTCCTTACTT
TGATTTAATGTTGCTTAAAGGAGATCCACATCTACGACATGGGTGGCCGCCTGGTGATCTGCGCATTTGTTTTAAATGCGTTCTTAGCCTCCCTG
GCACTGTGGTGCATTGTGAGAAGAGCCAAGCTCTGTCTGGACTTTAGGTGGGCTTATAGCTAGTGCACACACTTAATCTTTTGCTTTTACAACTC
ATGCTTCCCTTTCATGGCAGTTGCACCTTCCACGTGCTGCATTTGCTGATCTGCTGGTGGTACAACCGCTCCTTTCCCGCGAACGCATCGTGGTG

Celera Confidential

GCTACTGAATGTCATCACCGGCACAATAATGTGCATAGGCGGCGAGTTTCTCTGCCTGCAGACCGAGATGAAGGAGATCCCAGTGGGCTATGCGG
CCCTCAATCAAAAGTCGGACGTCTGACTCGAAGCCACCAACTTGTGATGCCTGCTACCCCCCCAACCAA
(SEQ ID NO: 1060)

Exon: 2394..2347
Exon: 2292..1001
Start ATG: 2394 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT27530
ATGGATCAGGATCACTTAAAGAATGCTAAAAACGCCACGCGGAGAGTTGGTCGTTTGCGGTCGCTGGGAATCGTTACAGTCGGAGGAGCTGCCTT
GGTGGCGGGCATTACGGCATACAAGAACCAGGACCAGTTGTTCCGGACCTTCGTGATGCCAGCGGTGCGACTTCTTCCGGCGGAAGCCAGCCATC
AACTGGCCGTGCTGGCGTGCAAGTACCGCCTGTGCCCGGTTTCACAGTACCATGATGACCAGAACTTGCACACGTCGTTCTTTGGCCGGATGCTT
AGCAATCCCATTGGCATTGCAGCGGGATTCGATAAGAACGCGGAGGCGGTGGACGGCCTGCAGGATCTAGGATTCGGATTTATAGAGGTGGGCAC
AGTTACCCCGGCGGCTCAGGAGGGCAATCCCAAGCCGAGAGTATTCCGGTTGACCGAGGACAAGGCCATCATTAATCGGTACGGATTTAATAGCG
ACGGGCATCAGGCCGTGCTCCAACGGCTGCGCTTGCTCCGCAAAAAGGAGAACTTCAATGGAGTTGTGGGCGTGAATCTGGGCCGGAACAAGACC
ACCATGAGCCCGATAGCGGATTATGTACAGGGTGTTCGGGTTTTCGGGCCCGTAGCAGACTACCTGGTCATTAATGTGAGCAGTCCGAACACCAA
GGGCCTGCGCGATATGCAGAGCAAGGAGAAGCTAAGAGAGCTCCTGGAACAGGTCAACGACACGAAATCCTCCCTGGATAAGAACAAGAATGTGC
CTATACTCTTGAAACTTTCGCCGGATCTATCTTTGGACGACATGAAGGACATCGTGTGGGTAATCAAGCGCAAGAAGAGCCGCGTGGATGGCCTG
ATCGTTTCAAACACCACGGTGTCGCGGGAAAACATCGAAAAGAACAAGCTGGCCGAGGAAACTGGCGGATTAAGTGGTCCTCCACTCAAGGCCCG
CTCCACAGAGATGATCGCCCAGATGTACCAGCTCACCGATGGAAAGATTCCCATCATAGGCGTCGGCGGAGTGGCTTCCGGCTATGATGCATACG
AAAAGATCGAAGCTGGAGCTTCCTACGTCCAAATCTACACGGCTTTAGTGTACGAGGGACCCGCTCTTGTGGAAGACATTAAGGCGGAGCTGTCG
GCGCTGATCACACGGCTGGGTCACACTAATGTTGCGGACGTGGTGGGCACCAACAGCAAGTTCTACTTGCCCAAATGAATCAAAGATGCCACGAT
TTGAAGCAAGTGCTGCATTCATTTGTGTAAAACTAAGCTGTTAACAAACATTTCTCATGCTTTTCCTTTGGTCTAACCAATAAATCATTAAATTC
TTCATTGATT
(SEQ ID NO: 1061)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MDQDHLKNAKNATRRVGRLRSLGIVTVGGAALVAGITAYKNQDQLFRTFVMPAVRLLPAEASHQLAVLACKYRLCPVSQYHDDQNLHTSFFGRML
SNPIGIAAGFDKNAEAVDGLQDLGFGFIEVGTVTPAAQEGNPKPRVFRLTEDKAIINRYGFNSDGHQAVLQRLRLLRKKENFNGVVGVNLGRNKT
TMSPIADYVQGVRVFGPVADYLVINVSSPNTKGLRDMQSKEKLRELLEQVNDTKSSLDKNKNVPILLKLSPDLSLDDMKDIVWVIKRKKSRVDGL
IVSNTTVSRENIEKNKLAEETGGLSGPPLKARSTEMIAQMYQLTDGKIPIIGVGGVASGYDAYEKIEAGASYVQIYTALVYEGPALVEDIKAELS
ALITRLGHTNVADVVGTNSKFYLPK*
(SEQ ID NO: 1062)

Name: DIHYDROOROTATE DEHYDROGENASE PRECURSOR
Classification: enzyme
Gene Symbol: Dhod
FlyBase ID: FBgn0000447

Celera Sequence No. : 142000013384507
GCAAACGTGCGAAATCAACAGAGAGAACGAGTGAGCATGCCCACAGAGTGCGAGAGAGAGCAAGAGCGGGGGTGCGAGCGCAAAAGACCGACAAT
TTATTTTACTTTTATTAACATGCGCGCAAAATATTTATATAAATTGATTACACATTTTCTTGTTCTTTTATCATCACCCCCTTTTTTATATTCAC
CCTGGCAAATGAATTACGCTGCCCCAGCCAAATTGTTTATATATTATTTATCAATCGATTTTAGGGGCATGCCAAATTTGATCAGACGCCAGTCG
CACACAAACACACACTTGAGCACACACATTCACAGACCAACACTCGCGCATACATACACACGCACCAGGGTGTTTGTTTTGTTTTTGTTTGCGGC
TTTTTTTTTTATCAATTTGTGATCTTTTTTCGCAGCCGCAAATTTGATTGTGATTTACCGCCGATTGGAAATGTAAACAATGCTGTCGAACTATC
AGCATAAGGCTGGCAGTTTTAAAATACTTTTCATATTTTATAGCTGTTGGGTACTCACACCTTAGCTTATTTGAAAAATTTACATATTACAAGCA
CGCCGTTCTAGGTCTGCTTCTTCTTACGCGCGAACATTTAGTGTGACCGCAGCTCGACCGTTCAAATATACCATTGCGAAGCGCACTGAGAAACA
CTCTCCAATAGTTCTAAGATACCAAAAATTTAGCATACTACTATATGTAAGTTATAATTTCATTTACTATCCCATTAGAGAAATTAATTGATTTT
TATGTTCTATAATGCATTTAACTAGTTGCCCTAGTTTTAATGTTGTTAAAATAGCATTACAACAATTACCGTTTATAACTTCACTTTCTTCAGAG
TGACCATATAATGTAAAGTACAGTGAACACTGTATATAAAGAATCAATACAACCATGGATTTACATATTTTTCCATCTGGTTTATATCAATAGAT
AATATATGTTAAATGATATATATAAAAACTAAATTACACAAAATTTTTTTAGGTATAGTAGGTTTATTTAAACTTGTATACGATTGAAATTTCTG
CAATCAAATCAAATTTGTTGTTACAATAAAGTTCAGTTCTACTTCGGAACTTGAAATCTTCCCCAAATATGTTATTTATGTGTTATTTATTTGGT
AATTTCAATCCAAGTTGAAATCGTTTTCCGAGCTATGTGTCGTCATTACAGTGCAGTGCAGTTGTAAACGGTTTGTCCGATTTCTCAGCAATAAA
TCGGAATATATATGTAGACAAAGTGTGTTGTTTTAGGAGGGGAAGGTTCTCTAAAGTCCAAGTAGGTCCTATCCATTTTTGTGTTTTCTTCTCTT
ACTTGCAGATTTTTTTTTCGTTTTTTTTTTTTTTGCTTTTACAACATTCTTTTTTTTTTTGTGTTGATTTTTGGGGAGGGGTGTGTGGAAATGTTTAT
AAATTGTATGTTTTAGGCAGCTACCGATTCGGAATCGTTGTAGTTATCCGAAACATAACCGTCGTTGGCATCATTTTCGCCATCGGAGTTCCATT
TGAGGCCATCTCCTTTGGTTGGTGTCCCATCCACGGCACGGTCCTCGTCGTTCGACTCCTTCTTGGAGTTGTGTTGGCCCTGATCGGCGGAATCA
GCATCATCTGCATCGTCATCAATATTTTTCGCTGGGCGACTACGGGGCTTTGTTGTTTCCTCTTTGGACACCTTGCCAGCGGCAAGAGAGGGACG
TCCACGTTTCTTCGGCGCCACTACCGTCTTCTCAGGCGAGCTGTGTTCCTCCTCCCCGGAGTTCTCATCGTCCTGATCGTCGTCATTGTCCTCGT
GCTTCTCGACGGGTGCAGCATTGGCCTTTGGACGACCGCGCGGACGACCGGTGGGTACGTAGCCAGTACTGCCACCGCTACCCGACTTGTTCTGT
GGTGGACGACCGCGTTTCTTGGGCACTTGTGGCTCCCCATCGCCATTGGACTCGACAGCCCGCTTCTTGGGTCTTCCCAGGCCGCGTCCCGTGCG
CGATATGTTCAGGTTGACGGATCCAGCCGACGGTCGGCCCACTGGGCGACGTTCTTCGATGCTGCTGTTGCCGTCGTCGTCCTCATCCTGATCGT
CTGTTTTGAAAGAAACAAAGCAATGTTAGTTAATAGGTATAATAATGAAATGAATCCAGGAATATATTTAAAGTAATATTTGTGAAGGTAAATCA
ATGGTCTATCGACCATTTACATATTTTTGATTTTGATTGATTGCATGGTTGCGGAATGTTGAAATCATGACTCTACCTGTGATCTTCGAAAAAAA
ATCACCAGGTAGCGTAAAGATAAAAGTGCAAGTTTGGTGGAAGCAAACAGTGCTTAAATTTCCATTAATTGAATTGAGACCATGAAATGTTGGGG
ATTTACGTACTAACTGCACTACCATAGGCTCACCTTCATTCTCGCTATCGCTGGGCTGGTGCTTCTTGGGCCTGCCGGCCTTGCGCTTCTTGGCG
GAACCGGGCGTCTTCACCGAATCCCCGGATCCTGATCCGGCGCCACCACTGCTCTTGGGTCGTCCCCTGCCCTTCGTCGGCGAGGGTGATGAGTT
GTTTGCAAGCTCAGCGCCGGAGCCATCGCCATCGCCGTCCTCCTCCCCCTCGTCTTCGGGATCTTCGTCATTTTGGATTTTTGACGCCTTCGGTG
GGCGACCCCGCTGTCCACCACCGCCACTGGAGCCCTTGTTCTTGGCGGGACGACCGCGCTTTTTGATGCCTGGCGAGATTGCTGCAACCGCCGCT

GTTGAAGATTTACCACCGACGGATGCCTTTGACGGTCGGCCGCGCTTCTTTACCGCAACTTCCTCCATTTCTCTGTACGGGATTCAATTAGCAAG
CGAATAAAAAAAATCCTTGTTTCTTCGCGTCCCCTCACACACACACGCGCACAAATGCTCTCTCTCACGAACACACGCTCACTCTTTTCGCTTGG
CTCCGCTCTTCTTCTTCACCTTTTTGTTTGCCGAAAATCAAGCTGGAAAAATATACAGAAAAACAATTTTGCATTAGGGCTTGAATGCGCATAAA
TGCTGCAAAAAATATTCTCAAAAAATTCTTAAAAATTCTAGTTTTTCCAGATCCGAAAGGGAATTACTTGCGTTACTTACTTTGCCTTCTCAATT
TGTAATTGTAAAATACGCGCACGCTAGTACAGTTCAAAGTAGTGATGTAAAAAAAAATATGTCGGTGCATCGAGCAGCGATAATTTTTGCGATAT
TTTTTTCGATTTGATATCGATTAAGCGCTGCATCGATGCGTTCAAAATTGAGGCCGTTTAATTTAAGTTTGCGTAAAACAATTCCCTTTCATTTG
GTCATATTGCATTTTAACTATGTATTAACATAAAATGAAACGTAGCTTTTGTGAAAAACTCTTTTTACTTTTGGAAATTGTAAGGTGTAAAAATT
GTCTACTTACAGTTTAGGAATATCAAAAGAAACAAATTTATAAAAAACTTGAACTAAAGCAATAACCAAAAATTATTTTTTGAACTTCCTTCTTG
CGTGAACAACCAAGTTAAGCTATCCATATGTCCAAAAGTTAAACAAGTTTGAAGTGACTACATGAGACGGCTGGCCTACTATTTTAAAATATGGT
ATGTTGTGTTCAAATTTTTTTTTTTGCTTGAAGCGCCAAGCTCCAAGTTTTTAAAACAAGAGAGTACAGTTTAGAAGCAACCGTTTATTAAATAG
TTACACATATTGCAGTTTATTAGGCTAATCACAGTTGAATAATTAAATACTATTTAGTGGGCGCTCACTTCCACAGCTTGATGACACCGTTTCGC
GATGCAGATGCTATGTAGATCTGGCCCTTGTCCTTGCACATCAGCAGATCCGTGATGGCATCGTGGTGACTGGCCGTTGGCATATCCGGCCCCGA
GCGGGGATTCTCCTCCGTGGACGATCGCAGCTGCTGCGAGTCGCCCGTGCTGGCCATGGAAATGATTTGCTCCTCGATCACTTGGCTGCCATCGA
TTAACCGGGCACTGAAGGGTGGAATGAATTGATAATTTTATTATATTATCATTATAATAACAGATCAATAATTACCCATAGTTGAAAGCCACATC
TGCCAGGTTGTCATTGGCAGCGGGTACTTTAAGCGATGAGTTCTTTGGGTTGGTGATGTCCCAGTACCGGATCCGCTGATCCGAACTGCCGGTGA
GAA
(SEQ ID NO: 1063)

Exon: 3183..3121
Exon: 2987..2409
Exon: 2090..1001
Start ATG: 2823 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT27541
ACATCACTACTTTGAACTGTACTAGCGTGCGCGTATTTTACAATTACAAATTGAGAAGGCAAACTTGATTTTCGGCAAACAAAAAGGTGAAGAAG
AAGAGCGGAGCCAAGCGAAAAGAGTGAGCGTGTGTTCGTGAGAGAGAGCATTTGTGCGCGTGTGTGTGTGAGGGGACGCGAAGAAACAAGGATTT
TTTTTATTCGCTTGCTAATTGAATCCCGTACAGAGAAATGGAGGAAGTTGCGGTAAAGAAGCGCGGCCGACCGTCAAAGGCATCCGTCGGTGGTA
AATCTTCAACAGCGGCGGTTGCAGCAATCTCGCCAGGCATCAAAAAGCGCGGTCGTCCCGCCAAGAACAAGGGCTCCAGTGGCGGTGGTGGACAG
CGGGGTCGCCCACCGAAGGCGTCAAAAATCCAAAATGACGAAGATCCCGAAGACGAGGGGGAGGAGGACGGCGATGGCGATGGCTCCGGCGCTGA
GCTTGCAAACAACTCATCACCCTCGCCGACGAAGGGCAGGGGACGACCCAAGAGCAGTGGTGGCGCCGGATCAGGATCCGGGGATTCGGTGAAGA
CGCCCGGTTCCGCCAAGAAGCGCAAGGCCGGCAGGCCCAAGAAGCACCAGCCCAGCGATAGCGAGAATGAAGACGATCAGGATGAGGACGACGAC
GGCAACAGCAGCATCGAAGAACGTCGCCCAGTGGGCCGACCGTCGGCTGGATCCGTCAACCTGAACATATCGCGCACGGGACGCGGCCTGGGAAG
ACCCAAGAAGCGGGCTGTCGAGTCCAATGGCGATGGGGAGCCACAAGTGCCCAAGAAACGCGGTCGTCCACCACAGAACAAGTCGGGTAGCGGTG
GCAGTACTGGCTACGTACCCACCGGTCGTCCGCGCGGTCGTCCAAAGGCCAATGCTGCACCCGTCGAGAAGCACGAGGACAATGACGACGATCAG
GACGATGAGAACTCCGGGGAGGAGGAACACAGCTCGCCTGAGAAGACGGTAGTGGCGCCGAAGAAACGTGGACGTCCCTCTCTTGCCGCTGGCAA
GGTGTCCAAAGAGGAAACAACAAAGCCCCGTAGTCGCCCAGCGAAAAATATTGATGACGATGCAGATGATGCTGATTCCGCCGATCAGGGCCAAC
ACAACTCCAAGAAGGAGTCGAACGACGAGGACCGTGCCGTGGATGGGACACCAACCAAAGGAGATGGCCTCAAATGGAACTCCGATGGCGAAAAT
GATGCCAACGACGGTTATGTTTCGGATAACTACAACGATTCCGAATCGGTAGCTGCCTAAAACATACAATTTATAAACATTTCCACACACCCCTC
CCCAAAAATCAACACAAAAAAAAAAGAATGTTGTAAAAGCAAAAAAAAAAAAAACGAAAAAAAATCTGCAAGTAAGAGAAGAAAACACAAAAATGG
ATAGGACCTACTTGGACTTTAGAGAACCTTCCCCTCCTAAAACAACACACTTTGTCTACATATATATTCCGATTTATTGCTGAGAAATCGGACAA
ACCGTTTACAACTGCACTGCACTGTAATGACGACACATAGCTCGGAAAACGATTTCAACTTGGATTGAAATTACCAAATAAATAACACATAAATA
ACATATTTGGGGAAGATTTCAAGTTCCGAAGTAGAACTGAACTTTATTGTAACAACAAATTTGATTTGATTGCAGAAATTTCAATCGTATACAAG
TTTAAATAAACCTACTATACCT
(SEQ ID NO: 1064)

Start ATG: 228 (Reverse strand: CAT)

MEEVAVKKRGRPSKASVGGKSSTAAVAAISPGIKKRGRPAKNKGSSGGGGQRGRPPKASKIQNDEDPEDEGEEDGDGDGSGAELANNSSPSPTKG
RGRPKSSGGAGSGSGDSVKTPGSAKKRKAGRPKKHQPSDSENEDDQDEDDDGNSSIEERRPVGRPSAGSVNLNISRTGRGLGRPKKRAVESNGDG
EPQVPKKRGRPPQNKSGSGGSTGYVPTGRPRGRPKANAAPVEKHEDNDDDQDDENSGEEEHSSPEKTVVAPKKRGRPSLAAGKVSKEETTKPRSR
PAKNIDDDADDADSADQGQHNSKKESNDEDRAVDGTPTKGDGLKWNSDGENDANDGYVSDNYNDSESVAA*
(SEQ ID NO: 1065)

Name: CHROMOSOMAL PROTEIN D1
Classification: DNA_binding
Gene Symbol: D1
FlyBase ID: FBgn0000412

Celera Sequence No. : 142000013384504
GAACTAAAACCAAAGAACAGGCAACTTGCCAATTCTTATCAATGGAGCTAACTCAAAAAGTGATATCAGTAAGTAAATAAATCTTAATTGAACAT
ATTTATGAAAAGATAATAGGGCGCCAAGGAATTAGTAAACGTTGGTGCTTTACAGCGTTATCGGACACGATCTGCCAATCCCAAAAAAATCACCT
GTTACACCAAATGCAGAAAAAATTAAAAACAACCATGCGAGTTCTTTTTCTCATTTGCTAAATTATTAAGCTTTAGTTTAGCAAACTTGTTTTTT
TTTTGTTTTAATTACTTGTTTGTGTTGGTTTCTTGTTTCATATAGTACATTCTATCTCGATCTATATATTTAATAATATATATACCATTACTATT
TTTATGTTTTCTTCGTTTAAAATCATCAATTGAAGTTCAAGGATTTGCGCTTTCATCGTTTCGATCCGACATTGACAATATTTATGTCTAGATAT
ATATATATATATATATATAAGAATACATATATATATATATATATATATGTATATTAAGAGTTCCAAGAAAAATGATGTGTGAGAATTGTAACTTATG
GACAAAAATTCAAAATTTTATCATTTGCTTAAATATTCTTAATATTTGTGGTTGTTTAGCATATTTTAAATATGTATGTGTTTGCTTGCATATCC
TTCAACTACGCGCATCGAATTCATAAAATATAATGATGGGTGAGATGGAAATGGAGGGCGGCTTGGGCTGGCTATACATGAATGTAATATACTTT
CGCGATGGACTTGCACAGTTTATTATTAACGCTTGCTCCTGGTTTTTGAGGTTGTGAGAGAGGAGTGAATTGCTAAACGAGGGTGGGGTGGAGGG
TGCATCTGTGTATCTTTTCTGTATTTTCGTGATTTGTGTTGCGCTGCGCACAGACAGTTTCTCTTTCACATTTGCTGTTCCTATATAGTATACGT
GTGTACACATATATAGTTGTTATCGACTTTGTTTTACTCCGTTTGGTTATTTGCGAAAGTGGCTACGATGCGACTGCTGATGCTGCTGCTGCTGC

TGGCCCAGGTCCTTTGCCTGAAGCTGAGGCCTTGCTCATTGAGCCCACCAGTCGGGTGCGTTCGAAGAGTGCGAGGCACTGCCGCCGCCGCGTAGGA
GCCGCCATAGGAGCCACCACCGGCGCCGCCGCCATAGTATCCACCGCCGCCCGAATTGCCGCCTGTAAAGGAAATCCACTGTTAAGTTTCTGCCT
TTAAACTGATTACTGCTGATGGATGATTCCACACTCACCAAACTTACCGTACGAGTTTCCATTGCTGCGGTAACTGCCGCCGCCGCCTCCTGATC
CGGAACCACCGCTACGTGGTGGCGGTCCACTGCGTCCGCCACCGCCGCCGCCAGAGCTTTGACGGTAATCCCTGGAGCCGAAGCCGCCACCATAA
CGTCCACCACCGCCTCGTCCAGCCCGCTTGGCTCCGCCATGTCCGCGATCCGAACTCATATCCTCCATGAAACTGGGGATCTCCTGCTTCGTTTC
GATCAGCAGCTCCAAGAGATCGGAGCAAATGTTGCGGTTCTTTTCGTTGAAAAAGGAGGTGGCCACACCAAGATTACCCATACGTCCGGTACGCC
CGATACGGTGGACATACTCCTCCACATCCGAGGGCAGGTCAAAGTTAATAACGTGCTTAACGTGCGGAATGTCCAGGCCACGAGCGGCCACGGCT
GTGGCCACCAGGATGGGGCAGTCGCCCGATCGGAAGCAGCGCAGTGCCTCCTCGCGCTCCTTCTGCGTGCGATCACCGTGGATGCTAGTGACGGG
ATGATTGCACTGGTACAGGAACTCCTCCAGCGAGTCTGCACCCTTCTTAGTCTCCACAAAGATCAGTGTTAGGCTGTCTTTGGTGTATTCGGGGC
CATCGCGGATAGACGAGAGCAGATCCAGCAGATACGAGCGCTTGTCGGGTTCATAGACCCACAGGATTGTCTGCGTAATGTTCTCAGATGTGGAG
CCCACACGACCAACGGCCAAGAAAATGTAGTTGCTGAGGAAATCGCTGGCTAACTCCTGGATCTGCTTGGGGAATGTGGCCGAGAACATAAGCGT
CTGGCGCTGTCCGGTTGGCGGCATGTTTAGCTGTTCGACGATGCGACGGATCTGCGGCTCGAAACCCATGTCCAACATACGATCAGCCTCATCCA
GTACAAGGAATCGAATGTTCTCCAGTCCCACCTTTCCGCGTGTGATCATGTCCTCTAGGCGACCGGGTGTGGCCACAATCAGATGGCAACCGCGG
TCCAGCTCGCGCATCTGCTCGCTAGTATTGTTTCCGCCGTACAGCACTGCCGGGCGCATCCGGGAGCGATAGGCGAACTTCTTGGCCTCCTCAAA
GATCTGGGTGGCCAGTTCGCGGGTCGGCGCCAGCACCAGACCCAACGGATACTGCTTGCGCCGGCTGTACTGCCGGGTGCTTTGCGGCGGGGGCA
CATGTCCCAGCTCGTACATCTGGTTGAGAATCGGCACCAGGAAGGCGGCCGTCTTGCCGGATCCAGTCTGGGCGCAGGCCATTAGATCCCGGCCA
TTGATAATGATCGGAATGGCGTGCTTCTGCACCGGTGTCGGTTTGTCATAACGTGCTAAGGCCACGTTGTTGCGGATAATCTCCGTCAGCTGCAC
ATCATCGAACGATGTGATGTTCGGGGGCACATTCTGGCCCGTCGCCTCCACGGGTATATCCTCGTATTTGTCAAAATTGATTCCCGTATTGCCCA
CGCCGAACAGCTCCACCTCCAGGCGCTCATCTCGGGCGCCCAGCTTTGTGTAGTCGACGTTTGAGCCGCCGCCCTCCTTCCAGCGGCTGTTGTAA
CCGCCGCCTCCGCGCTCGCCGCGATTGTTGTAGCTTCTGTTGCCGCCGGCAGACTGTCCGCCCTCGCTGCCATCGAATCCGGCAGGACGTTCTGG
CTCCTGCCAACGATCGTTGCGCGGCTGCTGCTGCTGTGCCTGGCCATCCTCGGCAGTCTGCTCGTTGAGGTTGCTACCGCTTCCGCCGCCAC
CGCCGCGGTACGATGGTCCGCGTCCAAATCCTCGACCTCCTCCGCCGCCTCCGCCGCTGCGATTCCAGTCACCGCCGCGACGCGAATCGAATTCA
CCACCTGCAAAAGTAATTACATTTTCTCTAATAATATGGGCATATTAGAGGACCAAGTATAAGTCGTACGCATTACGATTTTAAGGATCATTACA
TTATGGAGCTGTAAAAATTAATTAAATGTCCTTGTGCTTCTTGATAGTGAATAGACCACCTGTTAGCCAATAGTACCCACCGTTGTAGTTGTCCT
CGAAACGTCCACCGCCTCCACGTCGTCCTCCGCCGCCGCTTCCGTAACCGTAGTCGCCGCTCTGGCGATTGAAGCCGCGACCACCACCGCCGCCG
CCTCTGCGGTATTCGCCTCCGCCTCCGCGCGACTGTTGAGGGTCCCTAGTCTCCTGGCGCGGATTCCCGGATCTGGAGTCGAAGCCCTGACCCTG
GCCCTGTCCTTGGCCCTGGCTCTCTGCGTCCGCTGCGTTGTTATTGCCACCACCACCACGAAGGTGCGGGGGCACATACACACCACCGGTGACCG
AGTTAGTGGAAGTCTTGCTGGTTATGGGGCCGCTGTAGTCAGCAGAGCCGCCATTCAAGTCCAGACCAGCAACCTGCAAGTGATAAAGATTAAAT
GGTTAGTCTTCTTCAGAACTTGTGCAAAAAATGTGGCATCAAATGTGGTTTCCTAACACTTAAATTATAGGTTTTGTTCTATTTTTTTTGTACTT
AATCATTGGTTTAAGATTACTTTTCTTTGTTATATACCAAGTTTACGGGAACACAGTGCATTTAATGATAAGATCTATACCAGCAATGCAAAACT
AAGCTACACAAATAATCTTTGCTCCACTAATACAATTGATTTATAGTACACATGGCCAATTAACATATGTTGCCTGTAAGTTAGCCGGCACCAGT
TCAAGAATCAAGTTCAACAGTTTGGCAAAAGATTCGCCGGGGAAATTTTCTCCAGAACTGCCAAAATGAATTCGTTCCCGCTTAGCAACATGTGC
TATTTACCGCTCTTCCTCTTAGCAACGCAACGTGTATATATACATAGATACATATGTATGTACGTGCAAATCTCCGGAATACACAGATAGAGAGA
GGCGCAACTAGTTTAAAGCTTCGAATTTAGTGCTCTCCCTGTAAGCGTCTCTCTCGCACTCGCAGGCAAGCTATTACACAAAGAGAGTCCGCCTG
GTAACCCAACAAAAACAACACGTGAACGAGCCACCCACACATGGGAAAACAAATCGCACCGTAGGGGCAAAACACAAAGCCCGGTTGCGGGACCC
AAGTGGACAGAATGGTGATGAAAGCAAGGGAACTCTTTCAAGAACTAGTTTAAATGTATACAATGATTATTATTCCCGTATATCTTGTAATATTC
AATATTTTGCCTTCTTCATTTATATTAATTAACAAAGGCAGCTAAATATGTAATTCGCAGATTTTGTGGGGCGTCACTTAACGGCTAGATCGTTG
CTAGATTCATTGCGTGCATTTGAGGCATACAGAAATAGTAGTATTTAACTAAACTATTTCCATTTGAAAGCATTAACGTTTGTTTATTTCACATC
TCTAATAAAGTTTAATTCTTTTTAAGGACCTAACAAAGGCTTGTTAAAATAGTGTATGTAGATTACATGCTTTGCTTTTCTTCCATTTTTTTTTG
CCAAATCACCCTTGAAATTAATCACCAGATCGCTTACTCCTGGCAACCCTATTTACAACAGCTTCCACATGTGTGAGCAAGCGAGAGAGAGCGAG
ATATAACACACACACGACCAGCCTTAGAACAGCGGCACTGCTCGCACACACGACACACTCAACGTGAGAGGCCGAATGGAAACTTTCATATGT
ATATATTATACATGTCAAATTGGAGGCAAGCGAGCAAAAATTATACAAAAGAAATTACAAATTGGAATGACGAAGAGGGACCCAGGCGCACACAC
ACACGCACATATATGCAAGCCATTGACACCGACACAATTCACCGTTGTAAAACGAGCGATAGAGACATTAGTGTGTTATGAAATCAATAAATTTC
TAGGCGAACTTTTTCAAATAGCCGCATGAGCATCACGAACACACACACAGCCACCGCATACACATGCGTGTTCCATTCTTATATAGATGGTAA
ATGGTATTTTCAGCAGTTAAAAACGCTACTTACTTGCTGCTCTAGACCTGTGCCATTTTGGTTAATAGCATTACTCATATTATCCTCCAATCAGT
TGCTTTTTTTTTCTTGCTTTCCGTTTAGGAAAATTTTGCAATGGTTACGCTTTGAATTTTTTTTTTTGAATGCACACTTGCAATTTGCGACAAAA
AAATGTATACGATCGTTGTGTTGGTGTTGCACTTTGTGTCTATACGTTTTTCCTTAGTTTTTCCGACAAAAAACTTCTTACGTTCCACAAGCTAC
TGCGTTCTCGTGTGAAATTTCAGGGTTCTTTTCGTTCCTCGCACACAATTCCCTTTGTTCGGCTTGAAACTGAGACGTTTCCGTATCGGATTTGG
CTGGCCTGCTTGTGCCAACAATTACAATTACAAGCGCTATGGGCTTGGAAAATGCTGCTTCTCCGACGAGTTCACGTTTTTTTCCGCTTTCAGAC
GCGTGTCTAAAAAATCAGGGCTGCTTTAGCACGTATATCGATGAGGAATCGATAGATGCGGTCGGTGGAGGTAGAGCAGAGACTCCAACCTGGGC
TCTCGGCGGCGGTTACTGGCAAAGACTCCGGCAAGGGCGTTGCCAGATCTATATCCTCGTCTCGCGGTCTATGAAATTCAAATTGAATTTTTTCA
CTTTTGCTTTTTCGGCGCGTCGATCCCTTCTAGGCTGTTGTTGTTTTTTGAATGGAAGAGAAATGAGGCTGGGCAGTTAAATTTTGTTTCTTAAA
GGCCAAAAATGTTTGTGTTTATGTTTAGGAATAGTTGTTTATAAGGCGTCAGCCGCTGTACCCCATTTCGTTATTTGAAGCAAAAGTCAAAGAAA
TTCAAATTAAATTTGAAATTTAGTATATATATGTGATTGCCGTAAAATAGGTATTAAAAATTTCCAAACAATTCCATACTCAAGTTCCCTCCAAG
TCTGTTAAAGAAAACTAAAATTCGAAGTTTCGAACTCTGGAATATATTCATTCACTTTCGTCTTCAGAATATACATATTGTGAATGTACATGTTT
ATATAGAATAAATGCTTTTGGTATTGGCCTTAGCTTGAGATTAGTTAGTGGAACAATAAATATGGCTATAAAGTATCGTATATATGTATATAATA
ATAATTTTCATATCGTTCAGCCCTTGAGCAGGCAGCGGGAGTAGAACTCCCGGTCGATAGCGTCGTTTGGAATGTATGAGCTCCACTTGAAGATC
AGCGCCAGCGTGTCCCCGGCGGACATGTGATCCAGAGCGATGTTGAGGAAACAGTTCCAGTTGTAGAAGAAGTGGCGTCCCAACTGTTCCTGTTC
CACGCCAGATATGCACTCGCAGTTGGCGCACACCAGTCGTCCGCCGCGTTGCAGTTCCACGAACTGTTCGAAGCAGCGGCCCCATGCGCTCACGC
TCAGTTGTTTGCCCACGTCAGCCAGAAGTTCGGGGAGTCCGTAGTTGAGGACGATGGCCACCACTTTGGTGAGATTCTGTTCGGCTAGGTAAAAT
TTAGCTAAGACGTCTAATAGTGCCGGCACTGATTGAACAACATCAAAGCACTTCAGTTGCTCGCCACGGGACCAGAAGTATCGCAGGAGCACTGC
TCCAAGCTCATGATACTGGCAGGAGGTATCGAAGCGAAGGGGGAACGAGCAATGCTCACACTTGACAATCTCCGCATTTTGCGAAGTATTTAGCA
GCACAAATCCGGCAGCTATGTGATCCCGCGTAGCGTCGTCCACTTCCCAGATCATCTCCGGATCCAGGTAATCGAAATACATCTCGTAGCAATTG
CGTTGCGCTTGGTC
(SEQ ID NO: 1066)

Exon: 6044..5259
Exon: 3683..3311
Exon: 3139..1283
Exon: 1202..1001
Start ATG: 5303 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT27543
ACAGCGGCTGACGCCTTATAAACAACTATTCCTAAACATAAACACAAACATTTTTGGCCTTTAAGAAACAAAATTTAACTGCCCAGCCTCATTTC
TCTTCCATTCAAAAAACAACAACAGCCTAGAAGGGATCGACGCGCCGAAAAAGCAAAAGTGAAAAAATTCAATTTGAATTTCATAGACCGCGAGA
CGAGGATATAGATCTGGCAACGCCCTTGCCGGAGTCTTTGCCAGTAACCGCCGCCGAGAGCCCAGGTTGGAGTCTCTGCTCTACCTCCACCGACC
GCATCTATCGATTCCTCATCGATATACGTGCTAAAGCAGCCCTGATTTTTTAGACACGCGTCTGAAAGCGGAAAAAAACGTGAACTCGTCGGAGA
AGCAGCATTTTCCAAGCCCATAGCGCTTGTAATTGTAATTGTTGGCACAAGCAGGCCAGCCAAATCCGATACGGAAACGTCTCAGTTTCAAGCCG
AACAAAGGGAATTGTGTGCGAGGAACGAAAAGAACCCTGAAATTTCACACGAGAACGCAGTAGCTTGTGGAACGTAAGAAGTTTTTTGTCGGAAA
AACTAAGGAAAAACGTATAGACACAAAGTGCAACACCAACACAACGATCGTATACATTTTTTTGTCGCAAATTGCAAGTGTGCATTCAAAAAAAA
AAATTCAAAGCGTAACCATTGCAAAATTTTCCTAAACGGAAAGCAAGAAAAAAAAAAGCAACTGATTGGAGGATAATATGAGTAATGCTATTAACC
AAAATGGCACAGGTCTAGAGCAGCAAGTTGCTGGTCTGGACTTGAATGGCGGCTCTGCTGACTACAGCGGCCCCATAACCAGCAAGACTTCCACT
AACTCGGTCACCGGTGGTGTGTATGTGCCCCCGCACCTTCGTGGTGGTGGTGGCAATAACAACGCAGCGGACGCAGAGAGCCAGGGCCAAGGACA
GGGCCAGGGTCAGGGCTTCGACTCCAGATCCGGGAATCCGCGCCAGGAGACTAGGGACCCTCAACAGTCGCGCGGAGGCGGAGGCGAATACCGCA
GAGGCGGCGGCGGTGGTGGTCGCGGCTTCAATCGCCAGAGCGGCGACTACGGTTACGGAAGCGGCGGCGGAGGACGACGTGGAGGCGGTGGACGT
TTCGAGGACAACTACAACGGTGGTGAATTCGATTCGCGTCGCGGCGGTGACTGGAATCGCAGCGGCGGAGGCGGCGGAGGAGGTCGAGGATTTGG
ACGCGGACCATCGTACCGCGGCGGTGGCGGCGGAAGCGGTAGCAACCTCAACGAGCAGACTGCCGAGGATGGCCAGGCACAGCAGCAGCAGCAGC
CGCGCAACGATCGTTGGCAGGAGCCAGAACGTCCTGCCGGATTCGATGGCAGCGAGGGCGGACAGTCTGCCGGCGGCAACAGAAGCTACAACAAT
CGCGGCGAGCGCGGAGGCGGCGGTTACAACAGCCGCTGGAAGGAGGGCGGCGGCTCAAACGTCGACTACACAAAGCTGGGCGCCCGAGATGAGCG
CCTGGAGGTGGAGCTGTTCGGCGTGGGCAATACGGGAATCAATTTTGACAAATACGAGGATATACCCGTGGAGGCGACGGGCCAGAATGTGCCCC
CGAACATCACATCGTTCGATGATGTGCAGCTGACGGAGATTATCCGCAACAACGTGGCCTTAGCACGTTATGACAAACCGACACCGGTGCAGAAG
CACGCCATTCCGATCATTATCAATGGCCGGGATCTAATGGCCTGCGCCCAGACTGGATCCGGCAAGACGGCCGCCTTCCTGGTGCCGATTCTCAA
CCAGATGTACGAGCTGGGACATGTGCCCCCGCCGCAAAGCACCCGGCAGTACAGCCGGCGCAAGCAGTATCCGTTGGGTCTGGTGCTGGCGCCGA
CCCGCGAACTGGCCACCCAGATCTTTGAGGAGGCCAAGAAGTTCGCCTATCGCTCCCGGATGCGCCCGGCAGTGCTGTACGGCGGAAACAATACT
AGCGAGCAGATGCGCGAGCTGGACCGCGGTTGCCATCTGATTGTGGCCACACCCGGTCGCCTAGAGGACATGATCACACGCGGAAAGGTGGGACT
GGAGAACATTCGATTCCTTGTACTGGATGAGGCTGATCGTATGTTGGACATGGGTTTCGAGCCGCAGATCCGTCGCATCGTCGAACAGCTAAACA
TGCCGCCAACCGGACAGCGCCAGACGCTTATGTTCTCGGCCACATTCCCCAAGCAGATCCAGGAGTTAGCCAGCGATTTCCTCAGCAACTACATT
TTCTTGGCCGTTGGTCGTGTGGGCTCCACATCTGAGAACATTACGCAGACAATCCTGTGGGTCTATGAACCCGACAAGCGCTCGTATCTGCTGGA
TCTGCTCTCGTCTATCCGCGATGGCCCCGAATACACCAAAGACAGCCTAACACTGATCTTTGTGGAGACTAAGAAGGGTGCAGACTCGCTGGAGG
AGTTCCTGTACCAGTGCAATCATCCCGTCACTAGCATCCACGGTGATCGCACGCAGAAGGAGCGCGAGGAGGCACTGCGCTGCTTCCGATCGGGC
GACTGCCCCATCCTGGTGGCCACAGCCGTGGCCGCTCGTGGCCTGGACATTCCGCACGTTAAGCACGTTATTAACTTTGACCTGCCCTCGGATGT
GGAGGAGTATGTCCACCGTATCGGGCGTACCGGACGTATGGGTAATCTTGGTGTGGCCACCTCCTTTTTCAACGAAAAGAACCGCAACATTTGCT
CCGATCTCTTGGAGCTGCTGATCGAAACGAAGCAGGAGATCCCCAGTTTCATGGAGGATATGAGTTCGGATCGCGGACATGGCGGAGCCAAGCGG
GCTGGACGAGGCGGTGGTGGACGTTATGGTGGCGGCTTCGGCTCCAGGGATTACCGTCAAAGCTCTGGCGGCGGCGGTGGCGGACGCAGTGGACC
GCCACCACGTAGCGGTGGTTCCGGATCAGGAGGCGGCGGCGGCAGTTACCGCAGCAATGGAAACTCGTACGGCGGCAATTCGGGCGGCGGTGGAT
ACTATGGCGGCGGCGCCGGTGGTGGCTCCTATGGCGGCTCCTACGGCGGCGGCAGTGCCTCGCACTCTTCGAACGCACCCGACTGGTGGGCTCAA
TGAGCAAGGCCTCAGCTTCAGGCAAAGGACCTGGGCCAGCAGCAGCAGCAGCATCAGCAGTCGCATCGTAGCCACTTTCGCAA
(SEQ ID NO: 1067)

Start ATG: 742 (Reverse strand: CAT)

MSNAINQNGTGLEQQVAGLDLNGGSADYSGPITSKTSTNSVTGGVYVPPHLRGGGGNNNAADAESQGQGQGQGQGFDSRSGNPRQETRDPQQSRG
GGGEYRRGGGGGGRGFNRQSGDYGYGSGGGGRRGGGGRFEDNYNGGEFDSRRGGDWNRSGGGGGGGRGFGRGPSYRGGGGGSGSNLNEQTAEDGQ
AQQQQQPRNDRWQEPERPAGFDGSEGGQSAGGNRSYNNRGERGGGGYNSRWKEGGGSNVDYTKLGARDERLEVELFGVGNTGINFDKYEDIPVEA
TGQNVPPNITSFDDVQLTEIIRNNVALARYDKPTPVQKHAIPIIINGRDLMACAQTGSGKTAAFLVPILNQMYELGHVPPPQSTRQYSRRKQYPL
GLVLAPTRELATQIFEEAKKFAYRSRMRPAVLYGGNNTSEQMRELDRGCHLIVATPGRLEDMITRGKVGLENIRFLVLDEADRMLDMGFEPQIRR
IVEQLNMPPTGQRQTLMFSATFPKQIQELASDFLSNYIFLAVGRVGSTSENITQTILWVYEPDKRSYLLDLLSSIRDGPEYTKDSLTLIFVETKK
GADSLEEFLYQCNHPVTSIHGDRTQKEREEALRCFRSGDCPILVATAVAARGLDIPHVKHVINFDLPSDVEEYVHRIGRTGRMGNLGVATSFFNE
KNRNICSDLLELLIETKQEIPSFMEDMSSDRGHGGAKRAGRGGGGRYGGGFGSRDYRQSSGGGGGGRSGPPPRSGGSGSGGGGGSYRSNGNSYGG
NSGGGGYYGGGAGGGSYGGSYGGGSASHSSNAPDWWAQ*
(SEQ ID NO: 1068)

Name: DEAD box helicase
Classification: RNA_binding

Celera Sequence No. : 142000013384638
AAGTTCTTTTTTTTTGAGCGTCCTAACTAGGGAGGGTGCACTGTACATACAGCTTGTATGACTTTATTTTAAATACGTGATTGGATTGTAAATGG
GAAATAAATTAATAATTTTCAAGCGTAAACTGAGATTAGTACACATCCTTTTTGACACCACTGTTTCAAAAGGTGACAAATCCTTTAGGCCGCCA
CTGTAAATGGGAGTAGGCTCCTTTGTCCCTCCACTGTTTGCACATACACACACGCAGAAGTTGAGTAAAAATTTCACAAGTTTCTTGTCGAAAAA
CGCAATTTCTGTGCAACAACAACCGATTAATTGCAAGTAAACTGCGCATTTGTGTCTAGCCTTTTTAAATGATATTTACTTTTTTGTTATACTAA
GTTACGAATTTCTATAAGTCACAAGAAATCATCACATTTTATACGAATGATGAATTTGTCTTAATCACGCTTTCGTTTCTCATTTCAGTTAAGTT
TTTACTCTGTTTGTGAGTCAGATTTAGCTAGGAAAGTACCTTTTATCAGTACGGGAAAAAATCTTCGTTAATTTTATACTGCCAGACGACGTTGT
TTTTGTCGATGGTTAGTGATGGCAAACTTTGGTTTGGCGAGCCCATTAGTGGTGCAAAAAAGCACAAATCTAACGAACACCAGAAAAACTTGTTC
GTGTCACGGAGCAGCATGCACGAAATATCGCTAAGAACTATTTATATAGTGACTGAATTCAAGTCTGTGTATATTGACAATGTCTAATAATAAGC
TTATAATTCTCTTCCCACGAATTACAAAATGGATTTTATATAAAAATTTAGATCGTAATAGCCGTTGTGAATTATTTAATCTATTGTTCGCCAC
ATCTTCTTAACCTAAACAATTTATTTATTTTTTTTAAACATTTTTAGTGCTTGAGCAGCAATAATCAACTCACTCTGCCATCTCTGCTGTTATCG
ATATATCAAAACAGAAAAACGGTCTGCAAAAAGTGTGACCGTTTGCCGTGCTGCTCGCAACTTTGACACGACCAGTTCCAAAATATCGTGAGATT
TACGCAAAACTACTAGAAAATGGTCGGTTGGAGCCGTTTGCTGTCGCCGGCGGCGAAGTTCGCCAGCTACCGGGCTGTCCTGCAAGAGCCCGCGT
GCCGGAATGGTGAGCATTTCTTGAAAATATCCGCCGTAAACACACTTCACATTACGCAACCATATATTCTGGATTTCTAGCCCTGCACCAACAGC
TGCGCAGAATGGGAGGCGATCATGGACACCACCAAATGATCATCAAGCCATCCCGCTTCCAGTGGGACAAGTTCAAGGATCTGTTGCACTTTTAC
GTAATGCTCGGCGTCATCCCAGTCACCGCATTGGTTCTCTACGCGAACATCTTTGTGGGACCCGCGCAGCTCGCCGAGATTCCCGAGGGCTATGA

GCCCAAGCACTGGGAGTACGAGAAGGTATGATGGGCTCGGAAAGGCAACCAATCGATACTAAGATTGTAATTCCGAGATATCTCTTTATTATCTA
GCACCCCATCTCGCGCTTTATTTCCCGCTACATTTTGAACTCGGATCAGCAAAACTACGAGAAATCCCTGCACTATCTCTACGAGGAGAACGAAA
AAGCCCAGATTCGGTAATGCGACGGAAACAACCCAGTTATATCCCATTGTAAAACAATATATTTCCTTTCAGACTCCTTGAGGACGAAGTACGTC
GCAAGATGTCGGAGCGCAATGATTACCAGGCCTACTACTACCGACCATCGGTGGCCAAGTACCACAGGATTTCGAAAGAGGCTGCTGACGAGCTG
GAGGCTCTGCGCGGAGACTAGAACCCTTGTAATATTCTTTAAATACCATTGTTAGGATCCCGTTTTGTGGGAAATAAAGTGTGAAATCGACTTCG
CAACATCATCTTATTCACATTTAATAATATAAAAATTACACAGTAGTCGAATAAATACTTAAGACTTAGCAAAGTCATGTGCGTATCGATTTAGC
CCCACGCCTGATTCTTGCAGTAGTAGAGCACCAGTTTCCCATTGGTTCCATGGCACTCGTACAAGTTCTTGATTATCTGATCCGGGGCAGGTGCA
AATGTCTGATTAACGTACAGGAACTAAAAATTAAGATGACACATAAGATAGGGTTCTCTGGAACTTCATTTGTTACGTGCAATTTGCTCGCTGGC
ATCGAGTTTCAGAAACTTGTGGATGAACGTCTGTATCCAGCCGACTGTCTTGTTGGGATCTACGGTCCAGGTTCGCTTTTTGATGATGGGCACAT
TGCCAGTGGCGTTCAGAAGGATACAAACTGATAATGAAGCAAGTCTTTGTGATAAAACGAATGCAAAATATATAAAGTTAACTTTGATTCTCACT
TTTGGAACCATCCTTATCTGCAGGTGTGGAGGAGGAAGTGCTCAGCGCTGCCTGGGATTCTGGTGTCTCTGCCATTTATTTGGAATGTAACTAAA
TTAAATAGTTCCTAATTAATGAATTAAAACAGCCAATAATGTAAATAAAATATAATCTGTTAGAGATCAGAATTTTCTGAAGAAATTATCGATAG
GTGTCACGAGATTAGCGATTCAGCTAATTATTTGAGTAAAATATGCTGCATATCATCTGATTTTGTTTTAAGGAATTATTTACTCATTTTCTTGT
CATATTTTTTATTTAAACATATTTTTATATTTGTCTATCACTTTGAGACTTTCAAAATTCGTTGTTAATTGTTCCACCTTTAGCGTTAACAGCGG
CTATGTTATTTTACATTCGACTGTTATTGTAACACGTGTGGAGTTTATAAAACAATCCAGGGAAATAAACAAAACTATGAATAATAATCTTTT
(SEQ ID NO: 1069)

Exon: 1001..1149
Exon: 1221..1450
Exon: 1522..1628
Exon: 1688..1848
Start ATG: 1065

Transcript No. : CT27589
CTGCTCGCAACTTTGACACGACCAGTTCCAAAATATCGTGAGATTTACGCAAAACTACTAGAAAATGGTCGGTTGGAGCCGTTTGCTGTCGCCGG
CGGCGAAGTTCGCCAGCTACCGGGCTGTCCTGCAAGAGCCCGCGTGCCGGAATGCCCTGCACCAACAGCTGCGCAGAATGGGAGGCGATCATGGA
CACCACCAAATGATCATCAAGCCATCCCGCTTCCAGTGGGACAAGTTCAAGGATCTGTTGCACTTTTACGTAATGCTCGGCGTCATCCCAGTCAC
CGCATTGGTTCTCTACGCGAACATCTTTGTGGGACCCGCGCAGCTCGCCGAGATTCCCGAGGGCTATGAGCCCAAGCACTGGGAGTACGAGAAGC
ACCCCATCTCGCGCTTTATTTCCCGCTACATTTTGAACTCGGATCAGCAAAACTACGAGAAATCCCTGCACTATCTCTACGAGGAGAACGAAAAA
GCCCAGATTCGACTCCTTGAGGACGAAGTACGTCGCAAGATGTCGGAGCGCAATGATTACCAGGCCTACTACTACCGACCATCGGTGGCCAAGTA
CCACAGGATTTCGAAAGAGGCTGCTGACGAGCTGGAGGCTCTGCGCGGAGACTAGAACCCTTGTAATATTCTTTAAA
(SEQ ID NO: 1070)

Start ATG: 65

MVGWSRLLSPAAKFASYRAVLQEPACRNALHQQLRRMGGDHGHHQMIIKPSRFQWDKFKDLLHFYVMLGVIPVTALVLYANIFVGPAQLAEIPEG
YEPKHWEYEKHPISRFISRYILNSDQQNYEKSLHYLYEENEKAQIRLLEDEVRRKMSERNDYQAYYYRPSVAKYHRISKEAADELEALRGD*
(SEQ ID NO: 1071)

Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384438
AATATGCTAACAAAGTGGATGTCAATTCGACATGCTTAATAAAAACTTACAACTGAGTTCATAAATTTTTGGGAGGAACCAGTATCTGCTAATGT
AACACTGTAACTAATGTTATTGATTTAAAAAAAAAACTTCCGCATTCTGAGATTTAAATTTCGCCCAAAAGTATGCATTACGAATATATTTAAAT
TGGCCACACAAACTTTCATATGAAAAGTTTTTTTTTTAATTAATTTATATATTAAGGCATACGGGGAAATCTTGGAGCCCCTTTGTGTCCTTCTT
TCATATGAAAAGTGTGTTTTTTTATGCTCTTTAGAGTACCTTTTATTCTTCACCAGGATCAAGAATCAGCGCAGTCGATCTGGCCATGTTTGTCC
GCATGAACGTCAAGATCTCATGAACTATAAATGCTAGAAGATTAAGGATGCAGATTGCACAGAAAAGTGTAGGCGTAGCTCAAGTTTATCCTGGT
GCTACCAAACAATTGAAAGTTAAGTAACGCATATGATGCAACGAGGTGCTGGTTATAAAATGTAAGAAACTAGTTTTTAATAGAATGTGTTGTCA
TATTTCGTCACAAAATTTGATATTATAACTTTTGTGTGCCGAAGGTACGATCATCAAAGTTTGATATTAAAGAATATAAATATTACTATTCTTAC
AATAAACCCAGCACCGATGCGACTCCCTGAAACCCTATAGAATAGTGAAGCTCACCAAAGACTGAAACACAACATTTTGTTTTAGCAGTTGGGTG
CTAAATTTTCAGTTGCACATGCATTTATTTTGTTCCTGGTGATGAATACTGTTGTGTTTAAGAGTCTTCAGTAGATTCGAATGCTCCTACAAACG
CCACATGGTCGTTTAGTGTAGGTGTCACAGGATTCATGCTGATTCTTCAATTGAGTTATAAAAAAGATAATCCCATATATATTTTCTTTAGTATG
GAATGTCATTCTGACCAGAGTAATCGATACAAGTTTTGGTTTTTTTTTTTGGCGATCAGAGCACTTTATTACGTAGACCCCCATTGATAAAAAAC
ACAATCAGTTTACAATGCCACCCTTAGTAGATATTACCACTTCAACAAACGCCGTCGTTCTAGGCGGTGGGCAGGAAGGTGAGCTTTTCGTTAAG
CTGCAGCTGGGTTTTGATGAGCTGGGAGAGCGTGATGACCAGCAGAAGGTTGCGTACGTTGGCGTTGAACATCTGAGTGAACTGCTCGTGGGTCA
TGTGCGGCACGGAGTGGATAAGGTCTAGCAGCTGGCGTCCGACGGCGTTGTCGGGGGTTACCTTGTGAGCGATCACGTCGTCAACGTACTTGAGA
ATAAGATCCAGCAGGGACTGCAGCTTCGTGGAGGCCTCCGAGATTTGGGCCAGGTCCAGCATTGGCGGAACGGTCTTGGGACGGTGAGCGGGCGA
AACGCCTACGGTCTTCTGAAGCAGCTTGAGCCCAAATGTCTCCGGCTCGTAGCTGGTCAGCTCGACAGGAATGGGCGTGAACATGCAGCCGCTCT
TGCCGCCGGGAACTCCTAGTTGAATGCAGACATAAGCACGCAGACCCATACGTCCGCCCTGCAGCGAAGTGTCCACGGTGAGGTGAACCGGGTTG
TTGCATTCGCGGGCGTAATACTCGTGGATCACCGAGCTGTGGTTGGTAACGTCGTTGCCGGTGGCCCACCAGCCTACCACGCTCTCGTTGGAGTT
CACCTTGCGGTTGAGGTCGTACATGTCCAGGGCGTAGCTCAGCTCTGCCTCCACCTGGTCATCGTGCTCCTTGTGCGGCACACAGAAACAGTTGG
TAACCTCCACCACACCTTTGTCCACAGAGCCGAGCAGGGTGCCGATGACGCGGTGCGAGTCCGCGTTCCGCCGCTCGAAGGCGTCCACCACCTGG
AAAAGCACCACCGGGTGCACGCGCACGGTCAGATTGAGAGCCGACATGGTAATTTTCGGTGGCCAAGATTTGCAAGGAAAATTTCCGCAATAATT
TCTATTCAGCCACGCTGCGCGTATGTTTTAGGGATGCAAGAAAAGGGCCTATCGATAGTGCGGGTGGGGGTTGATGGCTTTTGGAGCTATCGGTG
CGGTCGTGCGTGGCCTATCGTTTTATCGATGTAAAACCGGTGGCTAGCGTTAGTTAATCAAATACTATTCAAATTTGAATATGTCGGAGATGCCA
AGCGCGACTTTTCATTTACTTCAGCGTCCATATTGTCCAGCACATCAAGTCGCCTGCGTGTTGTTTCTTCTGTCGTTCTAAGCAGACTAATTTAC
TCAAGCGTCGCCTTCGCGATGCTTTTCTTCTATTCCTCACCTTCACTCAATTATTTCATCCTTACTTCGTTTCCAGAAACTATACAACAACAACA
ACAGCCACACAAATGATGCCCACTCAATAACGGAACGCTTTCCGTGAATTTCATTGCTCGCTGCTCATTCTTAACATAACGGATCAATAACAAAA
TGTCGGTTACATTCTACTACTCAATCTTGCTTGTGAAATTTTGCTGATCAAACGTGCTTAAAGCGAATTATTAAATTTAATAAAATGCCTGGAAA

GAGATAAACTTTGAAGTTACCCAATTAATAAACTATAACCACCAGTTGGGAAAATCTTTTCCAGAATAAGTATAAATGTTTTCTGTATCCCGTAA
GACCGTCTACTATTTTTTAAAAGGCTCGGAAAAAGAGGACAGGCTTGAACCTAAGA
(SEQ ID NO: 1072)

Exon: 2058..1001
Start ATG: 1947 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT27609
CCGCACTATCGATAGGCCCTTTTCTTGCATCCCTAAAACATACGCGCAGCGTGGCTGAATAGAAATTATTGCGGAAATTTTCCTTGCAAATCTTG
GCCACCGAAAATTACCATGTCGGCTCTCAATCTGACCGTGCGCGTGCACCCGGTGGTGCTTTTCCAGGTGGTGGACGCCTTCGAGCGGCGGAACG
CGGACTCGCACCGCGTCATCGGCACCCTGCTCGGCTCTGTGGACAAAGGTGTGGTGGAGGTTACCAACTGTTTCTGTGTGCCGCACAAGGAGCAC
GATGACCAGGTGGAGGCAGAGCTGAGCTACGCCCTGGACATGTACGACCTCAACCGCAAGGTGAACTCCAACGAGAGCGTGGTAGGCTGGTGGGC
CACCGGCAACGACGTTACCAACCACAGCTCGGTGATCCACGAGTATTACGCCCGCGAATGCAACAACCCGGTTCACCTCACCGTGGACACTTCGC
TGCAGGGCGGACGTATGGGTCTGCGTGCTTATGTCTGCATTCAACTAGGAGTTCCCGGCGGCAAGAGCGGCTGCATGTTCACGCCCATTCCTGTC
GAGCTGACCAGCTACGAGCCGGAGACATTTGGGCTCAAGCTGCTTCAGAAGACCGTAGGCGTTTCGCCCGCTCACCGTCCCAAGACCGTTCCGCC
AATGCTGGACCTGGCCCAAATCTCGGAGGCCTCCACGAAGCTGCAGTCCCTGCTGGATCTTATTCTCAAGTACGTTGACGACGTGATCGCTCACA
AGGTAACCCCCGACAACGCCGTCGGACGCCAGCTGCTAGACCTTATCCACTCCGTGCCGCACATGACCCACGAGCAGTTCACTCAGATGTTCAAC
GCCAACGTACGCAACCTTCTGCTGGTCATCACGCTCTCCCAGCTCATCAAAACCCAGCTGCAGCTTAACGAAAAGCTCACCTTCCTGCCCACCGC
CTAGAACGACGGCGTTTGTTGAAGTGGTAATATCTACTAAGGGTGGCATTGTAAACTGATTGTGTTTTTTATCAATGGGGGTCTACGTAATAAAG
TGCTCTGATCGCC
(SEQ ID NO: 1073)

Start ATG: 112 (Reverse strand: CAT)

MSALNLTVRVHPVVLFQVVDAFERRNADSHRVIGTLLGSVDKGVVEVTNCFCVPHKEHDDQVEAELSYALDMYDLNRKVNSNESVVGWWATGNDV
TNHSSVIHEYYARECNNPVHLTVDTSLQGGRMGLRAYVCIQLGVPGGKSGCMFTPIPVELTSYEPETFGLKLLQKTVGVSPAHRPKTVPPMLDLA
QISEASTKLQSLLDLILKYVDDVIAHKVTPDNAVGRQLLDLIHSVPHMTHEQFTQMFNANVRNLLLVITLSQLIKTQLQLNEKLTFLPTA*
(SEQ ID NO: 1074)

Name: eiF3-epsilon-like
Classification: translation_factor

Celera Sequence No. : 142000013384852
ATTGGCATTAATGTAAACACTCGAGAGAGGAAGGAAAAGATAACAGTACTTGCCCTTGACTCCAATCTGTTCAAACTAAAAAAGGTACAATGAGT
CACCCAATTTTCCATTTAAAAATTCATTGTTTTTATACTATATTAAATATTTAAGAAAATAAACAAAAAATATGTCTTTTATCAAGGAAAGCATA
ATCAAGCCAATTCAAAACAAAATCATATAGGGAAACGACAAATATAAATATTTTCGATCTAGTTCGTAATCATAGGTTCAAGAACAAAGTTCGTA
TTGGACAGCCTGCCAAATTTAAAGATTCAGCAATATAAAAGTAACTAAAGCAAGAGAGAAGGCTATGGTCGAGTTCCTCGACTATCAGATACCCG
TCACCCGTGGCAACATGGGTCAACTAACTTGCGCTGGGTATTTGTCTCTAGAATCTGTATGCTTAATCTCAACCTTCTAGCTTTTATAGTTCCTG
AGATCTCGACTTTCATACGGACAGACGTACATGGCCAGATCGGCTATTGATCCTGGTCAAGAATATATGTACTTCATATGGTCGGGAACGCTTCC
TTCTGCCTGTTTCAACGAATCTAGTATACTCTATTACTCTACGAGTAACGGGTAGAAATATAAAATTGAAACTATTTTGAGTCATCCCTCCAATT
GGTAATTTTTTTATATATTAACGGAAATTTAAAGTGCGTTACAAAAGTAAAAATTCTTTTGGTGCTAGTATGCTTAACGGGGTGGACATTTCGGC
GTTTTCCACACTTCTTGGGAAATCACTTTAGACAAATTTGTACCAATGTCGGTACTTAATAGTATTTAACTATAACTTACCTTTTGCCTTTGGTG
TGAATAGGCTATTAAGCCAAAGAGTAAACATTCGTCGATTGTAACTCCCTTGTCATCGATGTTGGCCAATACGTGACAACATCGATAGTATCGAT
AACTATCAGGTTCAGGTTCGCCTGTATTGCACTATTTTGCTTCACACACGTAATTTCGGAATTTGCCAGAAAAACACCGATCTGCTATTGATCTT
AGTCCAAAATTGCGTTTTTAAGTCGAAAAGACACTTTTCGGCTTTTAGATGGATGAAGACTCGGCTACGATACAGCTGGGGGATAGGCGTCTCGG
TAACGCGGTCGATCATGATCTGCTTCCAGGGCCACCCGGCGTCGATGAGAAAAGCGGAAACGAGAACTGCGAGCCCAGGAGCAGTGGGTCGGGAA
AGCGCGGCAAGTCGAATTCCAGGCGCCGTTCCACATCCCGTGGTCGGTCGGATTCCCGCAACACATCGCCGTCGAACACCCGGCGAAGGCATTCC
CTGTCCCGCTCGCTGACTCCACCGCGTCGTCGTTACGATTCGCCCGATTATGGGCGGTACTCCCGACGGCGCTTTGATCGTGATCGGCGACGCTC
CCCCGAACGCCGGCGCTCTCCGCCACGTCGCGGACGACGGTACGGACGATCCCGGTCCCGCAGCATGTCGCCCCGACGGGGAGGTCGATGGTCAC
CAAAAAAAAAACCGTCGTCGCCGCCAGTGCCCCCTCCGCATGGAGGACCACATCCTCAAATGACCCCTGGCTATGGAGCTATGGCCGCACATATC
TACGGATCATACGTCGCTCCACCAGATGTTTACGGTCACCAATATGGAATTCCGCCTAACTCGTTTCCACCTCAGGGACCGGGGTACGGTATTCC
AGGTGCCCCGCCGGACCAAAGCTCTTTTGGCTCTGGCTACGGTCCGCCTCCCACAAGCGCGTGGGACGTAAATGGTACGTTTCTAGACATTTAAC
GCCAAAAGCCCTTCATTTATTAAGCATATTATTTCCTGCAGTGTACGGTCAGCAGGTGTGGATTAACCAGCCTATTTCTGGGGTCCAGCCATCCG
CTTCAGACTCCCTGATCCAGCCACAGAAGGCCCGCGAAACTCTCTCTGGCAAGACGATAGGCGAGGAGCAGTCGGTGCCAGCGCTCGAAGGCGCA
GGTTTGACGCCTCAGGATGGTAAGTGTGGAAATGAATTACAATGTGATCACTACGAACATTCACATGCAAACCTCTCACATTGTTTTATTACTGT
TGTCATGATTACTTGTACTTGTAACTTAATTGCGCGCAAATGAATCGCATACCAGAAATTACCAAAAGTCTAGGGTAAAGATCAGATTAATCAGA
ATCTAGAAGTACACGCGCTGCAAGAACTAACCAAGACCAACCCGAGCGATAGTCTCGAAATGTTAATTCGTTTCAAAAAGAAAATGCAGAGTTTC
CGTTTTTGTGTGGCAGTCGAAACAAACAATTACGCCAACCTGGACGACCGCCGCCCCAACTGGCTCTTCATTCAACGAGGACTGGCAGAACAAGC
AATCACGGCGACTGCATCCGAGTGTAATTAGCCGATGAAATGCACTCGAGAATGCATTTGTAAATGAAATTTTAACTTTTATTTATCTAGGAAGA
ATGTTTATTAATTAAAACCTATATATTTATCCCCCATATATATACCGTCGATCGGCAGCTGTTGCCCAAGAAGCGGAGAAGCAAAAGGACGAGCT
TAAGAAACAGCGCGCTAACTATGTCAAAAAGGTATCGCTGCTCAAGAAGGAAATGAAAGTACTTAAGGACCAGCGCGAGGACCTGGCAGCAGGCG
ATGCCCCACCCTCGCCAACCACAAAGAATTTCATCGAAGAAAACGACCGCCTGCAGGTGAATTGGGATCCCAAAACCTTATCTGTTAGCCACTCT
ATGTAACCTGTTTTCATCCTGTATAGATGCAAATTAAGAAGAAACTTGACACAATTGAAAACGTTATAGATATGCTGAACGGCATAATTGGCTAC
GAAGAAGTTGAAGATGAACCATCTAACCAAAAGTCCCATGGCAAGACTCAACCGGAACAACAGGATAGTCGCTCGCACTCCTCCAGTGAGAGTTC
TGCAGATAGCTCTGAATCCAGCTCATCATCTAGTACTGCTTCCGATTCGTCATCCGATAACGAAGACGGGGAAGGGGCAGGCGGCGCCGTAGGAA
GTCCAACCAATCGGCTAAAGCACCGCGCCATAAAGTCGATGAAGTCAAAGCAGCTACATGGTGAAATGAAGGCAGTGCCAACCCAAGCACAAAAT
TACAATTTTGTGTTTTTCGATCCCGAGCAGCATTGGTGCGAGAGCTGTGGAGTTTTTCCAAAGTCTGCTCGAGACTATTTAAAGCACTTGCATGC
CGAGGAACACATGAATCGAGAAACCATAGAAACTCCGTGGCATGTGGGTATTGACCACGATCCCTTTCCCACATTTGAAAACGCACCTGCCAGGC
GCGTCCCCGTGAGGGGCATGCAATTTCTGGTGCCGGCTAACGCTTGGTTTTGCAAGCTCTGCAGTGTTTGGATTGGAGACTTGCACTGCGCTTCT
GCTCATCTTAAGTCTAGGCTTCACTCCAATAAGTATCAGGTGAGTAGTAATATACATCTTTTAAAGCTCTTATGAAATATTTACTGTCACAAATA

Confidential - Subject to Protective Order



TTCTTTACCATGTTAATTTAGGGTTTTGTATTTAATTAATAAAATATATATTAAATATAAAAATACGGAGCTTGTAGGGCTGGTGGATAGAAG
TACTTCCCAAAAACAAAATTGAAACAATAGTTTTGTTAAGATTGAACGTTATTTACATATCGTGAAATCATTTCTACGTTTAGCTTACATCAAAA
GTTTTGTGTGTTAAATTTGCACTTAAGATATTTAGGTAAATTACGTTATTCACTTGTGCTTTCATGCATAAAAAAAGTTCGGATTTCAGGCATTT
GCCATTCGCACATAATATCAGCTGTCACTACCCTTGGCAATGATGTAGTGTATGAGCAGAACAAGTTTGAAGATTGCTCCAATTGTCAACTTTTT
TTTTTGCTGTAAAGTTGGCTTTTACCTTTGTGTCAATTTATTAATTATTAAATTGGCTTATTTTTAAAAGGTTAATTCTTCTTTTCCTTCCCAGC
AACAAAATTTAATGGTAAGATGGGAATGTGAATGTAAATGGAGTAGCCAACATGTGCTTTAAATATATTGTTAGTACTTATGTAATCTTACTACA
ATCATAAGTTAACAATAAATAAATGGAAGCCTATAGAGGCATGTCCGTTTGTATGAACATCGAATTTTTGGGAACTATAAAAGATACCTAAGCAT
GCAGATTCTATTGAGGTTTTCGTGGCGTAAGTTTCTTTTAGAACATTGTCACACCACAAAGGCCACAAACGGTGGCTATTCTATGGTATTTGACG
CCCAAAAACTGTCTCGCCCACACTTTTTAAAAATTTCATTATACCCGTTACTCGTAGTAAAAGGGTATACTAGATTCGTTGAAAAGTATGTTACA
GGTCGGACTCGTTTGTGGCCATATAAAATAAGGATATTCCTGATCAAGATCACTAGCCGAGTCTGGCCATGTCCGCCTGTCAGTCCGTTTGTATG
AACGTCGAGATCTCAGAAACTATAAGAAAAACTTCGAGAAGATTTAAGTTTATTCATTTCCCAATTTCTATCGACATGCCAAAAAAAATTTTATA
GCTCTCGTTCGCACTTCCACTGAGTCACCAAAGGGTATCTAATAGTCGGGGACCACTCTTGTCAAAACTAACATAGGCCTTCCACTTACCTTTCT
CGTATATATTTTATAATTGCTTTTATTAATTCTTCGCCTCATGCAATTATTCTCCTGTCAATTTGGAATATATTATTGACTTTTTGTACCCGTGC
ATTGCAGCAATTTTTAAATCAGAACCCCAACTATGAAATAGAGTTGGCAAACAAACCGCGAGCGGGCCATGAATCAACAGAAAGATCACGATGATG
CCAAGAATAAAAAGTCCAAGAAAGACGAGGACAAGGCGTCCAAAAAGAGGAAAAAAAAGGGGTAAGGGTCATAAGAATAATTTGAATCCAGATTA
TATTTTATATTTGTTTCTTTTTTACAAACAGCGGGGACAAAAAAAAAAAGAAGCGCAAGCACGGAAAGAAGAGCAAACGTAGTACAATAGATGCA
AACAGCACATCGTCATCCTCCGATAGCTCTTCGTCGGAAGAGGAAAATGGACAGCAACCAAAGAAAGGTCGTACCGAACAGCAACCAATTTGTCA
ATCAGATAAGTCGACTAATGCAGCATCAATACGAGTGGCCATGAGAAAGCAGGAAAGCACACCAACAAATTTGAAGCCGGAAGTGCCTTGTCAGC
CTGTGGTGCCGCCACCGCCACCGATCATAAAGGATTCCACAATTCCTTCAGAACGGGGTAAATGGACTGCCGCCAGTGTCGAAGACCAAAGTAAG
GATCAAAAGAACCGGGATGATACCATGCTCAAGCAATGGAATAATGTGCAGCCTGTTATAAGTGAGAGTGAAAAAAAGTTGTTGGAGCAGCTTAA
AGGAAGGCTGAAGAACAAGGGAGCCCGCGACCAGAACAACCACAAAGCAGTACCAACAGAAGCGAATGATGAAAAGTTTAGGCGGGGTGGAGGAC
GTCATTCTCGTTCACGTTCTAAGCGGCGCAGCTACTCTCGAAGCATAAGTCGCGGGCGGGATCGAGATCGGCGGGATCGTGAGCGAGATAGAGAC
CGTGGTCGTAGGCGTCGGTCACGCAGTCGTGGCCGACACTTCTCTCGTTCGCCCATAAGATCTAGTCGAAGAAGTCGATCCCGTCAGGGCCGAAG
TCGACGCAGTCGTAGTCGCTCTATTGAACGGGTAGAGCGTCCCGTGGTCAAGCATTCCGAGTTTCGGCCCCGTACTGTGCCGGAACGCAAGCAAA
CTGATATAAAGCGCGACAAGAAGGATGCAGAAAGCAAGTCAAAGTCATCCAAGCCCAGTAACAATTCCTTGCCTGGAGGCAAAAAACTACCTTTC
ATCGGTAAGATGCCAGTATTTAAAAAGCAGTCTGTTCCATCTTTCAACTATGATGCTTCTGCTGTCTACACCAACGGCTGTTTGGAGGCACCACC
TCCACCGCCACCTCCATTGGGCGGAGCGACAAGTCAGATAGCTGTGCGTCAACAAGCACCGACAGCTGCGCAGATTCAGATGGCAATGATGGAAG
ATGCTTTTGGCAATGCTCCCCCATTTCATCCAGATGCGGGTATGATGGTAGATTACGATGAGCTAATGCCAGATCCTGTCCAGTTCGCCAATTTA
ATGACGAGCTGCCCACCACCTCCGCCCGCCTGGAGAAGGCTCTGAAGGTGATGCCCATGGCCCTGAGGATGGCGATCAGCATGACAACGAAAACCG
AGAGGACGTCTTGCCCCCAGGCATTGATGAAGCTGAATCTGCCCTGGTACCGCATCCGTTAGACGCTGCGGCACAATCCCGAGACGGGGAACTCC
CAAAGGACCTGGTCGAAGCGCTTGACATAATATTCCCCAGCGACGTAGCGATTTTGGAGGCATCAAATGGAAACAGTGAAAAGCAGGAAGATGTG
ACTATCACCACCATTGTTGAAGATGACGCAGTGCTCAGTGTGATTCATCTTCAAGATTTAGCTAAAGAGGGTATTCACCTTGTAACTATCAATGA
AGCAGAGGTACCTAAAAAGTCACATATTCAAACATCGGAGAAGATTGAAAAGTTGCAGGATTTAAATGGCAAATCGGACGACGGAGTAAACATAA
AACTGATTGACGCAGAGGATATCCCAATGCCGAATTCGCCTCCGGCTGAGCCGTCATTTGACGAGGAGACGAAAAGCAAGGCCTTACAGAAGCAA
GCTGATATCTCAGAAATACCAGAGCCGGCTGTATCGCCTTCAGACAGTGAGAAGCTTCGTCGTCAGTCGGAGCTTGACGAGTTGGCTATGCTGGG
AATCGACAGGAGTGACATGGCGGCACAATGTATGTAGAACGTGTCTTTCTTTGCTATGTATATTATTCTTTTTTTTTAATTAAATTAGAAACTGT
GCTATTTGAGTCTTAAATGAGTTCTACATTATTTTTTCTATATATGTGCATAGATGCTCTGTAAGATTTGAGTTGACTTGGAGAGGGCGAAAGGC
AAGTCCCGACGCCGGATACACGGGCGGACGAATCGAATAACACGTCAAGGAGCCCCATAAAAAGGAACAGTTTTAGATTTTAGATTGGCACCTGT
GTATGAGTGTTTTTGACGGAATGTTTTAAATAAATGCGCATATATGTATGTAATATATGTAAGAATCCTAAAAACGTTTGATTTATAATTGCTTT
AACATACACTGCGCGTCATCAGATTAGAGCCCCCTGCATGTCCCCGTTTCTTCTTATGTTCTGTTTTTCTATTTTGTTTTATTTTGCCATTGCAT
AAAAATATATCAATTTAATTTTTTTTTTGTTCACTGATATTCACCTCTTTGAGGATAAAAAAAGGTCCTGAAAAAAACCGTTATCTTTTTAGTTC
TGCTTTGTTTTCTTTTCGGCGAAAAATTGGACACGTATATGGCATCATCAGATTAGCGCCCCATAATGAAGTTTGGAATATCTTCCATAATTTAA
AAGGTAGGACAACAAAATTTTGTATGCTGTTAAATTGAATAGTTGCTTTAATTTTGCGAAAAAATGGGACGAGGCACGCGAAATCATAGCTTTC
TATGAATGCGGGCTTTCTTTTTATAAAATTGCAAACGGCAGACATCGCAAAACTATAGTCAATTTTATTAAAAACAAGTGAACTTATGGAAAAAA
CTATAAAGGTGGCAATAACATTCCTTATCGAATACCTTGCAATTCCCACGACTCCTCCGACAAAATTCGGGGTAAAAGTGGCGAAAACCCGAGCA
AATCTTTGATTCAAAGAGTGATTAAGAAAACTAAACATTTGAAACACAGAAAACTGAAAAAAAACATCTCTTTATAAGTTGCGAAAAAAAGCACG
ACTGAGTTTTGCTTGAGCTTATATGATCCGGTCTAAGGAGTGGCATTATGTTGTATTTTCGGACGAGAAGAAATTTATCTGGAGAAAGCAGACGG
CTATAGTAATTACAACCATGATTTGCGTATAGAGGAGCATATTTTGGTTCGCTTTCACAGACGGGTTGGAGGTGTCATGGTATGGAGCGCAGCAT
CTTATCATGGCCTCTGTGAATTCCAGTTTTTAACAGCAAAAATTATATTATTATATATAATTGTGTATTAAAAAACTGCATTTCCCTATTTTAAA
AACATTTTTGGAAAC
(SEQ ID NO: 1075)

Exon: 1001..1784
Exon: 1847..2014
Exon: 2529..2716
Exon: 2782..3459
Exon: 4758..4906
Exon: 4972..6869
Exon: 6989..7185
Start ATG: 1094

Transcript No. : CT27625
TAATTTCGGAATTTGCCAGAAAAACACCGATCTGCTATTGATCTTAGTCCAAAATTGCGTTTTTAAGTCGAAAAGACACTTTTCGGCTTTTAGAT
GGATGAAGACTCGGCTACGATACAGCTGGGGGATAGGCGTCTCGGTAACGCGGTCGATCATGATCTGCTTCCAGGGCCACCCGGCGTCGATGAGA
AAAGCGGAAACGAGAACTGCGAGCCCAGGAGCAGTGGGTCGGGAAAGCGCGGCAAGTCGAATTCCAGGCGCCGTTCCACATCCCGTGGTCGGTCG
GATTCCCGCAACACATCGCCGTCGAACACCCGGCGAAGGCATTCCCTGTCCCGCTCGCTGACTCCACCGCGTCGTCGTTACGATTCGCCCGATTA
TGGGCGGTACTCCCGACGGCGCTTTGATCGTGATCGGCGACGCTCCCCCGAACGCCGGCGCTCTCCGCCACGTCGCGGACGACGGTACGGACGAT
CCCGGTCCCGCAGCATGTCGCCCCGACGGGGAGGTCGATGGTCACCAAAAAAAAAAACCGTCGTCGCCGCCAGTGCCCCCTCCGCATGGAGGACCA
CATCCTCAAATGACCCCTGGCTATGGAGCTATGGCCGCACATATCTACGGATCATACGTCGCTCCACCAGATGTTTACGGTCACCAATATGGAAT
TCCGCCTAACTCGTTTCCACCTCAGGGACCGGGGTACGGTATTCCAGGTGCCCCGCCGGACCAAAGCTCTTTTGGCTCTGGCTACGGTCCGCCTC
CCACAAGCGCGTGGGACGTAAATGTGTACGGTCAGCAGGTGTGGATTAACCAGCCTATTTCTGGGGTCCAGCCATCCGCTTCAGACTCCCTGATC

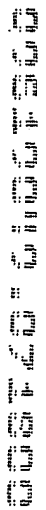
CAGCCACAGAAGGCCCGCGAAACTCTCTCTGGCAAGACGATAGGCGAGGAGCAGTCGGTGCCAGCGCTCGAAGGCGCAGGTTTGACGCCTCAGGA
TGCTGTTGCCCAAGAAGCGGAGAAGCAAAAGGACGAGCTTAAGAAACAGCGCGCTAACTATGTCAAAAAGGTATCGCTGCTCAAGAAGGAAATGA
AAGTACTTAAGGACCAGCGCGAGGACCTGGCAGCAGGCGATGCCCCACCCTCGCCAACCACAAAGAATTTCATCGAAGAAAACGACCGCCTGCAG
ATGCAAATTAAGAAGAAACTTGACACAATTGAAAACGTTATAGATATGCTGAACGGCATAATTGGCTACGAAGAAGTTGAAGATGAACCATCTAA
CCAAAAGTCCCATGGCAAGACTCAACCGGAACAACAGGATAGTCGCTCGCACTCCTCCAGTGAGAGTTCTGCAGATAGCTCTGAATCCAGCTCAT
CATCTAGTACTGCTTCCGATTCGTCATCCGATAACGAAGACGGGGAAGGGGCAGGCGGCGCCGTAGGAAGTCCAACCAATCGGCTAAAGCACCGC
GCCATAAAGTCGATGAAGTCAAAGCAGCTACATGGTGAAATGAAGGCAGTGCCAACCCAAGCACAAAATTACAATTTTGTGTTTTTCGATCCCGA
GCAGCATTGGTGCGAGAGCTGTGGAGTTTTTCCAAAGTCTGCTCGAGACTATTTAAAGCACTTGCATGCCGAGGAACACATGAATCGAGAAACCA
TAGAAACTCCGTGGCATGTGGGTATTGACCACGATCCCTTTCCCACATTTGAAAACGCACCTGCCAGGCGCGTCCCCGTGAGGGGCATGCAATTT
CTGGTGCCGGCTAACGCTTGGTTTTGCAAGCTCTGCAGTGTTTGGATTGGAGACTTGCACTGCGCTTCTGCTCATCTTAAGTCTAGGCTTCACTC
CAATAAGTATCAGCAATTTTTAAATCAGAACCCCAACTATGAAATAGAGTGGCAAACAAACCGCGAGCGGGCCATGAATCAACAGAAAGATCACG
ATGATGCCAAGAATAAAAAGTCCAAGAAAGACGAGGACAAGGCGTCCAAAAAGAGGAAAAAAAAGGGCGGGGACAAAAAAAAAAAGAAGCGCAAG
CACGGAAAGAAGAGCAAACGTAGTACAATAGATGCAAACAGCACATCGTCATCCTCCGATAGCTCTTCGTCGGAAGAGGAAAATGGACAGCAACC
AAAGAAAGGTCGTACCGAACAGCAACCAATTTGTCAATCAGATAAGTCGACTAATGCAGCATCAATACGAGTGGCCATGAGAAAGCAGGAAAGCA
CACCAACAAATTTGAAGCCGGAAGTGCCTTGTCAGCCTGTGGTGCCGCCACCGCCACCGATCATAAAGGATTCCACAATTCCTTCAGAACGGGGT
AAATGGACTGCCGCCAGTGTCGAAGACCAAAGTAAGGATCAAAAGAACCGGGATGATACCATGCTCAAGCAATGGAATAATGTGCAGCCTGTTAT
AAGTGAGAGTGAAAAAAAGTTGTTGGAGCAGCTTAAAGGAAGGCTGAAGAACAAGGGAGCCCGCGACCAGAACAACCACAAAGCAGTACCAACAG
AAGCGAATGATGAAAAGTTTAGGCGGGGTGGAGGACGTCATTCTCGTTCACGTTCTAAGCGGCGCAGCTACTCTCGAAGCATAAGTCGCGGGCGG
GATCGAGATCGGCGGGATCGTGAGCGAGATAGAGACCGTGGTCGTAGGCGTCGGTCACGCAGTCGTGGCCGACACTTCTCTCGTTCGCCCATAAG
ATCTAGTCGAAGAAGTCGATCCCGTCAGGGCCGAAGTCGACGCAGTCGTAGTCGCTCTATTGAACGGGTAGAGCGTCCCGTGGTCAAGCATTCCG
AGTTTCGGCCCCGTACTGTGCCGGAACGCAAGCAAACTGATATAAAGCGCGACAAGAAGGATGCAGAAAGCAAGTCAAAGTCATCCAAGCCCAGT
AACAATTCCTTGCCTGGAGGCAAAAAACTACCTTTCATCGGTAAGATGCCAGTATTTAAAAAGCAGTCTGTTCCATCTTTCAACTATGATGCTTC
TGCTGTCTACACCAACGGCTGTTTGGAGGCACCACCTCCACCGCCACCTCCATTGGGCGGAGCGACAAGTCAGATAGCTGTGCGTCAACAAGCAC
CGACAGCTGCGCAGATTCAGATGGCAATGATGGAAGATGCTTTTGGCAATGCTCCCCCATTTCATCCAGATGCGGGTATGATGGTAGATTACGAT
GAGCTAATGCCAGATCCTGTCCAGTTCGCCAATTTAATGACGAGCTGCCCACCACCTCCGCCGCCTGGAGAAGGCTCTGAAGGTGATGCCCATGG
CCCTGAGGATGGCGATCAGCATGACAACGAAAACCGAGAGGACGTCTTGCCCCCAGGCATTGATGAAGCTGAATCTGCCCTGGTACCGCATCCGT
TAGACGCTGCGGCACAATCCCGAGACGGGGAACTCCCAAAGGACCTGGTCGAAGCGCTTGACATAATATTCCCCAGCGACGTAGCGATTTTGGAG
GCATCAAATGGAAACAGTGAAAAGCAGGAAGATGTGACTATCACCACCATTGTTGAAGATGACGCAGTGCTCAGTGTGATTCATCTTCAAGATTT
AGCTAAAGAGGGTATTCACCTTGTAACTATCAATGAAGCAGAGGTACCTAAAAAGTCACATATTCAAACATCGGAGAAGATTGAAAAGTTGCAGG
ATTTAAATGGCAAATCGGACGACGGAGTAAACATAAAACTGATTGACGCAGAGGATATCCCAATGCCGAATTCGCCTCCGGCTGAGCCGTCATTT
GACGAGGAGACGAAAAGCAAGGCCTTACAGAAGCAAGCTGATATCTCAGAAATACCAGAGCCGGCTGTATCGCCTTCAGACAGTGAGAAGCTTCG
TCGTCAGTCGGAGCTTGACGAGTTGGCTATGCTGGGAATCGACAGGAGTGACATGGCGGCACAATATGCTCTGTAAGATTTGAGTTGACTTGGAG
AGGGCGAAAGGCAAGTCCCGACGCCGGATACACGGGCGGACGAATCGAATAACACGTCAAGGAGCCCCATAAAAAGGAACAGTTTTAGATTTTAG
ATTGGCACCTGTGTATGAGTGTTTTTGACGGAATGTTTTAAATAAATGCGCATATATGTATGTAATATATGT
(SEQ ID NO: 1076)

Start ATG: 94

MDEDSATIQLGDRRLGNAVDHDLLPGPPGVDEKSGNENCEPRSSGSGKRGKSNSRRRSTSRGRSDSRNTSPSNTRRRHSLSRSLTPPRRRYDSPD
YGRYSRRRFDRDRRRSPERRRSPPRRGRRYGRSRSRSMSPRRGGRWSPKKKPSSPPVPPPHGGPHPQMTPGYGAMAAHIYGSYVAPPDVYGHQYG
IPPNSFPPQGPGYGIPGAPPDQSSFGSGYGPPPTSAWDVNVYGQQVWINQPISGVQPSASDSLIQPQKARETLSGKTIGEEQSVPALEGAGLTPQ
DAVAQEAEKQKDELKKQRANYVKKVSLLKKEMKVLKDQREDLAAGDAPPSPTTKNFIEENDRLQMQIKKKLDTIENVIDMLNGIIGYEEVEDEPS
NQKSHGKTQPEQQDSRSHSSSESSADSSESSSSSSTASDSSSDNEDGEGAGGAVGSPTNRLKHRAIKSMKSKQLHGEMKAVPTQAQNYNFVFFDP
EQHWCESCGVFPKSARDYLKHLHAEEHMNRETIETPWHVGIDHDPFPTFENAPARRVPVRGMQFLVPANAWFCKLCSVWIGDLHCASAHLKSRLH
SNKYQQFLNQNPNYEIEWQTNRERAMNQQKDHDDAKNKKSKKDEDKASKKRKKKGGDKKKKKRKHGKKSKRSTIDANSTSSSSDSSSSEEENGQQ
PKKGRTEQQPICQSDKSTNAASIRVAMRKQESTPTNLKPEVPCQPVVPPPPPIIKDSTIPSERGKWTAASVEDQSKDQKNRDDTMLKQWNNVQPV
ISESEKKLLEQLKGRLKNKGARDQNNHKAVPTEANDEKFRRGGGRHSRSRSKRRSYSRSISRGRDRDRRDRERDRDRGRRRRSRSRGRHFSRSPI
RSSRRSRSRQGRSRRSRSRSIERVERPVVKHSEFRPRTVPERKQTDIKRDKKDAESKSKSSKPSNNSLPGGKKLPFIGKMPVFKKQSVPSFNYDA
SAVYTNGCLEAPPPPPPPLGGATSQIAVRQQAPTAAQIQMAMMEDAFGNAPPFHPDAGMMVDYDELMPDPVQFANLMTSCPPPPPPGEGSEGDAH
GPEDGDQHDNENREDVLPPGIDEAESALVPHPLDAAAQSRDGELPKDLVEALDIIFPSDVAILEASNGNSEKQEDVTITTIVEDDAVLSVIHLQD
LAKEGIHLVTINEAEVPKKSHIQTSEKIEKLQDLNGKSDDGVNIKLIDAEDIPMPNSPPAEPSFDEETKSKALQKQADISEIPEPAVSPSDSEKL
RRQSELDELAMLGIDRSDMAAQYAL*
(SEQ ID NO: 1077)

Gene Symbol: BcDNA:LD19168
FlyBase ID: FBgn0027866

Celera Sequence No. : 142000013384504
ACGTTTTTGCTTAACCTTGACGAGGAACCGACAAATTTTGTATTACATTTCTGTGCAATTAAAAGTTATAACGTTTGTGGATATGAATAAAAATT
TTACCATACCTACGTAGGTGATAAACGCGTACTTAGTAGATGGTTTCATTAAACTAAAACAACATTTTTATGGTGTTTGTAAAAGCGCAATTTTT
TAATGCGTTTACTCAATTATTTATTGCCCAGGCCCGTTTGCCACAGCCCATTTAGCAACTTTAGCTGTGCGTTACCAACTATTTATATGCGTTAC
CACATTTGAAATTGTATGAGACAGCTGGTATTACAAAGAGTATATCTTATTAATTCACATTGTAGCACTGGTGTAAAAGTGGCATATACATTGAA
TTACGAATGAGAGTGTAAAAATACGGTGTACATTTGTGTATTCTTATTATTTTTGGTAGTTTTAAACATTTGAGGCATTTCTGTCGTTTGCAATT
TACAAATAAATGGCTAAAAACTATGGCTGACGAATGAGAACACCAAATTGAAATCAACGAACTTAAGCGAAAGCTATATGAATATCGAAGTTACA
TGTGAGATATATCACCGTGTATGTATGCTTACGTAAATATATATATATATATGATTCCAAATGGGTATTTCTTGATCAAAGATACTAACGATTTT
CTGAAGGGTCCTTAAATATTTACGAGTAATTCACCTTTTTGTTGGGTGAAACTATTTAGTTATTAAACTTGTACAAAAATAAAAATAAAATTTTG
AAAATTTCACAAACTTTGTGGCAAATAATTCAACAATATATTGTAGGTCTATTACGATATAAAATGAATTGGCACTTCATGTATAAATATGTTAT
TAAAAAATCAAAACATAATATAATTCTAGTTTATTCAAGGCCCTAAAGAGAATGGTTTTTACTTTTGAGATAGAACTACCCATGCCGGAGATGCG
TGAGAAAAATGTATAAAAAGCTTAGTCGGCAGTCTAGCGTTTCCTCCAATTCAGAAATTCGTCTCCTTGAACTCCTTGGATTGCAGTACAGGCGA
AATAGCTCCCCCATCGCCGTTTTCATTTCCATTATTGTGCTCCTCTCCGCCGCCCACCGTGTAGGCCATCACAGTGGCATGATCCAATTTCCCGG



GCAATGCTACAAAGGCGCTGCTGTCCACCACACGCTTCCTGGCCGCGCGATGCTGCATGCGGTTCAGTTGCACCTCACGCTTGGCGCCATCTGGT
CCCGTAGAGAGTTTATAGAAGAGTTCCCTTTGCTCCAGGGTCTTCCTCCTGGCTGACGTTATCATCCGTACAAAATCGATAAGCAAGTGGCAGAG
CCTGCGTGCCGATACGCAGGGCGAAAACGTGCCGTTGATGCCATAGCTGAGCAGATCCTCTAAGCGGTAGAGGGTAAGAGCATGCCGCTGGGGAC
CGGTAACAAGGGGCAGTCCTGAAATGGACTTCGGAATGCGTTGGGGCACCACCGATGGCGGTGGAGCTGATACCAATCCCTGGCGTGGTTCAATA
AGCGTTTGGGAGCGCATATACTTTGGTCGACTAGGCGCATTATTAGGCGGACTTTCCGCCTTGGACTGACGAGCTGGTCGCGTGGGCGGAGTCGA
AGGATGCAGACGGGCATAGATGGCGGATGCACTCTTGTTCTGCCGTTTGGGTGCCAAGTTGGCGGGCTTGACATGTCCCGACGTCTGAAGCTTAA
CATCCGGAGTCCAGGCTTCGGCAAACTTGCCCACAACTGGATCGAAGTTATCGCTGATTCCATCCGACGTTAAAAAGACTATGTCTCCACTTTCA
ATGCAGGTCATCGAGAAGGTTAGATTGCTCAGCTCTGGCTTGTTGCCATCCGCCGGTCCAAGGGCACCCAACGCATCGCGCATGTCCCTCATGGA
ACTGATGTCGTGGGATGCCTGTGTTAGTTCCCGTACTCCGTGCTTCTTGGAGTACACATAGCCCAGGGAATCGCCAACATTACACGAGCACACGA
CATATTTCCCTGGCGCTCCGTCCAGCGGCAGCACAACGGCTATGGTGAGAGTAGATAGGGCTCCTCCAACTTCCAGGATACAACCGTGTCCCTCC
CAAAGACTACGCAGCAAACTCACAAAAACCTCCTGGGTTGTGGTGGCTCGGCACTCCAGCGCCTGTCCGAAGACCGCCCGGTCCAGATAGTCCAA
ACAACCGTGAACAGCTGAACGGGCGGCCAGACGAGCGCCATCACCCCAGTTGACACCATCTGCCATGGCCATGGCAGCTGAGTCTCCGCGCACTA
CCATTCCGTAGCAGTCGGCGATGGGATTGCCCATGGGTTCTTTAGTCAGCATGTTGGTCTCGTAGAGGGACACCGAGATACCATATGCGAAGTCG
CACTCCATGCGCCAGTTCTCCACGCCAGCGATCAAAGCTGCGGGATCAGAGCCACCCTGGTTGCTTACAGCTTCGCGGAGCAAACGTTCCCGCTC
TGAGTTGGGATCCCCATCCGTCGAGACCTCAGTCTTTGCATTTAACACATTCCTATTGTTCTGATCGCTGTTGGCTTTTCCAGCATCCGTGCCAG
CAGACGCAGCGGCCAGATTGGCTATGCTGCTTTTGGAATTCTTGCGGGAACGCATTCCCGACGCAGAAGCAGATCCGGAGGGCTGCTCCGCACTG
CTCTGTCTGCGAGGTCCTGCCGGCGGCCGTCCGAATTTGCTGGTAAGTCGGGTTGAGTTCTGTGTGGCCACCTGAACTGGTGGTGTACTCCTCCT
AACGCCATAGCAATCATCGTTCTCCTGCTGCGTATCTATGAAGTCAATGTCATCCGCGAAGCTGGTGCTCAAGTGCAGTTTGGAGCGCTTGATGC
CGGTGAGCCCCTCGTCAGGACCTGTGCAGGCGGCTGTTATAGAGCAGTTTCCAGCTTCGTATGTATCCAACTTGAGAACGGGCATGTCCGTGGGA
TTCTGGCCATTGTAAATCTCCGGACCCTCAACAAACTGACGCTGCATTCGGCTGTCGGTGAAGGTGGTCGGGTAAATATTTGAGCAACTTTCGCA
GGCTACTAGGTTTCTATTTACTTACCCCTCCAGATATTTAGTTATGAAGCTACCATCATCATCCTCGTGCTCGCTGGCCCGCCGGCGACCCTCGC
GAGGCTCCGCGATGAAGCTCAACTGGCGGAAGTAAGTGGTGACTTTCTGGCGCAGCGACGGCATCTTTAGTCGAGTTGCTCCCTCCTCCTCGCCA
GCAGTTCTCGCCCTCCAGTTAGGGTTCTCTTAATTGCCAGAGATGGAGGGGCTAAAAAATGGATGCTGGGATGCTGACCAGTTCGTTCACCTCAT
CAGTGGCAATTGTTGTGGGAGTCGAGTCACTCCAAACGAATCCAGCCGCCGACCCTGCAAAGAGGTTTAATTTAGAGCTTCATTTAATTATCAAT
AAATTATGCAATTAAATGGGACTGGGCAAACACGAAAGAATTACAAGCAAATTGCATAGGCAGCCGCATAACTGACATTACTCCCTCCTTTCAAC
CGCCTACTCCTAAATGACGAGATGTGCTTTTTAGTTGCCGCAGGCCCTGCATCCTTTCCCTGGCCACACAAAACCCTTCGCTCATCAGGAGCAGG
ATGTCAGAGGAGAAATCCCACCCTGTGAATGGGCTTTTACCCAGCTCATTGCGAATGCAGTAGACACTGAACTGATGCGGACACAGAAATCCCCT
CCTTCCTTCGGGGTTCAGATGACATAGCTTTTAGCAGGGCTCTCCGCATGTGTTCTGAACCAGAGATGCCAATTTGGTTCTTTGCTCAACTAATT
TTAAATTGTTTATGGATTAACTTATGTGCCAAACTACTTGCCTTTCAAAATAAACCATTTATAAAATCGAACGCAATAATTTGGGACTTGATTTA
TCACAACATTTATTTATTTATATTAAACCCTTTTCAGGATCAACTTTCAAATAGTCCTTTAGCATGAATTAAGTAACTGGCATCACTGATGTGTT
GATGATTAATGAATGGACAAACCAACTGCCTGGGGCGACCTGCAACTCCAGCAGATGTTGGGTTTTCGGATTCTGACAGCATCAAGTTCGGTTTC
AATGGAAAGATGATATCATATAGGGGTAAGTTTGCCGGCGAGAAACACACCAAGGTCTGCTGTACAATTATGTATCTAACTCTCCGCCGCTATCG
CAGACGACATTTAATTGCCGTGTTAGGGCATTTAACTACCTGATCCATTCTCGTAGACAATGTAACGCCAAGACAGCCTTCATTTCGGCGAGATT
ACAATGGATCGCAAACACAATAAATGCTAATCTTCAGCAGCAATTGCCGTGGAGATGCTTTTCCTTAGACGATGTACACAAAACGATTTGTATAA
ATGATAAACAACAACAAAAAAGTCGGCACGGAAAGTAGTTTCGTTGATGGGGGCAATTATTCAAGATACCCCCCCTCCCTTGTTGTTGCTGAAAT
TTTCACAAATGCTTCAAAGATATATATAAAAAGAAAAAAACACAATCAACCACTTTAATTTGTGGCATAAGTACTTCAAGTGACAAATGAGTGGT
CAATTAAAAACTATGTCGATTAACGGTGAATACTGTGGGTCGGTACGCCTCTCTATGCGCTTCTCATAAACGGCACTTAACGGCACGCGAAAATC
GCATGAACCCTGAACCAATTGTTCGAGTTTCGATGAACTTGAACTGCACTCACGAATCAATCAGCGAGTAATGTAATTCAATTTCAATCTGATGG
CCCCAAGATGCGCGATTTCTTGGCAATTGCTGGGCACTGATCCGATTGCCACCACACCCGCATTCCTTGCGGCAAAGCATTAAAATCAAATTAAC
CCACATAACCATTAAGTGCAGGAGTGGGAGATTTCCCATTACCATATCCACATTTCCCAGATACAAATCAAATGAATTGAAAAGTCAGAGCCGCG
AGACAAAGTCGATCGCTGGACGAAAGGGATGGATAGCTGAGTGCCCATGTGGTTATAAAGATATATCTTTCTGTGGATGCATTGAGGCGCGGCCA
GCTGTGTGCACTCGTACCGGTCCAGGGCAATCAATACGGATGATTGAAAAGCCCACCTTCACATCACCACAAAACAATTCAATTTAGCCACAACA
ATGTGCAGCTTGCGATTAAATGTGCAGCCAAAGAGATTACAACTGCACCACAAGAGCCAACATTGAAGCTCAGCCACAAGCGTTTTGTAGTTCCC
ATCTGCAATTGCTCCAATTTCTTTACGCCTCCTCCAGATCTGCTCATCCACGTCAATCAGAGTCGTCATCACTTGACACACAATAGGCATCTGAC
TGTGACTTACTGGCTTCTCAATTCCCTCAGCTTTTTCGCTTATAAGTGTCCATTGTGGGATCTCACAAATTATTTAAGTTCTGACTTTTGTCCAC
CTGACGGCACGTGCCGAGAATAAAGTATAGGTTTTATAGAGATGGAAAAATCTCTGGATTGAGAAGTAAACTCATGTAAGATGCCCGTAGCAGCC
GTTTTGTTTACCCATGTACATATATTATTTTTTAATCTTTAATTGCATTTTATGTATGTATTCAATTGTATATGAAATGACACTCCCCCAAACAT
TAAACAAACAATTCTTCGAGGCGTGTGCCGCAATCAATCGACACTTTTCGATTGGATTTCGGGACCATCGAAATTTTCAACACTTGAAACTAATC
AAGCGTGGAAATGGGGAAATAGGAACGCGGTGCTGTGAGATCATTGTGCAAGATCTGGGTGGGGCGATCCGTGGTGTATAAAAACAACTGAGTAA
ATATTATCGGATGTGGCACAGATCTCGTGAGTCTTTCGAACTTTGTTTATGCTCGAAAACCAAAATAAACCATTTGCGCTTCCTCCAACCAAAAA
TAGTTGTGTTGGCCCGTATTTATAGCTGCCGCCCGTGGAAACAAAAAATGTCTGGGTGAATTTCTCGCTTGAAAAACTCATTTGGGCAAGGCTTT
GAAATGCATTTCCCGTCGCATTCGAAATCAGCTAAATTTTCTGAGCTAATCAAATGCGCAAAATTATTGTTTACACACTGGGTTAATTAGATGTG
GAGATTGGTTTCTCTGCTCCGCTTCGAGATTCTTTTGTGCTCTTTCGGCTTTGTGCATACTTAAAATGTGTGTGGATTTACGAGGGAGAAGTGCT
AAAACCCAATGCAAACAAGTCTGCTTTGGGGTCCAACCAAATGCTCCAACCAAATGCAAACACACCCGTGACATTCAGAGTCTGGATGCACTTGA
GGCAAGTGACAGTTGTCTGCAGATTATGTGCTATGTGCTGCATATTGTGGAATCTCAAGGTGCAGTCGGTGGGCCAAAGCCGCAGTCAAAGAAAA
AGCCTTAACAGCACAAGTCAAGTGAGGCTGCTCAAAGCCGTTTTGTGTGCTTCTGTTTGGGCCAGACAACAAACAACAAGAAGCTATAAAAGCAG
AGAGTGAAAATTTGTTGCATTCATTGCGTGTTTTCTTCGAAAGAAAGTTGAAGGCCATCGTTAAGCTGTAGATTAAATAGAGCTGTCTGCTTGAT
TACGAGCTCCCAAATATTTCAATCATTTCGAGCGACCCACTTTATGTATATTGCTTTTGTAGCGAGTTCCCTCCTTAACGTATAAGTTGTGTAGC
TTAGGTATTCTAAGACCTTAGATTAGATGATTCTCCCTTATGGGAATTATAATATATGAAACAAAACCGTATGCACAAACCACATACACGCGTCA
AGTGCTGATTCAACCGCAGTCAAGGCAATCTTGGATAGGAAATGCATGCTTAATTTTCATTTCCTCATATGCAATTTTTCTCATTTCAAGTCCAG
GCTGATCAAGCCGCATAAAAATAAAATATTAAGTAGCAAATGCATTAAGCAAAATGGACGGGGTTCCCCAACCCAGAGTTTTAAACTGACAAGCT
TTTGGCTTAAACCTTCCCCCAATATTTGACCATGTGTTGACTCATTGGACAAGCCGTCAGCTGCATTAATAATGCATTAGACCAGCCCCAGGACA
TAAAAGTCCCCCCATCGTGCTAAAGTGGGCGCAACACGGCCTGGGGCTTCATGAAAATCTGGCAATTAAAATGTTTTACATTATGTAAACCGCAC
GAAAACAATCACTAAAGAGTTCCTTCACCTCGAAATGGCGTCGTGAATATGAAGCGATATGTATGATGTGGGAAACAAAGGAGGAGTTGAGGAGT
CTCTTCCCGGTTTTCGAAGCATTTCTTATAAATTGCCACCTAATTGGCGTGTTCAACATTGTGACTGTGCGTGGTACGCCTCATTTCCTGTTGCA
ACAATTTGCATTAATAGAGGGTCTCATACCACAGATTCAGTTCGAGATCTCCCCATCCGTATGCGAATGCGAATCTATTCCAGTGAATGCATTTC
AGTACCATTCAATTGAAGGCGCGATGAAATGGAAAGTTAAGATCCCTTTGGAGGATTGGATGTGTGTCAGAAGTTGAGAAACATCCTTTGTTTTA
TGTGCCTTCCATGTGCATTCGCACTTAACGCCAATGCCAGGACCTAAGAGCACCCAAACCCACCCAGTTTTTCCCCACTGCATTTCCGCTTGCAT
GTTTTCCCTTGTTTTTCCGCTTTTCGGGTCGCGCCACTTGGCCCGCTTTTCAGCCACGAAAAACTATACTTGAAGAACTTGCCACACGCCGAATA
CAATAAACTAAAACTGGGGCAAGGCGAAATAATTCGGGCCTAGAAAGGCAATATCAAAGGAGTGCCGGAGCTTATGTATGGTATAAGGGTAAATT
ACCTTTCGGACTTACTGGGTATATAGCATCAAACCACCCTCACACAAAACATTTAGTATGATTGTTTTTAAAGCCATATAATTACGGCGAAGGAA

AGCCATTCCCATACCATTCTACTAATTGGTTGATTTTTTGTTGGATTTCGCAAACATCTGGCAGAAAAATTGATGCCGCCAAACAACTCCACACA
CATTTGGCAAGCCCACAAGATAATTTGCATAAATTGAATTGAAGTCTTTACTTGTTGGCCAGGTAGCGACAGCTGTCGTCGGTTTATGTAGGACT
TATATACGACTAATCCTGCATGAATAAATTAAATGGGAAGCCTCAACTAAGTCTGTCTGGCGGCGGATGGGTTTTGGGTTTGGCCTCTGCCGAAG
CCTTTGTTGCCAAGCATACAAATGAGTTGAATCCAAACTCCTGGGCGCTGTCACTCTATGCAAATCTAGAAAACCAGTAACCAGTTGTTGTAGGA
TGGAGAAGGCACGGTGGACGGACTTTCGGGGCGCTCAACTCACATATTAAATTAAATGTTAATGGCAACAAAGACAATTCAAACGGAGTCAAGGC
CCGGGCCAAAGAACTGTGGCTAACAAAGAGGCAAACAACACCAATTTCTCGACTGCCCCGCAGCAATTGAGCAACCAACGAGCCACTTTGTTCGC
CCCATATACCCCGCCCACATCCCAGCCCCTGTCCCACCCGTGAAATCTGTTCTCCACCTCCAGCTACCTCTAGATAATATTGCACTGTTCGGTGTC
AAATGGCTGCCCACTGACGGACTTCTTGGTTTGTCAGGTGCCATGGTTATTCCACCTACAGTAGAAGCTCTTGAAAGTGGAATTTCTTTCTATCT
AATAATAAAAGATAATTGCCGAGACAGTTTTGGTTAAAAGTGGTCAAAGTGCTCAAAGACTCTCTATCGTCGGTTATGTACGTTAATCATATTAG
AAGTAAGTGAAAATGTCCCCAGAAAGGACGTTCATTACAAGGAGCCCCTACTGTACAAGACCTTGCGGCGGGTTAAGTGACCGATTGGCTGTCAG
TCCCCAGCCAACCAACCTCACCTCTCGGACTTCTAGTTTTAATTTGAATTTCATTCCGTCTCGTGTGGTGGCCAAACGCTTTGGTGGTTCGCTTA
GTCATATCACTCGGCTGACTAATCATTGAAAGCGGAGCGTGCTTGGAGGGAAACCTTAAGCCCCAGATATACCCCCCTTCTAACTCCAAACCATT
TACCGAAATCTCCACCCCGCCAAAACCCCACACAGCTGCAAATTCAATGAACCTTTGCTGCTGTTGACTTTGCTGATTAATTGGAAATTGGCAAA
ATGTTATTTATTTTCGCGCGGCTGGTCTAGCGCCAAATGGTTGTTTTTCATCAAAGGCATAAAGTTCTATAAATGTTCCCAGACAAATTGGTTTT
AATGAGCCGGAAACTTTTTCGGTTGAGCTCGGATTTTTACGGGTTTGGCGGATAGAAGGAGAAGCCACATATTGTACCCGATTGGCTTTAAACAA
ACACGGACATACTATACTGAGACAACTTCTTCAGTGGCTCGCTAATGCATTATACAAGAATGAACTCCTTTGCAGGCACGGCCGAGCAAACAAAC
TTCAACTTGTCCGGACCAACTGCGTCATAAAAGAGCCAACGGCAGCGCCAATCGCCATCTCCGTTTCCAGCGAGACAACAAAGGATGTTGGGCGC
CGGGAAGCAGGAGGAGCAGGACCTGGGAAACCAGCCAGTTGTGGATGGAGCGCAGACAGAACAACTTCATGCAACCCCATCCCCTGGGAACCAGA
CGGCAGCCAGGAGTCTGTGTGCCTGATCCTTGCCATCTCGAAACGAAAAAGAAGCCGGCGAAAAATATATAAAATGGAGAAACAAAATATTTTCC
CGATGTGCATGCATAGTTCAAAGTTAGTTTCAGGCATCTGTGCACCACCAAATACACCACATTCCCCACTACTTACAAGCAGAATTGTGAAAATT
TTTTGGTTGCCAAGCGAAAGTGATTGAATTCCTAGGGATTTTGTCGGGCGCCAGTTGAAAAGGAATTTTTGATGCGTTTAAGTGCCGAAGTTTCC
CTAAAAAAGTTTGGCCTTAGAGTCAGGGGATGTATTAAAAAGAAAAATGTCGAAAGTTTTTGAAAGAAGAGATTAACAATGATGTGTGATACAAT
GATTGTGTGTTTTGGTCTGGAGAATTTAAATCTCAATAAAAAACTACAAAATGTATATTAATGAGGCTAACGATGGTTATATTATGCAAACAAGT
GTTGGGGGGAATATAATTATTTAAAATAATTGCATTTTTTTGCGATTCCCACTTTGCAATTCTAATCCCTAATAAAACTAGAGATAACTTATCTT
ATGAAGCAATTTGTTTACTACTGCGACTGGTCTACAGAATATACTGATGCAATCGCTTTAGAAGTGTGGTAGGTAATCCCGTTCGTTCTCAGCCG
GAAATCACCCCCAATAAGAAGTTTAGATAATCTTAGATACGGTATCTGCTTGTTGTTTGCCACATGCATCTACACCCTGGATTCTAAACTTAGTT
CCCCCAAAATATCTGACCGAGTTGTCCCCTTTAATTTACAGCTTATATCCGGCATGTTTTTCTCCCGTTTGAATTTTGCCACAGTTTGCGCCAGA
AGTTGTGAAAAGGGCAGAAAGAGAACGAGTTGAAAGTTCCCATTAGAATGCCCAATCCAAGCCATCCTGTTCCTTTATTGCGTGGCCCCTTTTTT
TTACATTTTCCGTAATTCCCAGCCAGGCACCATCACGTGTCGGGTTTTCTCCAAGGTATTGGGCTTCGTGGAGAATCGATTTTGTGGCCTGACGA
GCCTGTTATCCTTGGAGCGAGCGCTTTTGGCTTGTTTCAGGACATAGAAATTGCCTGCTGCATGTCCGAAAGGCTCAACGAGAAATTATGCTAGC
TACACTGAAATCTAAACTTCAGTTCAAGGAACTCAGGAAAGAAAATACTATTCAGAAAATGAAGTTTTTATGTTTTAAAACTTTTATAACAGTTT
ATAATATTATTGATACGATGTCAATATTTTATATTTGTTTTAGTTCGGTAAAATGAAGATTATCATGAATTTTTCTCAGTGTGCGAATGGAGGTG
AGTGCGAAAACGAGAAGGAGGAAGCATCCATCACATGCATCTGCAGTTGGCAGGCAGGTAAAAATGTTGTACAAAAAATGAATAACTGACATTTT
AAGTGGGAAAGTTTTTGCATCAAAATCAACTGCCTGCCAATGCTGCTACCGAAATTCAATATATTAACAAGTGCTCCGTAATTGTAAATTATCGC
CACTTTTTACAGTCATTACTATTAGTAAGTTTATAATTATGTGGGTAACAAAGCGGTAAAATATGCCAAACGAAAAACAACACCAGCTATTAGCA
CAGTTTCGAAATACGATAAAGCTTGAAAACCGGTTATTGCACCAACGAAAGCTGACTTTTGTTGTTCTTGTTTTGTTTGTTATTGTTATTTTTGC
TAGAGCAGCTGAGATTTCGCAGCTGCCCGTGAAGTTGAAAACAAAATAAGAGAAAAAAACAAACGGCAGGTGAATCAACAGCGGTTCAAGCGCCC
AACCCACCCACAAGTTTGTTGGAGGGGGGACGACGACGTAAAAAACAGAATAATAAAGACGTAAACCCAGTTAAATGGAAAAATCAAGGCGAACG
AACACACACGGAAGCAAAAGCACAAAACAAAAGGCGACAAAAACACGTCGAAGGCGGCAAAAAAATTTGGAGAACCCAAAAATCAATAGAACTTC
GAAATATCCATAACCATGTAACACAGTGCACATTCACTTACAATAAGTGTGCCTTCCTCTTCTGGGTTGTTTTCTTATCGCTACTTTACATATGT
TGGCGCCACTTGCAATGGGGAAATATATGTAAGTGCGTGCGTTCCGTTGGTGGTGTGTATAAATATTTAACATTTGCCGGAGGGTGGTTCCATCG
CCCAGAACTTCGGCTTCTGCATGGAATACTAACATAAATCGCGCTGCACAGTCCACTTTTGTGTGTTGCACTTCGAGTCCCAATGGTTACCAATT
AATGTCGCTACGAAATGGAACTGCTAACGACTGTTTCCGCCGCGGACCGACGTTCCTGCTTCGATTTGAAATTCGAAGTGAATTGGCCAAGCCAA
GCGATATTTGTGGTAATCGAATCGTCGATATGAACACACTATTCTATGTGCAACCAACCGAGTTGGCAGCTCCCAGCGCGATTTTTCAGTATAT
TTTGCAGTATTTTAATTGTTGCAGACGGCTTTTTAAAGCGCCACCAGTTCGTTCACATTGTCGCTATTTTTCAGCATTTCGCGGGATCTGTATTT
TTTATAGGCGAATATTGAAATTTGCATGGTCTAACATTGATTATAGTGTTGTATTCACCGAATATTTATTGGTTTTACTGTCCATTGCTTTGAAA
GCAATAGAAATAATTGAGGATCAAGTAAGTTTAAGATAAATTATTACAGTTAAATGCCGATGCAGGCACTCACGCACACTAACGCACCCAAAACA
GCGACACGCGAATTTGCGAATTTCGTTTTGGCCCGTTGTTTGTGTGTTGTTGCTGTTGTTACAACGTTGTTTGTGCTAAACATTAATTAATTGTC
GCAATGTCTGTTTCGCTATAAATATGCGAAACGTGCCGTTGTTATTTGCGCGAAACTAAATGGCCAATTGCGCTTTACCGGTGTTAGTGTAGGTG
TATGTGTTGTCTGTGTGTGTTTGTGGTTGCTGGCGCGGGCGAATGGCGGGTAATCCGCATACACTCGCACTTATTTTTTGCAAAGGGTTTATGCG
ACACTCGCTTTGATCACGATATTAAAAGCTCAAACACCACTCTACCATTATACAAATATTTATTATTGTAAAATAAATGCGGTTAAATAATTTAC
CTTAGAACTTGCCCTAAAGGATATTAAGTGCAATTAAAAGTAGAACAAACATTCATTGCTAAGTTACTAAATGAATAGCATTTTCTTTTGCAAAC
TTGTTCATTATAAACTACTCCTTCGAATATATATTTACTTAGTATATTTTCTGTTTCCACGACTTTGTCTCACACATAAACACGTAAAAGCGCGA
AACAGACAC
(SEQ ID NO: 1078)

Exon: 11929..11814
Exon: 3379..3066
Exon: 2996..1001
Start ATG: 3199 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT27700
AACGTCGGTCCGCGGCGGAAACAGTCGTTAGCAGTTCCATTTCGTAGCGACATTAATTGGTAACCATTGGGACTCGAAGTGCAACACACAAAAGT
GGACTGTGCAGCGCGATTTATGGTCGGCGGCTGGATTCGTTTGGAGTGACTCGACTCCCACAACAATTGCCACTGATGAGGTGAACGAACTGGTC
AGCATCCCAGCATCCATTTTTTAGCCCCTCCATCTCTGGCAATTAAGAGAACCCTAACTGGAGGGCGAGAACTGCTGGCGAGGAGGAGGGAGCAA
CTCGACTAAAGATGCCGTCGCTGCGCCAGAAAGTCACCACTTACTTCCGCCAGTTGAGCTTCATCGCGGAGCCTCGCGAGGGTCGCCGGCGGGCC
AGCGAGCACGAGGATGATGATGGTAGCTTCATAACTAAATATCTGGAGGGCCGAATGCAGCGTCAGTTTGTTGAGGGTCCGGAGATTTACAATGG
CCAGAATCCCACGGACATGCCCGTTCTCAAGTTGGATACATACGAAGCTGGAAACTGCTCTATAACAGCCGCCTGCACAGGTCCTGACGAGGGGC
TCACCGGCATCAAGCGCTCCAAACTGCACTTGAGCACCAGCTTCGCGGATGACATTGACTTCATAGATACGCAGCAGGAGAACGATGATTGCTAT
GGCGTTAGGAGGAGTACACCACCAGTTCAGGTGGCCACACAGAACTCAACCCGACTTACCAGCAAATTCGGACGGCCGCCGGCAGGACCTCGCAG
ACAGAGCAGTGCGGAGCAGCCCTCCGGATCTGCTTCTGCGTCGGGAATGCGTTCCCGCAAGAATTCCAAAAGCAGCATAGCCAATCTGGCCGCTG

CGTCTGCTGGCACGGATGCTGGAAAAGCCAACAGCGATCAGAACAATAGGAATGTGTTAAATGCAAAGACTGAGGTCTCGACGGATGGGGATCCC
AACTCAGAGCGGGAACGTTTGCTCCGCGAAGCTGTAAGCAACCAGGGTGGCTCTGATCCCGCAGCTTTGATCGCTGGCGTGGAGAACTGGCGCAT
GGAGTGCGACTTCGCATATGGTATCTCGGTGTCCCTCTACGAGACCAACATGCTGACTAAAGAACCCATGGGCAATCCCATCGCCGACTGCTACG
GAATGGTAGTGCGCGGAGACTCAGCTGCCATGGCCATGGCAGATGGTGTCAACTGGGGTGATGGCGCTCGTCTGGCCGCCCGTTCAGCTGTTCAC
GGTTGTTTGGACTATCTGGACCGGGCGGTCTTCGGACAGGCGCTGGAGTGCCGAGCCACCACAACCCAGGAGGTTTTTGTGAGTTTGCTGCGTAG
TCTTTGGGAGGGACACGGTTGTATCCTGGAAGTTGGAGGAGCCCTATCTACTCTCACCATAGCCGTTGTGCTGCCGCTGGACGGAGCGCCAGGGA
AATATGTCGTGTGCTCGTGTAATGTTGGCGATTCCCTGGGCTATGTGTACTCCAAGAAGCACGGAGTACGGGAACTAACACAGGCATCCCACGAC
ATCAGTTCCATGAGGGACATGCGCGATGCGTTGGGTGCCCTTGGACCGGCGGATGGCAACAAGCCAGAGCTGAGCAATCTAACCTTCTCGATGAC
CTGCATTGAAAGTGGAGACATAGTCTTTTTAACGTCGGATGGAATCAGCGATAACTTCGATCCAGTTGTGGGCAAGTTTGCCGAAGCCTGGACTC
CGGATGTTAAGCTTCAGACGTCGGGACATGTCAAGCCCGCCAACTTGGCACCCAAACGGCAGAACAAGAGTGCATCCGCCATCTATGCCCGTCTG
CATCCTTCGACTCCGCCCACGCGACCAGCTCGTCAGTCCAAGGCGGAAAGTCCGCCTAATAATGCGCCTAGTCGACCAAAGTATATGCGCTCCCA
AACGCTTATTGAACCACGCCAGGGATTGGTATCAGCTCCACCGCCATCGGTGGTGCCCCAACGCATTCCGAAGTCCATTTCAGGACTGCCCCTTG
TTACCGGTCCCCAGCGGCATGCTCTTACCCTCTACCGCTTAGAGGATCTGCTCAGCTATGGCATCAACGGCACGTTTTCGCCCTGCGTATCGGCA
CGCAGGCTCTGCCACTTGCTTATCGATTTTGTACGGATGATAACGTCAGCCAGGAGGAAGACCCTGGAGCAAAGGGAACTCTTCTATAAACTCTC
TACGGGACCAGATGGCGCCAAGCGTGAGGTGCAACTGAACCGCATGCAGCATCGCGCGGCCAGGAAGCGTGTGGTGGACAGCAGCGCCTTTGTAG
CATTGCCCGGGAAATTGGATCATGCCACTGTGATGGCCTACACGGTGGGCGGCGGAGAGGAGCACAATAATGGAAATGAAAACGGCGATGGGGGA
GCTATTTCGCCTGTACTGCAATCCAAGGAGTTCAAGGAGACGAATTTCTGA
(SEQ ID NO: 1079)

Start ATG: 297 (Reverse strand: CAT)

MPSLRQKVTTYFRQLSFIAEPREGRRRASEHEDDDGSFITKYLEGRMQRQFVEGPEIYNGQNPTDMPVLKLDTYEAGNCSITAACTGPDEGLTGI
KRSKLHLSTSFADDIDFIDTQQENDDCYGVRRSTPPVQVATQNSTRLTSKFGRPPAGPRRQSSAEQPSGSASASGMRSRKNSKSSIANLAAASAG
TDAGKANSDQNNRNVLNAKTEVSTDGDPNSERERLLREAVSNQGGSDPAALIAGVENWRMECDFAYGISVSLYETNMLTKEPMGNPIADCYGMVV
RGDSAAMAMADGVNWGDGARLAARSAVHGCLDYLDRAVFGQALECRATTTQEVFVSLLRSLWEGHGCILEVGGALSTLTIAVVLPLDGAPGKYVV
CSCNVGDSLGYVYSKKHGVRELTQASHDISSMRDMRDALGALGPADGNKPELSNLTFSMTCIESGDIVFLTSDGISDNFDPVVGKFAEAWTPDVK
LQTSGHVKPANLAPKRQNKSASAIYARLHPSTPPTRPARQSKAESPPNNAPSRPKYMRSQTLIEPRQGLVSAPPPSVVPQRIPKSISGLPLVTGP
QRHALTLYRLEDLLSYGINGTFSPCVSARRLCHLLIDFVRMITSARRKTLEQRELFYKLSTGPDGAKREVQLNRMQHRAARKRVVDSSAFVALPG
KLDHATVMAYTVGGGEEHNNGNENGDGGAISPVLQSKEFKETNF*
(SEQ ID NO: 1080)

Celera Sequence No. : 142000013384505
GGATCAATATATCTTAAGGTAGAGGAGAGTTACAGGTGTTGATTTGCTTTTCATAGGCAAGTTGAGTGCATTTTGCGCTGCGGCTCTGCTGCTGC
TCTGCTGCGGCGGCTGCGTTGAGTTGTTGTCGTTGAGTTTTTGTTTGAATTAGTCTTTGTGATTTGGTGGGTATACGATTTATAGTAGTTGCATT
ATTATTATTATTAGTTAATAGGTATTATCGTGTCTCTTGAATATACTCTGTTAGCTTTTGCTGCTCTCTGCATTTATTCTTTATCAACATTTAAG
GTACGTTGCACATTTTGTCCGCTTTTCGGGGGATAAACATAAACTGTACGTTATGTTGCGCTTCTAGCGTCCATTTTTGAATTACTCATAAATAT
TATTATATTTATAATTTTACTTATTAATTAATTTTCAAGTCTATTTGCGTATCACGTTTAAAACAATGTTCAGTTGTGAAGTATCCGTTGTTAGA
CATATAAAGTTCTTCTTCCTCTAATCGGGCTTTTCCTTCGCTTAAGTCCTCTTTCCATTTGGTTTTCCTTGTATTTCAGCCAGGCATCCATTGAG
TGTTGTACTGGTTGCAGTTTGTCGATTGGCTGGCTGTCTCTATAAAGATTGCGCATTGAAGTTGACAGGGGAGTTTTGGAGTTTGGGGGAGATGT
TCTATGTAGCGGGGAATTTTGCATCTTTTTCGCTGTGTTGATTTGTTCTCATTGTCGTTCGTTGTTGATGTTCTTTTTTGTCGGTCGGTTGTGTG
AGGACAGTAGTTTGTGTGTTTTTTACTTGTATTTTGTTTGCTTTCAGTTTTCTTTTCTTGAAACAGTTTTTCTCTTCTCACCTAATAGCTTCTCA
AATTGGTTTAATTGTTTTATGATACACACTTGAGATCACAAACATTACTCTTGTTTTTTTTTTTTTTGTTTTTGTTTAAAAAAGTTCAAATTTCCAG
TTGAAATGTTTTCGCTTTTTTTGTAAAAGTTTTTTCATTTTCCATTTTTTGTTTTATGTTTTTGTTAATTTTTTTTTGTTGGTTTTATGTTCATA
TCGATTTTTTTTTGCAACTCATTGACGGGTTCGGGGTCCACCGGGTGTTCTTGCCATTCATGTCGGTCCTCCAGATCCATCTTCAGATCCAGCTC
TAGATCCAGATCCTGTTCCTGCTTTCCTACTCCAGACACTGATCCTCCAGCACCAGTGTGGTTACGACTGCACATTGAGCAGCAACTTTAGGTTG
TGCGTGTCGAAGTCATCGAGGAGATTCCGCTTCGAGCGGCCTGTCTGCATCGGCACCTGGAACTTGGGCATCGACGGCATCATCATGGGAAGCTT
ACCCTCCGACCTGGACAACGTCCAGTGCTGCGGTGGCTTGGGCAGCGCCGTTGGAGCTGGTGCATCAAAGCACTTGCTGCCCGCGAAATGCGTCA
GTGCGGTGGGTATGAGTGGGTGCTGCTGCATCTGGTGCTGGGGCGATATCTTTCCGCCCAACGAAGGGCTCTTCCTCTGCTTGCGAGCCGATCCT
CCGACGATTCCCGGCGAGAAACCTCCACCCAAAATGGTGGCTGGTGACTGCCGAACCTGCATAGCTCCCTGGGGCGAACGTCCTCCTCCGTTCCT
TCGGTTGTTGTTGGCAAAGAAGAAGCCTCCACCGCCTACAGAGGATCCCTGCTGCTGCTGCGGCGACTGGCGCTGCTGCTGCGACTGCTGATACT
TGTTCTTGGATCCGGTCGACTGGGACTGCAGTTGCCGTTGCCTCTGGTTCGGGGGCGTGGCAAGAGCGGATAGACCCAGGCCAAAACCGAGACTC
GTGGGCGAGGAGCTCAGGAATTGGGCGTTATTTGTACTGCTGGCAATACTGTTGGAATGTGCAGTTACCAAGGGCGTTGCTGGTGCGGATGCGGA
TACGGATGTGGGGGAGACGGGTGCGGATGTGGGCGAGGGGGTGGATGAGTTGGATGCGGAGGTCGCTGATGCTGCTCCCTTTTTTAATCGTATGG
ACTTGGTGGCCGATGCGGTTGTCATTCTGATGTTGTTTCTAACGCTATTGTGCGAGTATGTCATAGTAATTTCGTCGCTTTCCGATCTCTGGATC
GATATCTCTCTCTCTCCGATCTCCTCTTCTCTTTCTCTTATTAAAATTTCTGCTGTTTTCCCTTTTTGTTTTTGGTTAATTCGCTAAATTAATGC
TTAACGTTAAATATCACACGCACTTAAATCAATTCTTTATAAATCGAAACCAAACGCCTTCTGATTCTGATTCTGATTCTGCTTCTGCTGCTATT
GCTATTGAGATGTTGATCTAGCTGCGCCGCTCTATTTTCTTTGGTAGCTGATAGTCGCCGAAGTTGAGATGACCTCCAAAATGGAAACGAAAAGG
GCGACGGGCGGCTGAGCACGTAGCTGCTTTTCCACTTCTCCTTTATGTTTTATGTACAGCTGTTGTTTACTTTACTTTTAGTTTTACTTGTAACG
TTATGTATTGTTTATCAGTCTGTTGATTTATTTTTTTTTTACTCCGGTTAAGCTATCCTTAGCTATAATTTCGCAAACTCTCTGTTCTTCGCTGA
TTTAACTGCTGCTTTCGCATTCCAAGCCGTGCTGATCCTGTTTTTTGGAGAAGAGCGAAAGAAACCATTGAAAATTCGAAACGATACATATTGGC
TTATGTTAACAGGAAAATAGTTGAAGTCTTATTTCTTATGAAACTATTTATGAAATCAGCATCAACCGCATTAATTACAATGCAGTTTATTGAAA
TACATTCTTACGTTAAAAGGTCTATATTTAAATTTAGGTTGAGTAAGAAAGATAATATGTACATATACACATGGAAAAAACGTCAGTATACGACA
GAATACCTTTTTTACCTCAGTACGAAATGTAACGTTCCAAAGGTAAAACAAAACAGTTCTATTTCGATGGCCGCGTGTGTGTGTATAATAAGA
AACGGGAACCCGAAAAGGGGAAATAAGACATGTAACGATTACATTTCCAGGTAGCAACAACCTGTAACGTAGTGCTAACTACGTAACGGCTGCAT
TATCGTTTTAGCGTGTGACTGTGTGTAGACTGTGTGTGCTATTTACGTCAACAAAAGGTGTTTGTTTGGCTATTCAAGCAAACTTGGGACGTCAG
AGGGACGACCCCACATGTATATATAAAGATACATATGTACATTTATTTTGCGAGAATACCTGAATTAATGAATCAACACACACACGCGCATACAT
ACACACGCAGCGATTACTAACACAATTGCGACTTACTTTTTTGCCGTAGACCTCACACCAACGAGTGTGCTTGCGTGCGTGTGTGTGTCGCAGTT
TTCTCAGCCACTTCGTTATACAGATTTCGATATTTCGACAAGCGTTATATACAAAATGGGTTGAGTTTGGGTTAAAAGTTGCCTTGATTTGGATG
TTTCACTTTAAAATGTTGCGGAAATTGGTTTGTTTTGCGTTTTTTTTTTTGCTCTTTTCTTCGGATTTTATTTGGGGTTATATGTGGATGTGTTC

GCAGCTGTGTATATATATGTGTGTGTGTGTGTTTTGTAAAATCACTTTCAAAATGGCGACGGGCTGGCTTCGTATTTATATATTTATATATATAT
ATATAGATGTAATTCCGCTTAAAGCTTTCTCTTCACTTACAGACAAAGGCTCAAAAAAATCACACTTTCAACTGATTCTGATTCGGATTTTGTTA
AACTCTTATGTACACCACCGTCTATTGCGCAGCGTTTATTTCGAATTTGATTTCCGTTATTTGCGCTCGCCAAGTACTCCACTTTAGTGTGTGCT
CTTCTGTAGCCTCACTCGTTGTACTTCGACGCGTATTAAAATATTAAACTTTACACAAATATTTGATTTATGTCACTTAACTTAGAACATTTACA
ATATGCGTTACATATATATTTATTTTTGTAGCAGAAATTTTAATCGATATCTTTATCTTCTTCGCTTATGCTTGTTCTTTGCGCATCGGTACGCT
TGCCTCGAATTTTCCACCATGACTCACACAAGCGCACGACTGCGCGGACTTTTATATGCCCGCAGCGGCATTGCCAAGCCTAAAAAATAAATTTC
CCTCTTTATGTATACATCGAAATATGTTTAGGCAACTCTGGGTTCGAGACACGGGTGAATCAGTGGATACTCAAGCCGGAAAAGCTGGAGGCCTG
TTCAGACATGCGGCGACCGCGGTTAGTAAATTAGTAATTATTTTTTATGACCAACCTATTGTTTTTACTCAAAATAGTCAATGTTGTGGATTCGG
GACTTGCACGTGAAACAAATGTTCAATATTGGTAAAACAAATTAAATCTACCTGTTTTTGATTACTACCTACCTACTAGAGTTGTTACATCTGCC
GTTATAAGAAAACAAAGTACGCGGCAATTTGAAATTGAATATAATACGACAGCTGGCATTTTGGAATGGATTTCGGCCTAAATCCGGATTATAGT
TATCTTATGTAAATAAATATTCAATTTGTTTTAGTTTGGCGCATAAGCGGTTGTTTTTGTATATCATTATATGAATAGTTAATAAAAATTGTGCA
TGTAAATTCAATAGATTAAGTGCACGTAAAATGAGAGCATTACGTTTGCAATTAAAAATTAAGCCATTAAACACGAAATTGAATCAATTAAAGAA
TGTCATCTTCTCCATATTCGGATTACTGTCTTAATTTTAATGGTTGAAGCTCAAATTGAATTCAACGCCCTTGCTATTTTTGTGTTTTTGGCAAA
TAAATTAGTGTTACACAATCTTTTTAAAAGAGAAGATAAATGTGATATTACATTTTATTGAACAGGATCAGTTGCACATATCTTTTGAAATCAGC
CGAAGTAGCTGAATAACACAAGTAATTACCTTATACAAATTCAATGCATCAAGAAATCTGACACAATGGGGTATAGTGGGATGCCCCGTCAAGAG
GATAAATAAAATAAAATAGGATGATGAGAACCGCTTACAACCGGCGACGCGTGTCACTCAAAACC
(SEQ ID NO: 1081)

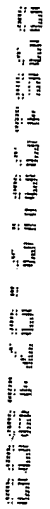
Exon: 4005..3651
Exon: 2602..1001
Start ATG: 2020 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT27750
GGAAAATTCGAGGCAAGCGTACCGATGCGCAAAGAACAAGCATAAGCGAAGAAGATAAAGATATCGATTAAAATTTCTGCTACAAAAATAAATAT
ATATGTAACGCATATTGTAAATGTTCTAAGTTAAGTGACATAAATCAAATATTTGTGTAAAGTTTAATATTTTAATACGCGTCGAAGTACAACGA
GTGAGGCTACAGAAGAGCACACACTAAAGTGGAGTACTTGGCGAGCGCAAATAACGGAAATCAAATTCGAAATAAACGCTGCGCAATAGACGGTG
GTGTACATAAGAGTTTAACAAAATCCGAATCAGAATCAGTTGAAAGTGTGATTTTTTTGAGCCTTTGTCTGATCAGCACGGCTTGGAATGCGAAA
GCAGCAGTTAAATCAGCGAAGAACAGAGAGTTTGCGAAATTATAGCTAAGGATAGCTTAACCGGAGTAAAAAAAAAAATAAATCAACAGACTGATA
AACAATACATAACGTTACAAGTAAAACTAAAAGTAAAGTAAACAACAGCTGTACATAAAACATAAAGGAGAAGTGGAAAAGCAGCTACGTGCTCA
GCCGCCCGTCGCCCTTTTCGTTTCCATTTTGGAGGTCATCTCAACTTCGGCGACTATCAGCTACCAAAGAAAATAGAGCGGCGCAGCTAGATCAA
CATCTCAATAGCAATAGCAGCAGAAGCAGAATCAGAATCAGAATCAGAAGGCGTTTGGTTTCGATTTATAAAGAATTGATTTAAGTGCGTGTGAT
ATTTAACGTTAAGCATTAATTTAGCGAATTAACCAAAAACAAAAAGGGAAAACAGCAGAAATTTTAATAAGAGAAAGAGAAGAGGAGATCGGAGA
GAGAGAGATATCGATCCAGAGATCGGAAAGCGACGAAATTACTATGACATACTCGCACAATAGCGTTAGAAACAACATCAGAATGACAACCGCAT
CGGCCACCAAGTCCATACGATTAAAAAAGGGAGCAGCATCAGCGACCTCCGCATCCAACTCATCCACCCCCTCGCCCACATCCGCACCCGTCTCC
CCCACATCCGTATCCGCATCCGCACCAGCAACGCCCTTGGTAACTGCACATTCCAACAGTATTGCCAGCAGTACAAATAACGCCCAATTCCTGAG
CTCCTCGCCCACGAGTCTCGGTTTTGGCCTGGGTCTATCCGCTCTTGCCACGCCCCCGAACCAGAGGCAACGGCAACTGCAGTCCCAGTCGACCG
GATCCAAGAACAAGTATCAGCAGTCGCAGCAGCAGCGCCAGTCGCCGCAGCAGCAGCAGGGATCCTCTGTAGGCGGTGGAGGCTTCTTCTTTGCC
AACAACAACCGAAGGAACGGAGGAGGACGTTCGCCCCAGGGAGCTATGCAGGTTCGGCAGTCACCAGCCACCATTTTGGGTGGAGGTTTCTCGCC
GGGAATCGTCGGAGGATCGGCTCGCAAGCAGAGGAAGAGCCCTTCGTTGGGCGGAAAGATATCGCCCCAGCACCAGATGCAGCAGCACCCACTCA
TACCCACCGCACTGACGCATTTCGCGGGCAGCAAGTGCTTTGATGCACCAGCTCCAACGGCGCTGCCCAAGCCACCGCAGCACTGGACGTTGTCC
AGGTCGGAGGGTAAGCTTCCCATGATGATGCCGTCGATGCCCAAGTTCCAGGTGCCGATGCAGACAGGCCGCTCGAAGCGGAATCTCCTCGATGA
CTTCGACACGCACAACCTAAAGTTGCTGCTCAATGTGCAGTCGTAACCACACTGGTGCTGGAGGATCAGTGTCTGGAGTAGGAAAGCAGGAACAG
GATCTGGATCTAGAGCTGGATCTGAAGATGGATCTGGAGGACCGACATGAATGGCAAGAACACCCGGTGGACCCCGAACCCGTCAATGAGTTGCA
AAAAAAAATCGATATGAACATAAAACCAACAAAAAAAAATTAACAAAAACATAAAAC
(SEQ ID NO: 1082)

Start ATG: 938 (Reverse strand: CAT)

MTTASATKSIRLKKGAASATSASNSSTPSPTSAPVSPTSVSASAPATPLVTAHSNSIASSTNNAQFLSSSPTSLGFGLGLSALATPPNQRQRQLQ
SQSTGSKNKYQQSQQQRQSPQQQQGSSVGGGGFFFANNNRRNGGGRSPQGAMQVRQSPATILGGGFSPGIVGGSARKQRKSPSLGGKISPQHQMQ
QHPLIPTALTHFAGSKCFDAPAPTALPKPPQHWTLSRSEGKLPMMMPSMPKFQVPMQTGRSKRNLLDDFDTHNLKLLLNVQS*
(SEQ ID NO: 1083)

Celera Sequence No. : 142000013384828
TGGATGGCATTTCAAACATGCGAGTGCTGAAATGGGCCAGCTTTAACTATTCCAATACCAACTATGCCATCCGCCTGAGTGATATCTACATTATT
AAGGTATAGTTAAGTTCTCACCACTTTGGTTGACAAAACTTTACTACTAACTTTGCTTTACAGTGCGAGGACTGGTATGCAACAAATGGTGGAAA
CTGTGAGGAGATAACACGGATTGCGGAGCAACTGGCTCGCAGTGCCTCGATGGCTCTGCTGCCACTTCTCGATCTTTTAGCAGCTGCTGGCATTA
ATAAGCTTGGCCTAAGAGCCACGCTCGATCAGGATAACGTATGTCTATTCAATGCGGAGGCAATTCAAATCACTAATAATATTATCCACTCCTAG
GTGGGCTATGAAGCCGGAGCTCGTGGCTCCAAGCTACCGCCGTTGTACATGAACGCGCTGGACAACCATCTGATAGCCACGCTGCATGGCGAATC
CTCCGGCATTCAAGAGCCCATCATTCTAGAGCTGATCTTTTACATACTGAACGCTTGACTTTAGTCCCTCGTAGTGCAATTCTCCCGCTGGATCC
GAAGACCAAACGGAAACATTCTTAACTCTAAGCTCGACGCGATCAAAGCCAATGGACAACTACACGAGTCCATGGGGCAAGAAATGAGGACATGT
TGGTATTGTTGGATGGCTCAGTTAACTGTGTATATATTTAAGTAGCTCATCGTTTGGTTTTTGTCTATACATTTCTACAACCCCCCCATTTCTAA
CCTTTCACTTCAACTGTTATATTATTTCTGATTTTTATTAGTTTTGAGTTTTCATTGAAAGTAAAACGTATCTAAGAAACCTAAATATATATATA
TTTGTATGTGATGTTCTTTAATATGCTTTACACATTTACCACTCGAGTATATATGAATAACAACTATATTAAAACTGTTGATCAAATGGCTGTTT
CACTTTGTGGATATAAGATAAATTAGAAAAAACAAAGGCCGCGTCTTGTTAAATTATTGATAGCAATTCTTTATTCAATTTAAAGTGTTTCAATT
GACTTCGTCTTGAGAGTGTGTCTGATTTACAATATACGATATTATACGATATTATCTTTACGATGGGTCTAAAAATCGTCACCACCCGCAGCCGA
CACAAAATATATAACAACCTATAAATGTATATAAAAATGATGTTCATTCTCTCTCAGATTGTACATAATTTAAACTACGTCTAGTACCGGGGTTA
CAGACACACAAACTACTAATGCACTCCTCTAATGTGTTGGTGTTTAGATGCAGATGCAGATGCTGATGCTGATGCTGATATGTATGCTATATACA
AAATGACATCGGGAAGCATTTGGTTGCACTCGATTTATTGCTCGGCTCGTGCCTCATCTGTTGTATATGTTCTATTTTTGTGTATATATTTGGGT



TTTATATAACTTAAGCACTCGTGTCCCTTCGATGTTGACGGCAAACCAAGAACCCCCATTATTGAGCACTACAGCTCGTCGTGTTTGGGTCCCGA
GAACTCATCGTGCGAGATGAAACCGTTCTTATCCTTATCCTCGTGCTGAAAGATCTCCTCCACCAGCTTGTCGTTCTCAGCCAGCATGTTCTTCA
GCTCCTCGGAATCCTGTCCCTCCACGGCGGTCATCTGCTTCTTTAGATACTCGCTGACCTTTAGAGGAGAGATATAATATCCAGCATTAATTTAA
TTGTAGCTACTTTATATATTGCTCTAGTCTACTGAAAGCATAGGCTGGTTAGTAACTTATCCCACATCCAACGGATATTTCAGTGTAGAGAGACA
TGTATATGTAACAAAAGTGCGATCCATACATAGACGATTACCTCTTCGCGACTCAGCTGCTTGTCGGCATTATCGTCGATCTCCTTGAACACATT
GGTGGTGGGCGGGGCATTGCCGATGTTGATCAGCTCCACATCGAAGAGGAGGGTGGCCTTGGGCGGTATCACGTTGCCGGCACCCTGGTCACCAT
AGCCCAGCTGGGGAGGAATGGTCAGCTTGCGCTTCTCACCTGGATTTCAAAGTGAACTCCAAATTAATTTACACATTTACCGAGCACTTCTCGC
AAGCACTTACCCACGCACATGTTGAGCAGACCCTGATCCCAACCCTTAATCACCTGGCCGGCGCCCAATTGGAATGTGAAGGGCTGGTCGCGGTC
GAAGCTGCAAAAAAAAAAAAAAACGAGATGAAAAAAAACACGGGGACATACAAATTGTTAGACGCTTGTTGGCCACAAAGTTTCAAGTGCTTGCAG
GTGTCGTGGGCTGAAAGCCACCTTAAACCGAAACAATTCATCATTTCTTTATGACTGCTCTCTTTTTTTCATATCTTTCGTTATTTGCAGTCTAT
AAAAATTATTTATTTGATGGTTCCGCTAAGCGAATTTACTTTAATTTGCTAAACGTAAAAAAGGGGGGATATAAAGGCAATGGAGCTGCTCAGGT
ATGCATGAGAATGTCGCGCTTGTTGAGCTTGATGTATGATGTGGCACAGTTGCAGGCCATTTCGCGATGATTATGATATATAGAAATGGATTCAC
AGTAGCTCAGGGTTTGCTAAAAAGGTCGGGGGCATATCGCAAATGGAGCCATAAACACGCTGTAAAATGGCGTTTATAGGCCAACATGAGCTTAT
GGGCTTTAATTCAGTTTTGAATTGTGCATTTTTCAAGGGTGTTAATACAAATTAAGGCTAAGCCGCATATACAGATACATAAAACACGAACAATA
TAAATTCTAAGTACATTACACATCTCATTTCCACACAATTGAATTAATCAAAATTTGTTTATTTCAAAGCTTAAGTAACGATCTTCAGCTGAAAT
AATTAGTTAAGACTGTAATATAGCTGTTCTCCTATTGTTCGAAACATTTTAAAAGATTTTTTTTTTATAATTTTTTTGAACAAATGTTCTTAAAC
TTTCTGAAGCCTCTAGAGATCAGAAGTTGGCAATTGAAATGTGTCGCTTGGGCCTGCTGACTGCAGGAAAAGTTTCCTTGACGTTTTCCTTCGAA
AACTCTCCTGTTGTTCATCATTATATTATTATTGCTGTTTGTTAAGAAAGTTGTTTGGCTGTTGGGTTTTTAAGAACTTGTTGGTTATCCCCGTT
TAAATGGAGCCGAGACAGATTATTGCACTCGAGGCTGGGGAAAAGGAAACAAATGATTAACCAACCAGGAGGAGTCACCCACATGGCTGGGAAAA
AGTTGTAGGGCATGTCTGTTAAATATTTTATGTGCATCTCTTGGGCATTTTGCAAAACATTTTTACATGCGCCGGCTGTTGTTTCAAATTCCAGT
TCAAGTCACAACCATGATGGGGCAAGTGGCAAGTGGCAAGTGGAGGTGCGGCAAGTGGCTCGGCGGATTGCCGCTGAATAATCCACCCAACCGGG
CCGCAAAAAAGAAAAAAAAACGAACATTCACATTCAGAGCGGTTAAGTGTTACGCTGGAGCGTAACCAAAGTGTCGTCGTTGCTGTTTTTGTCGC
CCGCCTTTCGCTCAAGTGCAAATCTCCAGATGGAATAAAAAAGCGTAAAAAATTTGTACCACCACCCCCCTTCCCAACCCACTTGAGATTCCGCA
TGTCCTGTGTGTGTTTCGGTTTGGTTTTCCAGGGATTACGCGGCATCTAAGACACCTTGGTGGCTTGTCTTTATTTCGGTGTCGCCGTCTGTGGC
TGTGAATTTTTATTGCATTATTTTCCATGAATATCTAGTACAATATGTGAAACATTTTATGGAGTCTCCCTTCCTTCCATTTCATATCCTTGGAG
TGTTTACTCCTGAATCCTCGCTAATTTATGCGATTTGCGAAGCTTACAACAAGCTCTACATGTTTATTTTTTTTTTGTACACTATTGAACGGGTA
TCTAAAATCGCTTATTCGCTTTTTAAGTTTTGAGTTAAAAACTGCTTATAAACTTTAATAAATAAGCATTAACTGCAATGACACTTTAATTAAAT
TTCAACAATATTACACCCCACAACTTTAAATGCGAAACCGTTTAAAAAACGGAGCTGTCGAGTCGTAAATAAATTAATAAAATCGTTTAAACGTG
TTGATTGTTTCAGTCAGCACGATTGAGCCCCCTCCCCCCCCTCTTCTCAACGGACTTCCGTGTCCTTCGTCCTGTTTGTCCCCCTGAAGCAATCA
AATATTTATGAATTACCGGACAAGACAAACAAAAGGTCAGCTGAGATCAGACCTGAATTCACTCGCAGGTGGGCAAACAAGTTGCAGTTGCTGTT
GCTGTTGCAGTTGTTGTGCAATTGGCAAATATCAAACGGAATTTCATCGATATTTTGCAAGCGATTCGCAGGTTTTTCCAGCTCGTCTCCAATGG
GGCTTAGATTGTGGTCTAAAGTGGGAAATAATGGGGGGTCTGCTGTCAGGGGGGGAGGCACAAGTGTGTGTGTTGCGGGGTGCTTCTTTTTACAT
TTTGGCTTTATGGCCAGCGCATTATCATAAAGTCAAGCAAAAAATGTAAACTCATTCATCCACTCGCTAAATATTTAATAAGTTTCGATTTCATT
CTTCCACTGGCTGTGCCGTGTGTTGTTCCTTTTTTAACCCAATCCCAATTCGAATCCGTGTTGGTATCTGTATCTGTATCTGTATCTGTATCTGC
GAATTGCGAGCCAAGTCCCAACGCATCGCATAATTTAAAATGCAGCTGAATGGGCGCCCAAACATCCGTTTGCCGTTCTACGTGATTCCGCACCA
CGGGTGGTGGCATTTCGATGGGTGGGAATCTTTGGCTGGGCATATGGCCACCCGAAATCATACCACGTCACTCCGCCGACTTCAGACACATTCA
ATCCAATCAAATTGAATCCTTTTGGGTGGATCCCTTGATGACCTCGTTTTATGTGTCCGGCCAAGAAAAGTTATAAAATCAAATATGCAACCGCA
ATTCCTTTGCCTTCCGCTTTTTTGGATACCTCCCCATTGGGGCGACAACTTGCGATTAACGTGCACCAGAGAACAAGGACTCCAGCAGGACCTGC
GGCGCAGGATTTCTCTCGGCGGGAATGGTCAACGTGCGAACAATTCACACAAAAAGTCTAAAGTTTGAACAAGTTTGCAGCCCAGCAGCACTGAG
AGAAAACAGTTGGGTTTATGGTCTTTGAACTACTATAAGTTCTGAATGCATGGATGTTTTTTTTTGTTTAATTAGGAAAATGAAATATTTGAAATA
TATTTAGTAAGTTTATAGACTTATTTCTTTCTATCTACGTATCCTTTTTTTTCAGTGTCGGCACAAGTACCTCAAAGGACACCCAAATTTATGCC
CCAGCTGGCGGCATCACGTTCCATCGCCCTTAACACACAACCCCGAAAAAAGCTGCTGTAAATTGTGGAAAATAAGAATTGCAACCGTTGAAGCT
CATTAATTATTTAAACTATCTACAAATGTCTGACGCGCGAGCCGAGTAAAATATACATTCGTGGCAAGAGTTGCCATAAAAGTCAGACGGCTGTT
GCAGTTGCAGTTGCAGAAACAGCCGCACTTGATTGCATCCACATGGTAATGAGCTTTAGATTTACTGGAGTCTGAGTCGCAGTCTGCAACGCCAC
AACTTTGTTCCAAGTGTTTTGCCATCAATGGTGTCAAGGTTTCTGTGGTCACTCGAGCAGAGCTTAAGGTCTCCTCCCACTCCCACTCCAGCTCC
CACTTCCACCTCCAACTCCCATTTTCCACTCCATGGCCAGCAGCACCACATTCAAGGTTGTCCAGAGTGTAAGCTAAATAAAACTTTCACTTTGA
TGCATTTCTGGTTGCTGCTGCTATTTTTTTTTTGTTTTTGTTTTTTTACGCACTCTGCTTTTGGACATTAAATTGCACTTGCTGCAAAAGAGTTG
ACACAAAGGGGGGAAAATTGGGAAGAAAAAGGCAGAAAAAAAATGGGGGACTTTGCACTTGGAACATACAAATCATGGCAGCCAGAAAGCGACAAC
ATCGCAAGTTATGGCCCGATGCTTCAGGTAACTGACTTGTGCTCCTCTTTATTTCCTCCCCTTGACTACTTCAACGTTACGTTGTCAAAAATTTT
TGTGAAACATGTTTTCGAGGATGCCAACAAAAGAGCCACTCCTCTTTTCATATTCAAACTACGGCTGGCACTGAAAGAAATGCTACTTGCGTACC
TTTGGACAGCAAAAGGTATTAATAAATCAATTAAAACATATTCATTATAGCATCGGACATTGCCTTTTGTGGTTTTATCATTTGGCTGTCTCAAC
TTTCACCCATACGAAATATGGCCCATTAACATGTTCATCAAAAGTGTCGCATAAAGGTGTGAATTGACCCCAAATACCATATATGGCTTTATAAA
ATACCAACTAAATATGTTTATGAAGAGCTCTAACTTAAAGCTCCTAAAATTTCCTTTACACTATCTCTCCATTTGTTTCAGCGAAACTTTAAGCG
AAAACATCACCAAGTTTGTTGCTGCAACTCAAGTAACAAATTAATTTCCCCGGAAAAGTGACACAGCGCACATGAAAATCTTGTGATGGGGGGCA
TACTAGTATACATATATCATAGCAGGTGAAAGGGAGCAGTGTAGTCATGTTACGCGTCAGGCTGATTAGAATATAGCGACGAAAGGCTGCATAAT
TTATGCGGCCAAAAGAAGGTCTGCGGGTCAAAAGTGGAGCTCAACTTGTTGCCACAAAAACGGGAGGCGCCGCGTCGCGAAATTCTAATGAAGAT
GTGGAGTGCGGACCAAAGTCATTGACAAACTGTGGCTGCACGTGACCCGGGTATGGCTATGACAGGTAGACATGATGGACTCCTCCGCCAGTTGG
ATCCCTAACCAAGGGACAATGGAGATAAAAGGCGGCAGGCACGTGACAGGACTCCAGCTCTGGTCCTGGTCCTCATTATTGAATTAGTTACGAGT
ATAAAATGCAAAGGGATGAGGGCAGTTGGGGGTATATTTGTAATTGTCCGAAATATAGTAGAGTTTCTTTTATGGCCAACCAAGTAGGTTGTAAT
CCATTTTAATATCAATTAAGCACGTATAGTCGTATATTCGTTTTCCGTTTCCCTATGCTTGTGTGCTTAGGACAGTTTTTCATTTTGATTGGCAT
TTCAATAAGAAATTCCATCGACAAACCCGTCAAAAGCAGAACAAAATCTTCGTACTTATCTCTCTCTCAAGGAGCATCGCATCTTCGTTTTAAAC
CCATTTTTTCAGGTGCTCTGCCGGCAAAAGCTTAATTATAGCCAAGTGAAGCTGGCTTTCAGCCAGCTAATTTCCGCTGCAAGGCGGAGACTGTT
TGGCCAAAAGCCGAAGCCGAAAATGGCAGAAGGAGCTGTGTTCGCAGCTTGAGGCTGAAAAGCAAGAAGTGGCTGAAAAGGATTTCTCGCACAAG
GCGAACAGAAGATGGCGAATGAGGAGGACGCCTGTCGACATCCTTGACTGCACTTGACTGGCACAAAGTGCCTTGTTTGTTAGCCAACTTCGAGG
GCATTTAAGCCGCAGCGCAACAGGTGGCAGGCCAGAGAGAAAAACGGCAAAGACGGGGACGCACTCTGATTGAGTTAGTTGGCCAACTCCG
CCATTCCTGCCTCACAGAGACTTTGCCACGCCAAATTTAACAGCAATTGCGAAACTTTTAAGCCCCGAAAGAGACGAATTGCAACTTCCACATAA
TTTGCAACCAAAATTTGTCTACCAAAACTCAAGGTAAGTGAAAGGACACAACATGTCCAATGAGATGGATGGGAAAATGAAATGTTTTCCCTTTT
TAGCATATGACAAAACGGGTTAAGCCGGGGCAATTTGAAATACTTGGGGTCAGTCAGACGTTTATAAAATCGTTTCCCCTGCGAGAAACACAATT
TTCTGGTCGTAAAATTAAATCAAAATTTGATAACTGAGAGAGAGAGTGGTGGAGTAATGCCCTCACACTCAACGTATATTTTATTTATATGCAAT
CAACGGACAATATATCAGTTTAGTTAATCTAGTTGAGGTCGCTTATCGACAAGTTTTTGCCCCAGCTGATATTTATAAAACACTGATAATGAGTT
TTACCGCTTGCCAAACGGTTACACAAAGATTTTTTGTTTGCCTGGTGGCAAACAACCCACTTTGGGGTGTTAATTAGCCGCACATGTGAAATAAT

TTGGTTATCCTTTAAATTTAATTGGTTTTTTGTATGGCTATCTGGGCTGGGAGCTCAAGTTTCGCTGTGGCTTTTATTTACAGGATTTATTACAA
GAAAGTCAAAGGTTGAATATGAGAAAGAATATTTGAGATAAGAAAATAAGTAGCGCCTTATCATTTTCTTTAATTGAAACTACTGCTTAAGAGCT
AACTATAGTTTGAAAACAAATTGTTTATGGGTAATATTTTTAAATGGTTTTTAAGAATCTTATTTGTACCGGAAAACGATTTCTTTGCTTAATGA
AGCCAAAAATTGAGGGCCGCGTCACTATAAACGCCCATAACCCACAGAAAAATGAAACAAAAAGCGGGAAAATGGGTTTGAGTTTGAGTTTGGGT
TGCAGGAAGAAGGGGGGCATTCAGGCATGGAAAATGCACCAGCAGCACAAGCAAAAAACAACAACAACAGCGTCAGCGACAATGCAACAATGAGA
TCGCTTATCAGTTGGCGTCTAATTTACGGCAATGAGCCGCCGCGACGACAGACTGACTATGCAGCACCAGCAGCTTTAATCCCATACGGAAAACA
CATGTATCTGCGAGTATGTTAATCTGCATCTCCAATGGATGCGTGTGTGTGGAGATTACGGACAGCATCGGCTTTAAAAATATTTCATCCTGAAC
TCTCTGACATTCTGCCGAAGTTTTTGGGGCAATGTGAAATAATCACTTTAGCATGGGATTTAGCTTAGTTCATTGATAACAAAGTGTGCCTATTT
TAGTTTTGTACACTTTAAGATCACTCACCTCGAGTCGAATTTCTTGCCATCGGCCTGCAGAGTTCCAGTGTAGTGCATGGTGAGGGAATCGCCGT
TCTTGGACTTTTGTTCGCACACCTCCGGCGTGCTGATCACCTCCACTTTCAGATCCTGAGCCCGGACCAGGCTGTTGCTGATGGCCACCAGCAGA
AGGCACGAGATAACGAGATTGGATTTCGACATGGCTGCAAGATAAATGGGCAAACTTGATTACCACAAAACGTAAGAGACTTTCAAAAAAAGGGG
AACGTGTTTATGCACTCGACTACAAGGAGTATAGTAAACCTTATAAAGAGTTTAAGATTTGCTAATCCTTAAAATTAACTGAGTTCGAACTACAG
ACGATAAGATCCACTAACTCGAAACTAAACCGAAGCACCAATGTCTTGCTCGGATTGATGTTCATCACTTTTATACACACAGATTCATCATCACT
ATCATCTACTCGCCATCATCTTCGTTTTAATCGCGTATTAGCGTTGCACAAGCGTTAAATGATGAATTTAAGCCAATTACCCGGAGAGGTGTAAC
AGTTGTTTGCTCAACAGTGTAAAGTTGAAATTGAAATCGTATGGATGGCGAGGGGTATTCGCAGCGATTGCGAATGGGATGCGCGAACAGCAAAA
ATTAGTCATTATGCAAATGTGCAATTCATTTTCGAGTGGGGAACCGAATTCGACCAACCAACCAGCTTTGACCATCTCGACCAGCTGGAGGGGAT
TATGCAAGCCAAGACCCAAAGCCAAGCGAAATTATTGCGCGTACGCGGTGGCGTATGCGTAATGACCATCGTAGTCATTTCCAATGGGATATGTT
GGTGGGTGTTTCTGGTTAAATGAAAGTTTTGAAAGCGCCTAGGTCACCCAAATATAAAAAAAAAGAAGCGAAAAAAATTCGAATAGCCGTAAAAT
AAAAAAACTAATAAGGCAAACAAAAAATAAAATATGGTGGGTCTTTATATAGTCGGAAAACTTTCACTAATGGAAAGGCAATGGTCAAGCCTCAA
TTACGTGAAATCGGCATTAACATCTCTTGATCTTCCTCTTCAACTGCTCTCTTTCGCTTCTGCTTCTTTTTCCTTATACAGTGAAATCTCAGAGA
CATGAACACACATATGCCTTACTTTTTTGCTTAAGCTTGAAAATGATTAATTACACTAATAAGTTCATATGCTATGATATGCAATTGTTACAGTT
AAGACCAAGCTGAAGCCAGAAAATCCACAGATTTAGGGACTAGAAATACTTCAAATACTATAAATAGATAAGACGAGATGGCCTCCTGTGGCTAA
TAATCCTAAAATCACATTTTCAAATATATTTCAAAATCTTTTTTTTCAGAAGCCGCTTCACTGTACTGAGCGTCCACTTTTTGGCCTTAAAACCT
GTTGGGCGATCCAGCTTCTTCGTTTACACACGTATCTTTTTGTTTCAGCTTTTTTTTTGTGTGTCTTTTATGAAAGGTTCAGTGAACTGGCGGTA
CGAAGTTTACCGTAAGCGATCCAATTTACAGACCGGCGCTAAATGTTTCGGAAAATCTTTTCCTAAGCGACACGTCAGGAGTTTTCCTCTTATTT
CGAATCAGAAATGCTAATTGCTGACCCGAGCCGATCTTTAGCAACAAAAGCAAGAGCAAATGACCGGCGATATTTTTTTATTTTTATTTTCATGG
ACTTGTAGCGATAAGCTCTCTTTCTCCTCCTCCATCATTCGGTTTTCTTGGGGCGTATGTGTGTGTATATATATTTATTTGTGTATGCATGTGTG
ATGGCGTGGACTGAATATGAATGGAAGAGACACGACAGCAATGGCAAAGTACACGCTTTCTTTCGATTTCTCGATTTTCATTTCTTAATGAGCAC
ATTTCCAAGATGTTTACGCTAAGCCAAGCACACGATTTACGATCTGATATCTGTAATATACCTTTGGTCTTCCACAGACGGATATCACTCGATTC
CGGCGAAGGGGCGGGGGCGGATGCGGCGGGCGAACAACAGAAAACACGCGAGCAAACGGCGGATGTGAAGTGCAAACACGTCCGATTCGATCGAA
GTGCGGGCGAGAAATGCTGGAACCGAAGCCGCCGACGTTGTTTTACTAACCGCTACTTCTACACTCAGAAACATTTTTGTGGCACTTTGCAAGTT
AGACCAGATTATTTTGTAGTTTAGTTTAAAATCTTATTTATATATATTGCATTCCTCCAAGTTTTTCATAAGATTATAGTTTTTTTTGTATTTCA
ATGTTTTTTTCATTATATTCCCTATCTTTTTTTTGGGTGCACCCCTATATAAAAAGAGTGGAAATCTTCAGAGAGACCCGGAAAGTGTGAGCGGG
AGGAGGCGGGGGATCGTGATCCACCACCATCCACACGTGTAAGAGTACGAGAGAGAGTGAAAGATCGTGTTTTTGTAGAGCCAAAAGAGATTCAC
ATACTGTGGGAACGCGATCCACAATACGGGGGGCAGAATAAGAGAGAGCACTTGTCCACGTAATCAAGCAGAAACTTGTTCAGGAGCGGATCAGG
CGGACTTAGGTTAAGACACAATCAAAGGTGTTCCTTATCCCAAATAAATTAGTTAATATGTAAGATTAATTTTTTAAAATTTAACTTTAAATTTA
TGATTAATCAGAACTTACAGGAACAATGTAATACCGAAATGTATTCCAAAAAGTTATTCATTTTTTATTAAGCTAATAATCGTTTTGAAAAATGT
AACAAAAACGAAAAATATATGGAACACGAAGGACACACAACCTATTCAAGCAATTGCTCAAGTTTAACTAAAAGGAGTTTCCAAAGAATATGCCG
TAGTCTACATGTTGCTGGCATCAAAGTTTAAGCAACATTATGCCTCGCCTACTTTTTCTAGTGCGCAGGCGCCTCTTTTATTTTATTTGTGGGTG
GAGCCTGATAAAGAGTTAATTTAATGATTGGCGAATTAAATTCGGCAAAATTATGTGACATTTTCTTTTGTTTTCATACTCTAATTTAATTTATT
ACAGTTTATTTTTAAACCGTGCTTGATAATTTTGTACACTGGTAGA
(SEQ ID NO: 1084)

Exon: 11016..10892
Exon: 9154..8959
Exon: 2189..2101
Exon: 2034..1847
Exon: 1673..1001
Start ATG: 9152 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT27794
ATCGAATCGGACGTGTTTGCACTTCACATCCGCCGTTTGCTCGCGTGTTTTCTGTTGTTCGCCCGCCGCATCCGCCCCCGCCCCTTCGCCGGAAT
CGAGTGATATCCGTCTGTGGAAGACCAAAGCCATGTCGAAATCCAATCTCGTTATCTCGTGCCTTCTGCTGGTGGCCATCAGCAACAGCCTGGTC
CGGGCTCAGGATCTGAAAGTGGAGGTGATCAGCACGCCGGAGGTGTGCGAACAAAAGTCCAAGAACGGCGATTCCCTCACCATGCACTACACTGG
AACTCTGCAGGCCGATGGCAAGAAATTCGACTCGAGCTTCGACCGCGACCAGCCCTTCACATTCCAATTGGGCGCCGGCCAGGTGATTAAGGGTT
GGGATCAGGGTCTGCTCAACATGTGCGTGGGTGAGAAGCGCAAGCTGACCATTCCTCCCCAGCTGGGCTATGGTGACCAGGGTGCCGGCAACGTG
ATACCGCCCAAGGCCACCCTCCTCTTCGATGTGGAGCTGATCAACATCGGCAATGCCCCGCCCACCACCAATGTGTTCAAGGAGATCGACGATAA
TGCCGACAAGCAGCTGAGTCGCGAAGAGGTCAGCGAGTATCTAAAGAAGCAGATGACCGCCGTGGAGGGACAGGATTCCGAGGAGCTGAAGAACA
TGCTGGCTGAGAACGACAAGCTGGTGGAGGAGATCTTTCAGCACGAGGATAAGGATAAGAACGGTTTCATCTCGCACGATGAGTTCTCGGGACCC
AAACACGACGAGCTGTAGTGCTCAATAATGGGGGTTCTTGGTTTGCCGTCAACATCGAAGGGACACGAGTGCTTAAGTTATATAAAACCCAAATA
TATACACAAAAATAGAACATATACAACAGATGAGGCACGAGCCGAGCAATAAATCGAGTGCAACCAAATGCTTCCCGATGTCATTTTGTATATAG
CATACATATCAGCATCAGCATCAGCATCTGCATCTGCATCTAAACACCAACACATTAGAGGAGTGCATTAGTAGTTTGTGTGTCTGTAACCCCGG
TACTAGACGTAGTTTAAATTATGTACAATCTGAGAGAGAATGAACATCATTTTTATATACATTTATAGGTTGTTATATATTTTGTGTCGGCTGCG
GGTGGTGACGATTTTTAGACCCATCGTAAAGATAATATCGTATAATATCGTATATTGTAAATCAGACACACTCTCAAGACGAAGTCAATTGAAAC
ACTTTAAATTGAATAAAGAATTGCTATCAATAATTT
(SEQ ID NO: 1085)

Start ATG: 128 (Reverse strand: CAT)

MSKSNLVISCLLLVAISNSLVRAQDLKVEVISTPEVCEQKSKNGDSLTMHYTGTLQADGKKFDSSFDRDQPFTFQLGAGQVIKGWDQGLLNMCVG
EKRKLTIPPQLGYGDQGAGNVIPPKATLLFDVELINIGNAPPTTNVFKEIDDNADKQLSREEVSEYLKKQMTAVEGQDSEELKNMLAENDKLVEE
IFQHEDKDKNGFISHDEFSGPKHDEL*
(SEQ ID NO: 1086)

Name: FK506 binding protein
Classification: chaperone
Gene Symbol: Fkbp13
FlyBase ID: FBgn0010470

Celera Sequence No. : 142000013384423
TTGTGTACGGCGTAAGCATACCCAACACTGAGGGCAGAGCAGGAATGGCAGCCATCTACGATCCCACTCGGGAGGTCAACGTCAGCCAGCTGGGC
GTGGAACTGGCCAAATCCCTGCCCAACTACGCCAGGCCGCAGTTTCTCAGATTCCTGCGCAAAATCGACCTGACGGGCACCTTCAAGTTGCGCAA
GGTGGAGCTTCAGCAGCAGGGCTTCAATCCGGAGATCATCGACGATGAACTCTTCTACGCCCAACCGGATGGCGTGTATGCTCCACTCACCCCAT
CCGTATACGAGAGGATAGTTAGAAACGAGCTGCGATTCTAGGAGCGCCGGACTTTGTTCTTGGGAAGAAGAAAAGTCAAGACTGTGCCTTGTATG
TTGGTGAAGAGGATATCCTTTGGATTCGGCTTGTGGTGCGCCAACTACTTTTAATTCTGGCTAAGTTTCTTATTGTCCGGACAATATAAACTTTA
GCATTGGAAATTTACTGTTGAAAGAGCGTTTCCGCGGGTAAATTATTATTTTGTAACTATTTCCTTCTACAATTCCTACATACATAAGTGTCACA
TCGTATTGTATACATTGTATAGATAATAAAAATAAAATTCAGCCAATGATAAATCCATATTGTGCTCTATTATGTGATTATAGCATTTTCCTTCT
GTAAGACAGGATTTTGATTGGTTTTCATTAGATTTGTAATTTAGTTTATTGTGCTTAGTTAAATAGTTTTTAAAAATGAAACTTACAATTGAAAG
AGCATCATTAGCCACTTTACGTTGGAGTAGTTAGAAAATCTAATATCCCGGCTTCCTTAAACAGTTCCAATCAAATCGGGATGGCTTTAGCTACG
ATTACACTTTTCAATAGAACCTAGGTTACATCCATTGCTTGAGCAACTGATGCCTTCAGCTTAAGTGGAACCAGATTTTCAGGTGAACGGATTTG
GAAACGGGGTCGTATAAAATACTTTCAGCAGTCTTTGGATCTATATCCGCTCAATCCTTGGGCGGCACATCCTTGCTCAACTCTGCACGCTTCCT
CTGCTCCATGCGCTCCTCTACCTGGTCCAAGCGCTCGCTCATGGCATCCAGGGAGCTCAGCAGTCCCGCCTGGATCTCGCCATATCGCTTCATGG
CCAGGACCAGACTCTCCTCGATAAGTTCGCTCTGCTGCGCGTACTCCCCGTTGTTCTGCGTTATGCCCTTTAGCTGCTCCAGACACTCGGCGGGA
ATGCTGCGGAAGTACTCCGCGCCCAGGGCCGGTTCCAGCTGCTTAATCCTCTCCAGCTGCTCGGCCTGCGTGTGCAGCTCGGGGGCCACGGCTTG
CAGGTACACCTCCTTGGAGCGCACCTGCTGGTGCTCCTCCAGGAAGTTGGGGTCCAGGTACTTCTCCAGCTCGTCAGATCTCTTCACGCACTGCT
GCAGTGCAGCACTTCCTGTGGTTGCTTCGCCCAGGATGGCGTGTGCCGAGCACAGGGCGTCGACCACGCCCTCGCCCACCTCAGAGTCCTGGACC
GGACCCAGGACTCGTGTCAGGGCATCGATGCGCTTCTCCAGAATGTCCAGTGCCTCCATTTTTCGCTGAATTTCTCTTTATTTTGTTCGTTTTGA
TGGGAATGATGTCAGTCTGCAAAACAATCGATGTCCAACGAAAAGGTGGCAACGTTAGCTTGGTGGCAAGGTTCTTGTACTCGCTAAGCAGAACG
AATTAACCCTTATGCGGACTAAAAAATATGGTATTTAAATAAAATATTTAGCTCCTCTGCATAAAGTTTTTGGTGCATACGTATCTATAAATATA
GTACACACTTAAATTCCATTGCTATTTACTTAGTTTCTTTTAAACGTAAACTGTACAATACAAAAATCTCAGTTACAACAGCTTAAAATTCTCGA
GGGACAACCGCTCCGCATCCTTGTTGATCTGCGCCAGACTATCCTCGGAGATGATGCGCACCGTATCGACGTCCGGGTCATCGCCTCCGGAATCA
TCCAGCACACACAGCAGACCATCGTTCTCGATGTACGGGAAGAAGAACTCGGGCTTGTCCCAGCTCTCCTTATCGCCGATTCCGTGGTGCGACTC
TTGTGCCATGTGCTCCACGAGCAGCTCCTCCTCGTCGAACTGCAGATCGCAGGTCACGCAGCGCAGCAGGCACATTTGGCGGCGCAGGTAGTTGA
CCACCTTGACGCGTTGGTAGAAGTTCAGAGAGCTGGTGGCCTTCTCGAAATCCAAGCGATGAACCTCGTGCATGTGCTTCTTGAGGGCGGTGAAG
TTGTCGCCGAGATGGTGGCAAAACAGGCACTTAATGGAGCTAGGCTCACCATCTGCCGCCCAATCCGACCAGTCCGAATCGTGTTCGCCATCCGA
ATCAGGGCGAGCGAAGTGCTTGTCGAAGTCCACGCTGCCGGTTTCAGGATCAGCAACTGTGGACACGGATGCCGTTTCCCGTCTTCGCTTTTGGA
GGTGCTGTTTCCGGGGCGTGGGGGCCGTTGGTACACGATTGTAGTTGATAAGGAAGTACTTGTCGTACTCCCTTCGGTTCGGATTGATCCGCTTG
TGGCCCTTCTTGCGCATGTGTTCCTTGAGCGTGGGCCGATCCCTGAAGATCTTCTCGCAGTAGAGGCACATTAAC
(SEQ ID NO: 1087)

Exon: 1640..1001
Start ATG: 1579 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT27878
GTTTTGCAGACTGACATCATTCCCATCAAAACGAACAAAATAAAGAGAAATTCAGCGAAAAATGGAGGCACTGGACATTCTGGAGAAGCGCATCG
ATGCCCTGACACGAGTCCTGGGTCCGGTCCAGGACTCTGAGGTGGGCGAGGGCGTGGTCGACGCCCTGTGCTCGGCACACGCCATCCTGGGCGAA
GCAACCACAGGAAGTGCTGCACTGCAGCAGTGCGTGAAGAGATCTGACGAGCTGGAGAAGTACCTGGACCCCAACTTCCTGGAGGAGCACCAGCA
GGTGCGCTCCAAGGAGGTGTACCTGCAAGCCGTGGCCCCCGAGCTGCACACGCAGGCCGAGCAGCTGGAGAGGATTAAGCAGCTGGAACCGGCCC
TGGGCGCGGAGTACTTCCGCAGCATTCCCGCCGAGTGTCTGGAGCAGCTAAAGGGCATAACGCAGAACAACGGGGAGTACGCGCAGCAGAGCGAA
CTTATCGAGGAGAGTCTGGTCCTGGCCATGAAGCGATATGGCGAGATCCAGGCGGGACTGCTGAGCTCCCTGGATGCCATGAGCGAGCGCTTGGA
CCAGGTAGAGGAGCGCATGGAGCAGAGGAAGCGTGCAGAGTTGAGCAAGGATGTGCCGCCCAAGGATTGA
(SEQ ID NO: 1088)

Start ATG: 62 (Reverse strand: CAT)

MEALDILEKRIDALTRVLGPVQDSEVGEGVVDALCSAHAILGEATTGSAALQQCVKRSDELEKYLDPNFLEEHQQVRSKEVYLQAVAPELHTQAE
QLERIKQLEPALGAEYFRSIPAECLEQLKGITQNNGEYAQQSELIEESLVLAMKRYGEIQAGLLSSLDAMSERLDQVEERMEQRKRAELSKDVPP
KD*
(SEQ ID NO: 1089)

Celera Sequence No. : 142000013383801
AATGAATCTAAAATGAAAGGCCAAAACCATATAGAAGCTAATTTAGAGCGCAACTATTTCACAAATCCTCACCTGGTTATGTACTCGAGGGTCAC
GGGATCCTCGACATTGAGACGATGGCTCTGGCACTCCACCTGGGCACGATTGATCATGATGCGAGCGTCGGCCGTGAGACCGGCAAAAGCCATTA
CAACGTGGTTGTCGAGCATGCAAATCTTGCGCACCTTTCGATCCTCCTGCAGTTGGGCCACCGACTTCTTCTCCACGCCAAGCACAACGCAGTTG
GCGCCGCGAACTCCGACCTGCGAGGCGAAAAATTGGAAAAGTCCATGTTTGTTTCGGTTTGGCGGCACTGCGAACGGTACTAAATTGCACTTACC
GCAGTCGATCCCTTGCGAACGGCCTCCTGGGCATACTCCACCTGCAGGAGGTGACCGTCGGGAGAGAATATGGTTACAGCACGATCGTAGCGTGA
GGACATCTTGTTGCTTTATTCAATAGCTGAGGTACTTGCAGAATATTAACTTATAGCTTTTTCCTTCTCGAATTCGCCAGGCAATGATGATGCTT



TTTTGAGGAAATGCCGCAGTGTGACCGCAGCATGGGTTCGATGAAAATTACTAAATTAATACCGTTTCGCAGTGAACGATATATCGTTGCTGAAA
TCATGTATCAGAATCAATTCAATTCTTGTTACTTCAGTCTATTTAATATTCTATTCCATTTAGTCTATTTAAATATTTAATTTAATACTTTTGTA
AACCGTTTTACAGCTTCAGGGCTGTAAATAATTTAGTAAAATATCAATTAATTTTTTTTCACATTATCTGTTATTATTGTTATTTAATAATACAA
ATTTATAATACAAATTATTTTCAATATATATATATATATATGTATTAATAATTATAACCAACGACTGTTACTTAAATGTACAAAATGCAATCGCT
ATGCCGGCCCTGGTAATCGGTGTTCATCGACAGCTTGCTGCAGCCCTCGTCGTCGCTGTAATTACAATGTGATGTGCATTTGTTTTTGTTAATAA
GAATTGTCCGATTAAACATTTAGATTATCTGTTTTTAAACAATGCGATCACGGTGATATCGGTTCGTAAAGGTTTTACACACCGTGTGATTTTGT
TTCAGTGCGTTTTGTTGTTCGTTTCGTAAATAAGTGGGCTTCATTTTGCCCAAAAAAGACGGGAGCCCAGACAGCTGATCACAGACTTTGGCTCA
CACCTGCTACAAAAAGATAATATTTATTCGAAAACCTGGCATTCGGATCGAATTTAGCAGCTGCCAGCGTATTTATATAAGAACAATTTGATTGA
TTATGGCGCTGCCCAGAAAACTGATATCCAAGATCTGTAAGTAAACCGAATGTTCGAAAGTACCGTTGTATATTCCCACACACACACAAGCACGT
AGAAATACGACTGCATGTATATATGTGTGTGTGCGTGCGTGTTTGAAATCCTATCGTAAATTCTAGTGTTGCATGCAACTTCAGTAACTTTTAAA
ACAATACCACGCGTTCTTATAAACAATGCAGATATCCAATAGGAAAATCCCCAGGTGCACATATGTATGTATGTAGATACATATGAACATTGAGT
GCAGCTGCAGCTGAATTGTTCGTTTTAAAGTAATTAATATCTTGTTTTACAACGCAATATCAATATCAAATAAACATCATACGGCTTCTTCAGAC
TTTAAAATAATATTTGTATATAGCCTTTAGAAAACTTCAATTCAATCCCAAGAACTATAGAAGTTCAAAAAGGTTTTAATCTGGGAACAAGTTTT
CAATTTCTTTGAAATGCGTACATTTACGTACATATGTATGTACATATATACTGTACATATGTATGTATGTACATCGATTTCCTAGCTTTATTTTA
TCTGTTTTGCTTTTCAAAATACTAGTAATCCTTGTCATTCATAAATGTGGATAACGTAAAAGGTACTTATTTATTTATATCGACACAGTTTCCTT
TGAAAAGATTCAAAAATCATTATAAAATTGTATTTATTGAGTATATACTAATACGAAAATATCATATTTTTATTATTATATATTTGTTGTAAGTT
TTCCTTTTGATCTTGAAAAGCTGTTGTTTAAAGCATAGCTTAATCTGAACATACTAACTATATCATCATATCATGAAAACTTGCCGAAGAGGACT
AACCAATTCTCATCCTTTGCAGACGATATAAAGGCACATGATAGCAGGGTCACGAGCCTTGATCTTGGCGAAACTGGACGAGTGCTGGTCACCGG
AGGAGAGGATCGCAATGTGAACCTCTGGGCGATTGGTCAAAATGAGTGCTTTATGGTGAATATACTAACTACTTCCTAAATATATGTATGTACTA
ATCGGTGACCCTTTCCTTTCAGTCTCTGACGGGCCACAATCGTTCCATCGATTGCGTGCGTTTTGCTTATAAGGATAACTTTGTCTACTCCGCCG
ACGACATCGGTATAATCCGAAGATGGGATCTGAATTCACAGAAAATCTACTCCACGCTAAATGGCCACATGAAGAGTGTTCGCACTCTGGACTTT
AACCCGTCTGGAGAATATGTGGTGTCCGGGAGCAATGATACCACCGTCAGGTGAGCCAAGGACCGATATATAAATAGTCAGAGTAACCCATGAGT
CATTCGGAAGCTCTAGTTTCCTTATCAAGTGGCAGATTTAAAGTTTATTCGTTGATTGAAAAGGGATGGCGATATTCTCCCTCCCTCTTTTAGCT
GTGCTTAATCCTATAGAATCGCGTATTTTGGGTTTAATAATCTACACAAAAGAAAAATCTCATATTTAGAAATTAGAAATTTTATATCGGTTTAA
TGCACATACATATTAGATGCATTGTATCTATATGGTCTTTTCTTAGATATCACTTGACCTATATATGTGTAAAACAAAGATAATATGACTCACTA
CATTGCACAAAAGGGGACAGGCTGACAAAGATAATATCACTTTGTGTTGTTTAGCTAAAGTTGATATTTCTTTTGGGATCTCATATATCTTATCT
CTCAGATCTATTACATCCATGATCTTAAACAACATTGCATTTTCAGTTATGTGATGTTTTATTGGGAGTTTTATAAAAGTGTTACAAAAAAATAC
TTCTACCACCACGGGCGTTTAAACAATTGCATATGTATAGGCATATTTGTTATAGTGTATGTACAAAAAAAAACGGACGCGAAACGAATTATAAA
GTCAATGATAATCCATTGCGACTAAGGCAGACTATGTGTCTCTAGGTGATCCGCGCTTACAGCTTGGCCTGTGAGCTCTTCAGGTCGACATAGGC
GCCGGATATGACCTCCTTGCCGGTCTCCACGACCACGGTGCGGAAGTTGATGCGTGTGCCCTGCTTCCACAAGTCCACGCGCAAAGTCTGGCCCG
GAATTACGGGTCCGGAGAAGCGCACTTTGACAGCCTTGAACAGAGCCGGGTTGTTGTCCGCAAACTGAGCGAGCACGGCGCGCACCGAGAAGCCC
AGTGTGCAGAGTCCATGGAGGATGGGTGTCTTGAAGCCGGCCAGCAGGGCCATCTGGGGATCGATATGCAGGGGGTTCTTGTCGCCGGACAGACG
GTACAGCGCCGCCTGGTCCTCGCTGGTCGTATACTGGACGGTTGCGTCCGGTTGGCGATTGGGCGCCGGCTGCAGCGGAACTACACCAGCGATGG
GATCCTTCTTGCCTCCGAATTTGCCAGCGCCGACAATGAAAGTGGTGCTCTGGTTGCGCACCAACAGGCGGCCACTTTCGTCGAACGACTCGCTA
TTGGTGACGACCACGGCGCCGGATCCCTTGTCCATAACATCGAAGACCTTGCCGTTGGTCAGCAAAGTGCCACTGGTGGGCAGATCGTCAACGAT
CTCTAGGTACTGTTCGCCGTGCAGAATGTTGCTGAAGTCCACTTGGCTGTTGGGCAAAGCCTTGCTGAGCAGCTTGTCGGTGGACATTTGCAGCA
GAAGGCCGGGCAGAACGAAGAAAGTTGGAATGGCGGCGAAATCGGCATCGTTTTCGTACAGGAAGCGCATGTCCTTCGCGTTTTTGACGGATGCC
CCAATGCCCAGGGCGTAGGTAATAAGCTCTTTGCTATTGAACTCGAAGGCATCCTCGATGGCGTCGCCGCCGCCTTCCTTGAGCTTCTCAAGCAC
TTCCAGCAGGGTGCCGGAGGCCTCTGCGATGGCACCCAAGTGCTTGGCCTTGGACATGTCGGTCACATTCGACCACACATCCTTGACGTACTCAA
TGGTCACGGGGTCGTCCAGCGAAGGACGCAGCACAGCGCCCTTGCCGCGAACCATGTGCAGCTTGGTGGCCCAGCCGGCGGCACTCTCGATATAG
CTACCTGTGGATCGGAGAAGAGGGAGAGAGAAAACGTTTAATAAACCCTATATATACACACATGTACACATATTCCTGATAAACGGTCTAAGTTC
AAACGCTATCAGTATGAATTTCCCTAATCAGGCAGATTATGTTGACCATTTGGATTGGACTACTGGACATATTAAAGATGACTTAGCAGTGGTTG
GCCAAAAATTGCATAATTTTGTAGTTCTCAAAGGGTTAAATTGATACAAATTGATATGATAATCAATTCTGAGATAATGCAATTCTCGCATAACT
TCGGATCCCACTTACCATTATCCTCGCAGGACTCGTGGCACATAAGTAGGCCACTACGGGAGCAATCAGCTTGGGCTTCAGCTCGTTGAAGAGAATG
TCGGGCAGAATGCCCTCGGTCATTCGACTGGCGGCAGTTGGCACGATGACGTTGCAAAGAACATTGTTGCGGGCTCCCTCGATGGCAACCGTGTT
GGCCAATCCGATGAGGCCCATCTTGGCGGCAGTGTAGTTGACCTGCCCGAAATTACCATAGATGCCCGAGTTGGACGATGTCATGATGATGCGGC
CATAGTTCTGCTTCTTCATGTACGGGAATGCCGCCTGGGTGCACTTAAAGCTGCCCTTCAGATGGACATCGTTGACCAGATTCCAGTCCTGTTCG
CTGGTCTTCACCAGACTCCTGTCGCGTAGAATGCCGGCATTGTTGACCAGGATATCGACGCGTCCGAAAGCTTTGATGGCCGTCTCGATGACCTT
TGCCCCATCGATTACCGAGTTGTAGTCGGCCACCGCCTCGCCGCCGGCCTTACGGATCTCATCCACCACAATGTCGGCGGCCCGCTGCGATGCTC
CATCGCCGGAGTGGGTGCCACCCAGATCGTTGACCACCACCTTGGCGCCACGCTCCGCGAAGAGCAGTGCGTACTCGCGGCCCAAACCGGCACCA
GCTCCCGTCACCACCGCCACACGGCCATCGTAACGAAGTTTTCCATCGGATGAGGACATGGTCTGTCTATTGGTCAATAGCAATCGCAATTTCTG
GTTTCGCTGCACAAATCCGGTCTCTGCGGCAACGCTTTTTCGGCTGTAAAACACGAATGAACCGATGAAAATAAACTGGTTGGCTAATAATCGAA
CAAGAAAGGAGAGTAGCACTACTTTTCAATCGTACTTAATCTCAAGCGATAATGCTATCTGCCCTGCCCTCGCATATGTGAGTGTAACTCTGGAC
TCTTCGGCTGAAGAACGTTACCCAGGCGATATGGTCCAAGTCCAGGGGTTCACGGTTCATAGTCAAGTGCTTTTCGGATGGCACCGAAATCGCCG
AAATCCGAGATACAAGATACATTTGCACAGTGACGACAGCACAGTTATTCGAACCGCGTGAAATGGCCCACACACACACACATTAAACAAGGGTT
AACTTACAGTTCTCGTAGATTCGCCGTATGATGGTATGGTATGCCCGAATATGCACAGATTAACCCAGTATCAGTGGTACAAAGTGCATCACTAT
TCGCTGCCGAGATAATTTTGCAATCGTTTAATCGGTTCAACCCATGAAAATGCACTAAAATATACTGCCCGCATTCATACGTTTGTGAGCACTAG
AAAGTAGTGCCGTCAAAATGCTGGAAAGCAGTGCATCGCGGACGTAAACCTCGGTTCGGAACTCGCTAAGCCGTAGCAAAGACTCCAACCCGTT
TTCATTTTCCAGACGATTAAATTTAAAAATGAACAATTATGGAAATTACACTTATCTTCCACATTTCAAATTCAACTATGTCTCTTTATTTAACA
TAGAAATGTATAAAACAACAATAAATTGAGCAACAATAAATGAATTAACTAGGAGATTACATATATTATTGAAACTTTATGAATTACATATGCTT
TGTTGCTTATTTAGCAAACTATTAACTTTCATATGTCTGCAATCTCAGGCTTTGGGACGTGCAGAACGAAAACAACTGCATTAAGGTATGTCGCG
GCCACATGTCCCACGTGAATTCCGTAAAATTCTCGCCGGATGGTCTTTGGATTGCCTCTGCTGGCCTGGAGGGTTCCATACTCATCTGGGACATA
CGGAAGAGCAAACAGATAATGGAGTTCATAGCCGATCCGCCGGTTACGGCTATCACATGCGTGCAATTCCATCCGTTTGAGTTCCTGCTGGCCGC
CGGTCGCGTCGATGGCACCGTTTCCATTTACGATCTGGAACACCAGCAGCTCGTCTCGCAGACCACGCACTTCTATGGCCAGGCCATCAGGTGTA
TAACCTTTAGGTGAGTCCTGCAAAGAATAATCCGCAATCGTGAATTGATTTATGAAAAGAAATAGTAATATAGTAATTTTGCCAAAAAGTGCATA
AATTCTAATTATCTGCATGTTAAACTTTATTTATTTCAGTGACAATGGCGAGTGCCTTTTTGTTGGCAGTTCTTCGGGCATTTCGGTAATTGGAT
GGGAACCGGATCGTGAGCTGGACCATATAAAAAGCACCTGGTCCTCCTTGGCGGACATGAAAGTGGTCAACAATAAGTTGGTAAGTGAAAGCACT
TACTCATTAAGCGAAGCACCCTTCCAAATCTCGTCATCCCCGTTATCTTTTTTGACAAAAATAATCAGTATTTTGGTCAGAATATTCTAAAAAAT
GGTCCAAATATGGAGTGTCATACCTCGTTGAGTTTGTTTTTTTAATCCAAATCGATTTGCATTCAAATTTGGGAATTCTAGGTTTTTTAAATTTT
TTGCAAATTTTGATGATAAAATTTTGATTATAAAAAAGGCGAAAAATTGGCCAAAAACTAATTTTACAAAATCCGTCCAAAAGTGAAAGGGGTGG
TTAGTATTGGTAATTAGGAGCACAAAACGGTATTTCTTTTGGCGGTGTGGCCATTTTTAGTCAAGTTATACCCAGAAAACCAATCTTAAATATTG

CATTTTATGCCAAAACTGGTTTCACTGATTTTATGCGAAAAAAATAATCGGTATTTTGAGCAAAACATTAAAAATAATGGCACAAATATGGAATG
TCATAACTTGTTGAGTTTCCGAATCAATTCGCATTCAAATTTAGGAAATCTAGGTTTTTCACTTTTTGAAAAACCAATCTTAGATCTTAAATGTA
AAATGTCTACAAATGGAATATCCAATAAAAACCATTGCACTTCCTTTTGTAGATCTGTGGTTGTCATGAGATCGACACCGTTTCAATCAACACCA
TCAGTCTGGATCGAGTGATACCATTCTATCAGCCGCCAAACTCACTACCCAACTTTAAGCACAACTCGACGAACCGAAAGAGCTTTACACGTGGC
AACCAGAAGTTCAGGCTGTCAGTTGGCGGTGCCAAGCCGGCACAGGTGCAGGAGGAGCACGAGGGCGACAAGAGTGGATTGTCCTCGCCCAACTA
TAGTCTGGAGGTTGTGAACGAGGCGGTGCTGGAGTCGGCGGAGACTTCTCCAATGTCCTCGTTGCCACCTGTCCACTTGGCTTCGATGGCCGGAT
CGTCGGCGGACTTGGCGCCGCATCATGTCGTATATGGCGGAGCAATCGATTCTGCCCTAAGGCAGGGTAAGTACTCCAGAGTGCCTGATAATATG
GCCAGCTATGGCAGTAGTTACGGGGCCATCGATACCCGCCTGATGTCCTTGAACGAACCCAGTTCACTGCACAAGCCGGACATTTACAATCTATA
(SEQ ID NO: 1090)

Exon: 1001..1366
Exon: 2208..2335
Exon: 2398..2615
Exon: 6319..6660
Exon: 6785..6931
Exon: 7004..7075
Start ATG: 1333

Transcript No. : CT27906
CGTCGCTGTAATTACAATGTGATGTGCATTTGTTTTTGTTAATAAGAATTGTCCGATTAAACATTTAGATTATCTGTTTTTAAACAATGCGATCA
CGGTGATATCGGTTCGTAAAGGTTTTACACACCGTGTGATTTTGTTTCAGTGCGTTTTGTTGTTCGTTTCGTAAATAAGTGGGCTTCATTTTGCC
CAAAAAAGACGGGAGCCCAGACAGCTGATCACAGACTTTGGCTCACACCTGCTACAAAAAGATAATATTTATTCGAAAACCTGGCATTCGGATCG
AATTTAGCAGCTGCCAGCGTATTTATATAAGAACAATTTGATTGATTATGGCGCTGCCCAGAAAACTGATATCCAAGATCTACGATATAAAGGCA
CATGATAGCAGGGTCACGAGCCTTGATCTTGGCGAAACTGGACGAGTGCTGGTCACCGGAGGAGAGGATCGCAATGTGAACCTCTGGGCGATTGG
TCAAAATGAGTGCTTTATGTCTCTGACGGGCCACAATCGTTCCATCGATTGCGTGCGTTTTGCTTATAAGGATAACTTTGTCTACTCCGCCGACG
ACATCGGTATAATCCGAAGATGGGATCTGAATTCACAGAAAATCTACTCCACGCTAAATGGCCACATGAAGAGTGTTCGCACTCTGGACTTTAAC
CCGTCTGGAGAATATGTGGTGTCCGGGAGCAATGATACCACCGTCAGGCTTTGGGACGTGCAGAACGAAAACAACTGCATTAAGGTATGTCGCGG
CCACATGTCCCACGTGAATTCCGTAAAATTCTCGCCGGATGGTCTTTGGATTGCCTCTGCTGGCCTGGAGGGTTCCATACTCATCTGGGACATAC
GGAAGAGCAAACAGATAATGGAGTTCATAGCCGATCCGCCGGTTACGGCTATCACATGCGTGCAATTCCATCCGTTTGAGTTCCTGCTGGCCGCC
GGTCGCGTCGATGGCACCGTTTCCATTTACGATCTGGAACACCAGCAGCTCGTCTCGCAGACCACGCACTTCTATGGCCAGGCCATCAGGTGTAT
AACCTTTAGTGACAATGGCGAGTGCCTTTTTGTTGGCAGTTCTTCGGGCATTTCGGTAATTGGATGGGAACCGGATCGTGAGCTGGACCATATAA
AAAGCACCTGGTCCTCCTTGGCGGACATGAAAGTGGTCAACAATAAGTTGGTAAGTGAAAGTATTTTGGTCAGAATATTCTAAAAAATGGTCCAA
ATATGGAGTGTCATACCTCGTTGAGTTTGTTTTTTTAA
(SEQ ID NO: 1091)

Start ATG: 333

MALPRKLISKIYDIKAHDSRVTSLDLGETGRVLVTGGEDRNVNLWAIGQNECFMSLTGHNRSIDCVRFAYKDNFVYSADDIGIIRRWDLNSQKIY
STLNGHMKSVRTLDFNPSGEYVVSGSNDTTVRLWDVQNENNCIKVCRGHMSHVNSVKFSPDGLWIASAGLEGSILIWDIRKSKQIMEFIADPPVT
AITCVQFHPFEFLLAAGRVDGTVSIYDLEHQQLVSQTTHFYGQAIRCITFSDNGECLFVGSSSGISVIGWEPDRELDHIKSTWSSLADMKVVNNK
LVSESILVRIF*
(SEQ ID NO: 1092)

Classification: cytoskeletal_structural_protein

Celera Sequence No. : 142000013383801
ACTGGGAGTTAAAGGTCAATTAGGTGGTGAAAAGTACTCAGAGTAGTTGAGACCGTGCAGCTGCATTCATTACGTTTTCAGAAATGAATCACCAA
CTAGTTTTCACCTTGAACGCCATTTTCAAATTTCGCGGCAGAAAAACCACAACAAAAGGCGCGAGAAAAAGCGGAAAACAAATTTGAAAACATTG
TTCCGATAATTGCTGATTATTTGTGAGCAATCATTTCAAGTAATCGAAAAATAATTTTGAAACAGGCTGTCTTGTTAGGTCAATTATTTTTTATC
GTGCCATTTAAACAAAAATTATTTATATTTATTTATTTATTTCCATCGTTTCTCCAAATTACATTTAAAAGTTTGTAAGACTTAATACTGTAAA
ACACTATTATTAGTTATTAACTATAGTTTAAAATGGCAAAATAGAAAATGCGACACGCACAATTGAACTATCGAAACGTTAATATTTAAAACAAG
TAATTTAAAATAATGAATACATGTATAAAAATAATTAATACATTTGTTTTTAAAAAGCTATAGAAATAGCTGCATATATGCTTTAACAATTTATG
CTTAAAAAGTCTTTATAATAATCCTGTGATTTCGCCGTGATTTTTGGGTTTACAATGTGCTGTTTTAGAATAATGGTTATTTCAAAGTGACCACT
ATTTTTCAATTATCTTAATTTTTTAATAGTCTTGTGTTTATTTCAACTTTAAGTTTTATATTTTAATGGCTCTTTAAAAGCAAAAAAATATTTGA
TTTTTAGGAGTGATCGCTGATCACGATGCTGTAATTTTTTGTAAGATATTTACTTAACGAAGGCGAATGCGTTGTTTCGATTGGCGGTTTCAAAT
GAGCGCAAGTAAATGTATTTATTTATTATAAAAATTGTAAAAAGGGCGCATGAACGCGACCATTTATCCGTTTTGATGGGGGAATGGGCAGCACA
AAGTGCGTTTATGGGCGCCCTAAAGTGATGTAACAATTGCTGCGACCGCAGCAGCAGCGAAACGCGCGGAATGGAACGCACGGAACGATATCGTA
GTATCGTACATGCGGTCGCAAGCCATACACGATGGTCTCTTTTTGTGCAACTCTGATTCGACAGTTTCGGCACAGGTCGGCAGCGGCATTTCAGA
TTGCGGAGTCCGCCATTTTAGCTAACAAATCTATAACCCTAGCTTCGTCAGCGTGCAGTGTGAATAGGGGTCAGTTGCAGTTTGGAATTCAGATT
GTTCGCGAATATTCGAAAGCGTCAAAGATGAGTACTTTGCCTAGGGTGTTTTTTGATATGACCGCCGACAACGAGCCCCTCGGTCGGATCGTCAT
GGAGGTGAGTTATTTGCCCTTTTTTTTTAATTTTAAACTTAAGTTGAGGTTTTTTTTTTTGTGACATTTGACCAGAAAGTGAAAAACACGTGATT
TCCCATAAAGCCATTTCTTACGCCTAAAGCTAAGACTGTGTTTTACATTATTTGCCTCAGGTGATAAGTACATACCGTTTTTTTCTTTTTATTTT
TACGGATTTAAAACTTGTACCAAATATACACACAGCGCAAACTCGCCCTCTAATTTATAAGCGACAAGTGCAATTACTTTCCATGACTAATTGCA
TGACAATGCGCTATGGGTAAATTTTCAATTTTCCAACCCAATTGGACAGGCGCGTTTAATCGGAAAATCTCTATAATTATCTCTACATCGCTGAA
TTTTGAGCAAACAGGCAAGCAGGAGCACCAACCCCCGCAAATCGGCCATTTGGTGGTATTATCTTTATAGAATGGAATTTTCCTTATTTTAATTG
ACGTGTCGGCAAACTTTGGCCGAAATGGTGTGCAATTTTTACCGGTATTTTATATGCATCTGTGCATGTGTGCTATATATGTACATTCCGGCGTG
GTCTGCGTATGTGTGGCTCATACCCATACACACATGCAGATCAATACACGAACATAACCTCTAAGCGGTCACTCGCGTATGTCTGTATGTTCTTG
TCGTGCTTGCATATGTACATGTGTGCATGCGGGTAATGTACGCGCAGATGTACAGTGTACACACAGAGATATTCGGGTGTGAATGCGCGAGTTCT
GTAAACCCGTTTGCAAACATGAACTCACTATTAATTCCGCCGATGATGTAATGTACACCTAATTTTTGAATAGAGAAAAAGAATAGGAAACGCGA
ATGCTTGATGTATATTTTTAGTGGCCTGGGAATAAAGTCATTGCCCGCCAAGTAAACCAAGCCACATGTCTAGGATTTTCCTTCCAATAGGACAT

ACATATGTACATACGCACACTTGAACATACATGCAGTGCGCGAAAAATTCTGCACTTCACGCCGAATTACTACACTAAACAATTGAAGATTTATA
GAGAAGCGGCATTAGGAAAAGCATTTACTTGACTAATTTATACAATTGTCTCGATTACTGGGTGAATTGGAAAATTGCTCAAATTCTAGTGCATT
TGCAAAGTTCTGTGCATTATATGTATTTTTTCCCTTGGTATAGATATGCACATACATATGAACATGCATATGTATATTATCAAAGGGCTAAAAAT
GGCGATGAAAAAAAAGCGGCGTCAAAAAACAGCTGATCATGTTTACTGCCGCTCAACATGAATTATACAGAAAATTGTCCAGTCCTCAAAAAAAA
AAAGAAATAAATAAGCAAAAAGTAGTGGCAAGGTCATCCGAGTTCGGATAAACAAACCTTGAAGAACTGAAAAAGAGTCATACTTTGTTAGCATT
AATTTCTTGTTTACTAACGAAATTTCTACCCTTTTGTTTGTATTTTGCAGCTGCGCTCCGATGTCGTGCCCAAGACCGCCGAGAACTTCCGCGCC
TTGTGCACCGGCGAGAAGGGATTCGGGTACAAGGGCTCCATTTTCCACCGCGTCATCCCCAACTTCATGTGCCAGGGCGGCGACTTCACCAACCA
CAACGGCACTGGCGGCAAGTCCATCTACGGCAACAAGTTCCCCGATGAGAACTTCGAGCTGAAGCACACCGGCTCCGGCATCCTGTCGATGGCCA
ACGCTGGCGCCAACACGAACGGCTCCCAGTTCTTTATTTGCACTGTGAAGACCGCCTGGTTGGACAACAAGCACGTCGTCTTCGGCGAGGTCGTC
GAGGGACTGGATGTGGTCAAGAAGATCGAATCTTATGGATCGCAGTCTGGCAAGACCTCCAAGAAGATCATTGTGGCTAACTCTGGTTCTCTTTA
AGAAGGTGCGATGCAAAAGCAACAGCAACATTGCAAGAAGAAAAATCTGTTAAGACGAAAACCATTTGCATTTTCTCCAAAACATTTTTTTTTAC
CAATTACTGTACTGTAATATTACGAGAAAAATACATAACAAACCAACATATTTTCAATAGACATGTTGGGTTTCCTTTGGCCAATCAATTGTATG
TGGGGGCCAAAAGTGAATAGAATTAGTGCCCACCAATGTCAGAAAGCGTTCAATTGGCTATATAATATGCATTAAATCTGTAACTTTAACATTTC
CATTCACAAAAAAAAAAAACAAAGAAGAAAAACAATGAGACGACAAGAGTCGAGAGGGGCTTAGAAAAATGTTTGATCTTTTGATGTTGGCTTACT
TACTACTAATAATAGTATTAGTAATGCTGATTATCTAATTGCATATATATATATATATACCAACGTTCTACGCTATGTACCGGAATCGGAATTGT
ATTTTCGTCTTAATAAATCTGAATAAACGGCAACCAACTACTCAATTGTTTGTTGTCACTGCTGGGATCTTTGGTTTTGGTAAATGGACATATTT
TATTGGAAGAATATTTCGGAGCTACTCAAGGTGGCGTACAATAGATTGTATTCATGCTCGTAGGCGTTCACATGTCGTTCGGTTATCGCCACTGT
CTGGTGAAGCTTCTCGTCCAGCTGCTCCGGCGCCGTCCGCTGCTGGCCCGCCAAAATGTCGCGCACCTTGGAGCGCTCCGCGTTCAGGTGCTGCG
TGATCGTCTGGCTCCAGCCCAGCTCATGGAACTCCGTCTGCTGGTTCAGCATGTTGAGGATGTAGACCAGGCCGATGGCGAAGCCATCCTCGAAC
AGCGAGATCTTGGTCTGGTCCTTTTTGTAGATCTTTAGCTTCTGCTTGACCCGGTAGTCAATGTAGTTCATGATGAGCGCCGGTGTGATGAGGTA
GAAGGTTCGCAGGTGGTGGTTATGTGGATTGCACAAAAAGGGCTGAAAGCCTTGCAGAAGAAGCTGCAATATAAATCCATGGGTTAAGCTGGTTA
CCTAACTTGTTAAGATCGTAGACTGCACCTTGAAGTAATTTGTGCTATCGGAATAGCACTCCTTCATGTGACCCAGGCTCTTCTCGTACTCCCTG
ATGGAACCCTCCGTAGCCTCGTGCACTTTGGAGCCCCCGCAACTGAAGTTGCTGTCGAATCTGGTTTTATACGAGCGATTCCGGAAGTTGGCATT
CTTGCTTCCAGCCTGCAGGAGGCGCACATAGCCAACAGCGTTGCCTAAAAGCAATATTTACGTTTATATTTTAAGCATTTTCTTGAATTATGGTC
TTTAACCACCTACCGACTTGTGTGATAACCTTCCTGAAAAGATCCATATACGTCTCGCCATTGCTGGAGCAGCCTAGCCTTCTGATCTTCTTAAG
AAAACTATCGGCGCGCTCATAG
(SEQ ID NO: 1093)

Exon: 1001..1334
Exon: 2806..3677
Start ATG: 1263

Transcript No. : CT27926
GCAGCAGCGAAACGCGCGGAATGGAACGCACGGAACGATATCGTAGTATCGTACATGCGGTCGCAAGCCATACACGATGGTCTCTTTTTGTGCAA
CTCTGATTCGACAGTTTCGGCACAGGTCGGCAGCGGCATTTCAGATTGCGGAGTCCGCCATTTTAGCTAACAAATCTATAACCCTAGCTTCGTCA
GCGTGCAGTGTGAATAGGGGTCAGTTGCAGTTTGGAATTCAGATTGTTCGCGAATATTCGAAAGCGTCAAAGATGAGTACTTTGCCTAGGGTGTT
TTTTGATATGACCGCCGACAACGAGCCCCTCGGTCGGATCGTCATGGAGCTGCGCTCCGATGTCGTGCCCAAGACCGCCGAGAACTTCCGCGCCT
TGTGCACCGGCGAGAAGGGATTCGGGTACAAGGGCTCCATTTTCCACCGCGTCATCCCCAACTTCATGTGCCAGGGCGGCGACTTCACCAACCAC
AACGGCACTGGCGGCAAGTCCATCTACGGCAACAAGTTCCCCGATGAGAACTTCGAGCTGAAGCACACCGGCTCCGGCATCCTGTCGATGGCCAA
CGCTGGCGCCAACACGAACGGCTCCCAGTTCTTTATTTGCACTGTGAAGACCGCCTGGTTGGACAACAAGCACGTCGTCTTCGGCGAGGTCGTCG
AGGGACTGGATGTGGTCAAGAAGATCGAATCTTATGGATCGCAGTCTGGCAAGACCTCCAAGAAGATCATTGTGGCTAACTCTGGTTCTCTTTAA
GAAGGTGCGATGCAAAAGCAACAGCAACATTGCAAGAAGAAAAATCTGTTAAGACGAAAACCATTTGCATTTTCTCCAAAACATTTTTTTTTACC
AATTACTGTACTGTAATATTACGAGAAAAATACATAACAAACCAACATATTTTCAATAGACATGTTGGGTTTCCTTTGGCCAATCAATTGTATGT
GGGGGCCAAAAGTGAATAGAATTAGTGCCCACCAATGTCAGAAAGCGTTCAATTGGCTATATAATATGCATTAAATCTGTAACTTTAACATTTCC
ATTCACAAAAAAAAAAAACAAAGAAGAAAAACAATGAGACGACAAGAGTCGAGAGGGGCTTAGAAAAATGTTTGATCTTTTGATGTTGGCTTACTT
ACTACTAATAATAGTATTAGTAATGCTGATTATCTAATTGCATATATATATATATATACCAACGTT
(SEQ ID NO: 1094)

Start ATG: 263

MSTLPRVFFDMTADNEPLGRIVMELRSDVVPKTAENFRALCTGEKGFGYKGSIFHRVIPNFMCQGGDFTNHNGTGGKSIYGNKFPDENFELKHTG
SGILSMANAGANTNGSQFFICTVKTAWLDNKHVVFGEVVEGLDVVKKIESYGSQSGKTSKKIIVANSGSL*
(SEQ ID NO: 1095)

Name: PEPTIDYL-PROLYL CIS-TRANS ISOMERASE 7 (ROTAMASE) (CYCLOPHILIN)
Classification: chaperone
Gene Symbol: Cyp1
FlyBase ID: FBgn0004432

Celera Sequence No. : 142000013385215
GAACAAAAGGAAAGAGGAATTCGTTAAGCGATAAAAGATAAAGATGATGGTGAAATATGAAAACTTATTTGACTCAAGAATTGCAATATACATAT
ATGTATCTAGATTGAATAAAATTATCTGTTAGGCAAATTGAATCTTGAATTAAGTGAATAAAATTCACAATGACGATAAATCTTTTTAGTACTAT
AAATATTAATCTCCAATAGCCATAAACTACTGGTCATTAGACGACGATATTATATCAATTAAAAACTTATAAAGAAACCCATAACTTGGTTGTAT
ACAAACATATAGATCTGTACAAGTTGTTATTACTTTGGGCTCAAGTTCTCTAAACCAGTAACAAAATTCTTATAGGCTAAGGTTCGCAAGTACTT
GAAGACTGAATGCCCATTTGTAACCGAATCTCACCTTCCAGCAGTGGAGGCTCATCATCGAATTCGTTGCCGGCTCCTCCGCCAGCAGCTGACTT
TCCGCTCTTGTCCTGTCCGTAGCTCGTGTCGGTGTAGGCCGTGGGATCGTAGAAGCCACCCAAGCCTTGGCTCGGCGGTTGGGCATAGGACGCAT
CGTAGTTCGGCGGCACTGAGGCCTGTGTGTTGTCGAAGGTTTGGAAATTCCTGCAAGCAAGTGGGGCAACAATTGTGAATGCTGTGAAATGGAAT
TCCGGGTAACTACTCACAGTTCCTGGCCAAATTCTGGCATATCGAAGTTGTAGCTGGCATCGGCCGAGGGCGCGGAGCCGTAAAAGTCATTGGGT
CCGCCGAACTGAGACATGATTACTTTAATTTAAGCGCAATTCATATATTTACAAAATGATATTTAATTTAACAACACGTCAACTAGAGGTGACCA
ATAGCTAAATGTAATCGATGAATTTCGATGTTACCTATCGTCTAACACCGGTGCTATCTGAAATCGATATTTTCTCGCCCATCGATTTGTTTTAA

ATTCAAAAAATTGCGCCACTTTATAAGAAAGTAAATAAAAACCCGATCATTTTGTAACATTCATAATACATTTTATTTCCATAGCTCCATTTGCA
ACACACACAAGTTACTGAAATAGCTATCCTTTGGTAGTAGAGGTACATGCTTTTGGGGCTACGTTGTTATTGCGTTCTTTAAAGGTCTATAATAT
GTAGGAATATAATATTTTGTAATTTCGTAAAGATTCAAACGCCCTTTAGACTCGTCGTTTAGTTGGTTTAGTTTCACACAATAGGGTAACGAACA
CAATCGATAACTATATGAAAATTTACTAACAATACATAGCTGTGAATTATATTTATATATCAACATAGATAATTATACATATGTGTCATATATGT
ATGGTATTTATGTATATGGCTGGTTTAACTGCGTTCCATTTGCGCTACCGACTAATTATTGTTCGTCTTTCCTTTCGTTTTGCGTATCTTCTGGT
GATTCGATTCTGACCTGACTAGACCTGAAGCGGGCCAAACTGTTTGTTAAACTTATAAGTAAACTTGGATTCAAATATCTTATTATGCATTATGT
AAATATGACTAGATTGAATGGGGAATTCGAATAATAACCTAGCTTTGGTTTCTTATTTCGTTTGGTTTGCTTCTTTTTCCATTCCTCTCGCTAGG
AAAGCCCGCAGTTGGTTTCTGTCCGTTTCCGCTTAGTCCTCTAGATTTCGGAAGGCCTGCTGCAGATCCTCGTACAGCTGGTCGTAGTCCGCCTT
GATCTTTTGCTCGCCATCTTTCACCGGGTCCTTAAAATGTGAATTATTAATATAAATAATAGTTGGAATAGATAAACCCACTCACCTTGAACTTC
ATTGACGACAGCTGGTACATAATTCCGCCCATCGATTCCCTGATGGTGTTCCATGTGATCTTGTTGTCCGACTGGGCTGTGGACTCAACGGCATG
ACGGGCGGTCTCATAGAAGGCCATGATGTTTCTCAGCATGCCCACGGTCTTGTAGAAGGGACAAACGCGATCGTATGGTGAGTAGGAGTTCTGTT
GCAGAAAGTCGTCCTTCAGCAGCTTTGCCACTTCCAGGGTCACCTTGTCGGTCTCGGCCAGTGATGCTTTGCCCACCAGCTGAACGATCTCAGAC
AGATCCTCCTCCTCCTGCAGGATCTCCTTGACCTTGGTGCGTAGTGGCACGAACTCGGGGTAGTTCTTGTCATAGTATTCATCCAGAGCACGCAT
GTACTTCGAGTAGGAGATGAGCCAGTTGATCGAGGGGAAGTGCTTGCGCTGGGCCAATTTCTTGTCGAGACCCCAGAACACCTGCACGATACCCA
AAGTGGCGGAGGTCACGGGATCGGAGAAGTCACCACCAGGAGGAGACACAGCTCCGACAATGGACACGGATCCCTCGCGCTCCGGGTTACCCAAG
CACTTGACGCGCCCAGCACGCTCGTAGAATGTGGCCAGACGAGCTCCTAGATAAGCCGGGTAGCCAGAATCGGCAGGCATCTCAGCCAAACGACC
CGAAATCTCACGAAGTGCCTCAGCCCAACGGGAGGTGGAATCAGCCATCATGGCTACGTTGTAGCCCATATCACGGAAGTATTCAGACAGAGTGA
TTCCAGTGTAGATGGAGGCCTCACGAGCAGCCACCGGCATGTTGGAGGTGTTGGCCACCAGAGCAGTTCGCTTCATAATGGACTCGGTGACGCCA
TCTATCTCGCAGGTCAGTTCGGGAAAGTCACGCAGTACCTCAGACATCTCGTTACCGCGCTCGCCGCAACCGACGTAGATGATCACATCAGAGTT
GGAGTACTTGGACAGGGCCTACGGGTGGTTGAAGTGCAGATTGGAAGGGATGGTCATTTAATGAGATGTAAGATGTGGATTAAGTGAATAATTTG
CAACTTGCCTGCGAAATGACGGTCTTGCCGCAGCCAAAGGCACCGGGGATGGCAGTGGTGCCGCCCTGTACGCAGGGGAAGAGCGAGTCAAGGAC
GCGTTGGCCCGTGAAGAGCGGATGGTTGGCTGGCAGCTTCTCTGTGACGGGACGTGGCTGCCGCACTGGCCAGACCTGCAACATGGTGTGCTTGG
TTATCTCGCCGTCGAACTCCGTCTCCAGGACAATGTCCTCCAGGTTGTAGTTGCCCGCGGGGGCAATGTATCGAACGGTTCCCTTAGCCCTGGGT
GCCACAATCATGCGCTGCTTCACCAGCGTGTTCTCGTGTACCACTCCATACAGATCTCCTCCGGTGATGTGGGATCCCACCCGCACATTCAGCGG
ATTAAATTCCCACATCTCCGAGCGCGACAAAGCAGTTGTGTTGACACCTTTGGGTATATAGATGGAGTTGGTCATGACACCAATGTCCCGCAAAG
GACGTTGGATGCCGTCGAAGATGCTGCCCATAATGCCGGGTCCAAGTTCCACGGAAAGAGGTTTGCCGGTACGCAGCACCGGATCGCCGACAGTC
ACGCCAGAGGTCTCCTCGTACACCTGGATGGTGGCCATGTCGCCCTCCAGACGGATGATCTCGCCCACCAGCTCGTAGTAGCCGACGCGGACCAA
CTCGTACATAGCTGATCCAGACATGGCCTCAGCGGTGACCACTGAAGTGGATTTAAAGTTGTTGAAGGAGGAAAAGCAGGAGAAATATGATTAGC
AAGGAGTGGAGAGAGCAGCATAATGAGGAAGATTATGCGGAACAGGAGGAGGGGGAAGAAAGCATACAGAAATATGAAAAGGAGAAGGATAATAA
GGAAGGATAAAAAGGAAGATGTGGAGGAGTATAATTAAGAACAGAAGAAAGGCAGGATTAAGGATTACAGAACTTGGGGGTCAGCGCATGAAGGA
CGCTGGTGACGTCGCTTACCTGGTCCGGATACCGCGTAGACACGGCCATATTCCGACTCGCGCTCCTCGTCTTTGAATTTCCTCAAGTTGGACAT
GGTCGCGGTTGCTGCTCTTCTTCTTCTGCTTCGGTAACGGTCAAATCGTTCGTTGGCTGTGGGAAAAAGTAACCGTTTTTCTTATAAACAAAAAC
ACGCATTTTCCATGCCCCCGAATGAGAGAGCGTTTTCCGCGAGGAAACGCATAGGTGGCGCTGATGTGCAGCAGCAGCCCCCAGTGAAAAGCTTC
ACACCCCCGCAGCACAGCATCGATTTTCCAATACAATTTTCACACATGCCACCAACGGCAAGGTGAATTTTCCACCTTTTACCCATCACAAAAGC
AATTTTCACACTTTCTTTTCATTCAACACCTTGTGGTCAGTGGTTTTGTGGCGTAAAAACTGCTTTTTCAGCTGCTCTAAAATTAAATAAGCTCA
CATTTGTTTCAACAGCTCTTATGAAAATTCTCTTGCTTTTTTGATTTCACTCTAGTATTGATCTATCGGTTATCGTCGAGGGCTCCAGGTTCTCT
ATAGAGATGGGCTCACATCAAACTCACGCACGTCACGATACATTAATAGTCGGATTCCACTAGCACATTCCGCAGTTAAATCTTGAAATACTTGT
TGGTAATTATTAAAAATTTAACATAAGCTTGCATTTTTGTGCTATTTTCCAAATTCTTCAATGCAACTTGTTCACTCCAGTAATATAAATGTTTT
GTACCACAACTTTAAGCCAATTTCTTTTTAATTGCTTATAATAAAGAACAAATTTATTAATTACTTTATTATTTTTATTTAATATGTTCTCTAAC
ATTTTAAATGCTTATAAGTCGCCGCCAAGTACAGAAGTATCAGCAAGAAAATATCGATTGTAAATTGATCGAATTCTGTTTTACATCACTAATCG
GCAGCGGCTGCAATAAATTTCCGTAAAAACCGAAGTAATCCGCAATTAAAGAAAGCAAAGGACCTGCATCCGTGTGAGATCGTTCGGCACCGGTG
CCGGCACATGAAATCCTATCGAGTGACCAGTGGAACAGTGCGTACAGCGCCCCGGGGCAACTGAAAAGATAACCTCCAAAGTCCGTAGACAGCAG
GCAGATGCACCTGCTCCACCCTTTCCCCTCCCAAATGCAAGTGAAAATCGCGTTTAAATAGTGAATAAACCCTGCCCAGCCATGTCGACGACGTC
GGTGGTGCAGCAGTTCGTCAACGGGCTTAAGTCCCGCAACCGGAATGTACAGAACAAGGCAACCCAGGATCTGCTCTTCTATGTGAAGACCGAGC
TACGCGAAATGTCCCAGGAGGAGCTGGCCCAATTTTTCGACGAGTTCGACCATCACATTTTCACGATGGTGAATGCGACAGATATCAACGAGAAA
AAAGGCGGTGCCCTGGCCATGAGTGAGTTCCTGGCTCCCCGGCAGTGCTTGAGAGGATTTAACGTCTTCCCTTTCAGAGTGCCTGATTAACTG
(SEQ ID NO: 1096)

Exon: 4318..4277
Exon: 3951..3820
Exon: 3556..2859
Exon: 2773..1796
Exon: 1740..1001
Start ATG: 3895 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT27956
CAAAAAAGCAAGAGAATTTTCATAAGAGCTGTTGAAACAAATCCAACGAACGATTTGACCGTTACCGAAGCAGAAGAAGAAGAGCAGCAACCGCG
ACCATGTCCAACTTGAGGAAATTCAAAGACGAGGAGCGCGAGTCGGAATATGGCCGTGTCTACGCGGTATCCGGACCAGTGGTCACCGCTGAGGC
CATGTCTGGATCAGCTATGTACGAGTTGGTCCGCGTCGGCTACTACGAGCTGGTGGGCGAGATCATCCGTCTGGAGGGCGACATGGCCACCATCC
AGGTGTACGAGGAGACCTCTGGCGTGACTGTCGGCGATCCGGTGCTGCGTACCGGCAAACCTCTTTCCGTGGAACTTGGACCCGGCATTATGGGC
AGCATCTTCGACGGCATCCAACGTCCTTTGCGGGACATTGGTGTCATGACCAACTCCATCTATATACCCAAAGGTGTCAACACAACTGCTTTGTC
GCGCTCGGAGATGTGGGAATTTAATCCGCTGAATGTGCGGGTGGGATCCCACATCACCGGAGGAGATCTGTATGGAGTGGTACACGAGAACACGC
TGGTGAAGCAGCGCATGATTGTGGCACCCAGGGCTAAGGGAACCGTTCGATACATTGCCCCCGCGGGCAACTACAACCTGGAGGACATTGTCCTG
GAGACGGAGTTCGACGGCGAGATAACCAAGCACACCATGTTGCAGGTCTGGCCAGTGCGGCAGCCACGTCCCGTCACAGAGAAGCTGCCAGCCAA
CCATCCGCTCTTCACGGGCCAACGCGTCCTTGACTCGCTCTTCCCCTGCGTACAGGGCGGCACCACTGCCATCCCCGGTGCCTTTGGCTGCGGCA
AGACCGTCATTTCGCAGGCCCTGTCCAAGTACTCCAACTCTGATGTGATCATCTACGTCGGTTGCGGCGAGCGCGGTAACGAGATGTCTGAGGTA
CTGCGTGACTTTCCCGAACTGACCTGCGAGATAGATGGCGTCACCGAGTCCATTATGAAGCGAACTGCTCTGGTGGCCAACACCTCCAACATGCC
GGTGGCTGCTCGTGAGGCCTCCATCTACACTGGAATCACTCTGTCTGAATACTTCCGTGATATGGGCTACAACGTAGCCATGATGGCTGATTCCA
CCTCCCGTTGGGCTGAGGCACTTCGTGAGATTTCGGGTCGTTTGGCTGAGATGCCTGCCGATTCTGGCTACCCGGCTTATCTAGGAGCTCGTCTG
GCCACATTCTACGAGCGTGCTGGGCGCGTCAAGTGCTTGGGTAACCCGGAGCGCGAGGGATCCGTGTCCATTGTCGGAGCTGTGTCTCCTCCTGG
TGGTGACTTCTCCGATCCCGTGACCTCCGCCACTTTGGGTATCGTGCAGGTGTTCTGGGGTCTCGACAAGAAATTGGCCCAGCGCAAGCACTTCC

CCTCGATCAACTGGCTCATCTCCTACTCGAAGTACATGCGTGCTCTGGATGAATACTATGACAAGAACTACCCCGAGTTCGTGCCACTACGCACC
AAGGTCAAGGAGATCCTGCAGGAGGAGGAGGATCTGTCTGAGATCGTTCAGCTGGTGGGCAAAGCATCACTGGCCGAGACCGACAAGGTGACCCT
GGAAGTGGCAAAGCTGCTGAAGGACGACTTTCTGCAACAGAACTCCTACTCACCATACGATCGCGTTTGTCCCTTCTACAAGACCGTGGGCATGC
TGAGAAACATCATGGCCTTCTATGAGACCGCCCGTCATGCCGTTGAGTCCACAGCCCAGTCGGACAACAAGATCACATGGAACACCATCAGGGAA
TCGATGGGCGGAATTATGTACCAGCTGTCGTCAATGAAGTTCAAGGACCCGGTGAAAGATGGCGAGCAAAAGATCAAGGCGGACTACGACCAGCT
GTACGAGGATCTGCAGCAGGCCTTCCGAAATCTAGAGGACTAAGCGGAAACGGACAGAAACCAACTGCGGGCTTTCCTAGCGAGAGGAATGGAAA
AAGAAGCAAACCAAACGAAATAAGAAACCAAAGCTAGGTTATTATTCGAATTCCCCATTCAATCTAGTCATATTTACATAATGCATAATAAGATA
TTTGAATCCAAGTTTACTTATAAGTTTAACAAACAGTTTGGCCCGCTTCAGGTCTAGTCAGGTCAGAATCGAATCACCAGAAGATACGCAAAACG
AAAGGAAAGACGAACAATAATTAGTCGGTAGCGCAAATGGAACGCAGTTAAACCAGCCATATACATAAATACCATACATATATGACACATATGTA
TAATTATCTATGTTGATATATAAATATAATTCACAGCTATGTATTGTTAGTAAATTTTCATATAGTTATCGATTGTGTTCGTTACCCTATTGTGT
GAAACTAAACCAACTAAACGACGAGTCTAAAGGGCGTTTGAATCTTTACGAAATTACAAAATATTATATTCCTACATATTATAGACCTTTAAAGA
ACGCAATAACAACGTAGCCCCAAAAGCATGTACCTCTACTACCAAAGGATAGCTATTTCAGTAACTTGTGTGTGTTGCAAATGGAGCTATGGAAA
TAAAATGTATTATGAATGTTACAAA
(SEQ ID NO: 1097)

Start ATG: 99 (Reverse strand: CAT)

MSNLRKFKDEERESEYGRVYAVSGPVVTAEAMSGSAMYELVRVGYYELVGEIIRLEGDMATIQVYEETSGVTVGDPVLRTGKPLSVELGPGIMGS
IFDGIQRPLRDIGVMTNSIYIPKGVNTTALSRSEMWEFNPLNVRVGSHITGGDLYGVVHENTLVKQRMIVAPRAKGTVRYIAPAGNYNLEDIVLE
TEFDGEITKHTMLQVWPVRQPRPVTEKLPANHPLFTGQRVLDSLFPCVQGGTTAIPGAFGCGKTVISQALSKYSNSDVIIYVGCGERGNEMSEVL
RDFPELTCEIDGVTESIMKRTALVANTSNMPVAAREASIYTGITLSEYFRDMGYNVAMMADSTSRWAEALREISGRLAEMPADSGYPAYLGARLA
TFYERAGRVKCLGNPEREGSVSIVGAVSPPGGDFSDPVTSATLGIVQVFWGLDKKLAQRKHFPSINWLISYSKYMRALDEYYDKNYPEFVPLRTK
VKEILQEEEDLSEIVQLVGKASLAETDKVTLEVAKLLKDDFLQQNSYSPYDRVCPFYKTVGMLRNIMAFYETARHAVESTAQSDNKITWNTIRES
MGGIMYQLSSMKFKDPVKDGEQKIKADYDQLYEDLQQAFRNLED*
(SEQ ID NO: 1098)

Name: V-ATPASE A SUBUNIT
Classification: enzyme
Gene Symbol: Vha68
FlyBase ID: FBgn0013355

Celera Sequence No. : 142000013384830
TGTGTTTATGCAGTGTGTGTGTGTGCTGCCCACTCTCCTCGCCTTGCTCCCTGCGCTGTCCCCCGCCCTCTCTCCTGCTGCTTATCGCGCGTC
TCCATCGCCATGCACTTTGTTGCTGTCGGCCATAGCTGCAGTTGTTGTTGCCTGCTTTTTTCTTTTTCTCTCTGTTTCGTTTTTTTTATCGCTGC
GTGCGTGTAAGCCGACGCTAGCGGCATCTCCCCTCTCGCTCTGGCCCCCTAGGAACACAACACTACACAACAACGCAGCAGAGCGAGCTCCATGG
GCAGAGCTGACCGGTCTTAGCGGGAAAATAGCTAGTTCTGGCTATGAAGAGTCATGTTAAGTAAATGTCGTTTGCAAGTAATTCTATAGTGTGCG
TTTTACTAGTATACAAAAGTCCCTTTTACAAAAGCTATGTTTTCTAAGCATAGAAACTGCAACGAAACTTCAGGTCATGTAAAAGGGACTTTACC
TAACTTTGAAGGACCGAATGTTCTCAAATAAACTCAAATAAATTTTTACATAGAAGGTTACGGAAGTCTGACTATAAAAAGAATATACGTTTAGG
ATATTTAGTGTATTGGATATTTTCTCATTTCAAAGCCTATTCTCAAAAAAGAAAATGTTTCTAACATCGAAAACATCACTAAACCGGCTGAGCTG
GCAGCTCTATCCCCCGACGTCGTCAGTCTCAGTCCCTTTTGCCCCAACTCCGCCCGCTCGCCATGCTTGCCTGCTTGCCAGTGTGTGTGCGTGTT
GTGTTGTGTGTGCCTCATTGTTTGCTTTTTGTTGTTGCTGCGTTGTTTTGTGCCTCTCTGCTCGTTTCTCGATTCGTACGAAAAAAATGTAGTAC
AGCGTGTGGTATGGCAAACGAAAGCTATGAGTTTTCAGTGTATCTTGTCTGCCCTCTCTTTCCCGCCCGGAATCTATGGTTGGGAATTATAAGAG
CCGCGAGCGGCCTCCTTCGCCGCACAGGCGTTGCAGTCGTGGTGGACGCATCACCTGACCAGCCAGAGGCCCAGGTTGAGCTTCTGCAGCTTGGG
CAGCTTCATGATGATGTCGATGCCCTTGGAACTGAGTTGCGTGCAGCCGTAGAGATCGATGGTCTTGAGATTAGTCAGATCCTCGGCCAGCGTTT
GCAGGCCCTTGTCCGTTATCCGGCTGCACTGTCCGATATTGAGGTTCTCCAACTCGTGCAATGCCTTGGCGATCTTTAGCATGCCGTGATCGGTG
ATCTGGCACTGATTGAGGGACAGGGATCTCAGTCTGTAGAGTCCCTGGGCTATGTGTGTCAGGGCCTGGTCGCTGATCTTGTCGCAGAAACTGAC
GTCCAGCGAGTTGATCCCGCTGCCGCCTTCCGTGAGGTAGGCCATTCCGATATCCGAGATGTTGTCGCAGGAGCGCAAGTTCAGCTGCTCGAGCT
TGGGCATCCGGGCCAGGTGCTTTAGTCCGCTGTCCGTCACCGAGACGCAGAAGCTCAGGTTGATCGACTTCAGCGAGGTCAGGCCCTGGGCAATG
TGGCCCAAAGCCTCGTCGCTTAGCCGCTGGCAATCCTGCAGACCCAAGTACTCCAGCTGCAGGTTGCCTTCGGCCGTTTCCCGCGAGAAACCAGC
CAGGTGTCCGATTCCCTGGTCGCTGATGTGCCAGCAGGAGCGCAGATTGAGGTGCTTCAGCTTCTTCAGGCCCCACGCAATGAGCAGCAGTCCTG
TGTTCGTGATGTTGCAACAGCCGCCCAGTTCCAGGGTCTCAAGATTCCTTAGATGCTGGGCGATGCGCCCCAGACTCGTGTCCGTGATCTGTTTA
CAGAGGGAGAGGTCCAGTGTCTTGAGGTTTGGCAGATCCACGCTAAAGGCATGGCCCAGGTTCATGTCCGCCACGTTGAAGCAGCCGCTCAGGTT
CAGAGAGGTCAGAGCCGGAACGCCCAGGACCAAATCCTTAAGCGAGCGGCGCAGCGATAGGATCTGCACCTTCTTGATGCCGCGCTTGACCAGGC
AGTTGAACAGGCTCGGACTGGAACGCTTAAGGTGCAGCTTGGCCTCGACTCCCTTCCAAACGCTCTTGGCATAGGCCGCATCCCGCCATGCGGTG
CAAACCTGAGCTGCCCGACCCAAATCCCTCACTGGTAGGTGCTCGAATATCTGCTCGAGGAGTTCTGGGAACAGGTTGCTTATGTGGGTGCCCTC
CACCGGCGGCGGGCTCTCCGGAGATGCTGGTCTGTGCGGGAGATGGTGGTGATGGTGATGATGGTGCTGGGCGTGGGCCGCTGCTGCTGCCGCTG
CCGCCGCAGCTGCTGCGGCATGCTGCAAGTAGAGGGCCGGCGGCAAGGTCTGCAGCTGGTGGTGCGGCGGTCGGTGGTGCAGGGCGTAGGGCGTG
AAGCGCAGCAGGTGGTGGTGGGTGGTGGTGGCTCCGGTTCGCGTCAGACCGGGCAGCTCAGTCTGTTGATAGAGTTCGTCCATGGCCCAGCTGGG
CGCTCCTCCGGCTCCTGCTCCGCCAATCGCCGCGCCGCCACTGGTGGCCGCTCCGTTGCTCCCGGATCCGCCACAGTGGCTATTCAGATTGTTCA
ACACCGCGATTGTTTGATGATGGAAGGGCAGCAGCTCCGTGTTGGTCGCCATCTCCTACTCTTGATTTTACACTTGGCTTGTCGCTTGACTGCTA
CTTTTGAAATTAACTGTTGGATTGGCTATCCTATATGCGCTGCATTTTACTGTTTGTATGCTTAGTTGAAGACTAGTAGGGTTCACTGTGGTTAT
TCACTGCACTTAACTCGAGCACTGTGTGTAGTTGGAAGTCCAAGTTCTATTTGTGTGTTCTTTGTTCTTGCGGCCGAGACGCGATGTGCACGAAC
CGGATGATAAAGAAAAACTGAACTCGCAGCGGCAAAGCGCCTTGCTTTTAGCCTGAAATACAGATGCAGATACAGATACGGGGGGTTTGTGTTGG
TATTGGTCATATTTTTATCTGAACGTATTCAGCGCTCTCACCGCTCTCTCGAGCGAGTAGAGAGTAGCGAGTAGGTATTCGTCCGTTCAGTCTGT
TGTATGTCCCGTGTGTGCGGTTCGGTCGTTCTTCCATTGCGATTGCACTTGGAATTGACTTTGTGCGGCATTTTTATTAGAATCATTGCAACGCG
TGGTTTTCTTGCTAATTTTGCCATAAGTTCTTATTAAAAGGTAGCTAGCATATGCTCTTTCTGTCCTTTATCACCAGTTCTGCGAGTCAATTTTT
AACCAGTTCGGCTTGTATATAAATAATTTAGGTTCAGACATAATCTCTATTGCTCGTAAGGAGTTTCACAAATTGTTTAAACTTAAAGTTTGAAG
ACCGTTTTGCGTATTCAACTCATCCGTGACCCATTTTTTTTATTATTTATCATATAAATATATTTATTATCTCGACATTGTGTGGCGTTCTACTT
AGGATCTCCTGCAGCTTATGATAAGAGAAGCTTCCCCATATTTCCTTTCTCGCCAGCTCTCTCATCACTAACGCTGGTTATAAGACCAGGCTTGG
ATTTATCTTTCGGGTTTTTCGGTTTTGGACGCCAGCTCCATGTTTCAGGTTATTCTTTACCCGTCGAGCCAAACTCAATGCCAAACTCCGACGCA

TTTGTTGTTTCTGCTGCCGCTGCATTCCGAAGTCGAGCAGGTACCTGTCTTTCTCCCTCCCTCGCCATCTCTCTCGCTCTCTATCGCATCTGTGT
GAGTGCGATCGCTGCTCGCTACCTGCGAACGCAAGAGCAGCAACAACACAATCCCGGTTTCCAGGAAAATATTAACGATAACTCCAAAAAAAGCA
GAAACTCCGTTGCCGCACCACACACAGAAACTCAGA
(SEQ ID NO: 1099)

Exon: 2836..1001
Start ATG: 2617 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT28019
CGTCTCGGCCGCAAGAACAAAGAACACACAAATAGAACTTGGACTTCCAACTACACACAGTGCTCGAGTTAAGTGCAGTGAATAACCACAGTGAA
CCCTACTAGTCTTCAACTAAGCATACAAACAGTAAAATGCAGCGCATATAGGATAGCCAATCCAACAGTTAATTTCAAAAGTAGCAGTCAAGCGA
CAAGCCAAGTGTAAAATCAAGAGTAGGAGATGGCGACCAACACGGAGCTGCTGCCCTTCCATCATCAAACAATCGCGGTGTTGAACAATCTGAAT
AGCCACTGTGGCGGATCCGGGAGCAACGGAGCGGCCACCAGTGGCGGCGCGGCGATTGGCGGAGCAGGAGCCGGAGGAGCGCCCAGCTGGGCCAT
GGACGAACTCTATCAACAGACTGAGCTGCCCGGTCTGACGCGAACCGGAGCCACCACCACCCACCACCACCTGCTGCGCTTCACGCCCTACGCCC
TGCACCACCGACCGCCGCACCACCAGCTGCAGACCTTGCCGCCGGCCCTCTACTTGCAGCATGCCGCAGCAGCTGCGGCGGCAGCGGCAGCAGCA
GCGGCCCACGCCCAGCACCATCATCACCATCACCACCATCTCCCGCACAGACCAGCATCTCCGGAGAGCCCGCCGCCGGTGGAGGGCACCCACAT
AAGCAACCTGTTCCCAGAACTCCTCGAGCAGATATTCGAGCACCTACCAGTGAGGGATTTGGGTCGGGCAGCTCAGGTTTGCACCGCATGGCGGG
ATGCGGCCTATGCCAAGAGCGTTTGGAAGGGAGTCGAGGCCAAGCTGCACCTTAAGCGTTCCAGTCCGAGCCTGTTCAACTGCCTGGTCAAGCGC
GGCATCAAGAAGGTGCAGATCCTATCGCTGCGCCGCTCGCTTAAGGATTTGGTCCTGGGCGTTCCGGCTCTGACCTCTCTGAACCTGAGCGGCTG
CTTCAACGTGGCGGACATGAACCTGGGCCATGCCTTTAGCGTGGATCTGCCAAACCTCAAGACACTGGACCTCTCCCTCTGTAAACAGATCACGG
ACACGAGTCTGGGGCGCATCGCCCAGCATCTAAGGAATCTTGAGACCCTGGAACTGGGCGGCTGTTGCAACATCACGAACACAGGACTGCTGCTC
ATTGCGTGGGGCCTGAAGAAGCTGAAGCACCTCAATCTGCGCTCCTGCTGGCACATCAGCGACCAGGGAATCGGACACCTGGCTGGTTTCTCGCG
GGAAACGGCCGAAGGCAACCTGCAGCTGGAGTACTTGGGTCTGCAGGATTGCCAGCGGCTAAGCGACGAGGCTTTGGGCCACATTGCCCAGGGCC
TGACCTCGCTGAAGTCGATCAACCTGAGCTTCTGCGTCTCGGTGACGGACAGCGGACTAAAGCACCTGGCCCGGATGCCCAAGCTCGAGCAGCTG
AACTTGCGCTCCTGCGACAACATCTCGGATATCGGAATGGCCTACCTCACGGAAGGCGGCAGCGGGATCAACTCGCTGGACGTCAGTTTCTGCGA
CAAGATCAGCGACCAGGCCCTGACACACATAGCCCAGGGACTCTACAGACTGAGATCCCTGTCCCTCAATCAGTGCCAGATCACCGATCACGGCA
TGCTAAAGATCGCCAAGGCATTGCACGAGTTGGAGAACCTCAATATCGGACAGTGCAGCCGGATAACGGACAAGGGCCTGCAAACGCTGGCCGAG
GATCTGACTAATCTCAAGACCATCGATCTCTACGGCTGCACGCAACTCAGTTCCAAGGGCATCGACATCATCATGAAGCTGCCCAAGCTGCAGAA
GCTCAACCTGGGCCTCTGGCTGGTCAGGTGA
(SEQ ID NO: 1100)

Start ATG: 220 (Reverse strand: CAT)

MATNTELLPFHHQTIAVLNNLNSHCGGSGSNGAATSGGAAIGGAGAGGAPSWAMDELYQQTELPGLTRTGATTTHHHLLRFTPYALHHRPPHHQL
QTLPPALYLQHAAAAAAAAAAAAAHAQHHHHHHHHLPHRPASPESPPPVEGTHISNLFPELLEQIFEHLPVRDLGRAAQVCTAWRDAAYAKSVWK
GVEAKLHLKRSSPSLFNCLVKRGIKKVQILSLRRSLKDLVLGVPALTSLNLSGCFNVADMNLGHAFSVDLPNLKTLDLSLCKQITDTSLGRIAQH
LRNLETLELGGCCNITNTGLLLIAWGLKKLKHLNLRSCWHISDQGIGHLAGFSRETAEGNLQLEYLGLQDCQRLSDEALGHIAQGLTSLKSINLS
FCVSVTDSGLKHLARMPKLEQLNLRSCDNISDIGMAYLTEGGSGINSLDVSFCDKISDQALTHIAQGLYRLRSLSLNQCQITDHGMLKIAKALHE
LENLNIGQCSRITDKGLQTLAEDLTNLKTIDLYGCTQLSSKGIDIIMKLPKLQKLNLGLWLVR*
(SEQ ID NO: 1101)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384811
GGGGAAATTGGAACAAGACCTTGGGTAACCGGCATACGAATGAAATTCTAATTTTATGAGGCCCAGCCAATTATAAAGTATGTGGGAAAAGTTTA
AGGGTAATCCTAAAACTGGACACCAGTTTACCAAGGAAAGAAATTCTAGTTAAATCGAGTACCATAGACTTTACGACCGTAGGTAGGATTATAAA
AAGTCATGTTAGTACCTTCAAATTTAGTATCGTAATATGACTTTTTACGAGAGTCGTTTGTAATAAAGTAAAGTCGTTCTTAAAGAAGTCGTATT
TCTTTTAATAAGATACGTACTCCGCTCATTCAACTTTAAAATTGATATGTGTGGAAAATTAAGATGTACACATATCCTTGGCAACAGATCACTTG
AAAATCCTTAGTGGTCCTTGGGCCATTGAACTTGTTCTCAAGCCCGCACTTCACCTCGAATCCACCCAATCCAAACTTCAAACTGACGACATGCA
GCGCAATTTGAGATCCCAGATTCGGGAACCTTTCACGCACACATGTGCAACCTGATTTCCAAACGCTTAAAGGACACGCTGTGCCTGTGCCAGCG
GCATCTTAAGTGATTTCGAAAAGGAGCTGGGAAGCGGTAAAAGTATCTGGAGGATGCGCGGATGTCGGATCTCAGATACTCAGATACAAGAATTC
TTGAGTGCACGTCGTACGCAGGCACTTGGGCACACACACACTCCACTCATTGTAGGTTACTAGTTAAATCTGAAATCGAGGCAGCTGGAGAAAGA
GACGGCTGCCGCAGGGGCCGACAAAAAGAGACGGGACGAGGCACTTGGCCAAGGAACATCTGTTGCGCTGACATAAATCCTGAGTGACTGACCGC
TGGTGCGAAAGACCGCGAATCTCGAATGCGAATGTTCATGTGGATGCGACTTGGCCGCCGGCGCTCGTTTGAGGACCAAAACCAGTTTGCACCGA
TTCCCAGCTGCCCGTTTGGGTACAGTGGTTCAAAAGGTAATCTATCTGATTCAAATCTTGTCCACCTAACAACAATTTGAAGTCCGAAGATAAAG
CTCTTATTTCAATTAAAAAGAATGGCAGGATAGTAGGATAGCAGGAGAAACATTTCATTATTAAATTTGATTATCTACATTACATTTCGTACAGA
AAAGAAGTTAAAAGTGATTTAATGCCCGTAAAACCACTGTGCCCGCCAATTTCATTGAGTAACTTTTGCGCTGCCCGTGAATGAATCTGTGGGAT
ACTCCCCACCGCTTTCGTACTTCGATTCGGTGGGACAGGATCTGAGAATGGAAAACCAGTGAGCAGACTTACCTTCTTCTCGGTGAGCTTCTCGC
AGCGGCGCTGCTTGCAGATCTGGTGGCTCTTGTCGTTTCGGCAGGGGGCGCACTCCCCACAGTTGTCCTTGCGCTGGCATCCCACGCATTCGCCG
CACCGCTTGCGCTTCTTCTTGGACTGGAAAAGAGAGCAGGAAGAGGAGTTGTTGTCGTTGGAGTGGTTGTGGTTGTGGTTCTGGTGGTTATGGTT
GTGAGTGGTGGGTGTGATTGTGATTGTGGGTGGTGGCAGTGTCATTGGCGGGTGGTTCAGTGTGGGTGGCGGAAGATGGTGGCGACGACCGTAGT
CCTGTTAATCGCAGCGGTTGCCAGTTCGCCCCGTTTCGCAAGTTTATCGGTGGGGTTGTCGAAGATATCCGATATTTATCGATCAAAAACTATTC
ACTTCTTTTGCTTCTCGTTTGTAATGCAAATGGATCGTACAATCGATATATACCTTCGGCTTCAACATCCCCACCCTTCGATCACCTACCTGCTT
GTCGCATCCACTGGCATTGGCATCGTTGCTATCCCCCATGCCCAGGGCACTCAACGGACTCTTGAAGTTGGCCGTGCTGGAGACGGCGTCCACTT
GGCCAGGATTGCTGGGGTCTACGTCCATGCCGCTGGCCTCGCTCTCGGCACTGGACTCCAGCGAATTGGGCCGCTGTTTCCGGCGCTCTTTCTTC
CGCGCTTCTAGCCGAGCTATCGGCGACTGCAGCAACTTCTCGACCTTGACCGGAGTGGTGGTGGTGGGTGTGGGCTGGGTGGTGGTGGTGTGCGG
CGTGTGGCTGCCACTCCCACCGCCAGCCGCCTGCGGATAGCTGTTGTTGCTGTTGTTGCCATCATACGAGGTGGGCGTGTGCATGCCCATTGGTA
TGGGATGCGGCTGGCCGTGCTGCAGCGGATGGTGGATCAGTCCGGCGCCACCGCTGTTGCTGAGATCAAAGTCCTCCTTCTTGAGCAGCATCTCG
AAGTCGCTGCCGCCCGAGATCGGCTCCTTCTTGACACTCAACGGGGTGAATCCCGGATATAGTGGCAGCTCCGCGTAGGGCGTGGGATAACCGCT
GGCTCCTCGATGATGGTGGTGCGGATTGAGGGCGTGGTGGTGCGCGAAGGCGTTCGGCGGCGGTGGTGCCGGAAAACTGCCCGCTGATGGCGGTG

TGATGCTGGTCTGCAGACTCGAGAGTTGGGTCAAAGGTGAGCCCACACTCATCATGCCCGGCGAGCTGACCGAAATGCTGGCCGGCGACATGGCC
ACCGTTTGCAGGGAACTCATGGCGGTGGGTCCCACGGGTCCTGCTACTGAATTGGGTCCTACGGAGCCAGGAGGTATGGAACCTGTTGCAGCTGC
TACTGCAGCTGCCGATCCTGGTGGCACTCCTGCTCCTATGGGCACAGGCATTGGTGTTCCATCCGGTAGTAATTGCTCATTGAAGCCATGGAACT
GGCTCTGAAACGACGGCAGCTTGGAGAACGGCTCGAAGCCGCTCTTCAGCTGCAGATGGGGTTGCGTTTGGGGGGGTTGTGGCCCATTGTCCTTG
GACTCCATTTCCCAGGGACGCGTGTAGCTGCCGTTCGAGTTGGAATTGGAGTTCGAATTCGAGTTGGCGTTGCCGGCTGAGTTGTTCGGTTGCTG
GTTACCCGGATTTCCTACTGCGGCGGAGGCGGCGGAAATGGCATTGGCATTGGCATCGCCGTGCCGCTGGCCACTGTTGCCTCCACTTGCAGCAT
TAGCATGGTTGCTGCTGCTGTTGTTGCTGCTGCCCAAAGGCGCTGGAACCGTGGTATTGCTGCCGTCGGGGTTGCTGTTGTTGCCGTTGTTGCCG
TTGTTGCCGTTGTTGCTGCTGTTGCCGTTGGTGTTGCCGGTGGCGGCCGCTGGCTGTTGCTGTTGCTGCTGCTGCTGTTGATGTTGCTGCTGCTG
CCTGGCATAGTAGTCCCAGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGATGTTGCTGCTGGGCGTGATGCTGCTGCTGTTGCT
GTTGCTGCAGATGTTGCTGCTGCGGATAGTGCTGCTGGTAGTGATGATGCGGATGCGAATGCGAATGCGGATGGTGGTACGGCGTGGTATAGTGC
TGGCTGAGGCTGCTCAGCTGGTTGAGATGGGTGTTGTGCAGGCTGGACACGGTGGCCTCCACAGATGTGGCTGCTGCTGCAGTTGCTCCCAAGTT
GCTGCTGTCGACGGTAGCACCTGTGCTGCTCTGGGCTAAAATTGAAGACGCCATTTAAGCACAAACACTGGCATGGCTATGCAGTTGTATTGAAA
AACTGCGGGGCTTTGTACTGATTTTTCGAAGATTCGTTTTTAGTTTTTGTACACTTATCGGTTCACTTTTCGTTTGTTCGTCTGCTTTTTGAGGT
AGAGTTCTTCGTAAAAATGTTTCTGATTCGACTGGTTTGTTTGTTGGCTAGTGTAAAACACTATGATTATATCCGTATAATAGATTTGTATACTA
TAATATAAGTTGAAGCTACTCCAAGATTTGTATTTCGTTTATTTTGAACTCACTGGTTTTGCGTGTTTGAATGCAAAGTTGAATATTTACTTGTT
ATGGTGTTCTTCTTTGTAAAGTGCTTTATTAAATTGTTGTTTAAAAATTGTTTAAGATTTGTGGTTGGTTGTTTTGTACTTTATTCTTTTGTTTG
TTTGTAAAACGGCAGCTAGGCAAAAATTTGTATTTTGATATTTGATTTAATTTGTAGCAGACTTGGTTTGGTTTTGGTTTTTCCTTTAAAAAATC
TTTGTAAATTTGTAATTTGTAAAATTTGTATTTCGTATGCGTTGTTGTTGTTTTTATTTACGTTATTAATTACTTGCTGTTTGTGGTTGATAA
TATTTGACGCTTGCTTGTTGTAAATTGATTAAGTTTTTGTACTCTGGTTTATGCTTCGTTTCTCAATTGAATTTGCTTGTAATATGTCGTCGGAT
ATAAAAATAATTTAAGTATTTACATCTAGTAAATTGTACTTATGCGTAGGCTTAAAAATCTTTGTCTTCCGTTTGTTTGTTTGTTTGGGTTCTGG
ACTTAACGATTAATTAAACATTAGCGCGTTACTTGTTATTGACTTTAATAGTAATAATATTTATATTTCATATAAGTTGTGTGTTTAGCCTAATT
CATTTTACGCCTTTTGTTCGTTTGCTTTTCAATTTTGATTTTGGGCCGAAAGGTTTCTTTTTGTTTTTGTAAGTTGCTTAAAGAGCTTCCAAAGT
ATTTTGTGT
(SEQ ID NO: 1102)

Exon: 3569..1800
Exon: 1616..1308
Exon: 1015..1001
Start ATG: 3569 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT28117
ATGGCGTCTTCAATTTTAGCCCAGAGCAGCACAGGTGCTACCGTCGACAGCAGCAACTTGGGAGCAACTGCAGCAGCAGCCACATCTGTGGAGGC
CACCGTGTCCAGCCTGCACAACACCCATCTCAACCAGCTGAGCAGCCTCAGCCAGCACTATACCACGCCGTACCACCATCCGCATTCGCATTCGC
ATCCGCATCATCACTACCAGCAGCACTATCCGCAGCAGCAACATCTGCAGCAACAGCAACAGCAGCAGCATCACGCCCAGCAGCAACATCAGCAG
CAGCAGCAGCAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCACTGGGACTACTATGCCAGGCAGCAGCAGCAACATCAACAGCAGCAGCAACAGCAACA
GCCAGCGGCCGCCACCGGCAACACCAACGGCAACAGCAGCAACAACGGCAACAACGGCAACAACAGCAACCCCGACGGCAGCAATA
CCACGGTTCCAGCGCCTTTGGGCAGCAGCAACAACAGCAGCAGCAACCATGCTAATGCTGCAAGTGGAGGCAACAGTGGCCAGCGGCACGGCGAT
GCCAATGCCAATGCCATTTCCGCCGCCTCCGCCGCAGTAGGAAATCCGGGTAACCAGCAACCGAACAACTCAGCCGGCAACGCCAACTCGAATTC
GAACTCCAATTCCAACTCGAACGGCAGCTACACGCGTCCCTGGGAAATGGAGTCCAAGGACAATGGGCCACAACCCCCCCAAACGCAACCCCATC
TGCAGCTGAAGAGCGGCTTCGAGCCGTTCTCCAAGCTGCCGTCGTTTCAGAGCCAGTTCCATGGCTTCAATGAGCAATTACTACCGGATGGAACA
CCAATGCCTGTGCCCATAGGAGCAGGAGTGCCACCAGGATCGGCAGCTGCAGTAGCAGCTGCAACAGGTTCCATACCTCCTGGCTCCGTAGGACC
CAATTCAGTAGCAGGACCCGTGGGACCCACCGCCATGAGTTCCCTGCAAACGGTGGCCATGTCGCCGGCCAGCATTTCGGTCAGCTCGCCGGGCA
TGATGAGTGTGGGCTCACCTTTGACCCAACTCTCGAGTCTGCAGACCAGCATCACACCGCCATCAGCGGGCAGTTTTCCGGCACCACCGCCGCCG
AACGCCTTCGCGCACCACCACGCCCTCAATCCGCACCACCATCATCGAGGAGCCAGCGGTTATCCCACGCCCTACGCGGAGCTGCCACTATATCC
GGGATTCACCCCGTTGAGTGTCAAGAAGGAGCCGATCTCGGGCGGCAGCGACTTCGAGATGCTGCTCAAGAAGGAGGACTTTGATCTCAGCAACA
GCGGTGGCGCCGGACTGATCCACCATCCGCTGCAGCACGGCCAGCCGCATCCCATACCAATGGGCATGCACACGCCCACCTCGTATGATGGCAAC
AACAGCAACAACAGCTATCCGCAGGCGGCTGGCGGTGGGAGTGGCAGCCACACGCCGCACACCACCACCACCCAGCCCACACCCACCACCACCAC
TCCGGTCAAGGTCGAGAAGTTGCTGCAGTCGCCGATAGCTCGGCTAGAAGCGCGGAAGAAAGAGCGCCGGAAACAGCGGCCCAATTCGCTGGAGT
CCAGTGCCGAGAGCGAGGCCAGCGGCATGGACGTAGACCCCAGCAATCCTGGCCAAGTGGACGCCGTCTCCAGCACGGCCAACTTCAAGAGTCCG
TTGAGTGCCCTGGGCATGGGGGATAGCAACGATGCCAATGCCAGTGGATGCGACAAGCAGGACTACGGTCGTCGCCACCATCTTCCGCCACCCAC
ACTGAACCACCCGCCAATGACACTGCCACCACCCACAATCACAATCACACCCACCACTCACAACCATAACCACCAGAACCACAACCACAACCACT
CCAACGACAACAACTCCTCTTCCTGCTCTCTTTTCCAGTCCAAGAAGAAGCGCAAGCGGTGCGGCGAATGCGTGGGATGCCAGCGCAAGGACAAC
TGTGGGGAGTGCGCCCCCTGCCGAAACGACAAGAGCCACCAGATCTGCAAGCAGCGCCGCTGCGAGAAGCTCACCGAGAAGAAGGTGGACAAGAT
TTGA
(SEQ ID NO: 1103)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MASSILAQSSTGATVDSSNLGATAAAATSVEATVSSLHNTHLNQLSSLSQHYTTPYHHPHSHSHPHHHYQQHYPQQQHLQQQQQQQHHAQQQHQQ
QQQQQQQQQQQHWDYYARQQQQHQQQQQQQQQPAAATGNTNGNSSNNGNNGNNGNNSNPDGSNTTVPAPLGSSNNSSSNHANAASGGNSGQRHGD
ANANAISAASAAVGNPGNQQPNNSAGNANSNSNSNSNSNGSYTRPWEMESKDNGPQPPQTQPHLQLKSGFEPFSKLPSFQSQFHGFNEQLLPDGT
PMPVPIGAGVPPGSAAAVAAATGSIPPGSVGPNSVAGPVGPTAMSSLQTVAMSPASISVSSPGMMSVGSPLTQLSSLQTSITPPSAGSFPAPPPP
NAFAHHHALNPHHHHRGASGYPTPYAELPLYPGFTPLSVKKEPISGGSDFEMLLKKEDFDLSNSGGAGLIHHPLQHGQPHPIPMGMHTPTSYDGN
NSNNSYPQAAGGGSGSHTPHTTTTQPTPTTTTPVKVEKLLQSPIARLEARKKERRKQRPNSLESSAESEASGMDVDPSNPGQVDAVSSTANFKSP
LSALGMGDSNDANASGCDKQDYGRRHHLPPPTLNHPPMTLPPPTITITPTTHNHNHQNHNHNHSNDNNSSSCSLFQSKKKRKRCGECVGCQRKDN
CGECAPCRNDKSHQICKQRRCEKLTEKKVDKI*
(SEQ ID NO: 1104)

Celera Sequence No. : 142000013384445

ATAACAAGGAAATGTAACGGTGATTTACGCAATGAAAGACCAAGAGAGTGGGCAAGGGAAAGAGATAGACAGGGCAACTCACAGTCCAAGTGCTT
CTTCTTCGGGCCAATGCATTCCTCCGTGGTGGCCTTGCAAACGGACTTGGCGAGTCCTTGGCCCGCAAGGCTGTGACGGGCGGCCAGCAGCCTGT
CGTTGATCGTTTGCCCTGCCATGGTCATGATGAAGCTGTTGCTGTTGTTGTTTCTGCTGCCGCTCGCTGGTTTTTATTTACTTGATTAATTTAAT
TATGCACCAAAGGAGCTGACCACACCGACACACACACACACTCGAAAGCAGATACAGAGAGAGGGAGAGAGAGACACACACACACGCGTATGG
GGCGAGCGAGAGACAGAGAGGTATTGATTGATTGAGAATATTTCGAACGGGAAAACTCTGCTATGCGAGCCTCACGATTAAACTAACAGTAAAGA
TTTAGTGGTTCCTACGTCACAATCACTACACAATTTATCGCCGCGGTTTATGCGCTCTCTAACCGGTGCCTAACGCTGAAACGCGATTTTTTAAT
TCTCTATTTTTCCTCTGCCACAAATCGATAATGGCGACTGGCAAATGGAGCGAGCGTATGAGCAATGTCCTAAAGCGTCCACAAAGTGGAGCTAA
CGCGTGCAATCGACTTGAGTTTACGGCGTTAGGTGGGAAAATATCGATTGCCATAACGTAAGCGAATACGAAATAGCTGAACTTAGCTTTTACGA
TGTGTTCATATAAGTTCTGAAAATAAAAAAAAATAATGATAAATAAATAAATAAAAATATAAAATATTAAGATACTATAAATAAATCTTTTTTTA
TAACTTAGCACTTAAAATTCCCCAACAGCAGTTAAAAAGTAGCTAGATTTGTCGGAAGTGTAGCCAAACGTAACGTAAGCTAAGGGGCTGTCAAC
AGGAATTTTTAGTTTCGAGTAGGCGGTCATACTGGTCATTAAAATAAATAAAATTATACTAAAAAACAGTAGTTAGCACAATCAACAGTCTCGTA
ATAAAATTGTAAGATGTTGAATGGACAGATTGCACACAGTTATTTGGAGAACTCGTGCACGCTGATCATACCCCGCCCGCCTGTCCTGAATCAGT
CCTCAAAGTCGGCCCAGCCAGCAGCAGCTGCTGCTGCTTCTTCTTCCGCTGGTGAGGAGTTTGGTCAGGAAGCGGGGTCGGGGTTGGCGGAAGCG
GAGGCGTTGCATGTGGATCGCATAAGAAACTGCGATATATTCGTTGACGCGCACGATCTTTATTTCTACGCAGATGTTAAGCTGTACAAGTGAGT
CACATCCGGCAATCTGTCGTGCCCATGGTGGGCCATGGTGGCGAAATTCCAGCGATATCATTGCGTACTTGTACTCCCTTTTCGGACAGATTCCA
CAGCCGTCGCACCTTCGACTTGCGAGAGCTGAAGACGCTGTTGATAAAGTTCAACACGACAGAGAATCACTACCAAATTTGCCTGCGCTGTCTGC
CCCTAACAGCGGGTGCCCAGGAAGGACCCGGTGGAGAAAGAGGCGGAGGCGGTGGTACGGGGGATGCAGCCAAGCAGTGGAATAGTCGCAAAGAG
TACATAGCCGCATTCCTGCACCTACCCACACTGAGTGCCAATTTGCCGGACAAGCAGCCTCTGGTGCAGGAATGGAAACTCAAACGAATCACCGA
TCAGTGCCAATTGCAGCTCGACGACCACGAGCGCACCTACAAGCTGACCAACAATTTTGGGTACGGCTATGCTAGCGAATACAGCGGACCGCTAG
ACCTGAGTGAGGTGAGTTCAATTGGTTAACCTGCTCTTCCGCGCACTAAACACAGATGTTTTCACAGTTGGACAGAGCCACGTGCCGCGTGTCGG
AGCCACATCGCATGAGCCCCATCCAAAGGCGGCAAGAGCGCGTGGTCGATGAGATGAAGCGCTTTTCCCGCGAGCAGTACAAAATAAATTTTGTG
GAGCTACAGGTTCCGTCCGGTCACCAGAATCCTTTACGCTACAAACCGAAAATCTACGAGACTTCCATGACCCAGGAGCAAGCGCATCTGCTGCA
CAACATCAGCCGAATGCAGACACGGGAGCAGCAGCCGTGCGACGTTTTTCGGCAAAACGAGATCGATTGCGGGCTGATAAGCATTCTGTTGGCCA
TATGCTATGATGTGCGGACGACGAACAATGAGCCGACGTGTGAATCGGGCTGGACGCGAAGCATACTGTGCCCGCTTTATTGCTACTTTGAGCAA
TTCGACAACTATCGGGACGTACTGGTTGCCTTCCTGCGGCGAATGATCACCTACCCGCTGTACCGCAATTTCGAGTTGGGCCGCCAATGTGTACG
GGATGCCATAGAAGTTTTAAAGGGCGGTCGCAACTGGTTAATTAATCAGCTGCTGCTAACGCACCAGCAGTTCGCCAGCAGTGATCCCAGTCGCG
ATAGCTTCAACAACTACTATTTGGAGGACTATATACGATATGTGACCAGCCCGAGCGCCTGCAGTGATGAGCACATGCGCCTTCTTGCCCGCAAC
CTTAAGAACGTGCTGATGGACGTAAACAAGCAACACTTGGGCCTGGGAGTGACCGAGATTGAGACTGAGCTGATCAAGGAGCTGATGCAGGAGAT
GCGCATCGATGCGGGAAGCCAGGGTTCCTCGCCGCAGCAGCAGCATGGCGATGATGACTTGGACCTTGATAACGATACTTCTGGACAGGAGGACG
AGACTACCACTGATGATGAAAGCGTCATAACTGACTCCTTCTACAGCGTGGACATGGACATGCGACTGATAGAGAACGAAATTGTATATGAGGAT
GACGAGGAGGACGAAGATGACGATGAAGATGGAGATGATGATGAAGATGGGGATGGGGATGAGGATGAGGATGAGGATGAAGACGAAGACGACAG
CAGTTCTTCCACAACCACCAGTAGCGAGGCGGAGGGAAACAGCGTCATCGAGCAGTGCAGCAACAGTGAGACAGCAGCCAGCACCACATAAATTG
CCACTTATGTCGAGTTCGGCAAGTCCTGCTCCTGCCTTGCCCAAAACAAACAAGCAACACAACCAACTTAATGTCAAAGAACGGAGGCTAAACAG
TGATTACTTTTAAAATTAAAACAAAGTAAAATACGAAACTAAAAACCAAGCCAAGTAAATGATGTAAGTTTACACAAGAATACCCAAAAAAGAAG
AACTTCTTATATCTTAATTGTACAATAATTTAACGAAAAGCAAACTCAAAGATTTGTTCACGCCAAATGCGAAAAGATATTTGAATATTTTTTCC
CCTTTGCTCTACAATTACTTCGATTATAATTACACATACAAGTAAATCAGAACTTTAGCATTTAGTATGGCATTAGAGTATGAAACATTTGAATT
TTGAATTCTGAAAAGCGAAATCTAGTTGTGCATTTGTATATACATCTATCGATATTGTTGGTGCTGCAAGCAAAGAAAACAAAATATGAATAAAA
TAAAATGGAAATGGAAAACAACCTCCAAACTTATCTACACAGTGGGCAAAAGTCATTAATGATTTACATGTTAATGTTGTATGAGTGTCTTATAA
AAAGAAAGACATGAAGTATGAACGAAAATTCTAATAAAATGGATAATACATATTTTTTTAAAAACATCGCGACATGAGTTCTTTATTATTTTATT
CTTCGTATCAACCAAGCTGTCGTTTAAAAAAGTGACAAATAGGTAGGTAAGCTTTTTGAAGGAGAAGTTATTTTTCATTTTACTTACAAACATTT
AAGTATCAGTATTTAAAATGCATATAAAACATACTGTTACTTTTAGTACGCTTAAATCAGAAGATCAGATACTTTGTATCTTCAACACAATTTTG
ATGGTTCAATCCGATAAGAAAAACATTTGCTTGGGTTTTATTATCTTTTCTTTATTTATCCATACTCACATACATACATATATGCATATCTATGT
ACGTTTTAAAAGCTAATTTAAATATTTATGGACTGTTAATTGAAGA
(SEQ ID NO: 1105)

Exon: 1001..1324
Exon: 1420..1816
Exon: 1873..3036
Start ATG: 1059

Transcript No. : CT28305
AAATTATACTAAAAAACAGTAGTTAGCACAATCAACAGTCTCGTAATAAAATTGTAAGATGTTGAATGGACAGATTGCACACAGTTATTTGGAGA
ACTCGTGCACGCTGATCATACCCCGCCCGCCTGTCCTGAATCAGTCCTCAAAGTCGGCCCAGCCAGCAGCAGCTGCTGCTGCTTCTTCTTCCGCT
GGTGAGGAGTTTGGTCAGGAAGCGGGGTCGGGGTTGGCGGAAGCGGAGGCGTTGCATGTGGATCGCATAAGAAACTGCGATATATTCGTTGACGC
GCACGATCTTTATTTCTACGCAGATGTTAAGCTGTACAAATTCCACAGCCGTCGCACCTTCGACTTGCGAGAGCTGAAGACGCTGTTGATAAAGT
TCAACACGACAGAGAATCACTACCAAATTTGCCTGCGCTGTCTGCCCCTAACAGCGGGTGCCCAGGAAGGACCCGGTGGAGAAAGAGGCGGAGGC
GGTGGTACGGGGGATGCAGCCAAGCAGTGGAATAGTCGCAAAGAGTACATAGCCGCATTCCTGCACCTACCCACACTGAGTGCCAATTTGCCGGA
CAAGCAGCCTCTGGTGCAGGAATGGAAACTCAAACGAATCACCGATCAGTGCCAATTGCAGCTCGACGACCACGAGCGCACCTACAAGCTGACCA
ACAATTTTGGGTACGGCTATGCTAGCGAATACAGCGGACCGCTAGACCTGAGTGAGTTGGACAGAGCCACGTGCCGCGTGTCGGAGCCACATCGC
ATGAGCCCCATCCAAAGGCGGCAAGAGCGCGTGGTCGATGAGATGAAGCGCTTTTCCCGCGAGCAGTACAAAATAAATTTTGTGGAGCTACAGGT
TCCGTCCGGTCACCAGAATCCTTTACGCTACAAACCGAAAATCTACGAGACTTCCATGACCCAGGAGCAAGCGCATCTGCTGCACAACATCAGCC
GAATGCAGACACGGGAGCAGCAGCCGTGCGACGTTTTTCGGCAAAACGAGATCGATTGCGGGCTGATAAGCATTCTGTTGGCCATATGCTATGAT
GTGCGGACGACGAACAATGAGCCGACGTGTGAATCGGGCTGGACGCGAAGCATACTGTGCCCGCTTTATTGCTACTTTGAGCAATTCGACAACTA
TCGGGACGTACTGGTTGCCTTCCTGCGGCGAATGATCACCTACCCGCTGTACCGCAATTTCGAGTTGGGCCGCCAATGTGTACGGGATGCCATAG
AAGTTTTAAAGGGCGGTCGCAACTGGTTAATTAATCAGCTGCTGCTAACGCACCAGCAGTTCGCCAGCAGTGATCCCAGTCGCGATAGCTTCAAC
AACTACTATTTGGAGGACTATATACGATATGTGACCAGCCCGAGCGCCTGCAGTGATGAGCACATGCGCCTTCTTGCCCGCAACCTTAAGAACGT
GCTGATGGACGTAAACAAGCAACACTTGGGCCTGGGAGTGACCGAGATTGAGACTGAGCTGATCAAGGAGCTGATGCAGGAGATGCGCATCGATG
CGGGAAGCCAGGGTTCCTCGCCGCAGCAGCAGCATGGCGATGATGACTTGGACCTTGATAACGATACTTCTGGACAGGAGGACGAGACTACCACT
GATGATGAAAGCGTCATAACTGACTCCTTCTACAGCGTGGACATGGACATGCGACTGATAGAGAACGAAATTGTATATGAGGATGACGAGGAGGA
CGAAGATGACGATGAAGATGGAGATGATGATGAAGATGGGGATGGGGATGAGGATGAGGATGAGGATGAAGACGAAGACGACAGCAGTTCTTCCA
CAACCACCAGTAGCGAGGCGGAGGGAAACAGCGTCATCGAGCAGTGCAGCAACAGTGAGACAGCAGCCAGCACCACATAA

(SEQ ID NO: 1106)

Start ATG: 59

MLNGQIAHSYLENSCTLIIPRPPVLNQSSKSAQPAAAAAASSSAGEEFGQEAGSGLAEAEALHVDRIRNCDIFVDAHDLYFYADVKLYKFHSRRT
FDLRELKTLLIKFNTTENHYQICLRCLPLTAGAQEGPGGERGGGGGTGDAAKQWNSRKEYIAAFLHLPTLSANLPDKQPLVQEWKLKRITDQCQL
QLDDHERTYKLTNNFGYGYASEYSGPLDLSELDRATCRVSEPHRMSPIQRRQERVVDEMKRFSREQYKINFVELQVPSGHQNPLRYKPKIYETSM
TQEQAHLLHNISRMQTREQQPCDVFRQNEIDCGLISILLAICYDVRTTNNEPTCESGWTRSILCPLYCYFEQFDNYRDVLVAFLRRMITYPLYRN
FELGRQCVRDAIEVLKGGRNWLINQLLLTHQQFASSDPSRDSFNNYYLEDYIRYVTSPSACSDEHMRLLARNLKNVLMDVNKQHLGLGVTEIETE
LIKELMQEMRIDAGSQGSSPQQQHGDDDLDLDNDTSGQEDETTTDDESVITDSFYSVDMDMRLIENEIVYEDDEEDEDDDEDGDDDEDGDGDEDE
DEDEDEDDSSSSTTTSSEAEGNSVIEQCSNSETAASTT*
(SEQ ID NO: 1107)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384416
GTGGGCAGCGATCTGCAGGTGAAGCTGTGGGACTACAACAGTGGTGCTGTGGTGGGCATCGGATCGGAGCACGCCTCCTCCGTGATCAGTTGTGC
GTACAGTCCCTGCATGACCATGTTTGTCACCGGCAGCACGGACGGATCGCTGATCATATGGGATGTGCCGCGTGACTTCTGGGGCAGGCCCAATC
CGCCGGATGTCACCAAGTATTCGCTACCAAAGACATCGTCCAAAACCAGGATGAGTGACGTGCCGTCGCGGGTGAACTCGGGCACCAATCTAAAG
ACGACCAAGGGCGAGAACATCGATGGCCTGCTGAAGGCCACTCCCAAGGACGATCTCTGCTGCGTGGAGTGCCCGCCGTGCGCCAAAAAGGATAC
CAAGGGCGTGGATCCCTATGCCGAGTGCGGAATCGTTCCCGATGTCCGCAAGTGCTGAGATTTTCCTTTCCAATTTCTTTTTGTCGTGAAATAAA
GGCAGTTGTCCTTTCTAAGCTTGATTTAACTGAGATTATTTATGGGAGCTTGATTTTCTAGGATAGATTGGCCTTCTCTTTTATAAATCGTATTG
TAAGTCATAAGGAGATATGGCTTTGAATAATAGTCTTATTAGATTAAATTGATTGATTGCTGAAGGAAACCAATTTCAAATTCAATTTAATTTGA
TCAAATGAGTATTTGGTCACACTTAACAACTGTGTTGCATCAAACATGTTCGTCGAACCAATTTTCAAACATGAAAATGAGCAAGCAAAATATTT
TAAACTTAAAATTAAGTCTCAATGAAACAAAGAATATGGTAGTTCATATGTTTATGAACTATTAATTTGTTTAGAAACGAAAGTTTTATATTTTA
GATTCACAGTATGACCCTGCTGGCGTGTGGTGTAACGGGCGGCTCGCCCCGCGGTCACACTGAATTACTATTGGCCAGCCTTGTTGTTGTTGTTT
TTCGTGTTCGTAAACTAAGAGTTCGTGTGCATGGATTTTTAGCCGCATTGGTAGTAGTTACTGTCGCTCCGCCGCCGCGTGAAGTCAGATTTCTC
CGAGCGCTCAAACGAACAGCACGCGACATTCGCCGGAAAAAAAAACGAGAACCATAAGTTGTGGGAAATTCGCACAAGGGACAGAAGGAAGAAGA
AGCAGCAGCAGACGAAAGGGACGAACGGCGAAGCAAAACAAATCGAGCGACGAATAGCGGTGTGCAACGAAATGAAGGTCTGCTGCATTGGCGCT
GGTTATGTCGGCGGTCCGACCTGCGCGGTTATGGCGCTCAAATGCCCCGATATCGTGATAACTCTGGTGGACAAGAGCTCCGAGCGGATTGCCCA
GTGGAATTCGGATAAGTTGCCCATTTACGAGGTACGTTCGCTTTCCTCCTTCTCATCGTTTGTATGTACATAGGAAGTGCCACTGTTCTGTGTGT
GTGTGTGCTAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGCGAGAGGGCACGATAGGTAGTGTGTGTGTGTGTGCTCACGCCTTAGCCTTGCAATTTGTGTTTT
TTTCTGCTTTTCGGGGCTTCCACTAATCATAAACAAACAAGTCATCATCCCTCAATCAATTCCCGATCCGAACCATCGAGCACAAACTAAAACGT
CGATGACCGCTCATATCCAAGTCGGTGAATACCCCACACCTCCCTCCACACTCCCCTTAAGTAAACCAGTTCCCTGCACACAGAAAATGCCAGAT
CTATTTGGAGATTTCTTGAATAATTCCATCCTATGAGATGGATTACATGGTTTATAGATATACTTAGCATTTATTTTGTAACACATTGAAATACT
ATTTGTAATTTAGCCATAAATAAGTTTGCTGCTATCCTGCTTGTTTTACTAGTAATCATTTGATATTTAGCCAGACCTACAAAACTCCATTGAGT
TTTCGCGCAGTGTAGTCCGTCTTCACTTGAACAACGCTGCGTGTCCGGCATTCTACTAAACTTCAGGTGCTTAACGCACTTGGCCCACAACAAGG
TCAATGGTCAGTCCATTAGTCACTCAAAATAAACCATGAAAAGCGCGCAGAGCCGTTTGATTGCTGAAATATGATTCGGAACGGAAAAGTAGCGT
GGGAATCGATTTTACTTTCCAGACTGCGTGACCATCGGCGTCGCTCCATTAGGCCTAAAATTCCAGATACTACAAAATGCGCCAAACGAAGCCAT
AAGGTGCAAGCGGATTGCCTCCCATCCACCACACCACTGGCGCATTTCCGTCCTGGCTTCCGTCCGCCCTCATTTCCCACTGTACATATGTCGAG
CTACCCACTCTTCTTATCGGCTCTGCGCCAAAACAAAGTCTCGGGTCGAGATAAGCTCGCTGGGCATGGCGTTTCTTTTCTTATATTTTTTTTTT
TTGGTCTAGCGAGCGCACATTAGTTGGAAATTGTCCAATTACCCACGTTCCCGACAAACAGCCAGTATCTCTGGTGAAAAAAAGCACGAATAGAA
GTATGTACAATCAGCCAAACACTCAGTATATATGTTTTGTTTTCAATTAGACAATAATTTGGTATTTGTATCCTATAGCAGTAGTAACCATTATC
AGTTAAAAACCCATACATTTTGGAAGATGGTATAGGGCATATATTTAGTTCATTCTTATCGCCCTCCTATTGTATCCCTAAAAATAGTTAAAAAC
CCATTAAGAAAATACACTATTGACTGCAGTCTAGACCGTAAATGTTCTTACCTAGACCGAGTAATTCAAAAATATACTTTTCAAGATAAATTCCA
CTTAATGAAGTTCGATTGTAATCAATACCAATGTTATGTACGCAAAAAAAAAAAAAGATGCTGTTGGGTGCACTTGTAACCATTAGAGGAGGCTG
TCTAGCCAGTTTGCCATTATCGCTACTCACCAAGATTGCAGCACCACAAGCAAACAATTATGGCCAGCACTTGGAGTACTTCAATGCAATTTGCT
GGCGATGGCGATGTCAGGGCGAGCATGTCAACAACATCCTCTTGTTTATGGAATTTGCACAATTGGCGTACTTTCCATTGACACCGAAATATTGT
CAACATTTCCTAATCGTTGCACTCATTAATGTTCCATTAGCTTTTTCGCACATCGCAAAAACTTATCGGGCAAACAGTTGATATATTTTTCTGTT
TGATTTGCTTTTCTATCTAAGTTTCAGCTAGAATTGTTTAGACTGATAGATTGTTTATCGCTTAGTCGTATCTCTCGATTGAAATGCGATGTAG
AAAGACAGTTATTAACACCTGCCCTCCATGGAGAAATTCGTATAAATACGTATGCAAATTTGGCTGGGCACGCAAAACGAGTTCAATGAACATTC
AAATCGTATCTGAAACGGAAACAAGTCTGGCTGAAACTGAATGCGTTGAATGAGAATGGTGAATGGGTGGGTGAATCAGGGGTTCGTGTGAATAC
ACGTATTGCATAAGCGGCTTGGTCATGGGATAGGGTCTTCCATAGCTTCTAAATTAATCACTAAATGCCAACAAGTGGACCACTCCAAGTGCGAT
GGCAGCACGTAAACAGAAGTAGAGCAAAGTTAATTGTGAGATAGCTTTCTTGGGAAAGCCAATCGGATAAGATCGACGTACAAAGTATATATATA
TATATATATCCATACAGAATGGTTATAATCTTATCGGACGACGAAGTGGGAACGTCACCAAGTGCTCAGCTTTGGGCGCGGGTTGTCGTGATTGG
CATTTTAAAGCACTGCAAAGCACTGACTGCAAACTAGGCCAACAACTTGTGGAATAACTTCTAAATTATATTAATGAGGCAATTTGGTTCTTCTT
TGTGGCAGCCCGGCTTGGATGAGGTGGTGAAGAAGTGCCGCAATGTGAACCTCTTCTTCTCAACGGACATCGAGACGGCCATCAAGGAGGCGGAC
CTCATCTTCATCTCGGTGAACACGCCCACAAAAACCTGCGGCAATGGCAAGGGTAAGTACTAAGTAAACAAATATAAAAAAAATAGAGAAATTAT
CATATAATATAGCATTATTCCAATTTGAAGGCTACAATCTGTTGATCATAAAGCTTCACAAGCTTGAATTATGGCTAATATCATGTCATAGCTTA
AAAATAACTGCCTATTAAAGCATAGATTTGTTAGTTAAATAGCCATAAAATAACCACAAATAGCTAAGCTAAGCTAACATAAATAATTACAGCAT
GAGTTAACACTTGAAAATATTAATTCTAAAAATAAAGAGCATAGTGCGAGTTTAATCAGAAATCGTTTGATAATCACACGCCACTAAAATCAAAT
TAATTGAAAAAGTAATTAAAGTCATCAAAATGTTGAACATTTCATGATTTCAAACACACGTTTATCATTGCTGGTGGAAAAATACTTTAAATTAG
ATCAAAAGTAAACATTGACATACTTAAGATCACTTAGTAATCCACTTTTTCAATCTGCAGGCCGAGCGGCGGACCTCAAGTACGTGGAGAGCGCA
GCGCGGATGATCGCCGAGATCGCGCAGTCCAACAAGATTGTGGTGGAGAAGAGCACGGTGCCCGTGCGGGCGGCGGAGAGCATCATGCACATACT
GCGAGCGAACCAGAAGCCGGGCATCCACTACGACATACTGTCCAATCCCGAGTTCCTCGCCGAGGGCACCGCCATCAATGACCTGCTAAATGCGG
ATCGTGTGCTGATCGGCGGCGAGGAGACGCCCGAGGGCCACCAGGCGGTGGAGAAGCTGTCGTGGATCTACGAGCACTGGATACCCAAGCAGAAC
ATACTCACGACGAACACGTGGAGCAGCGAGCTGTCTAAGCTGGCGGCCAACGCATTCCTCGCCCAGCGAATCTCCAGCATCAATTCGCTGTCGGC
AGTGTGCGAGGCCACGGGCGCAGATGTTTCCGAGGTGGCGAGGGCCGTGGGTCTAGACTCTCGCATCGGTTCCAAGTTCCTGCAGGCGTCGGTGG
GCTTCGGCGGCAGTTGCTTTCAGAAGGACATCCTCAATCTGATTTACATCTGCGAGAACCTCAATCTGCCCGAGGTGGCCGCCTACTGGCAGCAG
GTGATCGACATGAATGAGTACCAGAAGCGTCGATTCTCGCAGAAAATCATCGAGAGTCTGTTCAACACGGTGTCGGACAAGCGGATAGCGATCCT

Celera Confidential

GGGCTTTGCCTTCAAGAAGAATACGGGCGATACGCGCGAAACAGCCGCCATTACCGTGTGCCAAACTCTGCTGGAGGAGGGCGCCGCGCTGGATA
TCTACGATCCGAAGGTGGAACCCGAGCAGATCATCGATGACCTCACGCATCCCAGTGTCACGGAATCGCCGGAGAAGGTGAAGAAGGCGGTGCAG
ATCCACAGTGATCCGTACAGCGCAGTGCGTGCCACACATGCGTTGGTCATCTGCACGGAGTGGGATGAGTTTGTTGATCTGGACTTTAAGCGCAT
ATACCAATCGATGATGAAGCCAGCCTACATCTTCGACGGCCGCAAGATTCTCGACCACGAGCGCCTGCAGCAGATCGGCTTCCACGTCCAGACCA
TCGGCAAGAAGTACCAGCGCACCGGACTGCTCCGCTCGTGGGGCATTGTGCCGCAGCTTTAGGCGCGTCGGGCGGCGGAGGTGGTGGCATTTACA
CTTAAAGTTGGCGAAATTTCCAGTATTTGCGAGACTAAACTGTAAATATCCGTATTCTTTTCTGTAGCTGAGTGTATGTTAGATTGGGTCGATTA
AGCTTAAGTTGAATCATGTTTAGGAGAATAGAATCGTTTCAAATCATCAGAGGACTCTGTCAGTTTTAAGTGAAAAGTAAAGTTGAATTCTTGCA
TTTTGTATATTAGTTTCTAAAGGATATAAGCTTTTAAAACATTTCTGTATATAACTAGAAAGCGAATTACTTATTTGAACAACATAAGGCAATGA
TTGATTAACCACAAAGTTATAAAACGTAGTAACTATTTTTGATCAGACAATATAATATTATGTAGCTTTCCCCATATCGACCCAAACTAACGAGT
GTGTTTCTAAATAGTTAAAGTATTCAACTAGGCACACCCGCAAGGGAAACCCTCGAACCGTATTTGTATTCATATTCCTATTCCTATTCCCCTGT
CGATCCGCCACTCGAGGATCGGTAGTTGCAATATTAAGTCCCAGCAGGACAATAATCCCCTCCTGCGGCGGGCCAATAAAAACCAGCATTTACAC
GAGAGCATGTAAATTTTTATAATAAAAATAACAACAGTGCGTTTGATTTGGGTTCCCTTTTTCAGAAGGGTATCCTCTTGACTATTTGGCGGTAC
CACAAAAAGGAGGTGGCCGCCGATAGACTGAACCAGGTCACCAGGTACGACAGATGATCGTTGCGCAGGGTAACGCGTGTCTGTCCACCGATTGG
AGCATGTGCAGCCGTTTGCGGATCGTAGACGGCGTCCAGGAACACAGGAGCTGCTCCTGTGGCGGCGCACATGCGCGCCAAGTCGCGATAGAGAT
AGACATTGCCCTTGTGGTCGGGTGTGAACTGCGGACGCGCCTCTCCTTTGCGCACGACGGCGGTGAGCTCCACTTCCGCCTGTTGTTGGCCCAGC
GGCCTGGTTTCCGGCTCCACTTGCTTGCGGGACACCCAGCCCCGATTGACGAGCACTATGTCGCTGGGGGCGAAACGATATTAAGATGATTCTAT
GGGATTTCCTTGAGCACAACTTACTCTCTATCTGCCAGCTGAAAAGGGGTTACTATTAGATAGCCATTGCCCGAGTCGCGCTGCGAGAAGAGTCC
TCCTTGGGTTTCCACGCCATCGGGCCGTATCAGCGATCTCGGACCCAGGCGCATCTCCTTGTCGTGAAGGAAACGTCCACGGATCTTGACCAGGC
GGTACTCCATTTGGGCCAAGTCAGTGAGACTACAGGAGGGAATACACTATAGTGGGTGGGTATATAGTGGAGAATATGTGGGCAAACCTACTCGT
CTGGTAGAGCCACAGGCGCCGTGCTCAGCTGCTTGTTGAGATCCTTGATCAACTGCTCCTTCCAAATCTTGCGCTTCACTTGCCAGCAGCCCAAG
CCAAAAGTGGTGGCCGGTATGAGCTGGGGATTGGTTAATGGACAACAAGGATTAGTTGTGTGTATAGGTAGAGGAGTTGGTGTCTACCCACCAGG
AGGAACCATCCCAAAGGAGCTATCTTCTCCTTGTCCTTCGCCGCCTGATTGGGAATACTGGTTGTCCAATTCACCGGCGGTCGCTGTTGTGTCAT
CTTTCTGGTGATTAATCTCGGATTGTTCGCGGTGCCCGGGTTTCGGAATACAGTCTGTATATTAAAGGCCACTTGCCGGCACATTTGGTTCCCCA
AACGTATCATACTTTCTTTTATTTTGCTCTAAATTTTCTATTTATTTATTTATTTACATTTCCAACTGGAAGTTGATAGTAAGACCGTTTTGCAC
TGTTATGAACGGATAATAACTTCATGCGGTCACACCACTTCCGAATGTAAGCTCTTCTTGATTTTATGAATTAAGACTGCAAAGGTTTAAAGTAT
ATAAAAAATAAAGTAATAGTTATTACTTTTCACATGCAAAAAAAAAAACATTTTTCTTTCTTTACAAAGATTTGTATCTGTTACTGTTAATCATA
TGTTAGCAAGTCACTGTTAACATGTCGTTATACCCAAGTTGGCAGCCCCGTTACGATCAGCTGTTTTAGTCTGTTGTCGCGTGCAATTGGATTTT
TTAAACGATTTTGTTTTAGTAAATTTAGGATACATTTAAGAATGCAGTGCACTCGTGCAGTTGCAAGACTGGCCGGCGGCCTAGCGAGAACCGCA
TGGGTATGTTTAAAGCAGGGGTTGTACTTTATTTAGTCAAAACACGGTCATCCGAATGCACCGCCATCAACTCTTATATAAACGGATATAAAATT
TTTAAATTAAACATATTATAGGCAACACAACATACGTATAAGCACAGGCCAGCGATACTGGGACTGCTGGAGCAGCCATGCCGCTTGTGTTCATC
CACCGGCGTTGTGGATAATACCAATAAAACGAAACCCGGCACAGCGGAAGCCGCAGAAGGCGGTATTCTGAAGAGAGTGCTCAACAAAGTGGGCT
TCACACCGAACACAAAGGCGGTAGGACTCGGATTACTTTGCCCATTTGATTAATATTCATCGAAGTGATCCCATTTCAGCGCCTCAAGGTAACCA
GTCATCTGCTGTACGAAAGCGTCGCCGACAAGATCAACTATGTGACCTTTTTCCGCGACTTCAATCTGCCCAATACCTTTAACTCCTGGTTCTTG
GTCACCGAACTGCATGTTTGGCTACTCCTGATGCGCTCCATGGCCGAGGGCTCCGAAACGGGCGAGGATGGACGCTTCCTGCGCAACTGCATTGT
GGAGGCGATGTGGGGAGATGTTAACACACGCGCCAAGAAATTGGGAGTAGGTTTTACTTTAGTTCACCTTTATATATATAATCTTTATGCTCTTC
ATATGTGTTTCCCAACAGGCTCACAATCCTTCACGCACCCGTCAGCAAATCGAGACCTTATCCGAGCAGTTCCAAGCGGCCCTAATCGCCTACGA
CG
(SEQ ID NO: 1108)

Exon: 1001..1361
Exon: 3809..3947
Exon: 4431..6194
Exon: 7542..7552
Start ATG: 1212

Transcript No. : CT28337
GTAGTAGTTACTGTCGCTCCGCCGCCGCGTGAAGTCAGATTTCTCCGAGCGCTCAAACGAACAGCACGCGACATTCGCCGGAAAAAAAAACGAGA
ACCATAAGTTGTGGGAAATTCGCACAAGGGACAGAAGGAAGAAGAAGCAGCAGCAGACGAAAGGGACGAACGGCGAAGCAAAACAAATCGAGCGA
CGAATAGCGGTGTGCAACGAAATGAAGGTCTGCTGCATTGGCGCTGGTTATGTCGGCGGTCCGACCTGCGCGGTTATGGCGCTCAAATGCCCCGA
TATCGTGATAACTCTGGTGGACAAGAGCTCCGAGCGGATTGCCCAGTGGAATTCGGATAAGTTGCCCATTTACGAGCCCGGCTTGGATGAGGTGG
TGAAGAAGTGCCGCAATGTGAACCTCTTCTTCTCAACGGACATCGAGACGGCCATCAAGGAGGCGGACCTCATCTTCATCTCGGTGAACACGCCC
ACAAAAACCTGCGGCAATGGCAAGGGCCGAGCGGCGGACCTCAAGTACGTGGAGAGCGCAGCGCGGATGATCGCCGAGATCGCGCAGTCCAACAA
GATTGTGGTGGAGAAGAGCACGGTGCCCGTGCGGGCGGCGGAGAGCATCATGCACATACTGCGAGCGAACCAGAAGCCGGGCATCCACTACGACA
TACTGTCCAATCCCGAGTTCCTCGCCGAGGGCACCGCCATCAATGACCTGCTAAATGCGGATCGTGTGCTGATCGGCGGCGAGGAGACGCCCGAG
GGCCACCAGGCGGTGGAGAAGCTGTCGTGGATCTACGAGCACTGGATACCCAAGCAGAACATACTCACGACGAACACGTGGAGCAGCGAGCTGTC
TAAGCTGGCGGCCAACGCATTCCTCGCCCAGCGAATCTCCAGCATCAATTCGCTGTCGGCAGTGTGCGAGGCCACGGGCGCAGATGTTTCCGAGG
TGGCGAGGGCCGTGGGTCTAGACTCTCGCATCGGTTCCAAGTTCCTGCAGGCGTCGGTGGGCTTCGGCGGCAGTTGCTTTCAGAAGGACATCCTC
AATCTGATTTACATCTGCGAGAACCTCAATCTGCCCGAGGTGGCCGCCTACTGGCAGCAGGTGATCGACATGAATGAGTACCAGAAGCGTCGATT
CTCGCAGAAAATCATCGAGAGTCTGTTCAACACGGTGTCGGACAAGCGGATAGCGATCCTGGGCTTTGCCTTCAAGAAGAATACGGGCGATACGC
GCGAAACAGCCGCCATTACCGTGTGCCAAACTCTGCTGGAGGAGGGCGCCGCGCTGGATATCTACGATCCGAAGGTGGAACCCGAGCAGATCATC
GATGACCTCACGCATCCCAGTGTCACGGAATCGCCGGAGAAGGTGAAGAAGGCGGTGCAGATCCACAGTGATCCGTACAGCGCAGTGCGTGCCAC
ACATGCGTTGGTCATCTGCACGGAGTGGGATGAGTTTGTTGATCTGGACTTTAAGCGCATATACCAATCGATGATGAAGCCAGCCTACATCTTCG
ACGGCCGCAAGATTCTCGACCACGAGCGCCTGCAGCAGATCGGCTTCCACGTCCAGACCATCGGCAAGAAGTACCAGCGCACCGGACTGCTCCGC
TCGTGGGGCATTGTGCCGCAGCTTTAGGCGCGTCGGGCGGCGGAGGTGGTGGCATTTACACTTAAAGTTGGCGAAATTTCCAGTATTTGCGAGAC
TAAACTGTAAATATCCGTATTCTTTTCTGTAGCTGAGTGTATGTTAGATTGGGTCGATTAAGCTTAAGTTGAATCATGTTTAGGAGAATAGAATC
GTTTCAAATCATCAGAGGACTCTGTCAGTTTTAAGTGAAAAGTAAAGTTGAATTCTTGCATTTTGTATATTAGTTTCTAAAGGATATAAGCTTTT
AAAACATTTCTGTATATAACTAGAAAGCGAATTACTTATTTGAACAACATAAGGCAATGATTGATTAACCACAAAGTTATAAAACGTAGTAACTA
TTTTTGATCAGACAATATAATATTATGTAGCTTTCCCCATATCGACCCAAACTAACGAGTGTGTTTCTAAATAGTTAAAGTATTCAACTAGGCAC
ACCCGCAAGGGAAACCCTCGAACCGTATTTGTATTCATATTCCTATTCCTATTCCCCTGTCGATCCGCCACTCGAGGATCGGTAGTTGCAATATT
AAGTCCCAGCAGGACAATAATCCCCTCCTGCGGCGGGCCAATAAAAACCAGCATTTACACGAGAGCATGTAAATTTTTACAAAAAAAAAA
(SEQ ID NO: 1109)

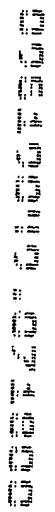
Start ATG: 212

MKVCCIGAGYVGGPTCAVMALKCPDIVITLVDKSSERIAQWNSDKLPIYEPGLDEVVKKCRNVNLFFSTDIETAIKEADLIFISVNTPTKTCGNG
KGRAADLKYVESAARMIAEIAQSNKIVVEKSTVPVRAAESIMHILRANQKPGIHYDILSNPEFLAEGTAINDLLNADRVLIGGEETPEGHQAVEK
LSWIYEHWIPKQNILTTNTWSSELSKLAANAFLAQRISSINSLSAVCEATGADVSEVARAVGLDSRIGSKFLQASVGFGGSCFQKDILNLIYICE
NLNLPEVAAYWQQVIDMNEYQKRRFSQKIIESLFNTVSDKRIAILGFAFKKNTGDTRETAAITVCQTLLEEGAALDIYDPKVEPEQIIDDLTHPS
VTESPEKVKKAVQIHSDPYSAVRATHALVICTEWDEFVDLDFKRIYQSMMKPAYIFDGRKILDHERLQQIGFHVQTIGKKYQRTGLLRSWGIVPQ
L*
(SEQ ID NO: 1110)

Name: UDP-GLUCOSE 6-DEHYDROGENASE
Classification: enzyme
Gene Symbol: sgl
FlyBase ID: FBgn0010851

Celera Sequence No. : 142000013384672
GAATTTTTAAAAATTATTTTATTTTATCATATTGCTACGAAATTGGCAAAAACTACCCTAATATGTACTATGTAAATTCATTTCTTCGATCAGAA
TTGATTTCGGCCCGAAAATCGTCTTCTAGCACAACACGCACACATATACAGAGTTCTCGACTCTTGTTTTTACTCACACAAGCAAGCAAATTAAA
TTTTTAGATTTCTTACGCTCTCAGCGGGAGTGAGCGGAAAGAGAGCAATTTTGGCCGTCGCTAAAAAATTGGCTGCATAGTGCCAAACCAATGTA
TGGCCGTTACGCATCTTGTTATTCTAGTGTCTTTGGTCTAATCCTCCAAATAGATTTCTTTCTCTCCAGGGTTTTTTAGCTGTATATGGATTTAC
CTCTCTGTATAAGAGAAGATTGAAGCTGAAGGAATTCGAAACCATTACCAAAATGAAACAATTGAAGACATAAATTGGACGCTTTTGTGATGCGT
CTTGCCTGTGTCACAGCTGAAGCTGATGGCATTCTTTATGTATTTTATAATATATATAATGTATATGTATACTAGATTATTCATTGTATAAACTA
ACAACATCATCAGTATCAGTATCAGTTAGTTAACTCAATGTGCAACAGCCGATGATAGGCGTACACTCGTCGAACGAAGAAAATACACATTTCCA
ATCGAAGATCATCCGAAAAAATGAAAGAAAACTTATAGGCGATGTATAATTAAAGAAATTGCAAACTGTCTGCTTAATTGGTACTTGGTAGTTTG
TAGGTGGTGCGTATGTGGTGTTCATGTGTTTCATGTGTTATATGAAGGACATGTGGGTATTTGTGGGTGTCTGTGGAAGGCGCTTCGTGTATCCT
TGTTTCGTTGAGCAACTAATTTAGTTCAAATAGCGAAAACAATTTTGAAGGCGGCGGCTAGGCGACAGGCAAACAAATTATGCAGATTGCGAGCT
GATATATTTATGTGTACGTAGTGGTGACTCCAAAATCCCTGCCAGCTTAGCTAGCCCTCGATCTGAGATCGCAGGCGGGGCCGTGGCAAGTCCCC
AAAAACAGCCTCGCCATGGACACTTCTGGTCAGCGCTTGGATGCTTGCCGCTATGTCGATGTTGTCCATTCCCTGACAAAAAAGAAATCAGCCAT
TAGTTTCGTATGTTTTTTTTTTTACTGTTAAATACTGATCTCACCTCCTCGCAGCCCTGCCCGAAGTTATTGTTGTTGGCCACAGCAGCTCTCTC
GGCCAGCGTGGTGTTTGCTATCTCGATGGGCAGACTCCGGGCGAAGTTCATCAACTGCGCATGGCTAGGACGCCCTCCGCCTCGCACTGGTATGG
AAATGGAGCTATCCGGGTCCAGAGCATCTGTAAGTTGGAAACATATTGGGGGTAAATAAAAATGCTAGTGACGTACAATTTTCTAGAACTCACCT
TCAGCTTCATCCGCAGCTTCGTCATCTAGGACACTTCGTAGGCCATTTTGTTGGCTCAGCTGCTGGAAGGGATTGTGCTGAGGCTGCTGCTGGTA
GATCAGGCTACGCGTGTAGCTAGGCACAGGCACGGACTGAACCGGAACCGGAGCATCCACATCCTCCAGATCGAACAGGCAGTCATCTGCATCTT
CGTTAACACTGGACTGACCCACTCCATTTGGGGTCAACGTCTGGGTGGGTGGACCACCAGCACCGCCGGCTGCTGATTGCTGCCGGAAGGTGGGG
CTGTTGCCCACGCTCATGGGCGTGGCTTCTGGGGTGGCGGGCGGTGTGTCAAAGTGCGACATCTTCCTGGCCATCGAGACACTCTGCGGGGCCTG
CTGCTGCTGCTGCTGTTGCGCCTGCAACTGTTGCTGCTGTTGCTGCGCCAGCAACTGTTGCTGCGGCTGCTGGTTCAGCGATAGGAAGTTGGGCG
GATGTGTCAACGTAGTAGTGGGTGTGGTGGGTCCACCATTCAACTCCCGCCGGCTGCTGATGGTGTTCCTGCGCCGGGCAGTCGCACTCTGCGGC
TGATTGGCCGCCACATCAAGGGCAGGGAGCATGGCACGATCGAGTAGCTCCGAGGCCTGCTCGGGCAACGCACGAATAACTTTGAATAGCAACGC
GCAGTCCTGATCCGATTTCTCCCGGAAACTGTTTAGTAACTGGAACTGAGTGCGCGTATACCGCTCGATTCTCTCATTTGTCTCCACAATCTCCT
CCTGCAATCGCGCCTGCTGGTGCGCTTGTATCATTCTCAATCTCTGCACCCTGGCATCAGTGGGATTCGAAGACAGGGATCCGATGCTTAGACTC
GATGCGGAGTTGGATAGTCCACTGGTGGGTCGAGTGGATCCAGAGTCACTGCCTGTGTGATCCATGATCAGCAGCTCGAAGGTCTCCGAGAAGGC
TTTGTTGGACTTCCGTTGAGCCAGCTCCTCGCTGCTGGTCAACAGCGTGCAGTTGATGAGGTAGAGAGTGGGCGTGGCCCCGGCGCCCGCCGTCA
ATCGCTTGGCGCATAGCACCTCCTTGCAGTTGATGCACAGGCTCAGCTGCCAACTCTGGCCAGCGGCTTCCAGGGTGAGACCATACAACAGCTCC
CGCTGATTAATCACAGCCACGGTGAGGTCTGGAATGGGACCATAGGCCTGAAACGGCAAGAAAAAAGTTGAATATTATTGCTTGTTTAATTCTAT
TCTATTATTTAATTCCTTTATTCCTTTTTGTTAGATTTTTTATCAACCATACTACATGGTTATTGATTTGGGTATCAGGCTTTCCCTGGGTGCAA
TCCTCACATTCATATTAAATTGGATTACCTTTAGTCAACAAGTTGATAACACTTTCCACACAGTCAGTCTGGTCAATGTCTGATAAAGAGGGATT
ACCAATTCGCCCCATTATTATCTGCACTTTTGATCACAACAGAAAAGCCAGCCTTTCTTCGATGTTTACCCAGTCAACAACCCCGCCGCACAGTA
GTTCAAGTGCAAATTTGTCAATTATGTTCATTTCGAGTGGCGGCACCCGATTGTGTGAAGACTTTATCGGAAAACAAGAAACCGCTGATGAACAC
GAAAACAACAAACAATTAGTGCAATGGCAAAATGATGTTGATGATGGGTGCCATCATATAGAGCAGAAGACAACTTGAATTATTCTGGCTGTCAT
GGTGACAAACAGAAGATGTGATGGGTAAACAACAAGTTCATGATATCGCCGGAATAGATTAAAATAGTCTGGTTTCCAAATGCCAAAATAGAAAC
AAACAAGTTTGCAGTCTGCCAATGAAACCTAAATATATCTATCATCATAATGCCCCGCCAATTTAGACACATAGTTATGCAAAATAATTCCGGCA
TTTTTGGAATCGTAGCACGTGTTTGCCGACTGACACAGGAGAGAAAAACACTTTTTATAGACGTGCTTGGCTAAATTTGACACTCGCGTCCACCA
CAATCAAGTAATATTCATATAGCTTGGACAATGGAGAGCGCAGGGCGAGATGTGGAGCGGGTGGGACACTGGACACAAGTCCACACAAGTGCACA
AACAACCATTCGCACACGTAGATACACCGAATTAAATTGAATTAACGTACGAACTGCAAACGTCAACAGAAATCAAATGACAATGTTGCCCGACG
TCAGCTAAGCGCTTCTGAATCGCATAGCATCGTTTTCGTTTTCCACATAACCATCCTCATCACTTTTTGCCAGGTGGACAAGAGATCATCTCTCT
CATCTCTGATCCACATATCATTGAATAATATACTTTAATATATACTTCATATACATTCAATTAAATTCTTGAACTAAAACGAAATGTTTATCATT
CGTTCAAAAGGCTGATATTGTCATAATTTTGGCTGTCAACTCAATTTCCGGCATTTCAAAACTGCAGCTGCATTCGTTCGTCTTTATTTAGAAAT
TTGTTTTCGCATCCATTTTGGACAATAACAAGTTGCGGTCACACCCACTCAAAAAAAAAAAAATTGTTTTCAATGCAAATTCCGAACTTGTTGTTT
ACAACGAGTGCGGTAATATCTAATCAGGCCCAGTCAGTCGGTGGCAATAATTATACATATGAATGAAACCGAAAAACAGGCACTAAAATGTGACA
CAGCAAATGCATTGTTGTCAAGTGTTTTGGCACTCGGCTGATATTATTGCCGGCAAACGCATAAACATATTTATGGGCTCAAGCCTATTTGCTCG
GTTTAAAATTGCAGTTTTATGGCTGTTTTCGTAACCGCAAGACCCGACTGACTGGCTGACCGACTGACTTGTTGTTCTTGCTGCTAATTTGCTGT
GCTGATACCCTGTAAGATGGGGATTTGGGCGCAATGAGTAATTATGCCTTTCTTCGATTGAGGAGCAGATAAGATAAGTGGTACGATTTTAGATT
TATGATTATATCTGCTGCGAAGGCGTAATTAAGAAATCGAGAAGTTACGAGTAAATGCCAACATATAAGTAACCCAAAAATATCTTGATCACATA
TAACCATTCCCCAAAAAATACAGCAATAAATATGGGTATTTAGAACGGAAAGTTTTCGCATCTAGGGTAACTGATAAATCGATCATTGCTGATTG
CCATCCATCATCATTCATTCAGCATTTTTTTGTTTAGCGTTATTTATGGTTTTATGGCACAAGCTGGCTAAGCTTGAAGTGGGTGTTTTTGTTGA
CTCGTTGGACGGGCCCCAAAACGCCCGACATTATCAGTTAAGATTTAAGACAAATCATCATCAGAGCCATCATACTGATTAGCTGCATTACCTCC
TATGCAGATGCAGTTTTACCCTTTGCTTGCCAAACATTTTGCATGCATTTTTCGCCCCTGCTGCGAATCGCGATCTGCCAAATGTCAATGACTCT
TCTCAGTGACTTTCAGACTGCAATGACAACAATTGAAGGCAATAGTTGCCTTCGTCGTTGTCGTCGTCGTTCTCGTCGTCGTCACTTCATTGGAT
TGCTTAATTAACCTAACTGCCTGTTCGAATGATCGACTCTTGCTTAATTGAAATTAAATGTCTGCGCGCTGTCCTGCTAATTATGTGACTGTGGC

Celera Confidential



GCCACCTAGTGGCCGGAACCAGTGGCTGTTAGCTAATTAAATAACCGTTTACGTTCGACTTTGACGTATGACCATTTGCTTTATGGCCCAGGCCA
GCCAAGACGGGCATTTGATTAATTGTAATCGCGTCTTCTGGCCGAAATAATAAATAAAACATGGCGTGTTCTAACTGGTAGTGGTTGGCCGAAAG
AGATGCAAAATCGCCAAAGGAAACGCGCCGAGGAGCACGTAACTACTCAAGTCGCACGCTCTTCGCATATCGGAAATCAGTATGAAGCGATTTAA
TTGAATCGCGCGACATTTAAGTAATGTATGCAATCTAGACGGAATCAATTGCATTGGTGCCAACTGTCGAAAACGTTGTCCAACTGTCAGCTTGA
GTCCGTCGATCACTTAATATGCATAGTGGATAACTATAGAAAATCAAAATACTTTATTGCAACCAAAGACATGGTGTAATAATAAATGGATTCTA
GAACGAAGCTCAGAAACTATGGCAATTCATTAGATTAGATTTATTGATCTCTTTAATGTGTTAATGCTACGAAAGCAACTGAAACAGAATTTTAC
CTTCGTTTATATCATTATATGTTTGTATATAATTAAATAAACTGCATAATATGGCCGTAAAGTCGACTATAACTTGAGAGTTATGTATAAATCAT
GTAGCAATCTCGGACGGGAAGTACGAGTGCATTAAGATGGAGCTATCAAGTGATTCTGCTTTTCAGTTATGCTGCAAAGCAAATAATGACGTTTT
GCTATCATTGAAAAACCCTTGCGTACTTTTCAATTGCCTGTATCTATTTTATTTGGATTTTTTCTGTATTATACAAACGAGCGAGGCAATTGAAA
TTCATATCAGTGGGTAATGGTGTCTGGAAATAATGCATATTCCCTCGGCGCTGCTTATGCAACCAGAACGATTCCCATAAAACAAACAACTTTAG
AGCAAAATGTGTGTAATAATTTCTCGCATTTTGCACATTGCTGCATAATTAATTTGTTGTTGTTGTGCGAGGCGACTGTGCAGTTTAATTGATTG
AACGGCATTAATTAAGCCTGTAGTCTGTGACACTTGATGTGTCTAAATACTGGTCGCCTAACTAACTAACCACTTACTTATATTTCGATGCATAT
CAAATCGCTTTGCTATTGACTTGGCGAAAAACAAAAACATTAAGCTGTGTCCAAAGGGATAAATTAGTAGTTTGTCAGACATATTATAAAATATT
TTCACTTTCACAACGGCACAAATAAAGATGACATGCATAAAAAAGATACGAAGAGTAGCAAGAAATTGTATTTTAAGCCTCTTAAATTATTCTGC
TTTTGTTATTCTCCTGTGAGATAATAATTTGCTTATCAGTTGATCTCGTATTAGTCTGATATCACACTTGAAAATCTAATAGATAACAAAAGGGA
GGGGATTGGCTGAAAATGCCGGGAGGGGGCATTAACCTGTTGCAAGTGCTGGCACCCTCGTTAATTACCAATAAATCAGATCGTCAATCATCCGT
AGCTGGCACACCTTTCGCCGAAAAAAAGATAGATTGAAAGAGAGAAAAGAAAATAACAATCAACCGCCCGATTGACGCATTTTCCTTTGTTTTGT
TTTCCATTTCTAATTCTATTTTCATTGGATTTTACTTTTTTTTTATAGCTTTGAGATAACTCGCCCGTGTTGCGTTTCATCGGCAGAAACCGAAAC
TGAGCCAAAAAGAAAATAAGTTGTAAACAAATCAACTGGCAAAAGAAACTACGAAAATAATCTTTTATAGATTTGGATCCCCCTCGAAATGGGGA
TGGCAAGGAGGAGGGGTTCGCTCTGGGGTGCGACTTGGTTCGCCTCGCTGCTCGCGAATAATACAATAATATAATACCCTCTACATCTCCCTCTT
CCACTTCTTGCATTTTTTTCTTTTTTCATTTTCATTTTTTCTTTTCGTTTTTTCTTTTTTTTTTCTTCATTTTTAGTTAGTTTTGCCTCTTTTT
TTTTTGTGTCGAAAAAAAGAGGCAAACACATTTCGCTCAGATACGTCGCCGTTCGTCGTTGGCCATTATCATAAACAACTTTAGACAGCTGGGGA
CACACGCGCTGGCTGGGCGTTTTCGCTCTGCGGATTGCGATGCCAATTTGTATTGCCGCGCTCGGTTTTTTTGTAAAAAAAAAAAAAAAATTTCC
ACTACCAATCGGCGGGCTTGCGATTTGGCCAGTCCAGTCCATCTAGGGCTTTTGTTGTGCTCCTCCGTCCGTTTCTTGGGTTCTTTCTGGGCCGC
CAATGTGAGTCACTCGATGGCCTAAGCCCCTACATCAAAGTGCCTTTGGGTCACTTGTTGGTCGAAACTTGTTTTCCCAGCCATTTAATGGGCCT
AATATTTAGGGTTTTGGGTTCTGTTTTTTTTTTATTGGAATTAATTGTTTACCCAATTTAAAGGGCTTCGTTTTTGAATCGTAACAACGCATTTA
TAGCAGATTCTCATGAAGAGCAGCTTAGCTATACAAATTGTATTTTAAAGAATTTAAAATGCTGTTAGTCTTTCGACTAGTATTCAATCCACTTA
AGTTGTGGCTTTGTAAGCCTTAGTAAAAATTGATTATCACCCCAGCTTTTATTTAGATCGTACACGTATTACAAAATTAATTGCTGTCATGTTCA
ACTTTCTAAACCAATTTAAGCTTATTGTTTTCCAAGCCCTCCGTCCCCTGCACCCACCTCATTCGCACTTCCCTAATAAAATGTTGCCTTATCTA
CGAAAAAAAACAAAAAATAAAAGGAAAACTAGTAAAAAAAAAAGCGTATCATTCAATGTCGTTTGAAAACAAAATCTGATAACGCCCCAGACCCA
AAACATCGCATATAGTCTCGCCAGCCAAAGTGCCTACCGCACGCTCCCTCCTCCCCCTACCTCTCCACCGAGCCCTGCTCCCAAAAGATATATAT
TTCAATCGGGATTAGAATGAGGAACTGGAAAAAAGCTAGGGAAACGTGCACACGTGTGCTCCCCGCAGAAGGATTAAACTTTTTTTTTGTAAGTA
TGTAAATAAATGTGCTGAAATGAGTCGAATCTCGATTGTCTACACATGAAAATAAATTTACCTATAAAATTATTAATTATTAAATAAATAATTAT
TAAATAATATATGCTCCATAACAGTTTGTTTAAGCAACTAGACAAGAAAACATTATGTTTACTTAGCCAGTAAGTAGGTATGCTTTTATGAATAA
CATCAGATTAGATTATCAAATCAGATAACTTTTTGGTGTGACCTTACTTTACGAAAATATAAAAAAAAGTTAAATGGTAAAAGCTTATTTTATTGA
AATCATAAATGCTCAGTTATTAATATATTATTAAAATCAATTATCAATAATTACGAATTTAATTTTAGGTATTTGACTTTCAAGGCCCTTCTTT
ATATATATATTACACGGTCAAATCAACTCATCGATTTCGCTCAGTGTGTAACAGTAAATTAAGCGCAACAATGTTTGCCCATCGGCACTGCTAAA
CAGACTTCGAACAACGAAGTGTGCGAGGGGTAAAAAAGGGGTTGGGGGTTCTGGGGGGACTGCGAGGTACATAGGTGTGCCAGTGTTATCTAAAA
ACTTTGACAAACAAATTTACGTTGGCGTGGATTTTGTTTGCCCAGCGCGCACCGCACAGCCGGCTACAGCTCAAATTTAATAAGCAAACAGCAAA
GATGGCGGAATTCTCGGGCCTGCCCAACGTCTGCTGTTGTTAATTGTTAGTTTTATACACACTCACACAGCTCGTATAAATAATAATATGAATAT
ACGGCCACATATGTACATTTGTACTAGAATAATGAGATCATCTCATCTCTAGCGATCCCAAAACGCGACCTGCGCCTATTTTCGGAGCTACCGAA
TTATAGAGTTGTGATAAGACCTGCTTATTTGTGCAAACGGTCTAATTATAGCTTTTTTCCAGGCGTAATAATTACAAGACAGCCAAATATTGATA
AGACTATCAACACTAAGAAAAAATAATAATTAAACTGTTTGAAGAATACTGAAGAACACAAGATGTTGATGATCAAAAACGGACGTACTAGAATT
CATTTGTATAAGCGTTTTGAGAACAAGATTTTTGATTTCGATCTAAGAATTCTTCTACGTGCTCTACTCTTAATATCGTAAACTATTTGAATTTT
TTTTTTTTATTTTCCACTCCTATTTGCGTATCAAATTTAGACCCCTTGTTTCGTGTTTATCCGAAGTAAACAAATCTTTGTGGCCGCCGCACATT
TGACACAGTTTTCATTATTTATTTATTTCTCGCCTGGCCACTACTATTATTTCTATTTTTTCGGCTGCATTGTGTGTGTTGTTGTGCCTCAGAGC
AAATATTTATGCGAAACCATCATAATTTGGGGGAAGCGATCAAAATTAACCCCTCACCCGATAAAATCACGCATGCTAAACGTGATCGACGTGAT
CAAAAAGAAAAAAACAAAATAGAAAGAAAGAAAGAATGAAAAAATCAGAGAATCAACCCCCCGAACCCAAAATGCCACCACCCCTTTTGGCATTC
TTCAACCCTCTTGCACACGCAAAATAAATTATTCGCGTTTAGATATTTTGAAAAGAAGAGGTGTTTTCTTTGCTTTATTTTTATTTTTATTTTTA
GCCGGCTTGCGATTTCTCAATTCAAGAATTTATAGTTCTGTTTACACGAGAGCATTTTTGTACCATGTATGTATATGGCACTCAGTAGCTACATA
CATGTACATATGTATGTATTATGTACATTTTACAAGGCAAGTGAAAAAAGGTTAAGAGTTTACGAGCAAGGGCCAGGCTCATTAGATTGGCCCAA
AGATTGGTTCGCTGAAGTGTGTGGGCTTTATAACAGTACGGCAATCGACTGCCGCTGACTTCAAGGTTATATTTGTTAAAGATTAACATTGGTTT
TCAATTAACCGACACGCGCGCTGCAAGCAGCTGGTCATATGTATATGTATGTACATAAATGTATTTATTTTTCCATATGTATTTATGTGGGGTCA
AAGGGGTGGTTAACTGTGATTGACCAGCGTACTCTTCTGGGACTCTGAAGCTCTGACCTTGCCATATCATAATGGCAATCTCCTGCTTGGGATGA
TGTGTTGCTTTCCAAAGGGTCAGTAAATGAATATAAGCATAAGCAATCAGTCTAAAAGAGATAATTGAACTTGGCATATCAGGTGAAAAGTATAG
AATACAACCTCAACAATTTGCTTCCAATTTTAACTTTTTATTTTAGATGATAAGAGCCCGCCCGACTTTTTATAAAGGGCCATCTTAGAGAGTGA
TAATATAGCCCACAGTTTTGATAAGAAATTTCTTTTATAAGCAAATATAATACCTTCCAGTTTGCATTATTATTCATTTCCTAGACACATTTTAT
CATCATTGTTTTTTTTTTTTTAGTTTTTTCTTTTTCGGCCCAGACAGCAATTAGGCCCTACTCGCCTGATTTTTGATAAAGTATTTGTGATTTCCC
ACTTATCATTCCACAATTCCACTTACTAGTATTGTTACACAAACCCATGCAGCAAAACCGCCTCGATTCACAGACTTTACATTTGATAATGACTA
TTTTTAGAGTACACAAACGTTGTCATTGCAGGCGCGCCTTATATTCTCAACCATATGAGGAAAATATAACTTAAACTGATTGATAACTCGTGCTT
GGGATTTGCTCTGTTGATATTTGCCTTGTGGGTAATCGGTGGATTGGAAAAGGGTTTTCGGTTTCATAACGCGATTAACTGGGATAAAAATAAAC
ATGGCCATTAGCATATGAATGCAGTTGTTTTGTTTTCTCTTGTTTTAGCTTTGTTCAACAAACTCGTTTCTCGACCCATTCAAAGATCGTGTATT
GTTTTGATTTTCAATTAACCAATTTTCACAGGTGAGAGTCCCAACAATTGAAGAAGGGCGGAGGAGATTAAAGGCTCTAATCATAAATAAACCAC
TTGGAAAGGCGAAACTGGGAGGCAGACATCGATTGACGACAGCGCGACTGGCAGCAATCGTTTTATACATATGTACTCGTATATATATACTCTAT
ACTACTATATAGAAAAGTGGCAGGGAGTATCAGTATTTGTGTCGCCGCGTTTTTACCGTTTGATAACCTAGAAAAGACGCCTAGGTAGGTGTGAG
TGTATGCAAGAGTGTATATATATATGTGTGTGTGTGGGCGCTGGACAATCAAAATTGATAAGGGGCGTGCGCACAATCACAATCACAGCTACTTT
TACTGCTGGATTAAGAGGCGATGACAAACAAACTGCAAGATACATGAATTCATTTTGTAAACAACATACATAGTCCTAATTCTAGTCCATTCGCA
CAGAAATATCCAAAAGAATGCGCAATAATTGTACATTCTTTTAGTTTACTGATTTATACAAAAAGTTCTAAAATGTTTAAACTTCATTTAATAGC
TACCATAAATAATATGAAACACATATTTAATTCGCTTTGTAGACAATTGTAGCCATATATTATTCATCACAAAATCATAAAAGCATAATTGAGTG
CTTTCAAAAACAATCATAATTACAAACAGATGTCACTTTAAGTGCGCGTTTCGAGTTAGCGAGCACTATTGTCAGTCAATTTCATTAGTGTTGCA
CAAGTCATTAGGAAGTTCGAGTTGACTAAATTCAAGCATATAGCCTTGTAATGGCCCATCACACATCTTGCCCATATGTCGTCCGGCATTTCAAC

FIGURE SHEET 600

AAATTTTATGCATAAATTCATAATTTAAACATTTCGGAGCCTACGCAGTGGAGAGCTTTTATGGCCAGGGTTGGGGTATTTTCAGTGGTGGGGAT
GATGGGGAGATGGTGGTGCTCCGACTTGTCAACTGGCCCATCAAGTGGGCCCGAAAAAGCCATTCGCCAGCAGTCCGCAAGCAGGCATTTATGCC
TTAGTGACCCCCTACCCGGCTTTCAATACATACATACATATGTATGTATGTACATAATATATGTATAGTTTTTATGGCTGCCTTTTGTACGCCTA
CACATGGCAAAACAAAGTAACATTGAAATGTTTATTAACCATGAAGAGAAACTACTAAGGCTAGAAAATGAAAATCAATTGACTAGAATAACTTA
ATCAAGAAAAGAGCGAATTTACAGGGTATAGGATAGTACAAGTTAAGTGTTGCTTATTGAACATTCCAAAAGCGGACAGAAATACACTCTACAGG
GTATGCGATAGTTCAAGTTGAGAATAGAAATAATCCGATTTTGCTTTCTTGATATGAAGTTGTTTTGATCCAAAGGTCTCCCAGCTGACCAATCC
CAAAGGATTAACAATTTATTTATCTAGCTAGCAGTATGGCACTACTGATATCGTTTGGAGTTTCTTCGAGTGAGCGCCTCTTGGAGCAACTCCCT
CTCTTTTGGGCGCCCAGTGGGCCTTTTGTAGCCCCCTTTCTTCCGCTGCCCGGCCAACTCCGTCGACTTTACGGCGGTCCAGTGCCCGGCCGGCC
GCATTTGGAAATCTCGAAAACTTGTTTATCCAACACACACACTCACACACACCCTCACACACACTCGAAAAAAAATATACTGCCAAGAGATGGGG
GAAAAAATTATAAACAAGTTTTTTGTTTTGTATTTCGGCTCGACCGTTGTTGTTCTTCCTCTGCCTGTGCCTTCGCCTCTGCCCCTCGCCACGCC
CCGCTTGCCAACCCCTCGCGACCGCTCTTTGTGCTTTTTACTTCTTGCTTGTGTGTTTTGTCGCTGGTTTCGTAATTTATTCTAAAAGCGTTCCG
TTTTGGCTCTACATAGAAGTGTATACATATAAACACACGAGCCTGCATACTGATTTATACATACAGACTCATACTTGTGGCATATACATATGCTG
TGAGGGGTATTTTAATAACAGTTATACCCTCGATCGATGATATCGAAACTAATTTATCAGTTGTGTAAGATAGTTTCTTTTGATTTTAGATACCG
CTGCTCAAAAACCTATAGAGATTTTACAAGATTCAATATTTGTAATATCCTAAAAGATTTATGTTACTATTATGCTTAATTAGATATGCTTTATT
AAATTTTTAATGTCGACACTCATTTATAATACGAAAAATATATAAGAAGTGTTTGAAAGGTGAAGATAGCGTATCTGCAATTCGGTGTAGTTGCA
AATTTGGTTTACTTTGTTTTCATTTGGTTTTTTGTTTTGTTTTGTGAGCTTTGAATTATTCAAAATAACACTTTTGGTCTATTTGTCCGCGTTGC
TGTTGTTGTAGCACGCCTCAGCGCTTTTGAAGTGGGTGCAACACAACACACAAAGCAACAAAAGCAACAATAGCGGCTATAGCCGACGATCTGCC
AACCGCAAAAACAAAAACTAACAAGTCGTTGCCGTATTGGACAATTCAATTTTGCATTACAATAAATACAGCACTCGAGTTACAAACGTGCGGTG
AAGGTACTTTTGTGCAAGCACCGCGATAACCGATTTTCTAAAATATTAATGAGTCAATCTTCAATATATGTATGTATATTCAAAATGAAAAGATT
TCATTACATATATACATATATTTAAGCACTCAGGACTGCTTTAAGTTCGGAACATACATATGCAACTGGTAAAATCTAAGAAATAAAAATGATCC
TCCCGAGACCACGTCCACCCACTGGCTGTCAAACCTCGGGCCAGCAACTCCAGTGGCTGTCAAAATCTGACGAGTGGCGTGGTCGAAAGTGGGGA
TAAAACGGGGACAGAGCGAAAGAAAGGGGGGATACTGAGATTTAACCTTGAAAAGTGTGGACAAGACAAGCGGCGATGACGCAGATATTCAGTTG
TTTTTATTTTGTTAAATGGATAAGGTAGCACCAGGAACGAAAGATGGAAAAATTCGGCAAAACTTAATAATAACAACAATTACAGACATAAAAAG
TGAGGGGGAGAGGTTCCCGAAAAAAAAAACTTCGTATACAGCGCGGTCCACCAAAGTATTATTTGCCTGCAAATGTCAACTACTCAAGAACCAGT
TTACCTTCTTAATAAATACACTTATGATCCGTATTTATGCACATAATTTTAATATAAATATAATAAAAAGCAAATATTAACCATTCGATTATGAA
CTTTAATAAATTCATAATTCATAATCGAAATTTTAAATGCCAAGATAGCTACTACAAATAAACAACGTGATTATTTCCTTATATGCTATTTGTTA
GTGGCAAAAAAATGTATTTAAAATAAATAATTGCCGTGCTAACTTTTCATTCCAATCGCTTTACCAAAAACATTATTATTTGATTTATTCGCAAA
AAAAATTATTTTTTGCTGGTCTTGAGTTGATAAATTCAAGTTTGGGAATTTACCACTTGTTTATATCTTTCGACTAAGTTATGAAGAAACAAAAT
GAAAAACAACTACAATAACAATCAAGAAAATATGGGAAAGTTTTTCAAGAAATCCCCATTTTACAACAAAAGACCAGATATTAATTTGTGTATTT
AAGTAATGACTAATGACGACATCGGTGATCTATAAATTATACATACATATGTATACATACAGATACATACATACATATATAATCAGATAAAAATT
AAAAAATACATACATATGCATATATATAAATAAATATGAATGCTTGTAAGTACTACCTGTTATTTTTTAATAATTAAATAATTGGTATAACAAAAT
ATTTCCAGGTGCATTTGTATAATTATTTTCTTGGTAGGGACACCCTTAAATTCTTTTACAAGAAGGACATAAATTTGCGACTTTATTAACCATTA
ACACACAACTTCCGAATTCCAGAACTGGAATATTCCACTTCGCTTAACCCCTGAATGCCAACCCCTTTGCAACTTTGTGACGTTTTTGGGAAAGC
GAAACCGAACTGAAAATTTACTAAACGAAATTATGCAAATTACTTGCAACTGAGGGTGTGACAAATGAAAAGCAAGAGCGAATAAATCATAAAAA
AACGCGAATAAAAACGGGAAAAAGAAGGCGAGTGAAACAGAAGCTGACGCAGGAAACTAAAAATACCGGCGATCAGGTTGGCAAAGAGAATACCG
AACCAGAACAGGGTGCTCCTGCTTGAAAAGGAGGAGCGAATGATAAACAGGTGCGGAACAGGAGGAGAGTGATAATGGTGGAAGAGGGGGGGAGG
GGAACGCGAAGGAGCGGGCAGACCAAAAATAAACCAGAAAATGTGAGGATTCCTCACGAGTTTCCTATGAGCAAATGGATGACCCTATTTCTTCT
TGCCCTTCCATATTCCCTACATCACTCAGTAGACCTTCTCCTTCCAATTCACGATTCCAGGCCTACATATGCACACACATATGTATGTATAGGCC
TATGTTTGTTTTGTGTGTGTGAGAATAGGCGGCACAGGCAGAAACGGCAAAAAAAATAAAGCCGGCACACAAAACATAAAGAACGATAATAAAAA
CACATAAACACACACTGACAGCGCAACAACGCAAATACAGTGAATTTCGCTTAACAATTACTTTGATTAATGCAACTAAATAGAGTGTACTGTTA
GGTTACACCAGCTCAATTAAGGGGAATAGCATATTAAGCGAAAAACTTTTAATACTTTTAAGCTATAATATATGCTTTTCATTGTGTTTGCATTT
TTTGTTAATAACAATGTATTAGCGGATTATTAATGCATTGCTTGAGCGAACATTGTGTTCTATTCCCCTGTGGTCCTTTTAATCGTATCTTCACT
GTGTGCCCGCAAAGAGAGCGAAAGAGCGCGAACTAGTGTCCCAGCATAGGCCTTTAGCCCATTGTTGTTGCCTTTTATGCTGCGCCGTTGTTGCC
TTTGCCTACTCCCCAATCAATACATATTCCGTCCTGCTCTGGCACGCTGGGCGATAATCGGTTGACGAACTATATAACGGCTATAGTTGAATACC
GAGAGAGACTTACGTGCTTAAAGAACTCCATGATATGGCTGTAGAAGACGAAGTCCAGAGGATACTTCTGCTGGAACACCTGCGACAGGAGGATC
GCGGTGGGTACCTCGCCGCTGGCGACCTCTGCACCGCCCACGCGGCCCCCTGCGCCGCTGCTGCTGTTGCTGCGCTGCAATTTCGAAGTCGAAGC
AACGAAATTCGAGCATTTGCACGAGATCAACATGATTTTGTTATTGCCGGTTAGCTGATAACGGTAATTGATGCGTTGCTCTCTTTCTCTCTCTC
TCTTTCTATATTTCTTCTCACTTCACTAGCAAAACACTTCGATGTTCTTCTTCCTCTTCCTAATTTATATCTTGCAGCGCTTGATAATAACTAAC
AACGAGTCCTTTAAATCACTTTCCCGCTCAATGTTGTTCGATACTTCGAGTGCAATTCAAGAACCCCTCGAGTCAGAAGTCGACGGGCATTTGCG
GGTATTCCGAGATTTTACGAGTTTTCTTCTGGTGACCGAAAACAATCGAACATAGCATACACCCACAACCGTTCAATTTTTTTGTCGACTGTCTC
CGATATCAGGAGGTTGTTTGCCTGAAGCAATCGGTTATCGCAATTCAGTATGACCGAGGTGGAAATAGCCGGTCATTTTGGGAATTCCCTAAAAT
ATCTTCGCTGAAACAGTTCTTGGTAACACCAGATGAAAGTGATCTGGCAACTCTGAAAGTTACCAATGTTAACAGAGCGTGCGGCTAACAGTGAA
TAATATTATATCTAGGTGTTTAATTGCTGACATTAAATGTTATGTTCCAGGGATTATTATAAATAAGAATGTTTATTTAGCTTGCGCAAGAATTC
CATATCCTGTTTCATTAACAAACTTTCAGTATCGTCATGGGATAACCGTGAAAAAATCATATTTATACATGTGGGGAGTTGCCATCCAGGTTTGT
TAACTTGATTTTTTGAATCCAATAGTTAAAAGTCATATTGAAAAGTCTAGACTTCAACCATGTCAAATATATTATGCATCTGTCAAATGTCAAAT
ACGTAAGTAATATGTATATGCATAAAATATTTTTGTTAATTGCTTCTACATGTTATTCATATCAAGAGGGAATCCTTAACTTTATTCAAAGCTGA
AAATTTGCACAAAAAGATGGCTGCAAAATTGAAAAGTCTACACATTTTTCTTGTTTGCCAGAATTTTGATGAAAAGGAGCAAAAGGAATTCAAAT
AGCTGCTTATGAAATCTTTTCATGTTGTTATTATTAATTATTATTGTAAGATCGAAAAGATAATGTTTTTATTTTTGAATTCTTATTTGAAAGTA
ATATTATTTTTTTGTAAATTTTTATTATTTATTTTTATTTATAAATATAAGGATTAATTTAACAGATTAGTTTAAAAAGTGGAAATTTCAACCTG
GGAAAACCCCTCCTTCGCAAAATTCAGCACCACGAATCCGAGGAAGACTCTTAGAAGAGAAGCCGCAACGAGAAGAGACCACTCGAAGATGATAC
GGATAGAAGGACATAGCGAGATTCTTCTAGTATACCCTTTTAATTTACGGGCATAAAAATGAGTCTGGTGTGAATTTACGC
(SEQ ID NO: 1111)

Exon: 16561..15974
Exon: 2612..1424
Exon: 1357..1185
Exon: 1117..1001
Start ATG: 16183 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT28455

FIGURE SHEET 601

ATTGCTTCAGGCAAACAACCTCCTGATATCGGAGACAGTCGACAAAAAAATTGAACGGTTGTGGGTGTATGCTATGTTCGATTGTTTTCGGTCAC
CAGAAGAAAACTCGTAAAATCTCGGAATACCCGCAAATGCCCGTCGACTTCTGACTCGAGGGGTTCTTGAATTGCACTCGAAGTATCGAACAACA
TTGAGCGGGAAAGTGATTTAAAGGACTCGTTGTTAGTTATTATCAAGCGCTGCAAGATATAAATTAGGAAGAGGAAGAAGAACATCGAAGTGTTT
TGCTAGTGAAGTGAGAAGAAATATAGAAAGAGAGAGAGAGAAAGAGAGCAACGCATCAATTACCGTTATCAGCTAACCGGCAATAACAAAATCAT
GTTGATCTCGTGCAAATGCTCGAATTTCGTTGCTTCGACTTCGAAATTGCAGCGCAGCAACAGCAGCAGCGGCGCAGGGGGCCGCGTGGGCGGTG
CAGAGGTCGCCAGCGGCGAGGTACCCACCGCGATCCTCCTGTCGCAGGTGTTCCAGCAGAAGTATCCTCTGGACTTCGTCTTCTACAGCCATATC
ATGGAGTTCTTTAAGCACGCCTATGGTCCCATTCCAGACCTCACCGTGGCTGTGATTAATCAGCGGGAGCTGTTGTATGGTCTCACCCTGGAAGC
CGCTGGCCAGAGTTGGCAGCTGAGCCTGTGCATCAACTGCAAGGAGGTGCTATGCGCCAAGCGATTGACGGCGGGCGCCGGGGCCACGCCCACTC
TCTACCTCATCAACTGCACGCTGTTGACCAGCAGCGAGGAGCTGGCTCAACGGAAGTCCAACAAAGCCTTCTCGGAGACCTTCGAGCTGCTGATC
ATGGATCACACAGGCAGTGACTCTGGATCCACTCGACCCACCAGTGGACTATCCAACTCCGCATCGAGTCTAAGCATCGGATCCCTGTCTTCGAA
TCCCACTGATGCCAGGGTGCAGAGATTGAGAATGATACAAGCGCACCAGCAGGCGCGATTGCAGGAGGAGATTGTGGAGACAAATGAGAGAATCG
AGCGGTATACGCGCACTCAGTTCCAGTTACTAAACAGTTTCCGGGAGAAATCGGATCAGGACTGCGCGTTGCTATTCAAAGTTATTCGTGCGTTG
CCCGAGCAGGCCTCGGAGCTACTCGATCGTGCCATGCTCCCTGCCCTTGATGTGGCGGCCAATCAGCCGCAGAGTGCGACTGCCCGGCGCAGGAA
CACCATCAGCAGCCGGCGGGAGTTGAATGGTGGACCCACCACACCCACTACTACGTTGACACATCCGCCCAACTTCCTATCGCTGAACCAGCAGC
CGCAGCAACAGTTGCTGGCGCAGCAACAGCAGCAACAGTTGCAGGCGCAACAGCAGCAGCAGGCCCCGCAGAGTGTCTCGATGGCCAGG
AAGATGTCGCACTTTGACACACCGCCCGCCACCCCAGAAGCCACGCCCATGAGCGTGGGCAACAGCCCCACCTTCCGGCAGCAATCAGCAGCCGG
CGGTGCTGGTGGTCCACCCACCCAGACGTTGACCCCAAATGGAGTGGGTCAGTCCAGTGTTAACGAAGATGCAGATGACTGCCTGTTCGATCTGG
AGGATGTGGATGCTCCGGTTCCGGTTCAGTCCGTGCCTGTGCCTAGCTACACGCGTAGCCTGATCTACCAGCAGCAGCCTCAGCACAATCCCTTC
CAGCAGCTGAGCCAACAAAATGGCCTACGAAGTGTCCTAGATGACGAAGCTGCGGATGAAGCTGAAGATGCTCTGGACCCGGATAGCTCCATTTC
CATACCAGTGCGAGGCGGAGGGCGTCCTAGCCATGCGCAGTTGATGAACTTCGCCCGGAGTCTGCCCATCGAGATAGCAAACACCACGCTGGCCG
AGAGAGCTGCTGTGGCCAACAACAATAACTTCGGGCAGGGCTGCGAGGAGGGAATGGACAACATCGACATAGCGGCAAGCATCCAAGCGCTGACC
AGAAGTGTCCATGGCGAGGCTGTTTTTGGGGACTTGCCACGGCCCCGCCTGCGATCTCAGATCGAGGGCTAG
(SEQ ID NO: 1112)

Start ATG: 379 (Reverse strand: CAT)

MLISCKCSNFVASTSKLQRSNSSSGAGGRVGGAEVASGEVPTAILLSQVFQQKYPLDFVFYSHIMEFFKHAYGPIPDLTVAVINQRELLYGLTLE
AAGQSWQLSLCINCKEVLCAKRLTAGAGATPTLYLINCTLLTSSEELAQRKSNKAFSETFELLIMDHTGSDSGSTRPTSGLSNSASSLSIGSLSS
NPTDARVQRLRMIQAHQQARLQEEIVETNERIERYTRTQFQLLNSFREKSDQDCALLFKVIRALPEQASELLDRAMLPALDVAANQPQSATARRR
NTISSRRELNGGPTTPTTTLTHPPNFLSLNQQPQQQLLAQQQQQQLQAQQQQQQQAPQSVSMARKMSHFDTPPATPEATPMSVGNSPTFRQQSAA
GGAGGPPTQTLTPNGVGQSSVNEDADDCLFDLEDVDAPVPVQSVPVPSYTRSLIYQQQPQHNPFQQLSQQNGLRSVLDDEAADEAEDALDPDSSI
SIPVRGGGRPSHAQLMNFARSLPIEIANTTLAERAAVANNNNFGQGCEEGMDNIDIAASIQALTRSVHGEAVFGDLPRPRLRSQIEG*
(SEQ ID NO: 1113)

Celera Sequence No. : 142000013384483
TCCACCAACCACCAACCACCACCCACCAGGAATGTTATGTACTGGTGCTACTCCCAGTCGTATTTCATAATTTTGGACAAGTCACTGGGCCA
TAATTGACCCGCCGCTGATCGATAAGCTCGAGTGACACATTGCGCATTCGAACTGTGGGCCAAATGGCACGGAATTGATGATATGTGGGCGGGCG
TTCATTGTGGTCGCTTTTCATGTGTCGCAATCTCTATTAAGGGAACTACATTATGCGGCCAACGAAAATCGAACAAATCATAATGAAAATGTGTG
GCCAACGGGTGGAAGAATGTAATGATGCCGAAGGGAAATGTTCGTTAGGCAATGTTCAAACATATGCATAGATGGGTTATATTCCAACGTTTTCA
AATCTTACAAACTATTTTCTAAAGTTTACTCCATTTCTTTTTCTAGTAAAATTTCTAATTCTGTAGCACTTAGCGCGTTCATTAACCTTGGGCAA
CTCAATGAAGATCTTATTGAAGATTGGAATGCATCGCTGGGATTCCGCCTAAAGGTACAGTGCAGCTTCTTTAAAAAGAACACTGTAAGTTTAAT
GCTAGAACTTAACAAAAACATGTGTTTCTTACAAATTTCTTTCATTTTATATTAAAACACGATTTTCAAGATTTTTAAAGATTTTCCAGAGAAGT
AAAACAAAATGTAAAGAACTCGTTTTTGGGACCAGTTGGTGTGTTTGTTAGTTGTTCGATTTCTATTTAGAGTTCCAGCGGCACAAACAGCTGTA
CATAGGAAAGCACAACAACTCTTACATATGCGAATGGGAAAGCGAATATGGTGGAAGGCGAAACAACAATAATACTAAAGCCAAAAGGTGAGAGC
GGAAAAAATAGAGAGAGCAGCGCCGCATTCGTGTTGTATTTGGTTTTTTATGACCGCCGCCGCCGACGACGACTAATTTTGTCGATGATAGCCGT
TCGTTTCGAGTCAAAGTTTCAGTCAATTTTTAGTCGTCAAAGCAGGCGGACGTCCAAGCAAAAAAAATTCAGAATCAAAAATATTGACAGTGACT
TGAGAGGATTACGTACTTAACTTAGCAACTCGCACCTCGCAAAAAGAAAAGAAAACACATTGCAAAAATGTCAGCACGCCGCGTCACATTGAACA
CACGCGTTTCGCGCGCCTCCACCTCCACGCCGGTGGGCGGGGCATCCACCTCGTCAAGGGTGGGCGCCACCTCACCCACCTCGCCCACGCGCACC
AGCCGGCAGCAGGAGAAGGAGGAACTGCAGCATTTGAACGATCGCCTGGCCTGCTACATCGATCGCATGCGCAACCTGGAGAACGAGAACAGCCG
GCTCACCCAGGAACTGAATCTCGCCCAGGATACCGTCAACAGGGAGACCTCTAATCTGAAGGCGGTCTATGAGAAGGAGCTGGCCGCCGCTCGCA
AGCTGCTCGATGAGACCGCCAAAGAGAAGGCCAAGCTTGAGATCGATATCAAGCGTCTGTGGGAGGAGAACGACGACTTGAAGCCCAGGTAAAGC
TCCAAGACGGCGGGTTCAGGTTTGGGCTCGGAATTGGTAACAGCGTATTATCAGCCAGTGATGTCATATGTACATATGTACCCATGCCGGGCCAC
TGGAGCGCGAGACACAGGCAGAAAATGGGGGCAACTTTGGGAGCCTTGTCAAGAAAATGTGGAATCAATAATGCACAGCACGAAAAGCAGCGAAA
TTTCTTCGATTTGTAAAGTAAAAGTACAGTCAGTCGAGATTTCTAGAAATGCACTACTTTTTATCAAATTGTTTTTTTTTTTTTACTTTTTTGTT
GTATTTTGTATTGAAATAAGCGAATTTTATATTTATTTCTTAGGTACAGTTGACCTAGAAGTTCAATTCCAGCTATGTAGTTATGTAGCGAAAAC
AATAACAAATTGTTTTATTTATAAAGGCAATATATTTAATTTTCATATTTCATGCTATTCGTAAGAAGAAAAGAGTTTTAGTAAGATACAAACTT
CAGTTTCCATGGTTGTTTTTTTTTTTATATGTAGGGAGTGACAGAGACAGACAGAGAACGGGGCAGACTGAGAGCGAGCGAGGCCGATGATGTCAT
GCCAAAAGCACATTTTGAAAGCCAAGCACATGGGAAACTCTCTCGACTCTTTCGCTGTTGTTTATTTTTTGCATTTACACTTCCAGAATTCTCTA
GGCATTTTTATGCAAATGTTTAGTTCTCAGCTAATGTGTGAGTAGTAAACCAAAAGAAACCCAATGAAAATCAAAAAGGAAGAATCGAAATACCG
CCGTAAATCTCAATGAAGGTTACAAGACTATGATGTCATATGGCACTCAGTTACAGATCCATTTGTAATACCAGTTTCTGGTGGGAAGTCAACAA
AAGTTGGGTTGCTTAGCTTTTCCACTTGCGAGATTTCCGTTTCGCGTCGTTTGCGTTATCATATTTATTTTTGGTATTTACTGCGCGATGAGGCC
CAAAGCTTTTTCAATTCATAATAGCCACAATTTGTTGTTTGTGCGTTTTGCAATGCGTTAACGAAGTTAAGAGTTTGGCTAAAAGGCGGGTGCCT
AAATGTTGGGTAAACTTGATTTTTCGGCTACTTAAGGTGTGGCTTATACGTTGAGCAACGGACCGGAATAACCAAGGAAATTGTTTATGATGATT
ACGATTAGATACGATAAGATTGCAGCAGAATTATGGAACTTGTGATAAAAGATTTATCTTTTGTTGAGTGTCCATATTGCTTAAATTATTTTCAT
TTGTGAATGCTGGCTGTGCTTAATTATTTTAAATTTTTTTTTTGAAGAATTTAGAAAGCCAAATATATTTTCATATTTATTCTTTGGTGACAATAG
CATACATATGTACAAGCGAATTAGGTCAGCGGAAGGAATTGGGGAGGAAAAATGGAACTTTAACACGCTCACACAAAACGCACAAAAAAGGGGGA
AATTTATGAAAATCTAGAACGCAAACAAAACAACCTTGAATCTATTTTGTTTTTATATTTCCCCATTTTTACACAACTTTTCTTGATTAGCTACG
AAAACTGTTTACATTTTCTCGTTGCAACAGCAAAAACCGAAAGAAAATCGATAAAACAGAATAGAAGATTTTCAATCCATGAAAATAAACTTTCA
AAAATGGTCAACACAATCGCCGTAAAAGGCGCCAAACTATATATATAATTTTAATTACGTTTTCATTGAACGCATGACATGCAAAGTCAATTATT

Celera Confidential - Do Not Distribute

TCATAGTTGAAATTATTGGATTTGTTATAGAGAATAATTTAAAACGTGCCGACCACGCGAGTCGCCGATTGACAACCAAAATTGATATCCGAAAA
TATGCAGGGATTATTTGTGGAATTTTCGTAGCTATTTTTTATAGCGAGTTTGTTTTTGCCTAAATAGAATTTCAAATACAAAAAATAAAAGGCGC
TCATAAATCACAGGGGGTGGTGGGGTTTCGCAGGGGGGACGGGGTGAACTGGTCAGAAATAGCCGGGCTACTTTATGCTAATGGCATGTGACGAC
TTCTCCCAAGGCAAACAAAAACCTCGAAATGTTTGAGTATTTGATTCTTCTATGGAGGAGGATCGATGAACGAGTTTCCAAGCGACTATAGCATT
TAAATAAATGAAATGAATAATACATAAGCGATATAAAGAGAGCGGTTTAGCTTTCGCAAACAAATGTGAGTCGCAATGTGACTCAGTTATAATTA
TATAGATAAGTGACGTCATTCAATGAGCACATGTAGATAAAAGCAAAAAAAACAATTGCTCCTATGAACCGCCTAAATTTCGATAAGGGATTACT
CAGGCAAATAGGCTGATTAATTATTAAATTAAAAAGTTCTTTGTTATAAAAGATTATTAATTTTTAAACCAAATCCATTTTAAATTTAAGACTCG
ACAAAAAGACGAAGGAGGCTACCGTGGCAGAGAACAATGCCCGCCTGTATGAGAACCGCTACAACGAGGTGAATGGCAAGTACAACCAATCGTTG
GCCGATCGCAAGAAGTTCGAGGATCAGGCCAAGGAGCTCGCTCTGGAGAACGAACGCCTGCGCCGCCAACTGGATGATCTTCGCAAGCAGCTGGA
GGCGGAGACGCTGGCCCGCGTCGATCTGGAGAACCAGAACCAGAGCCTGCGCGAGGAGCTGGCCTTCAAGGATCAGGTGCACACCCAGGAGCTCA
CCGAGACCCGATCCCGTCGCCAGATCGAGATCAGCGAGATCGATGGCCGACTGTCGCGTCAATACGAGGCCAAGCTGCAGCAATCGCTCCAGGAA
CTGCGTGATCAGTACGAGGGTCAAATGCGCATCAATCGCGAGGAGATCGAGCTGCTGTACGACAATGAGATCCAGAACCTCAAGGCTGCTGCCAA
TAGGGCTGCCCAGGGATCCGCTCTTGCCACCGAGGAAGTCCGTCTCATGCGCACCAAGATCGATGGCTTGAACGCCAAGCTACAGAATCTGGAGG
ACACCAATGCTGGCTTGAATGTGAGTACTGCAATTGCCAAACTAAATTCCCCGTGTGATTTTAATGTTGACATTTTCTCATTTACCATAGGCTCG
CATTCGGGAGCTGGAGAACCTCTTGGACACGGAGCGCCAGCGCCACAACCAGTACATCGCCTCCTTGGAAGCCGAACTACAGCGTATGCGCGACG
AGATGGCTCACCAGCTGCAGGAGTACCAGGGTCTGATGGACATCAAGGTGTCGTTGGATCTCGAAATTGCCGCTTACGACAAACTGCTGTGCGGT
GAGGAGCGTCGCCTGAACATCGAGTCGCCCGGACGCCCGACTACCGACTCCGGTATCTCCAGCAATGGCAGCCACTTGACCGCCAGTGCCAGTTC
CCGATCCGGCAGGGTCACGCCCAGTGGCCGTCGCTCGGCTACACCTGGCATCTCTGGATCCAGCGCCGTGAAGCGTCGCCGCACCGTGATCGATG
AGAGCGAGGATCGCACTCTGTCCGAGTACTCGGTGAATGCCGCCGCCAAGGGAGATCTGGAGATCATCGAGGCGGACGTTGAGGGACGCTTCATC
AAGCTGCACAACAAGGGAACCGAGGAGATCAATCTGACTGGCTGGCAGCTAACCCGCATTGCCGGCGACGAGGAACTGGCCTTCAAGTTCTCGCG
CGGATCGAAGGTACTCGGCGGTGCTAGTGTAACCATTTGGTCCGTCGATGCTGGTACCGCACATGATCCACCCAACAATCTGGTGATGAAGAAGA
AGTGGCCGGTGGCCAACTCGATGCGATCGGTGCTGGCCAATGCCGACAAAGAGGTGAGAGTCTTGTCCATATACAACACATGCGGCACTTGCGAC
ATCTGCCGCCACTGCAGACACCTCGAATTCGTGCTCGACCAGTACGATATGCCATAGACCTTTGCATATTTCGACTATAATTTACGTTATATCTT
TTGCCTTTCAGGATGTTGCCAGCTACGACCGTGTCCGTGCTAACGTTTCCAGCCACACCTCGCGGCATCGCAGCAGTGGCACGCCCAGTACGGGC
TTTACCCTCGGTTCCGGAGCTGGCTCCACTGGCGTGAGGAGCCTCTTCTCCCTGCTCTTCTAGGCGGGAGCTTCAACTTCGAATCGGACTGGCTT
GGCTTGGATCCTGAGGCCCAGCCAAACAAAACCCAACTCACCGCAGAGACTCACAGACTCCGAGCTGCACATTCAAACCACACACAGATCTGTTC
TGCATATCAAGCTTATTGTGAAACTATGTACAACAATCAAAACTTGTTCAACTCTTAATGTTAAATGTTTAAGTGACCTTAGTACATGTCTTTGA
CTCTATGCGTCTCCTATGTTTAAGTAAGTTTTTTCACGCTCTACACCCTACTCTCACTCTCTCTCTCTGTAATTTATGACGAGAACATGCATTTT
GGTAAAAATACAAAAATAAACAAACAAATAAATGTTACAAGAAAGTTGGCTGGAAAATCAATTAATGAGATTTAGCCGTGCGGTCGCCTGCGTTG
ATATCTTTTTTGCGAGGAAGCCAAATCGGCTTAGGCCAGTGGAAAACTTCTTGAGATGCTGTCGCGGCATTTTGCACTATCTGGGATCCAGGACC
ATGGGCCAGGCCATAATGGACAGGTAAGTGGGGGAAATTAACTACAAGAAGTCAGGTGGACAGGTGCAGCTGGGAGCAAAACTGTGGGCTAAAAC
CGAACGAGGTCAACGAAAAAGTTTCGCAACTTTACAACTTGAAAATAAATTAGGTTGGATCACTGGGAAAGGTCGAGCAAACCGAAGCAAAAGTT
TTTAATGGAGCAAATATACAGCTTCAGGGCAGTTGTAGAAATATACTATTTAACAATTCTAGGGCTGCCATTCAAACTAATAAACGACTCGTTTC
GGATACAAAAATAATGCTTAGAAATACATATGTGCAATAAAAGCCAGTTGTACTAGTTCGTTTCTTTCTAATCTCCAACTAGAATACAGGAAAAA
CCTAGGCGTCCCACTGTTTAATCTGCATCCTTTGGCTTACTCCAAAGGAATTAGCATTGCCAGGACGAAGAAGAAGATCCCTTCACTTGGCGCCG
CCTTAGCCAAATTGCGTTATCTATTGCCCAGGCATTTCTCGCAGTGCATGAGCAGCCACTAAGGCAACTTAGCGGCGCTTGAGTGAGTGCACGAT
TCAATGGAATGAATGCGAGAGAAAGGCGGCGGAGAAAGGTGAAAGCGGCTGAGACGGCTGCGAAGACTGAGAGGGCTCAGAAGACTGAGGGGGCG
GGCAGACAGTTGACTTCAAAGTAGTTTTCCTTGGCAAAGTTTTTTTCCTCCTTGGCGCACGTTTGCATGCGCATAATAGGATTAGTCAAAGTAAT
AAGTTGTTTTTCTTCCTCCACTTTTAGCTGCTGATGCTACCTAGATTCCTGCTGCTCACAG
(SEQ ID NO: 1114)

Exon: 1001..1513
Exon: 3891..4485
Exon: 4556..5278
Exon: 5427..5901
Start ATG: 1113

Transcript No. : CT28479
CGTCCAAGCAAAAAAAATTCAGAATCAAAAATATTGACAGTGACTTGAGAGGATTACGTACTTAACTTAGCAACTCGCACCTCGCAAAAAGAAAA
GAAAACACATTGCAAAAATGTCAGCACGCCGCGTCACATTGAACACACGCGTTTCGCGCGCCTCCACCTCCACGCCGGTGGGCGGGGCATCCACC
TCGTCAAGGGTGGGCGCCACCTCACCCACCTCGCCCACGCGCACCAGCCGGCAGCAGGAGAAGGAGGAACTGCAGCATTTGAACGATCGCCTGGC
CTGCTACATCGATCGCATGCGCAACCTGGAGAACGAGAACAGCCGGCTCACCCAGGAACTGAATCTCGCCCAGGATACCGTCAACAGGGAGACCT
CTAATCTGAAGGCGGTCTATGAGAAGGAGCTGGCCGCCGCTCGCAAGCTGCTCGATGAGACCGCCAAAGAGAAGGCCAAGCTTGAGATCGATATC
AAGCGTCTGTGGGAGGAGAACGACGACTTGAAGCCCAGACTCGACAAAAAGACGAAGGAGGCTACCGTGGCAGAGAACAATGCCCGCCTGTATGA
GAACCGCTACAACGAGGTGAATGGCAAGTACAACCAATCGTTGGCCGATCGCAAGAAGTTCGAGGATCAGGCCAAGGAGCTCGCTCTGGAGAACG
AACGCCTGCGCCGCCAACTGGATGATCTTCGCAAGCAGCTGGAGGCGGAGACGCTGGCCCGCGTCGATCTGGAGAACCAGAACCAGAGCCTGCGC
GAGGAGCTGGCCTTCAAGGATCAGGTGCACACCCAGGAGCTCACCGAGACCCGATCCCGTCGCCAGATCGAGATCAGCGAGATCGATGGCCGACT
GTCGCGTCAATACGAGGCCAAGCTGCAGCAATCGCTCCAGGAACTGCGTGATCAGTACGAGGGTCAAATGCGCATCAATCGCGAGGAGATCGAGC
TGCTGTACGACAATGAGATCCAGAACCTCAAGGCTGCTGCCAATAGGGCTGCCCAGGGATCCGCTCTTGCCACCGAGGAAGTCCGTCTCATGCGC
ACCAAGATCGATGGCTTGAACGCCAAGCTACAGAATCTGGAGGACACCAATGCTGGCTTGAATGCTCGCATTCGGGAGCTGGAGAACCTCTTGGA
CACGGAGCGCCAGCGCCACAACCAGTACATCGCCTCCTTGGAAGCCGAACTACAGCGTATGCGCGACGAGATGGCTCACCAGCTGCAGGAGTACC
AGGGTCTGATGGACATCAAGGTGTCGTTGGATCTCGAAATTGCCGCTTACGACAAACTGCTGTGCGGTGAGGAGCGTCGCCTGAACATCGAGTCG
CCCGGACGCCCGACTACCGACTCCGGTATCTCCAGCAATGGCAGCCACTTGACCGCCAGTGCCAGTTCCCGATCCGGCAGGGTCACGCCCAGTGG
CCGTCGCTCGGCTACACCTGGCATCTCTGGATCCAGCGCCGTGAAGCGTCGCCGCACCGTGATCGATGAGAGCGAGGATCGCACTCTGTCCGAGT
ACTCGGTGAATGCCGCCGCCAAGGGAGATCTGGAGATCATCGAGGCGGACGTTGAGGGACGCTTCATCAAGCTGCACAACAAGGGAACCGAGGAG
ATCAATCTGACTGGCTGGCAGCTAACCCGCATTGCCGGCGACGAGGAACTGGCCTTCAAGTTCTCGCGCGGATCGAAGGTACTCGGCGGTGCTAG
TGTAACCATTTGGTCCGTCGATGCTGGTACCGCACATGATCCACCCAACAATCTGGTGATGAAGAAGAAGTGGCCGGTGGCCAACTCGATGCGAT
CGGTGCTGGCCAATGCCGACAAAGAGGATGTTGCCAGCTACGACCGTGTCCGTGCTAACGTTTCCAGCCACACCTCGCGGCATCGCAGCAGTGGC
ACGCCCAGTACGGGCTTTACCCTCGGTTCCGGAGCTGGCTCCACTGGCGTGAGGAGCCTCTTCTCCCTGCTCTTCTAGGCGGGAGCTTCAACTTC
GAATCGGACTGGCTTGGCTTGGATCCTGAGGCCCAGCCAAACAAAACCCAACTCACCGCAGAGACTCACAGACTCCGAGCTGCACATTCAAACCA
CACACAGATCTGTTCTGCATATCAAGCTTATTGTGAAACTATGTACAACAATCAAAACTTGTTCAACTCTTAATGTTAAATGTTTAAGTGACCTT

AGTACATGTCTTTGACTCTATGCGTCTCCTATGTTTAAGTAAGTTTTTTCACGCTCTACACCCTACTCTCACTCTCTCTCTCTGTAATTTATGAC
GAGAACATGCATTTTGGTAAAAATAC
(SEQ ID NO: 1115)

Start ATG: 113

MSARRVTLNTRVSRASTSTPVGGASTSSRVGATSPTSPTRTSRQQEKEELQHLNDRLACYIDRMRNLENENSRLTQELNLAQDTVNRETSNLKAV
YEKELAAARKLLDETAKEKAKLEIDIKRLWEENDDLKPRLDKKTKEATVAENNARLYENRYNEVNGKYNQSLADRKKFEDQAKELALENERLRRQ
LDDLRKQLEAETLARVDLENQNQSLREELAFKDQVHTQELTETRSRRQIEISEIDGRLSRQYEAKLQQSLQELRDQYEGQMRINREEIELLYDNE
IQNLKAAANRAAQGSALATEEVRLMRTKIDGLNAKLQNLEDTNAGLNARIRELENLLDTERQRHNQYIASLEAELQRMRDEMAHQLQEYQGLMDI
KVSLDLEIAAYDKLLCGEERRLNIESPGRPTTDSGISSNGSHLTASASSRSGRVTPSGRRSATPGISGSSAVKRRRTVIDESEDRTLSEYSVNAA
AKGDLEIIEADVEGRFIKLHNKGTEEINLTGWQLTRIAGDEELAFKFSRGSKVLGGASVTIWSVDAGTAHDPPNNLVMKKKWPVANSMRSVLANA
DKEDVASYDRVRANVSSHTSRHRSSGTPSTGFTLGSGAGSTGVRSLFSLLF*
(SEQ ID NO: 1116)

Name: LAMIN C
Classification: structural_protein
Gene Symbol: LamC
FlyBase ID: FBgn0010397

Celera Sequence No. : 142000013384657
CTAGTGTCCTCAATAGATCCTGCCATTTAACTGTCAAATTAAAGTCGGAGCAGTCCTTGCTCAATTTCGATATCGTCGTTTTGTCTATTATTAGC
ATTCTGGGCTGTCATGTTATCGCAACTGTTGTGCACCAATGTCAATTGCACAAGTCAAAAACTGCCTCATAGATGACTTTCGAGATACTTTGCCG
GCAATTACGTAGCTGTTTCATTGTTCCACCATTTCGAACAAGCTTCATAATATTTTCACTTTTATGGCAGGCAACATAAAAGACGACAGCTTTGG
CAATAGCAACAACATCATCATTATCAACACCATCAAAGCCCGGAAAATTTCACCTTCTGTGACTCCACCCCCCCTCCCAACGCCGTGCCTTTCGT
CTCCTTTTGTCCCCCTCAATTGTCGTAAAATCATAGGAAAAAAGAAAGGAGCCAACGGAGGCGAAAAGTGTGAGTGCGTAAATTTCTCTCTGGAC
TCGGAGTCGCTCAAGTGTCCTTCCATTCTGTGTCATAAAATTAACGCTTTATATGAACGAAAGCATAAGGCGCTCGATTTTTATCACCAAGGCCA
ACAAGATGGCCATAAACGAATCAGGAACATGGAAACGCAGAGGAAAAAAATAGGCAGCTAAGTATCTACAAATGAAAGTGTAATTACAAAAGATT
TATACTGATTTTTAAATAAACTTATAGCTAAATCTATATATAAATAAAAATGTATATTTTCCCAATTACAACCCACTTCGTACTGTTATTTTCTG
GCAGTGCATAAGCCCATAGCGAACCTTATGAGAACATAAAGAGTTAAGAGTTGAATTAGAAGCAGAAGAAACTGGGACCGAAGTACGTTGGGTAG
TAAGAGAGGTGGTCCAAAGAGTGCCTAATTATTTACGTGCAATGAAAGTTATGAATTGGGGAACAGGTCAAGTCGGCGAGGGTAAAAATACCCCC
GAACCTCCCTATGCCTTTACTGTCTGTGTGAATGGCTTCAGTCTGGTTTCGTAGCCAGCCCCTTATACACATTCTCGTGTTGTGGCTGTGAAATC
GTTTTTCCCAGGTGATCTGAAATTTTATTAGCATCCATTGTTATAAATTTGAATCAGTATAAAAGATCATTCGCCAAATACACTCAACCATGCTG
ACGACCCAGCAGACCGAATTCAAGATGATGGACAACGGCACCGAGACGCTGGCCGATTCTCCTTCGAGTTCCAGCGAGGATCTGAAAACGCTTTC
GGATATGGATATTCGCAAGCCCGTAACGGAGATTGTTGATTTGCGCCTTAAGCATCCGCTAGAGAACACTTGGACACTGTGGTACTTGGAGAATG
ATCGCAGCAAGAACTGGGAGGACATGCAGAACGAGATTACTAGCTTTGACATGGTCGAGGACTTCTGGAGTCTCTACAATCACATTAAGCAGCCA
TCTGAGATTAGAGTGGGCAGCGATTATTCTTTGTTCAAGAAGGGCATTCAGTAAGATTGGCTAGATTTATATACATGATTACCGATTTCCTATTC
ATTGCAGGCCAATGTGGGAGGATGATGCGAACAAGTTCGGCGGCCGTTGGGTCATCAATATGGGGCGTGGCTCCAAAGCGGAGCTCGACAAGCTT
TGGTTAGATGTGGTAAGTAGCTATTGGAGCTTTGTGTCCATCGCCTGTCATATCAGTTGCAACTGCACAACCTCTTTTCTGCCCACTGACAGCTA
CTCATACTGATTGGCGAGGCCTTTGAAAACACCGAGGAAGTCTGCGGCGCCGTTATCAACTTGCGCGGGAAGAGCAACAAAATTTGTGAGTATTA
CTGAAAAAAAAAAAGATGTGCATGTGCATTAAAAAAGCTGGTTACAAATATTATATTTTACTAAAAACATTACACATGTTTTGTTTACTTCGCCAA
CCTATAAATATTAAGTGGTATACACCTAGGTTGGCTCTGTTTTTTTTTTTTTAAACATAGTTTACACATTGTAGTTTTGTAGTGTACTCAGCTTAA
GTAGCCAGTGGACACCACCATGACAACTACTAACCCAGCGCCTTTACTCCGCAAGCGATTTGGACCGCCAACGGGCACAACGAGCTGGCCGTCAT
GGAGATTGGACTCAAGTTACGCGACCTGCTCGTCCTGCCGCCCCACCAACTGCAGTACCAGCTGCACAAGGACACTATGTGCAAGCAGGGATCGG
TGATCAAAGCGGTTTATTGCGTGTAAGCCGTCTCCGTTTTGGATGCCACCCACCACTCCATCCACCAACCACCCACATTTCCATGGCCGCTTATG
CCTCTGAATGCTGTTTCCAGCGCGTGTATCCGAAAAATATAAAAAAAAAAAATGTATCTTGAAACAGAACTGGTTTTATGAATTTGACCATGTTAA
AAATTGCAAAGAAAGATGTAAATACATAGTGTTGTGAATGCATATACGACGAGCCATCATTAAATTCCCCAGTTTTTAAGTCCCAAGGAGCTCTT
TTTATGCCGCTAGTTGGACCCTTTATGCTCCACAAAATGTTATGCAAACATATGCCGCACCAGAGCGCAAATAAAATGGTTTATATACACTTGCA
GTTTGTACTTTTGGCCGGGCCAGCTAGAAGTGCACAGTGACTGCAAAAGATAAACGTCCACTTGGTTCGCTTGGCTGGCCGAGCGAAAAACAAAA
GACCGAAAAGGGTCAACAATGGCCACGGCGGATTGTCCGTTTTAGCGAGTGCCACAGTACCCGGCGCTGAATCTCTGGGATCTCTGGTATCTGGA
ACTGGCGTCGAGGGCTTCCAAAATGGAGACAATTGAATTTTGATGAAAGGCCGAACGAAACGCCGTTGCCTCGCGCAGTATTAAAATTCATGCTA
TGAGCTTCGAGTTCGAGTTTGAAAAGAGACTCTTAATTTGCGTGTAAAAAATGTTATTTTAATAATTTAAAAAAAAACCTATTAAGTACGTTTTT
AAAGTATCTTTGGTATTCTAGTATCTATAACCATTATCGAATGACAAAGCTGTAGGTTCCCTCACATGCGGCTGGTAACGTTTATTCAACCCTTT
GTTCAGCCCCTGTGACGTAACGTTTTAGCCAACTCGGGTCACCAGGCCATTCAATCAACATTGAAATTCCGATGGCAGCGGCACGTGCAGTAGCA
ACTTCATTATGAGCCACTTTAAGCTGACAAAACTCATCTCCATCCGCATAGCCCGTTGACTGCATTTTATGGGCCCAGGTGGCGGCGGCTTACAT
GGGGAGCTGTTAAACCGAAACCGCATCAAAACCGCACACGTCCCACATGGCATCCAGGTGCCTTCACCTCTTGTTTGGCCCA
(SEQ ID NO: 1117)

Exon: 1001..1475
Exon: 1528..1627
Exon: 1708..1795
Exon: 2051..2312
Start ATG: 1135

Transcript No. : CT28485
GTAGCCAGCCCCTTATACACATTCTCGTGTTGTGGCTGTGAAATCGTTTTTCCCAGGTGATCTGAAATTTTATTAGCATCCATTGTTATAAATTT
GAATCAGTATAAAAGATCATTCGCCAAATACACTCAACCATGCTGACGACCCAGCAGACCGAATTCAAGATGATGGACAACGGCACCGAGACGCT
GGCCGATTCTCCTTCGAGTTCCAGCGAGGATCTGAAAACGCTTTCGGATATGGATATTCGCAAGCCCGTAACGGAGATTGTTGATTTGCGCCTTA
AGCATCCGCTAGAGAACACTTGGACACTGTGGTACTTGGAGAATGATCGCAGCAAGAACTGGGAGGACATGCAGAACGAGATTACTAGCTTTGAC
ATGGTCGAGGACTTCTGGAGTCTCTACAATCACATTAAGCAGCCATCTGAGATTAGAGTGGGCAGCGATTATTCTTTGTTCAAGAAGGGCATTCA

GCCAATGTGGGAGGATGATGCGAACAAGTTCGGCGGCCGTTGGGTCATCAATATGGGGCGTGGCTCCAAAGCGGAGCTCGACAAGCTTTGGTTAG
ATGTGCTACTCATACTGATTGGCGAGGCCTTTGAAAACACCGAGGAAGTCTGCGGCGCCGTTATCAACTTGCGCGGGAAGAGCAACAAAATTTCG
ATTTGGACCGCCAACGGGCACAACGAGCTGGCCGTCATGGAGATTGGACTCAAGTTACGCGACCTGCTCGTCCTGCCGCCCCACCAACTGCAGTA
CCAGCTGCACAAGGACACTATGTGCAAGCAGGGATCGGTGATCAAAGCGGTTTATTGCGTGTAAGCCGTCTCCGTTTTGGATGCCACCCACCACT
CCATCCACCAACCACCCACATTTCCATGGCCGCTTATGCCTCTGAATGCTGTTTCCAGCGCGTGTATCCG
(SEQ ID NO: 1118)

Start ATG: 135

MLTTQQTEFKMMDNGTETLADSPSSSSEDLKTLSDMDIRKPVTEIVDLRLKHPLENTWTLWYLENDRSKNWEDMQNEITSFDMVEDFWSLYNHIK
QPSEIRVGSDYSLFKKGIQPMWEDDANKFGGRWVINMGRGSKAELDKLWLDVLLILIGEAFENTEEVCGAVINLRGKSNKISIWTANGHNELAVM
EIGLKLRDLLVLPPHQLQYQLHKDTMCKQGSVIKAVYCV*
(SEQ ID NO: 1119)

Name: eIF4E-related
Classification: translation_factor

Celera Sequence No. : 142000013384483
ATATGTGCAATAATCACTTCTTTTACGATCGAACGCCCTTTGAACAATTCCTGGCAGGTACCAGGTAATATATTTATTATATGATGGTTACCGCA
ATTATAAAATGTCTCATTTGCCAGTTCCGATCGACTGGTGATTGTAACAGATCCTCCATTTGGCTGTCGCACTGAACTGATTTCGCACACCCTGC
GCAGCCTTAGAAAACTGCATAATCAAATCAACCGATTGCCATCCACTCCACTGTCCATATTCTGGATATATCCCTATTATTCAGCTAACCACATC
AGGCAGGAAATGCCTGAGCTTGAAATGTGTGAATACAGGATCAATTACACTAATCACCTTAGATATACGAATGTGGGCAAGCAGAGTCGGTTTTG
TGGATCACCCGTGAGGCTGTTCACCAACGTGCCACTGCGACTTCTTCAATTGCCCCCTGAAGAGGGCTATAAGTACTGCCAAAAATGCGATTGTT
ACACTGCCAAGGAGAACCTGCACTGCAACCGCTGCGGGAAGTGCCCCTCGGTGAATGGCCAAACGTACAAGCACTGCGAGTCCTGCGATGCCTGT
GTGAAACCCAACTATGTGCATTGCTCCGACTGTAGAAGGTGCACGCAGAAGGAGGGACACAACTGCTCCTTCTATCAGACCAAACAACACTGCTG
GATGTGCGGCCAGAAAGGCCATATCGAAACCAAGTGCCCAAACTTCCGCAAGAGAAAGACGAACTATACCAAAGGCTGCCTTTTGTGCGGCAAAC
GAAATCACAGGGAAAAGCGATGCTCGTACCGCTCAAAATACTTCAGGGAACAGTGTTTTATGAACGAAACAACAATTCAGTGTCTTTAAGATACA
TACAAATATATATGTACAAAGATAAATACAAATTGCATTTCTTTATATACTGAGGGGCACTTTAGACTGTATGCATTTATGCAGTTTATAAGAAC
AACACTGACAAAACCTTCACTACCATCCATAAACAACAGGGCACACATTTGTTTAATACAAAATTTATTTGTTCTTAACACTTTTCGTTGAATGT
CTTACAAGTTCTTGAATTGCAACGGCTGCGCGCGGAATTTCTGATGCACATGACCACGATAAATTGTGGAATGAATTCTCAGCCCGCCGGATGAA
CGAACGGATTGGGGGAAAACGATTAAATTTTGAAAATATGCATTACGTTTAAACAGGTTTTTAACTTAAGCTTAGGTATAATTAATTTCATGTGG
AAACACACCAATGCCTCAACAAGCGGAATGGATCTCTTCTTATCTCGCCGCAAAAGAAATGATGACGTCGACATTGTTCACGCTCGTTGAGGTGA
AAGTATTTTATTGGCTACGAAATGCATGGCTTAAGAACGATTGTATTTGCCCCAAATGTGCAGCATGAAGACGGAAGCGATGAAGAGCAGCGACA
TGACCAGCACGGGTACGGGACCACTGCAGCAAAAGTCTCATTAGCACTGGGCCTTTAATATAAATATAGCCGAGTTATTCACTTACACTTTGATA
CCGGGCGAGTCGTCCGTGTAGAAACGCCACATGCCACCAGTTCCGGCTCCGCCGGGTGCACGGCTCCGGGCCGCTGTGGTGCTGGTGGTGGTCTT
GCGCTGCTTCAGGGTGCTGCCGCCTCCGGATCCGGCGCTACGTGGCGCCGACAATTTGCTGGGGGAGCGCGATCCGCTGCCCACGGACGTTGAAC
TGGCTGGAGCGGGCTGGCAAATGTGTTTTAATTAGTTGCCGCACTCAATTGCCATCTAGTTTAACTCACCATTTTGGGCTATCTGTTCCTCTGGA
CCGACTGACCTGGAAAATATGAACGGGCGAAGTGGAATCTGAACGTGAATCTGAATCTGACGTGCTCGGCTTCGTGTCGCTTCGTCTTTTTTCGT
TCCACGTCACTTTGGTGGTGGCACCGCTGCCGATAGGTCGTGACGCTGAGGTGACAGCTATCGTGCACTTAGACAGCTGGAGATGACAGGCTAAG
GCAACTCAACTATCGGCTGCTTTGGCTCTAAAATGAACTAGTAAAAAAAAAACGAAGAAATAATATATTCAAGTTATGAATTTAATAGATAACAA
TAATAGATAAAATATTAATTCTACAAAATGAATTGTTTAAATCAATTTGAATGAATCCTATTAATATAATTGGCTATTATTAAAACTCCGATAAT
AAATGCTATTATTCTTGATTTCCCTTGATTTAATTATATAATACATACTTAATAACTATATAATTATATAGAATAAAAACTTAATCACGCATTTA
ATAGATCATATAGATATAGAATATATAGAAAATCAATGAAATCGATTTTGATAGCGATAATGTGCAACCTTGCATGTAAGTTATTTTTAGATTTT
AGCTGGGCAAGCGCAATTTTCTTGGCGCGCACCAAACAATTTGTAAATAATATTTTTGCTTAACTGGTATTGGTTCGACTGCGAATCACTAAAAA
TTATTAAGTGACTTAAGCACCGTGTTTTAAACATTGTTAATCGGAACGGCCACACCGAAGCGCGGGCTCACTAAACGCTTTTGTCATTTTTGCAC
ATCTGTACAACGTTCACGTTAATTGCAGCGGCATCATCTTTGCTGGATTTCAAAGGAATATTTTGCGGTGAAAAGAACGAAAAAGTGCTTGCATT
TGTGCGCTAATGGGTATATGAGGTCCTTCTGCTAAAGGAATGCCAAGTCATACAAACTTTTCGCGATTCGCCTTAATGGAAATAGATAAGACGCG
GCGCAGTTGAAAGATTGCAAATTGATCCACCGATCGACCGACGCACATGAAAAGTGAAGTATGGAGGACATTGAATATTTAGACGAGTACAAAGA
CTTGGTGCTGCCAGGTGCGTGATTTCAGCTTCCAATGCTATAAATACTT
(SEQ ID NO: 1120)

Exon: 1899..1780
Exon: 1723..1512
Exon: 1448..1001
Start ATG: 1782 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT28511
CGAAAAAAGACGAAGCGACACGAAGCCGAGCACGTCAGATTCAGATTCACGTTCAGATTCCACTTCGCCCGTTCATATTTTCCAGGTCAGTCGGT
CCAGAGGAACAGATAGCCCAAAATGCCCGCTCCAGCCAGTTCAACGTCCGTGGGCAGCGGATCGCGCTCCCCCAGCAAATTGTCGGCGCCACGTA
GCGCCGGATCCGGAGGCGGCAGCACCCTGAAGCAGCGCAAGACCACCACCAGCACCACAGCGGCCCGGAGCCGTGCACCCGGCGGAGCCGGAACT
GGTGGCATGTGGCGTTTCTACACGGACGACTCGCCCGGTATCAAAGTTGGTCCCGTACCCGTGCTGGTCATGTCGCTGCTCTTCATCGCTTCCGT
CTTCATGCTGCACATTTGGGGCAAATACAATCGTTCTTAAGCCATGCATTTCGTAGCCAATAAAATACTTTCACCTCAACGAGCGTGAACAATGT
CGACGTCATCATTTCTTTTGCGGCGAGATAAGAAGAGATCCATTCCGCTTGTTGAGGCATTGGTGTGTTTCCACATGAAATTAATTATACCTAAG
CTTAAGTTAAAAACCTGTTTTAAACGTAATGCATATTTTCAAAATTTAATCGTTTTCCCCCAATCCGTTCGTTCATCCGGCGGGCTGAGAATTCAT
TCCACAATTTATCGTGGTCATGTGCATCAGAAATTCCGCGCGCAGCCGTTGCAATTCAAGAACTTGTAAGACATTCAACGAAAAGTGTTAAGAAC
AAATAAATTTTGTATTAAAC
(SEQ ID NO: 1121)

Start ATG: 118 (Reverse strand: CAT)

MPAPASSTSVGSGSRSPSKLSAPRSAGSGGGSTLKQRKTTTSTTAARSRAPGGAGTGGMWRFYTDDSPGIKVGPVPVLVMSLLFIASVFMLHIWG
KYNRS*
(SEQ ID NO: 1122)

Name: sec61 beta-like
Classification: transporter

Celera Sequence No. : 142000013384134
TGCCACTTTTTGATAGATCCTTCAATTATTCGCACTTGCTTCAGATAAAAGTTAAATATTGTCCGCAGATTGTAACCGCTTGAGCGCCCAAGCGC
GACTGACTTCCCATCTTCCATGAGCATCCATTTAAATTTGCTGCGTACATATATCGCACCGTTCGGGTTCAAATTCTAATTGACCTTTCTCTTGG
GGTAGGTTCGAAGAGACTTGATTGATCAAGGAAAGAGTGTCAGTGGGAAATGTCGTCAAATACTCCGCACTGTCTCTTATATAAACAAAAAAGAT
AGATTGAAGTCTGCTTTGCTAAGTGATGGATTTTATTTCAAGGTATAACTATAAGAAGTGATTTCTTCATCTGTACAAAGGACACATTTGCATAC
ATTTTCTACATTCACATGCAGCGGATTATAATTACAGCATACAAACTTAGGCACTTATTTATCTGTACTTGTAAAGATACAAAATCTAGCTGGAT
AACAATCGCATATCACATACTGTGTTGGTTTACAAGTATTTACACTGCCTACACGAGATAGAGATTCATTAAAAAGTTATTCAAAGATTCAAACG
CTTAGCTTATATGGCAAGTGCCAAAACAATAAGTCAATTTCCTATTAACTAAGATAGTTATATACAATGCTATTCGCAGTTCCACGCGTTTCGTA
ATATTTGTTCAATATTTACTAGAATTTTCTTGAGCTGGTCTTATGAAGTAAAAAGGGTTTGAAGAAATTGGAATTATTAAATTTTAGTTAAACAT
TTAAATTGAATTTAAGTTAAACTCGATATGAGACTATCTGATCTGCTGCTTGAATTGCTAATAAAAAAGTGATTACTTGACTTCGAGGATAAAAT
CCTTGCAATAATCTTTCTTTTTCAGGCTACTAATAATATCATTTTTAGTGGTTCTGGGTGGCACAATGCCATTGCATCTTAAACCTAATTACGTG
GCTCGAATTCCGATCAAGTCTTAACTAATCTAATCCGACTGATAATAATGTCAGACGTACACCTCTCCGGTCTTTTGTTCCGGCTTGTGTTTGGC
CAGAGTTGAGGGGGCCGAGGATCCTCCGACTTCGCCCGTTTCCAGGCCTCCGCTCCTCTGAGGAATTGGCATCGTGCCTGAGTTGTCCACTGTGC
CCGTGGGACCCGCTGACCTCATCGAGGATCGTTGCTGCGGATCCTGCAGATTGAGGCTCAGGTTGAAACTGTTGTTTCGCGAAATGTTCTGGTTT
CCATTGAGGGGCTTAACGGACAGCAGTGCCGTAGTGGTGATACCGCCATTGCCATTGCTCGACCCACTGTTGCTATATCCATCCTGGACATCTGC
ACCGGTCAGCTCCACAATGGAAAGTGCTGACGGCGATCGCTGGATGGACAAGGACACCGGTATCGTGGTGATCACATCGTTAGGATCGTAGCCAC
TTGCCGTCGTCGTTATCGTGGGCAGCTGGGCATTCGCCGAAATGGGCAGGATGCTCAGTGTCCCAGTGGGCATCGTTTCCCCACCGGTGCTGGTC
ACGCTGAAGGGGAACGACAGAGTGGTGATGTTTGTGGCAGCTGGAATACCTGCAGGTTATCAGAGGAAACAATAAGTGAGAAAAGAATATAAATA
TTTAATCCATTAAGCTTTTAATATCCTCTTAAGAGTATGTATTGAACTCATCATTAACTATTCAGAGGCATTAAAAACTTCTAGATCTTGGATAT
TTCCACTTACTGCTCGGCGTGAATCCCTCCTTCATGCTGGCTGCCAAAGCTGCGGTAGCCGGATGACCTGGAATCAGAGTGTTATTGGACGATGA
GCTATCCATCTCTTTGATGGGCGAGAGCAGCAGCGTGCCCAGCACCTGACCGCTCTCCTGGTGCAGTAGTGTGTCGGGTGCGTAAGAGGAGGGGT
ACATGCCCGGTGGTGCGCTGGTGGTGCTCAGCTGCTGTGGTGCCATTAGGACCGAGCTGGTGGCTACATGGGAGTGGTGTGAATTGTACAAAAAG
TTGCAGGTTTTGTGCGGGATTTGTGGGTTGTTACTCACCTGGATTCGTGTTGCCATCCTTGGCCACCTCGGGTGTGGGAATGCGCGGTCTGGTCT
TGGCCACATTGACATTCAAGCCATTTAATTTGGAGTCTTAAACATAGAAATAATTTTAAATTTAAAGCATACTCTTGGGGGTTTAAAGAAATTGT
GATTACTACCAAAAAAATTAGTTTGATTTTTATTAATATTAATATTTTATTTAAAAATGTTTATTTCTATTGTTTTTTACTTACTTTGCTTGATA
AGTTGGCGTTGTGCTCTCAACGATTTACGATGCACAAACTTTCCATAGAGACTTGATTTACTTGGCTGCGATCCGGCTTGCTGCTGCTGATGCGC
CTGCTGTAATTGCTGCTGCTGCAGGATGGTCAGTGGCAAGCCGGACTCGGGACTAGAGTAGACGGAGTTGAGGCGGTTCCGGTTGAATGGCATTC
CGCCGGAGGAGTAGGCCGTCGACTGGCTCCTCATGGAACCCATTCGGGAGAGCTGGCGAACCAGCCAGTTGTTTTTCCTCCTTTCCACCATTGGC
GTGTCCACGCTTTCCTGTTTGTGGTTAGTAATAATATTAAAATGTGACTCTTGACATGAAAAAGTCAGCTTCAAAAATATATGTAAATTCGTCTG
CATTAAATTATGATAGATTACCAATAAATGTGACAATAACTTAAGCATGAGAAATATTTTATAGCCTTTTAAGTTGAAGTTGTTAACCCTAAAAA
CGTTATGTTTGCTGGAAATATATCTCACAAAACGCAACTAATGTCTAAGTTACAGCAATAAAACGTTTGCTTTCAATGACTGTTAATATAAATGT
TAGGAGAATCTATGTGTTGAATGCAACTACGTTGGGAGAAATGTATGAAGATACTCACATAGTCCGCGTAGACATCGTCGCTGAGCATCCTCTTG
CCGCCGCCTGGCATTATGTTGGCGTACATGGCGTCCTCCTTCTTGACCTTGTACTTCTCGGCGGAGCCCTTGGGCTCGTCTTTCCGGTAGTGTTC
GGATGCCACCGTATAGGGCAGATCCTTGGGCACCACACACTCCCAGTACTGATCCCGCAGCAGCTCGGGGTGCTCCTCGTGCATCTCGTCCACGA
TCATGTAGGCAGCCTGAAAGCGGGTTTATCAAAAGTGGATCAGTCGAGGGCTGTTCAAAATCGAAACGTGTTCGCCATTTGCGATTTTTTGGGCC
ATTTCGAGGAGGCACTAAACCCAATTACGTCACAATAATTCAACCGTGGCTACTGTCCCACATCGAAACAAAAGAAAAAGTGAAATTGTTTACAA
GTTTTTAATTATTCCATAACAAAAATCAGCGCACAGCCCACTACAGAAAATTGCAAAAACAAAAAGAGGAAAAGAAATAACAATAAAAGTATAAG
CAATACTCATTTGCTTAATCATTTTGCCGCACTCTGTTTTCAATTTGCCATTTATGAGCGACTGAGCCAAGAGTCACGTCTGGTCGTGTGGAGTG
CAGTTGAAATGGGCCAGAAAACCTGGCATTAGCTCCCCGCTGATAACCGGGCTAAAAGCGACCGCTTGAGATGCATTTCCGAATTCGAGCAAACC
CAGCGCGCTGGGGTGACCATAAAAACACACACACACACACACATATACGAAACATTCAATGATAAAGCTCTACAAAAGAGGTTTCAATGTTTTCA
GCTCGTATGTTTTTTTTCACGATTTTCTCATTTTTTGAACAAAAACCTGTTTTCAATTTACTTTTGCTGCTGCTGCTGCTAACTTTTGTAAATAA
TTGCAAGCAACGGCAGGCCCCAGACACAGATACACACACACGCACTGCACACATGCAAAAATCGCTTCTAACACACACAAGCATCGACTTCCCAA
AGCCCAAGTCCAAAACTTCAATCAGCATCAGCAGCAGAAGGAAAGCCGAATAGAGATACCCTCATCTAAATCGAAATCGTAAGTTTGACTTTGGC
GGGTAAATTTGAATTTCACCAGAAGTAATTAAAATTCCCTTTCGAAGATTTATCTACTTTTATAAATGGAACGCTTTTCTAAGTCGCATTTATTT
AATATTTTAATAGAGTCTACTGAGACAGCTTCAAGTAAAATGTATCTAATTACACAGAATGCAAGTTCATAAATAAAGATTTATTAAGTTCGACT
TTCAGTCACATGTAAATTTGTAAGACCTACTTATAATGCACTCCGACTTTTCTTAGCTAGCATCTACTGATTTCATAATTCAACAATTACACATA
TTTCTTGTTTTGTTTTGGTACATTCTTTTTTTTAGGGTACTCTGCAGTTCGTTTTGTTACACATTGCATTTGGCTCCTCAGTCTTTTGTTGGCTA
TGTAGAGAATGCCTGTTATTTTTAGCACGTGGCAGACAGACATGTTCTTTTCCTTTCAGTAGCAATCCAAGAAGTGGCTGACTCAAGCGATTATC
GCCTTAAGAGTGCAAAATCTTTACTTAGTTAGCACGCTAACCCAATTAGCGAATTCAGATTTTAGCAGTCATAATACTTGGAAACCTTTGGAATT
ATGATTATGCATATTATCCCCTTGAACAGATACGTATAGATAAGTATCTTGCGGATGTGGGCATCCCAAAGTTTGATTTAAAAGCTGGAAAATTA
AGTTTGGAAGTGGGTATTTCGATACAAAAGCCATCTGTTCCGAATTTGGTACTAATTTAATTTGGAAATTCGTGTATATATGTATCTACACCATG
CTAAATGAAATTAATTGGAAATCATTCAGGTTTTTTTGTGTGAACTTCAAAAGGGGGATCTTTTTCGCAACTCTAACGCAAAATGATTGTTTTAT
GGTTGTATGGACCGCAGGAATTATTGCCACCACTTATTAACAATGTTTAACGGATGGCTGGCGTATAGACAATGTGCCACATCGAATTACGTCAA
GATTGTGCGAATTATCTGCACTGATGACTCACCTTGATGTGTCGGTCAATTAGCCAGTTCAGCTCGATATCATCGTCATCTTCGCCAAAGGGATT
GATTAGCACCTCGGCCACCTTCAGCCAGCCCACGTAGAAAACAAACTGCAAAGATTAATTGAATGCGATTGGATTTTGGTTAATTATATCATGAA
AAACAGAGTCGGACAATTTCAGCAGAACTTGGGAATAATGTGAGAGGGTAAGCCAGGGAAAGCTTGGCAATTCCATTCACTTTTTGCGGCTTCAA
ATTATACGGCATGAACATTAACAGTTAATAATGATAGCTAAACACTTGTCACAGATTTATATCGCGGAGAAACACAAACCAGACCAGAGCTCGGC
AAAATGCCAATTTATTACGGGGAACGTGACCGCGAATCGTTTTACATAAGGCACTTGAAATGTGTCCCCAGCGGAGAACCGCAGAAACCAAAACG
GAAAACAGCAAACAGTTGTAACTGGCCATATCATGATATAGCCCAATATATATATAGTGCATCCGAGCGGCGTATCGCTAACAAGGTATAGCCAT
TACATTCGGCCACTCAGTTTGGCGGAAAAATTGGCAAAAACAATTGCGAACAACAAAAAACCGCAACAAGTTTTTAAACTTTTACAAAACGACGA
GACGTGCAAAATTGACTTTGATTTATAGTAAATAAGGCGGAACGTGCAAATTAAGATAACTTCTAAGCTGTCTTAAATCAAGCGAGAAAAATTAA
TGAATTCATTATATATGGAGCAATTGGAATCACCTGCAATACGGTAAACAGGGGGAAGAACAGATCGGGATCTTCGCGTCCACTTCTGTCCAGAA
CGTTGGGCAACATTTGACGGCCCAAAAGGGCAGCTATGAAATAGGTGTACAGCACCAGGGTGACTACCTGAAAATAAAGTTTTATAATTAATATT

CAATTAAAGAAGGGAAGGTTGGAATATGCTAGAAATATTGAATAAAACTCACCTGAGTGTAGACCAAAGGAACACAGACCGTGTCGTATCCAATA
AGACCACCTAAACGTCTACGAATATCCGAGAGCTCTACCAGTATGGTTTGCACAATATGATCCGAGGCGATTAGGCCATCCTTTCTGGCCCGGTT
TATGATGTTGGTAGCCCAAACGAGAGGCATCCAGTATTTGGACATGGGACTCTTCTGATTCAGTGCCTCAAAGATTTTCATCTCCGATTCGTGCA
TCAGACCCGCATCCACGAGATGTTGGGTTGTGGGAAAACGACGTTTTACACGAAGGGAAATTCGCTGAAGGGTAATCACATAGGCCAAGACCATA
TAGCGCATGATATTACGACGCATCAGGCGACCCGTTTCATTCTGTATTAAGAATTTTTATAGATTATTGTTGGGTTATTTGAAAAAAATTATTTT
CTTACATTTACACCGCCATTTGAGTTGGGAATAGCCGCGCTTATGAACAGGGCCAACGTATCTGGCCAGGGCAAAAGCCTATATTGCTCCCACCA
ACGTTTCACCACCAGATTCACATAGAAGCCCAGCACAAAGGACATGGGTATACTTTCACTCTGCTGCCCAAAATAAAGGCGAATTTTTTTAAAAA
TGCTGAAAATATATTAGTATTATATTATATATTATGTTACCATTTTATAACCCTATTCATACTTACGCTTGCTGACTTTCTGTCAGACCAAATCT
GTAGATAACATTTATGGTATAGTATAAACACAGATACGCAACTAATTCGCGCCAAATCAATTTGTAAACGCTGCCTCGCCATCTATTAAAAAAGG
GAAGGGATTTGAATTAAGTAACTTATAGGTAGTCGAGGAATTTATGGCTTTAATCTGTAACTAACTGGTTTTTGTTTTCTTATACAAACGATTTC
CTCATTCAGACTTTCAATCATTTCCCCCATCGCATTTCAGATTAGGTTTTCGTTTCTAATGAGTCGCCAGTTCTGCAAGATTTTTTATGGGGGTA
TTCCAATCTTGCATGTCAGTTCCAATGAATTCAAATGTCTTAAAGTGTGATTTGATACATTATAAAAAATATATATATGTATATTGATTGGCATA
ACCGCTTCGAAACTGGTACTATTCAGGTGGGGTCTTTGTTCTGTTTGTTTTGATCAAGGTTTCGCTTACCTTCTTCTCTTCAAAAATTTAGGTTG
GGCTCTGACATTATAAGCAAAAAGTAACTAACTCGAGGCTCCCATGAAAAACAATAAGTTGTTAGCCTTTTTTCACATTTTTCCAGTCCTAAAAG
TATCTTTCAATTAGTGAGTTCATTACTGAACGTGTGATAAGCTACAACTGAATTTTCAGAGCTTCGGCGTTTTGGCTACCAATTATTCTTCTTTC
TGGTTTGAATGGCAAAAACTGGAACTGTGCAACAGTAACTGGAACTGGAATTGCTATTCTAACTGCCCAGTTACGAGTGACTGCACTTGGGAAAC
AATTAAAGCGAACTGGGGTTAAAAATAAACACACTCTAAAAACAAAATAGCCTGAAACCAGATGTTGTCGCCGCTGAGATGTCACTGTATGGTGG
(SEQ ID NO: 1123)

Exon: 6505..6371
Exon: 6311..5943
Exon: 5862..5734
Exon: 5080..4973
Exon: 3148..2909
Exon: 2579..2270
Exon: 2126..2034
Exon: 1963..1721
Exon: 1569..1001
Start ATG: 6505 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT28609
ATGTCCTTTGTGCTGGGCTTCTATGTGAATCTGGTGGTGAAACGTTGGTGGGAGCAATATAGGCTTTTGCCCTGGCCAGATACGTTGGCCCTGTT
CATAAGCGCGGCTATTCCCAACTCAAATGGCGGTGTAAATAATGAAACGGGTCGCCTGATGCGTCGTAATATCATGCGCTATATGGTCTTGGCCT
ATGTGATTACCCTTCAGCGAATTTCCCTTCGTGTAAAACGTCGTTTTCCCACAACCCAACATCTCGTGGATGCGGGTCTGATGCACGAATCGGAG
ATGAAAATCTTTGAGGCACTGAATCAGAAGAGTCCCATGTCCAAATACTGGATGCCTCTCGTTTGGGCTACCAACATCATAAACCGGGCCAGAAA
GGATGGCCTAATCGCCTCGGATCATATTGTGCAAACCATACTGGTAGAGCTCTCGGATATTCGTAGACGTTTAGGTGGTCTTATTGGATACGACA
CGGTCTGTGTTCCTTTGGTCTACACTCAGGTAGTCACCCTGGTGCTGTACACCTATTTCATAGCTGCCCTTTTGGGCCGTCAAATGTTGCCCAAC
GTTCTGGACAGAAGTGGACGCGAAGATCCCGATCTGTTCTTCCCCCTGTTTACCGTATTGCAGTTTGTTTTCTACGTGGGCTGGCTGAAGGTGGC
CGAGGTGCTAATCAATCCCTTTGGCGAAGATGACGATGATATCGAGCTGAACTGGCTAATTGACCGACACATCAAGGCTGCCTACATGATCGTGG
ACGAGATGCACGAGGAGCACCCCGAGCTGCTGCGGGATCAGTACTGGGAGTGTGTGGTGCCCAAGGATCTGCCCTATACGGTGGCATCCGAACAC
TACCGGAAAGACGAGCCCAAGGGCTCCGCCGAGAAGTACAAGGTCAAGAAGGAGGACGCCATGTACGCCAACATAATGCCAGGCGGCGGCAAGAG
GATGCTCAGCGACGATGTCTACGCGGACTATGAAAGCGTGGACACGCCAATGGTGGAAAGGAGGAAAAACAACTGGCTGGTTCGCCAGCTCTCCC
GAATGGGTTCCATGAGGAGCCAGTCGACGGCCTACTCCTCCGGCGGAATGCCATTCAACCGGAACCGCTTTTAGGTGGTCTTACTCTAGTCCCGAG
TCCGGCTTGCCACTGACCATCCTGCAGCAGCAGCAATTACAGCAGGCGCATCAGCAGCAGCAAGCCGGATCGCAGCCAAGTAAATCAAGTCTCTA
TGGAAAGTTTGTGCATCGTAAATCGTTGAGAGCACAACGCCAACTTATCAAGCAAAACTCCAAATTAAATGGCTTGAATGTCAATGTGGCCAAGA
CCAGACCGCGCATTCCCACACCCGAGGTGGCCAAGGATGGCAACACGAATCCAGCCACCAGCTCGGTCCTAATGGCACCACAGCAGCTGAGCACC
ACCAGCGCACCACCGGGCATGTACCCCTCCTCTTACGCACCCGACACACTACTGCACCAGGAGAGCGGTCAGGTGCTGGGCACGCTGCTGCTCTC
GCCCATCAAAGAGATGGATAGCTCATCGTCCAATAACACTCTGATTCCAGGTCATCCGGCTACCGCAGCTTTGGCAGCCAGCATGAAGGAGGGAT
TCACGCCGAGCAGTATTCCAGCTGCCACAAACATCACCACTCTGTCGTTCCCCTTCAGCGTGACCAGCACCGGTGGGGAAACGATGCCCACTGGG
ACACTGAGCATCCTGCCCATTTCGGCGAATGCCCAGCTGCCCACGATAACGACGACGGCAAGTGGCTACGATCCTAACGATGTGATCACCACGAT
ACCGGTGTCCTTGTCCATCCAGCGATCGCCGTCAGCACTTTCCATTGTGGAGCTGACCGGTGCAGATGTCCAGGATGGATATAGCAACAGTGGGT
CGAGCAATGGCAATGGCGGTATCACCACTACGGCACTGCTGTCCGTTAAGCCCCTCAATGGAAACCAGAACATTTCGCGAAACAACAGTTTCAAC
CTGAGCCTCAATCTGCAGGATCCGCAGCAACGATCCTCGATGAGGTCAGCGGGTCCCACGGGCACAGTGGACAACTCAGGCACGATGCCAATTCC
TCAGAGGAGCGGAGGCCTGGAAACGGGCGAAGTCGGAGGATCCTCGGCCCCCTCAACTCTGGCCAAACACAAGCCGGAACAAAAGACCGGAGAGG
TGTACGTCTGA
(SEQ ID NO: 1124)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MSFVLGFYVNLVVKRWWEQYRLLPWPDTLALFISAAIPNSNGGVNNETGRLMRRNIMRYMVLAYVITLQRISLRVKRRFPTTQHLVDAGLMHESE
MKIFEALNQKSPMSKYWMPLVWATNIINRARKDGLIASDHIVQTILVELSDIRRRLGGLIGYDTVCVPLVYTQVVTLVLYTYFIAALLGRQMLPN
VLDRSGREDPDLFFPLFTVLQFVFYVGWLKVAEVLINPFGEDDDDIELNWLIDRHIKAAYMIVDEMHEEHPELLRDQYWECVVPKDLPYTVASEH
YRKDEPKGSAEKYKVKKEDAMYANIMPGGGKRMLSDDVYADYESVDTPMVERRKNNWLVRQLSRMGSMRSQSTAYSSGGMPFNRNRLNSVYSSPE
SGLPLTILQQQQLQQAHQQQQAGSQPSKSSLYGKFVHRKSLRAQRQLIKQNSKLNGLNVNVAKTRPRIPTPEVAKDGNTNPATSSVLMAPQQLST
TSAPPGMYPSSYAPDTLLHQESGQVLGTLLLSPIKEMDSSSSNNTLIPGHPATAALAASMKEGFTPSSIPAATNITTLSFPFSVTSTGGETMPTG
TLSILPISANAQLPTITTTASGYDPNDVITTIPVSLSIQRSPSALSIVELTGADVQDGYSNSGSSNGNGGITTTALLSVKPLNGNQNISRNNSFN
LSLNLQDPQQRSSMRSAGPTGTVDNSGTMPIPQRSGGLETGEVGGSSAPSTLAKHKPEQKTGEVYV*
(SEQ ID NO: 1125)

Name: BESTROPHIN-LIKE

Celera Sequence No. : 142000013384547

GCTGGCCCGTGCCTGCGCCGCTCAGACAAAGTCCACCTTCCTCAAGCTGGCAGGTCCCCAGTTGGTGCAAATGTTCATCGGTGATGGTGCCAAGC
TGGTGCGCGATGCCTTCGCCTTGGCCAAGGAGAAGGCGCCTGCCATTATCTTCATTGACGAGTTGGACGCCATTGGCACCAAGCGTTTCGATTCG
GAGAAGGCCGGTGACCGTGAGGTCCAGCGAACTATGTTGGAGCTTCTTAATCAGCTCGATGGCTTCAGTTCCACTGCAGATATTAAGGTGATTGC
GGCCACCAATCGCGTAGACATTCTGGATCCTGCTCTGCTGCGCTCTGGTCGTCTGGATCGTAAGATCGAGTTCCCACATCCCAACGAGGAAGCCC
GTGCCCGTATTATGCAGATTCACTCGCGTAAAATGAACGTTAGCAATGATGTGAATTTCGAGGAATTGTCCCGATCCACGGATGACTTCAACGGC
GCCCAGTGCAAAGCCGTCTGTGTGGAAGCTGGTATGATCGCACTGCGTCGCTCCGCCAATTCGGTTACGCACGAAGACTTCATGGACGCCATCAT
GGAAGTGCAGGCGAAGAAGAAGGCTAATCTTAACTACTACGCTTAGACTAAAAATTTGCAGTTTAACTTCACATTGTCAGCTCCCATTAAAATAA
ACCATGGAAATGTAAAATTTTTCAGTTTCGATCTGAGTTGCCCCTTGAAGATCGCCTTTAAAATAACATCGCAACGGCTCTTAAAAGTAACTAGA
ATGGGAGACGTACTGAAATCAATACCCAACCTTTTTAAAATAAACAAAAATATATATCAAATGTCGAGCGATTCATTGGTTTATCAGTACAACAT
TTACATTCTGAGTACGATATTTTTTAAATATCTAAAAAGGTCGGTTTTAGAATTAATAAAAAATATTACATCGGGCGAAATTAGATGATAAATAT
TTACACGCACACTAATTAACCTAGAGGGATGATTTACCAAGTTACTAAGACTAACCAGTGGGATCGAGTGTGTTAGCGCCATCCGGCGCCGCAGA
TGTCGTGCCACTTCCCCCTTGTGACGCTGCATCGACAAGGGACGTGGCAGTGGTTGATGAGGTTTCCGTAGAGGAGGACGCGGCCACAGCATCGT
GAGATGAAACTGCGGCGGCAGGTGGTGTGACGCCCACACCTTCGACCACTGCGGCTACAGGTGCTGCTTCCGCTCCAACCGGCGCCAAGTTAACT
GGCGCAGCAGCAATGTCATCTGCAGCTGGCTGCTGTGCCGGCTGATCCGGCTGCTGAAATGGACGCCTCATGTACATGATGATGCCCAGCAGTAG
AGTTAGAACGGTAATCATGTACAAGTCCCAATTGGCAGCAATATTTTCATCCATGTAGAAGATGAACCTGTAAGGTGACTAAAGGGGAACAACAT
TAAAAAGCTAGTAAACAGTTTATCCATAGGGTTGGGTAATCACCTCCTTGATTGATTCAATCGTGGCCAACATTTGTAGCTTAAAAAGCGCAATG
GCCACAGGCACTTTGGCGTCTGAATTGGTTTCCGCAGCCAAATCGTATAATCTCTTTGCCAGATGCCAGTCTTTCTTCATTCCGAGCCCTTGCTC
GTGCATGTATCCCAAGTTGAACATGGCTTGGGCATTATATTGCTGCTCAGAGGCTTTCCTGTAGGGATTGATGCGGTTATAAGTCGTTTTCACAC
TTCATAGTTCATATTCAACTAACCTGTAAAGAGCAGCGGCAGTCTCGAAGTCCGTCGAAGTACCCCAACCGTAGTAATAGTAATCGCCCAGCTTG
ACTTGGGCCGCAGAATAGCCCTGTCCGGCTGCTCGTTTCCAGTAGTAGAAGGCACGAATCAGATCTTCGTGCCGATCGTTGAACACATGCACCTC
CTTGCGGTCTAGTAAAAAGGCGGCATTACTTTGAGCCACCTCATAGCCCATTTCGGCCATCAACGAGTACTGCATGTAGGCCTCGTCGATGCGGT
TATTTTTATAGTCGCTGTAGGCCATCATCAATCGGCTGCTCCAACGGCCACGCTCCGAAACAGTCTTGAAGAACTGGAATTAGCAAATATGAAAC
GGGTTAGAAAATAATTAACATATTAATTGAACAATAAACTTACTTCTACTGCTGCTGGACATGAACGCAGCATTCCCATACCGTAGGCATTCATC
ACTCCCAGATTATAATAGGCTAAAACATGGCCTGATTGGGTGGCCAGGTTGAAGTACTTAAAGGCTAACTTGTAGTCGGTTTTTACACCATTGCC
AGCTGGAAAAGAAATTTAAATTGTATGGTTCCTAGAAACCCAATCAATAAAATGAAGGTTTATTTACTTACTGAAATACATGTTGCCCAGCTGCA
GTTGCCCATCAACCCAACCTTGATCAGCCGCCTGAGTGAAATAGGATAATGCCTTGATGGAGTCTTTGGGAACACCTAAACCCTTTAGATACATG
AGGCCCAGTCCGCTTTGACCAACTGGATCCCCCATTTCAGCGGCCTTGGAGAAGTACTAAGAAAAATATAATAATACATATTAGAAATATTAATC
AAAAACTGTTATCTACATTATGCGCACCCCAAATGCTGCATCATTATCGGCCCTGATTTGATCACTTCCTTCCAGATAAAGCTTGCCTAAAAACG
CGATGCCAACTGCACTACCTGCATCGGCGGCCATTTTGAAATATTCCAAAGCCTTTTGATGATCTTGCTCGGTGACCTTGCCGCCCTGATAGTAC
ACCTGACCCAATCCCACCTGCGACTGGATGTCGCCTTTATCGGCCAGAAGTTTGTAATAGTCGACAATCTCAGTTTCGGAACTGCCGGGATTCTC
TAGGTCATCCAGCAGTCTTACCCGATGCACAACCGGCCCATTGGCGAAGGTTATCTTGGAAGCCACTTTTTTGGCTACTCGCTTGTAGTGGATCA
GCGCCTTCTCACAGCTAATGGGCACATTGATGCCATAAAGATAGCGATACCCCATGGCCATTTGCGCCGGAGTATTATCACCGAGGGCAGCCAGG
CTATAGTGGATCAGTGCCAGGGGCTGGCTTACATTTTTACCGCCAACGCCCACCGAATAAAGGAATCCCAGGCCCATGTGAGCCTCTGGGACGCC
TTCGTTGGCCAGACTCTCAAACTCATCGACAGCATGGTTGAAATCAAAGTCCATCCATTGACCCAGTAGGGCGGCCCAGGCTAGTTCCGCCCTCG
CCTTGAGGTGATTAAATGCAGCAGCCTTCTTAAGCAAAATCATGGCTACTCGCTTATCCGTGCTTGGCTTGGCCAACATGTCCATTGCGTTGTCG
TACACGGTTTGAGCTGGAAAAATTGCAATCAGCAACTGCAAAACAAATAAAACGATGCCCACTTACCTTCTATTTGGTCTGGGGTAAGTTCTAAC
ACTTCAGTGGATTTGCGTTTGGCTTCGATGCGCTCGATCTCGGCTTTCAGCTTTTGCCGCCTGATCAGACTTTCGTTCCACAGGCGTTCGAACAG
GGAAGCCGGCATAACCTTCGTCCTGGAAGCAAACTTTGTGGACTCCTTGGGTTTGTCTGCCTTGCGTTCGTTGCTTTCCGACGGAACCCGCGACT
CTGATTCCGCCGTGGTCACCTCCTCCGCCTCCGCCTGGGTGGAGGGCTCATTGGGCAGCGTTGGCGTGGCTGTTCCCGTGCCCAATCCCGTTCCC
GTACCCGTACCTGTGGCCGAACCCAAACTGCTGCCCGTACCATCAATGTTGGGCCCTTGGAGCTCCTCCGCTCGCAGCTGCCAGGCGAGAAGCAG
CGCCAGCAGGCACATCCAGCTGTTGGCCTTCATCGTCGCCTATCTGCCTTTCTCGATGGCAATGTGGATGTACAACGGCAATTTTGGTCTTCGCC
TTTGCTGCGTCTATATGGTGCTCTTCCACTTCTGACGTGTTGTGTTATTTACTGTTTTCTTGGGGCGCAGGGTCGGCAAAAAGAGTGGATTGCTG
CTTCTGGGTGGATTCGTTTGACTTACTGGTAGCTCATTTTGGCCACCTCGACTTGGTGGTGGTTGGAATACCTTGGTTCGGTTTCCTTAATTTTT
CACACGTAAGATTCTTTTTAATCTTTTTTGTTGCAATGCTTAGTGCTGCGAACGGGCCGAGGTTTGTGTGCCAGTGCTGCAAAGCACCGCGTCTA
AAACAGTCTTTTCCAGGGGCGTCTCCAAAAATATTTTCGCGAATTAAAAAGGAGTAATAAAATCGAGACAGGCTTATAAATATTTAGTCAGGACG
ATATCAAAACTTAATTACAACTTTTTTTTATTATTACAAGCTACATTTAATAATATTACAATTTGCCTAAGCCTGACGGTAAAACATAAAATTTT
AAAAATATTTGTACATTTCTTTAAAACGTATATGCACCAAAATGTGGAAATTATGCTCAACAATTATTTCCCGGGCAACTGCGATAGTTAACGTC
TAGAATGTCTTACCCCGAAAAATTCCCAGGGCTTGCTAGCTACGCCCCTGGATTTTCCGGCTGTTGTTTCGTTATGCAAAGGAACGCGCAGAGTT
TAACCAGAAGGAAATCTGAATTGGAACTGTTGACGCGCAATCGAAAGTGATAATTACGAGCGGGAATAATTAGAATACGAGGAAGATTTCCGCCC
GTGTGAATCACCAACTTTTGTCTCGTCCAATCCAAGTCAGCCACTGAGCAGCCGGCATGGAGATGAGTGTAAGTAGAAGCTGCGACCTGCGTGCC
AGACACCCAGACCCAAAAGTCACAGCCCAAAACCAAATTGAAAACCGAAACCAGTTCCAACCCGCGCTTCAACCGAGTGAGTCGCACAGCGAATC
ACTCTTCGAGCTCAGCCGTTAGTGCTGGTGAAAGTTACAGCTGTTGCGTTCGCTACGTTCGCTACCTAGTAACCGCCACCTGTGCCCCGATTCCT
AATCCTCCAGTCGACACCTGTTATTTCAGGCTGCCATGTTCGCACGCGTTTCCTTCTACCCCACCCTGCTGTACAATGTCCTGATGGAAAAGGCA
TCGGCCAGGAATTGGTACGATCGCATCGATGAGCATGTGATACTGGGAGCACTGCCCTTTCGCAGCCAGGCCAATGACGTAAGTATCCCCACGGA
ACCAAGCCTGAAATCCTTCTAAATCCTTGTTTAACCGCTCAGCTCATTGAAAAGGAGAACATGAAGGCGGTGGTGTCGATGAACGAGGACTATGA
GCTGACCGCCTTCTCCAACAACACGGAGAAGTGGCGAAAGCTTGGCATTGAGTTCCTGCAGCTGGCCACCACCGACATCTTTGAGTCGCCCAATC
AAGAAAAGCTCTT

(SEQ ID NO: 1126)

Exon: 4333..3392
Exon: 3338..2593
Exon: 2526..2352
Exon: 2282..2134
Exon: 2068..1734
Exon: 1673..1469
Exon: 1408..1001
Start ATG: 3833 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT28737

TAATATTATTAAATGTAGCTTGTAATAATAAAAAAAAGTTGTAATTAAGTTTTGATATCGTCCTGACTAAATATTTATAAGCCTGTCTCGATTTT
ATTACTCCTTTTTAATTCGCGAAAATATTTTTGGAGACGCCCCTGGAAAAGACTGTTTTAGACGCGGTGCTTTGCAGCACTGGCACACAAACCTC
GGCCCGTTCGCAGCACTAAGCATTGCAACAAAAAAGATTAAAAAGAATCTTACGTGTGAAAAATTAAGGAAACCGAACCAAGGTATTCCAACCAC
CACCAAGTCGAGGTGGCCAAAATGAGCTACCAGTAAGTCAAACGAATCCACCCAGAAGCAGCAATCCACTCTTTTTGCCGACCCTGCGCCCCAAG
AAAACAGTAAATAACACAACACGTCAGAAGTGGAAGAGCACCATATAGACGCAGCAAAGGCGAAGACCAAAATTGCCGTTGTACATCCACATTGC
CATCGAGAAAGGCAGATAGGCGACGATGAAGGCCAACAGCTGGATGTGCCTGCTGGCGCTGCTTCTCGCCTGGCAGCTGCGAGCGGAGGAGCTCC
AAGGGCCCAACATTGATGGTACGGGCAGCAGTTTGGGTTCGGCCACAGGTACGGGTACGGGAACGGGATTGGGCACGGGAACAGCCACGCCAACG
CTGCCCAATGAGCCCTCCACCCAGGCGGAGGCGGAGGAGGTGACCACGGCGGAATCAGAGTCGCGGGTTCCGTCGGAAAGCAACGAACGCAAGGC
AGACAAACCCAAGGAGTCCACAAAGTTTGCTTCCAGGACGAAGGTTATGCCGGCTTCCCTGTTCGAACGCCTGTGGAACGAAAGTCTGATCAGGC
GGCAAAAGCTGAAAGCCGAGATCGAGCGCATCGAAGCCAAACGCAAATCCACTGAAGTGTTAGAACTTACCCCAGACCAAATAGAAGCTCAAACC
GTGTACGACAACGCAATGGACATGTTGGCCAAGCCAAGCACGGATAAGCGAGTAGCCATGATTTTGCTTAAGAAGGCTGCTGCATTTAATCACCT
CAAGGCGAGGGCGGAACTAGCCTGGGCCGCCCTACTGGGTCAATGGATGGACTTTGATTTCAACCATGCTGTCGATGAGTTTGAGAGTCTGGCCA
ACGAAGGCGTCCCAGAGGCTCACATGGGCCTGGGATTCCTTTATTCGGTGGGCGTTGGCGGTAAAAATGTAAGCCAGCCCCTGGCACTGATCCAC
TATAGCCTGGCTGCCCTCGGTGATAATACTCCGGCGCAAATGGCCATGGGGTATCGCTATCTTTATGGCATCAATGTGCCCATTAGCTGTGAGAA
GGCGCTGATCCACTACAAGCGAGTAGCCAAAAAAGTGGCTTCCAAGATAACCTTCGCCAATGGGCCGGTTGTGCATCGGGTAAGACTGCTGGATG
ACCTAGAGAATCCCGGCAGTTCCGAAACTGAGATTGTCGACTATTACAAACTTCTGGCCGATAAAGGCGACATCCAGTCGCAGGTGGGATTGGGT
CAGGTGTACTATCAGGGCGGCAAGGTCACCGAGCAAGATCATCAAAAGGCTTTGGAATATTTCAAAATGGCCGCCGATGCAGGTAGTGCAGTTGG
CATCGCGTTTTTAGGCAAGCTTTATCTGGAAGGAAGTGATCAAATCAGGGCCGATAATGATGCAGCATTTGGGTACTTCTCCAAGGCCGCTGAAA
TGGGGGATCCAGTTGGTCAAAGCGGACTGGGCCTCATGTATCTAAAGGGTTTAGGTGTTCCCAAAGACTCCATCAAGGCATTATCCTATTTCACT
CAGGCGGCTGATCAAGGTTGGGTTGATGGGCAACTGCAGCTGGGCAACATGTATTTCACTGGCAATGGTGTAAAAACCGACTACAAGTTAGCCTT
TAAGTACTTCAACCTGGCCACCCAATCAGGCCATGTTTTAGCCTATTATAATCTGGGAGTGATGAATGCCTACGGTATGGGAATGCTGCGTTCAT
GTCCAGCAGCAGTAGAATTCTTCAAGACTGTTTCGGAGCGTGGCCGTTGGAGCAGCCGATTGATGATGGCCTACAGCGACTATAAAAATAACCGC
ATCGACGAGGCCTACATGCAGTACTCGTTGATGGCCGAAATGGGCTATGAGGTGGCTCAAAGTAATGCCGCCTTTTTACTAGACCGCAAGGAGGT
GCATGTGTTCAACGATCGGCACGAAGATCTGATTCGTGCCTTCTACTACTGGAAACGAGCAGCCGGACAGGGCTATTCTGCGGCCCAAGTCAAGC
TGGGCGATTACTATTACTACGGTTGGGGTACTTCGACGGACTTCGAGACTGCCGCTGCTCTTTACAGGAAAGCCTCTGAGCAGCAATATAATGCC
CAAGCCATGTTCAACTTGGGATACATGCACGAGCAAGGGCTCGGAATGAAGAAAGACTGGCATCTGGCAAAGAGATTATACGATTTGGCTGCGGA
AACCAATTCAGACGCCAAAGTGCCTGTGGCCATTGCGCTTTTTAAGCTACAAATGTTGGCCACGATTGAATCAATCAAGGAGTCACCTTACAGGT
TCATCTTCTACATGGATGAAAATATTGCTGCCAATTGGGACTTGTACATGATTACCGTTCTAACTCTACTGCTGGGCATCATCATGTACATGAGG
CGTCCATTTCAGCAGCCGGATCAGCCGGCACAGCAGCCAGCTGCAGATGACATTGCTGCTGCGCCAGTTAACTTGGCGCCGGTTGGAGCGGAAGC
AGCACCTGTAGCCGCAGTGGTCGAAGGTGTGGGCGTCACACCACCTGCCGCCGCAGTTTCATCTCACGATGCTGTGGCCGCGTCCTCCTCTACGG
AAACCTCATCAACCACTGCCACGTCCCTTGTCGATGCAGCGTCACAAGGGGGAAGTGGCACGACATCTGCGGCGCCGGATGGCGCTAACACACTC
GATCCCACTGGTTAG
(SEQ ID NO: 1127)

Start ATG: 501 (Reverse strand: CAT)

MKANSWMCLLALLLAWQLRAEELQGPNIDGTGSSLGSATGTGTGTGLGTGTATPTLPNEPSTQAEAEEVTTAESESRVPSESNERKADKPKESTK
FASRTKVMPASLFERLWNESLIRRQKLKAEIERIEAKRKSTEVLELTPDQIEAQTVYDNAMDMLAKPSTDKRVAMILLKKAAAFNHLKARAELAW
AALLGQWMDFDFNHAVDEFESLANEGVPEAHMGLGFLYSVGVGGKNVSQPLALIHYSLAALGDNTPAQMAMGYRYLYGINVPISCEKALIHYKRV
AKKVASKITFANGPVVHRVRLLDDLENPGSSETEIVDYYKLLADKGDIQSQVGLGQVYYQGGKVTEQDHQKALEYFKMAADAGSAVGIAFLGKLY
LEGSDQIRADNDAAFGYFSKAAEMGDPVGQSGLGLMYLKGLGVPKDSIKALSYFTQAADQGWVDGQLQLGNMYFTGNGVKTDYKLAFKYFNLATQ
SGHVLAYYNLGVMNAYGMGMLRSCPAAVEFFKTVSERGRWSSRLMMAYSDYKNNRIDEAYMQYSLMAEMGYEVAQSNAAFLLDRKEVHVFNDRHE
DLIRAFYYWKRAAGQGYSAAQVKLGDYYYYGWGTSTDFETAAALYRKASEQQYNAQAMFNLGYMHEQGLGMKKDWHLAKRLYDLAAETNSDAKVP
VAIALFKLQMLATIESIKESPYRFIFYMDENIAANWDLYMITVLTLLLGIIMYMRRPFQQPDQPAQQPAADDIAAAPVNLAPVGAEAAPVAAVVE
GVGVTPPAAAVSSHDAVAASSSTETSSTTATSLVDAASQGGSGTTSAAPDGANTLDPTG*
(SEQ ID NO: 1128)

Classification: hypothetical
Gene Symbol: BcDNA:LD23587
FlyBase ID: FBgn0028475

Celera Sequence No. : 142000013384857
AGCAGTTTTCGTCCGATTTTGTCGCATATCCGAAAAGTATGCTTTAAATATGATATCTTTTTTATACCAATTCCTCGTGGAGTAAAATGTTATAC
TAAATTCGTAAAGGCCACAATTTTGAAGTCTTGAGATTTTGTTGATATCATTCTATCGATAGCCAAAAACTGTCACACCCTATTGTTCTATAAAT
ATTTTGAATTTATACTATTTTAACACAGTTTGGAAGAAGTATTTATTTTTTGAATCAATTTAAAAATGTTATGCAAATTTCCAGCGAGATTCCAT
AAGAATTTTGAATTGATCCCCCGCACCCACAATAGCTAAGTAAGAGGTATCTGATAGTCGATGATACCGTTCCGTTTCCCTTTGTTTTCGTTTT
GAAATAAACTGACAGACTACGTGTCCTGGATCCTATTTAGTTTCTATTTACAAAAAAATAAAAGATAAAATATACCACAGCCAAGAACTTTTAAT
TTAATAAGAAACAGCGATTGATTAGCTTAGGTCCATTACGTTTATTTTGTTGAAAGTAAATTAAATTTAGGTTACACTGCCACAGCATTTTTAAA
TATATATATTTGCATCTATGCCCTAATTGATTTCGTTTTTATGGGAACAGCATTTTTGTTGCATAATTAATTATTTTTGGGAAAAAATAATCACA
AATGTGTGTGAGTGTGGCATCGGTTTTGACTTGAAATATAATTTGATCATATTTTAAAGACTCTGCTCTTCAAAGAAAAGATGAGTTGACAATCT
ATTGCATCAATGGATTTCAGTTTCATATGCTACACAGTAAACTTAAAATTAGTTAAAACGAGAATAATGTACAATATACAGGCCAGTGCCTCTCA
ATCATTTGATTTAATTGTTTTCATTGTAATAGTATTGAAAAGCAGTTCTCAAAAACATCGAAATAAAAAGACGATCTTAGCTAAAACGTAACTAT
GTTCGTGATTCAGTTTAATAGGTGTGCTGAGTGTTGCTTTAATATTTTGTTTTTTTTTTTATTTTGTAGAACAACTGAATCAAAGATTCATGCGA
ATCAGGTAAACAATTTAATCTTAGATGTGGTAACTTGGTATTTTTTCTCTTCCATCTATCGTTTACATTTTTGGTTGGGAGTTTGCCGGCGAGGC
TGTATTTCGTTTGCCAATTATTGGGTTAATTGTAAAATGTATATAAAATAAATCACAATTTCTATACGCACATAAATGACGCGTGTGTGTGTATC
GTGTCTGTGTGGATTTTTGTGGGTGGGTGCCCTGGAAGTGGGACAGCGCACAGTCCAACACAAGGTTCGGCTACATATTTATTAATATTAATAAT
AAACATATGTTAATTGTTTAAAACAAAGAAGCTGGCAGCCACAGCGCTGATCGCGAACCCAAACGAAAAACTCGTACCCAGGCTGGGCTCATGTC
TCATCTCTCAAGGATCGACGACCACCTACAACCTACAGGCTAAGGACTCGCGGCGAACTAGCTCGCCTCATATGAGAAACTGGCGATCGGATGCG
CTGTGCGGCAGGGCGGCCACGCCTATGCCGCCTTGCGTGGGCGTTTGCAGAAACGCCGAATCGTCGACTGTTGCTGAGTCAGCTGCAGGCGTGCT
GATTGCTATCGGTTCGTAGATCGAACGATGCGGTGGCATATCGTCTTCGTCCTTAAAGGAGCCGCTTAAATTCGGATTGAGGATGTTGTTCGATG

CGGGCGAGGCTACAGCAATTGTCCCCGTCACCGGCAGACCCATGGCACTGGTACCGGACTCAACGCGCTCCAGATAGGGTGGCGCCGCCACACTA
ATAACAGCTGGCTGCCGGCGGAAGAACGAGCTAAAAGCAGTAAAAACAGGAAGTTATGCACCTTCTACCAGTGAGCTTCATCACAAATATATAAT
TACGCAAAATTTATTCTCGACCAGACCGAGCGACGACTCTCAGTTAACTGTTCGGCTAGGTGGGCCGGTAGATTCGGAGCACGATCAAAGGGATT
GATGCGTTCATGTGCTCCAGAAGACGTGGCCGGGCGCACAGTAGAGGCCAGCAGAGCTGTACAAGTAATAGGGTGTGTTATTTAAAAAAATCAAA
AAAAATATTTCGGCAGCAGACGTACCGTTCTCATCGTCAGAGCTTTGGGACTCCTCGAACGGATTTCGACCGGCGTGACCACGGCGGAAGGTTCC
ATGTCGCGTGGTTCCAGCGACAGCCGCCGCCGCAACGCTTGAGCTGCTCCCAGCTGCTCCACCAGCCGAAGAAGCCGAGCTCACTTGACCCACCT
GCCTACCATTGGACTGCTGTTGCTGCAGCAGCGGCGTTGTGTCGTCATCCGTATCCGTGACATTATCCAAAGAAGGCTGTCGACTCCGACTTGCA
CGCGCTTCGCCCTTCGTAAAAACCTTGCGCTTACAAATGGGACACACCCGACGGTTTTCGGTAAGCCATGGATCAATGCAGTGCGTGTGATAGGC
TGAAAGTAATAACGAATTAATATGTTGTCTTTGCATTAAAGAATTTTCTGGCGATGTCATATTAGTTTAAGCATTTGTATATGATATATTCTGAA
ACTACTAAAGCTGAGCAAATAACCAAGACTGTATCCCTTACGATGTGAGCAGGGCAGCACGCGAAGCTTATCGTCCTCTATGAAGTCCTCCAGAC
AGATCACACAGGTGTCGTACTTGTTGTTTGCGTTGTTCTTGGTATATCGGAGCACTGGCAATTTCTTCAGCATGCTCTTTGGCAGTCGATGGCGA
CGCAAGCGGCGCTGCTCGCGGATGCACTTGTAGATCATATAGATAACCTGTTCGGCAATCAAAGCAATTCAGTTGTGTAAAACAGCGTTAAAACT
CCAGATTTCTTACCATTATGATGAAGCACATACCGATCAGAATGGAAAACGGCAATATTAACTGTGTATTGATATTGAAGGGCAGCTCATCGTTG
ATGATTAGCACCACCTCGGTCGTAAAGTAAGTGGCCAGCGCTTTACCCGTCGTGTGGCCCACGAAAACCGAGGGTATTCTTATACCCGTTATGTT
TTCGGCGGACATTTGCTCTGTAATTGAATATGGGTTTAAACAAATCATATTTAGACCTGAGCACCTATGTGTAATCACTTACCCAAGTCATCGCC
TTCATTATTGTAAACAATCACAGCAGAATAACTCGCATTCTGGGCCACTCGTATCTTACGCTCAAAGACGCATTCGCCACTACAAAAGATTTGAG
TTAGGTCGAACTGAAGTGTTTATATCTACCACATATAGCTTACCGCGCTACAAGTGCCACAAATTTGGCTGAGGGTGGGTATTTCAGGTGCGGTG
GTCTGTCCAGGCTATCACAACCGTAATAAGGGCGCCTAGCGGGAACCACATACACTTTGAGACCATTTGAAGGCAGATTGGGACCGAATTGAGCT
GGCAGATCATTGAACTCCTCGATCAACTGTGAGTAAACAATATACGATGGGCGTAATAAGTATTTGCAATTTGTAATAATATTTCTAAAATATTA
GCAAGTTAAACTTGTCATTAATTGAACTTGCCTGGCTGGTTGCTTTCCGGTAAACCAGCACGTGGCCCCCGACCAAGGTCGCCTCATGACAGACC
AGGCACAAGCCCAACAGGGTGAGTATCTGGCAACTTCTCTTGGACATTCTGTCGCGGAGGACACACGTTCTGGAGATGATCGGGACTTGGTCTGT
ACTGTTATTGCTCTAGTCCGCTATGTCCAGTGCTGTAGCGATTTGTCTTCAACATCCGCACCATTCGCATGTCTCATCTGTGTCCCACCGCCAGC
GATTCTGTGCGCTTGGACTTCGGACTTAAAACAAAAGAAAATGTTTTTTAACATATTATGAATGATTATTTATTTGGGTGCTATAACTATTTATA
TAAATAATAATAATAATTTTTGCAACTCGAGTATTATCCTGCGTGTAGTCAACCTAGGCGTAAACCTCTCCGCCTACGAGGCCATGGCAACAAAG
AGCTCAGCTGATAAGATAAACGGCCAACTGGGGGTATTGTTGATTTGCTTACTCTGAAAAAATTTGCGTTTCTTCAGTCACGCTGCACTTACAGC
TGGTTTGTTTGTTGACACAGTCAGGCAGACGACGGTTCGTTCGGGTTTTCGCGAATGCATTAATGGTTACTTCAAACAGAACAGAAAAATCAACG
CGTTTCGCTCCTTGGCTGCTATTGTACTCAATTTGCCATCAATTAATTTTATCGCGATCAAATAATAGTGGCCGAGATCTTGGGCGGCAGCTGCT
GTAGTCGGAACAAATAGGTTGATGAGTCACGAACACCGCTCCATGCTAAAACCAGAACCCAGACCGCATGCACATTTAACTATTTAGCGTCGACG
CACCGTCGGTCCACAGTTGGGGCAGAAAAAGTGGAAAGTTTCTATTCGTACATATATTACAAATTCTGCTAATACACAGCCGAGGGGAGGTGTGC
AAATATGTCACAAAATGTTTATTAAAGTTACGATTTGACAAAGAAAACGTCACTGGCATTAGCACATCGGTAGACAATCGGAGCAAAGGCTCCAA
TGAGAACGTGACTTTGTTTTTATTGGATGGTTAAACAATAAATGGGAGGCCGACATTCGTTGTTCCAATGAGAAATTCAATCTGGGGAGGCGCGT
GCGTTTAATAGAATTACGCCCTACGGATTGCCCAACAGTCTTTGCATTCAGGTATGAGTTGGTGATCCTACCATGTAACATTCTATTTCCATTTC
ATGGCATGTTATAAAGAAACGACTACGGTGTAGAAGGAGTTTGTTTTTAAGATGATTTCAACTAGAATGCTATTCCTTTGACAAACAAGTAGTTC
AACAAATTATTAAAATGTTGGTTACTATCGCATATGTTTCTACACAATTTTTTAGCAACTTGGCGATCTTTTGCCAATTAATAGTATGGTCATTT
CGCAATTTTCAAAACTTGTATATAATTTTCCTTGCAAAAGCGCTTGCAAAAAAAGCTAGAGTAGCTATCTGGATATGTAGAGATACATATGTATTG
ACTGGATTGTTTTAAACAATCCTGACATACGGATTGAATGTTTAGCGACGAGGAATGCAATTCGCGTTAATTCGCTTTGTTTGGAAGGCCGATAT
CAATTTACACATTACACAGCGTACGCAGCACCCACCCACCAACACACAAACACGCGCACACACACACCTTGAACTTTACAAGGCACGAGTGTG
GTTTCAAGGTTTTCCTTTTTGGGGGAGGGCATACGCTCACGCAAACACGCATACATACATACATAGGCACTAGGCAGGTGTTTCCTGAATGGTGT
ACAACGGTGGGTTACAGGTGAAAAGCGGCCTCGATTGGAGGCAGCAGCCCACAAGTTATTGCACTTAAATTTCGTATATTCGCTTTTGTTGTTTT
TTTTAGGCGCCTCTGTGTGCGTGCCTGCTACTGTGCTTGTGTGCGTTCAATTAGCACAACAACAAAGCAGCTGAGCGATTTCCTTTTGCTTTCCC
GACGCCCATTCGCGTAAATCCACTGGTCACTCACTTGATTAGGGCTTCTCGTGCTCTTAGTTGACCGTTTGGAGCGACTTCTGGCCAGTTCCTGT
ATCCAATCCTATTTTTTCAGCACTCGCTCGCCTCCTCACTCGTCGCCATCGCACTGGTATTGCGTTGTACTTTGTTTTGCTCCCTTTTGGGGCTC
GGACTCCTCGGGTTCCTTTAGTTGGTGGTCGTGGTTCAGCGGGGACAGCGCAGTGGCTGCGAAAAGAGCATGACAGTCGCGATAAGAACGCTTTG
GGTTTGGTTCACTTTTCTAATTATCGGATATTAGAATTTACATCCCACCCGAACACAGACACATATACAGGGCTAGAGCTGGAACTAAATCGATG
TATAGCTGCTGCTGGCTTCCTGACGGCGATGTTTTCGTACATCGATTACTCCCATATTTCGATAGCTATCGACTAAAATTTTAAAAATATTAAAA
TCCAGTATTCTCAGCAACTGTTTCAGATCATTGTACAGAATTTAGAATTCTCAACTTCAGAACCTGAAACCATATAGAAATATAATACTAAGATA
TAGCATTAATAACTAGTTTTTAAGATTCTAGAAGTACAAATACAATGAATTGGTTAAAATCAGTTTCTGTGCAAAATACTACTTGCCTTTTCGAA
TTAACCAAGAAAATTAACCGATTTTCAGTGGTGCGTTTATATTTTGTGTTGAACAATAATGCATTTGAGTTATGAAACATTAAAATCACATGACT
GCGGGCTACTTGATCCAGAGATACATTTTCCCCTGGATGGTGTGCTTGACGGGATTGATCTTCTTCAGGATTTTCGTCATGGTCTCGACCAAACG
GTCGCTGGAGACAGGCGTCTTCTTGTTCTTGAACTTGGTGAGCAACTCGGTGGCGGTCAGGGGCTTTCGCTTAAGATACCGACGCACCGCCTCCT
CGGTGATGCCGTAGTCCCTAAACAAAATACATGAAATTAGAATTAGGAATTCCAGTATATCACGGCTTTACTCACTCTACTTTGCCGCCAGAGAA
GGAAGTGGGCAGCGATGTGCTAATCTCGTTCTTAGGCCTCTTTGCTGGCGTGCTGGTGGGACTGTTGCTTGTGTCCGAAGCGGTGAGATCGCTGG
GTAAGCTGTTCATCTTGCGCTTGCTGGCATCCGTCGAGAGCGTTGGAGTGGCCGAGCGAGATTTATTGGCATTGCTGCTGCTGGCGATGACCTTG
CTGCTCGCAGCGCTCTCTTTCTCCTTTTCCTTTTCCTTGTCTTTGTCCTTGACGACGACCTTCTTCTTGGGCGGTCCGTTGCTAAGGTCGTCCTC
GGAGTCTG
(SEQ ID NO: 1129)

Exon: 5848..5545
Exon: 3824..3547
Exon: 3446..3274
Exon: 3214..3123
Exon: 3057..2864
Exon: 2802..2607
Exon: 2469..2116
Exon: 2051..1904
Exon: 1835..1001
Start ATG: 3657 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT28877
TTCGGGTGGGATGTAAATTCTAATATCCGATAATTAGAAAAGTGAACCAAACCCAAAGCGTTCTTATCGCGACTGTCATGCTCTTTTCGCAGCCA
CTGCGCTGTCCCCGCTGAACCACGACCACCAACTAAAGGAACCCGAGGAGTCCGAGCCCCAAAAGGGAGCAAAACAAAGTACAACGCAATACCAG

TGCGATGGCGACGAGTGAGGAGGCGAGCGAGTGCTGAAAAAATAGGATTGGATACAGGAACTGGCCAGAAGTCGCTCCAAACGGTCAACTAAGAG
CACGAGAAGCCCTAATCAATCCGAAGTCCAAGCGCACAGAATCGCTGGCGGTGGGACACAGATGAGACATGCGAATGGTGCGGATGTTGAAGACA
AATCGCTACAGCACTGGACATAGCGGACTAGAGCAATAACAGTACAGACCAAGTCCCGATCATCTCCAGAACGTGTGTCCTCCGCGACAGAATGT
CCAAGAGAAGTTGCCAGATACTCACCCTGTTGGGCTTGTGCCTGGTCTGTCATGAGGCGACCTTGGTCGGGGGCCACGTGCTGGTTTACCGGAAA
GCAACCAGCCAGTTGATCGAGGAGTTCAATGATCTGCCAGCTCAATTCGGTCCCAATCTGCCTTCAAATGGTCTCAAAGTGTATGTGGTTCCCGC
TAGGCGCCCTTATTACGGTTGTGATAGCCTGGACAGACCACCGCACCTGAAATACCCACCCTCAGCCAAATTTGTGGCACTTGTAGCGCGTGGCG
AATGCGTCTTTGAGCGTAAGATACGAGTGGCCCAGAATGCGAGTTATTCTGCTGTGATTGTTTACAATAATGAAGGCGATGACTTGGAGCAAATG
TCCGCCGAAAACATAACGGGTATAAGAATACCCTCGGTTTTCGTGGGCCACACGACGGGTAAAGCGCTGGCCACTTACTTTACGACCGAGGTGGT
GCTAATCATCAACGATGAGCTGCCCTTCAATATCAATACACAGTTAATATTGCCGTTTTCCATTCTGATCGGTATGTGCTTCATCATAATGGTTA
TCTATATGATCTACAAGTGCATCCGCGAGCAGCGCCGCTTGCGTCGCCATCGACTGCCAAAGAGCATGCTGAAGAAATTGCCAGTGCTCCGATAT
ACCAAGAACAACGCAAACAACAAGTACGACACCTGTGTGATCTGTCTGGAGGACTTCATAGAGGACGATAAGCTTCGCGTGCTGCCCTGCTCACA
TCCCTATCACACGCACTGCATTGATCCATGGCTTACCGAAAACCGTCGGGTGTGTCCCATTTGTAAGCGCAAGGTTTTTACGAAGGGCGAAGCGC
GTGCAAGTCGGAGTCGACAGCCTTCTTTGGATAATGTCACGGATACGGATGACGACACAACGCCGCTGCTGCAGCAACAGCAGTCCAATGGTAGG
CAGGTGGGTCAAGTGAGCTCGGCTTCTTCGGCTGGTGGAGCAGCTGGGAGCAGCTCAAGCGTTGCGGCGGCGGCTGTCGCTGGAACCACGCGACA
TGGAACCTTCCGCCGTGGTCACGCCGGTCGAAATCCGTTCGAGGAGTCCCAAAGCTCTGACGATGAGAACGCTCTGCTGGCCTCTACTGTGCGCC
CGGCCACGTCTTCTGGAGCACATGAACGCATCAATCCCTTTGATCGTGCTCCGAATCTACCGGCCCACCTAGCCGAACAGTTAACTGAGAGTCGT
CGCTCGGTCTGGTCGAGAATAAATTTTGCCTCGTTCTTCCGCCGGCAGCCAGCTGTTATTAGTGTGGCGGCGCCACCCTATCTGGAGCGCGTTGA
GTCCGGTACCAGTGCCATGGGTCTGCCGGTGACGGGGACAATTGCTGTAGCCTCGCCCGCATCGAACAACATCCTCAATCCGAATTTAAGCGGCT
CCTTTAAGGACGAAGACGATATGCCACCGCATCGTTCGATCTACGAACCGATAGCAATCAGCACGCCTGCAGCTGACTCAGCAACAGTCGACGAT
TCGGCGTTTCTGCAAACGCCCACGCAAGGCGGCATAGGCGTGGCCGCCCTGCCGCACAGCGCATCCGATCGCCAGTTTCTCATATGAGGCGAGCT
AGTTCGCCGCGAGTCCTTAGCCTGTAGGTTGTAGGTGGTCGTCGATCCTTGAGAGATGAGACATGAGCCCAGCCTGGGTACGAGTTTTTCGTTTG
GGTTCGCGATCAGCGCTGTGGCTGCCAGCTTCTTTGTTTTAAACAATTAACATATGTTTATTATTAATATTAATAAATATGTAGCCGAACCTTGT
GTTGGACTGTGCGCTGTCCCACTTCCAGGGCACCCACCCACAAAAATCCACACAGACACGATACACACACACGCGTCATTTATGTGCGTATAGAA
ATTGTGATTTATTTTATATACATTTTACAATTAACCCAATAATTGGCAAACGAAATACAGCCTCGCCGGCAAACTCCCAACCAAAAATGTAAACG
ATAGATGGAAGAGAAAAAATACCAAGTTACCACATCTAAGATTAAATTGTTTACCTGATTCGCATGAATCTTTGATTCAGTTGTTCTACAAAATA
AAAAAAAAA
(SEQ ID NO: 1130)

Start ATG: 472 (Reverse strand: CAT)

MSKRSCQILTLLGLCLVCHEATLVGGHVLVYRKATSQLIEEFNDLPAQFGPNLPSNGLKVYVVPARRPYYGCDSLDRPPHLKYPPSAKFVALVAR
GECVFERKIRVAQNASYSAVIVYNNEGDDLEQMSAENITGIRIPSVFVGHTTGKALATYFTTEVVLIINDELPFNINTQLILPFSILIGMCFIIM
VIYMIYKCIREQRRLRRHRLPKSMLKKLPVLRYTKNNANNKYDTCVICLEDFIEDDKLRVLPCSHPYHTHCIDPWLTENRRVCPICKRKVFTKGE
ARASRSRQPSLDNVTDTDDDTTPLLQQQQSNGRQVGQVSSASSAGGAAGSSSSVAAAAVAGTTRHGTFRRGHAGRNPFEESQSSDDENALLASTV
RPATSSGAHERINPFDRAPNLPAHLAEQLTESRRSVWSRINFASFFRRQPAVISVAAPPYLERVESGTSAMGLPVTGTIAVASPASNNILNPNLS
GSFKDEDDMPPHRSIYEPIAISTPAADSATVDDSAFLQTPTQGGIGVAALPHSASDRQFLI*
(SEQ ID NO: 1131)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384547
GCGCGGCTCTCCTCATACTCCCGGGCCACATCCGTCAGGCTCTTGGCCTCGGCGGACTCCTTGTTGTTGCTGCTGCTGCTGCAAATGGATGAGGA
GGCAGCGGCCTCGCTGGTCTCTGTGGTCTGGGCAGCGTTCTGAATGACGCTTGAGAAGAGCAATGGCGCCGAGGACGACGTAGCAGCGGTGGAGG
AGGAGGCAGCCTCCTGGGCTGATACCGAGCTGGCTGCCGTATCTGCATCCGGCTCAGCGGTGACCTGTTCAGCATTGGGGGCCACCACACGTTCA
TGCACATTCTGGCCGAAGACGAACCCGCTGGACTGAACATTTGGCATGTTGTTCTTGGCTGCTGCAAACATGCTGGAGCGCTCAATGCCATTGCT
ACGCAGCTTGGTCAGCGGATCCGGCCGCTCGTCGACATCGTCGTCCTCCTTGTCGCCAGTGGACTCGGCTGCCGCAGATCCGGTGGCCACCACCT
CCTCGTCATCGTCGTCGTCCTTGGACTCGCGCAGAAACGGATTATTCAGCAGGGCGCTGTCTTCACCTGCACTTGGGGATGTGGAACTATTGTTG
GAGCCGCTGCTGTTTGCCAAGACTGCTGGGCGCAGGACAGCACCGCCCAGGCGAGAAGCCTTCAAGGTGAAGCCACCTCGGAAACAGTTAGTTTC
GACTGACGCTTCTGGAAACAAGGGGGAAAAAACAAGACTCGTTTGTCAGTTTGTTGCGAACTCTTCAAGGGCACAAGATTCGCGATATTTGGCAA
CTTTAAGTTATAGCAAGCATTACAGCTTGTTTTGCTACGCTTACCATTATTTTCAGACATTGCAAACTAGTCTACTTGCAATTTTAAAATATAAA
TTGCCAAATCTTTTACAGAATAGAGCGTTCTGTGTAAAGCCTGCCGTATTGTTATCGCTGTGTTATCGCTGTCACTATCGATAAGCGCCGGCGAT
GGCGCTCTGTTGTCAACACTGACTTTTTCAGTGTTGCTTACTTGCCGCTGAAAAACAAGAAATTTACAAGTCATCGACAGAGTGTTTGCCCAAAA
AGATCGGCAATAATAGCATTTTAACAAAGAATTACATTCAGCAACGGCTAATCAACAATCGTATTAGACATGGCTCAGACTCTGGAGGATAAGTC
AATCTGGGAGGACGGGGAGGAGTCCCTGGGCGAGGAGGTGATGCGTATGTCCACCGATGAAATTGTGAGCAGGACTCGCCTGATGGACAACGAGA
TCAAGATCATGAAGAGCGAAGTGATACGCATAACGCACGAGATTCAGGCGCAAAATGAGAAGATCAAGGACAACACCGAAAAGATCAAGGTAGGG
ATGACAATGAAACGCCACCCTGCCAAATAGCCTCATTTGTTAAGTACTTCCCCATTAGGTCAACAAGACACTGCCCTACCTGGTGTCCAATGTAA
TAGAGCTGCTGGATGTGGATCCACAGGAGGAGGAGGACGACGGCTCCGTCACCGTTCTGGACAACCAGCGAAAGGGCAAGTGCGCCGTCATCAAA
ACATCCACTCGACAGGCGTATTTCCTGCCCGTCATCGGCCTGGTTGATGCCGAGAAACTGAAGCCAGGTGATCTGGTCGGAGTCAACAAAGACTC
CTATTTGATCCTGGAAACCCTGCCGGCAGAGTATGATGCCCGCGTAAAAGCCATGGAAGTGGACGAGCGACCTACAGAGCAGTACTCCGACATTG
GAGGTTTGGACAAGCAGATACAGGAGCTCATCGAGGCAGTGGTGCTGCCCATGACGCACAAGGAGAAGTTCAAAAACCTTGGCATTCACCCACCC
AAAGGTGGGTATCTCACTCGAACAAATGTCACACAACCATATTAATCCTTGCCATTTACAGGTGTCCTTTTGTACGGCCCCCCTGGAACTGGCAA
AACATTGCTGGCCCGTGCCTGCGCCGCTCAGACAAAGTCCACCTTCCTCAAGCTGGCAGGTCCCCAGTTGGTGCAAATGTTCATCGGTGATGGTG
CCAAGCTGGTGCGCGATGCCTTCGCCTTGGCCAAGGAGAAGGCGCCTGCCATTATCTTCATTGACGAGTTGGACGCCATTGGCACCAAGCGTTTC
GATTCGGAGAAGGCCGGTGACCGTGAGGTCCAGCGAACTATGTTGGAGCTTCTTAATCAGCTCGATGGCTTCAGTTCCACTGCAGATATTAAGGT
GATTGCGGCCACCAATCGCGTAGACATTCTGGATCCTGCTCTGCTGCGCTCTGGTCGTCTGGATCGTAAGATCGAGTTCCCACATCCCAACGAGG
AAGCCCGTGCCCGTATTATGCAGATTCACTCGCGTAAAATGAACGTTAGCAATGATGTGAATTTCGAGGAATTGTCCCGATCCACGGATGACTTC
AACGGCGCCCAGTGCAAAGCCGTCTGTGTGGAAGCTGGTATGATCGCACTGCGTCGCTCCGCCAATTCGGTTACGCACGAAGACTTCATGGACGC
CATCATGGAAGTGCAGGCGAAGAAGAAGGCTAATCTTAACTACTACGCTTAGACTAAAAATTTGCAGTTTAACTTCACATTGTCAGCTCCCATTA
AAATAAACCATGGAAATGTAAAATTTTTCAGTTTCGATCTGAGTTGCCCCTTGAAGATCGCCTTTAAAATAACATCGCAACGGCTCTTAAAAGTA
ACTAGAATGGGAGACGTACTGAAATCAATACCCAACCTTTTTAAAATAAACAAAAATATATATCAAATGTCGAGCGATTCATTGGTTTATCAGTA

Date Recue/Date Received 2020-08-28

CAACATTTACATTCTGAGTACGATATTTTTTAAATATCTAAAAAGGTCGGTTTTAGAATTAATAAAAAATATTACATCGGGCGAAATTAGATGAT
AAATATTTACACGCACACTAATTAACCTAGAGGGATGATTTACCAAGTTACTAAGACTAACCAGTGGGATCGAGTGTGTTAGCGCCATCCGGCGC
CGCAGATGTCGTGCCACTTCCCCCTTGTGACGCTGCATCGACAAGGGACGTGGCAGTGGTTGATGAGGTTTCCGTAGAGGAGGACGCGGCCACAG
CATCGTGAGATGAAACTGCGGCGGCAGGTGGTGTGACGCCCACACCTTCGACCACTGCGGCTACAGGTGCTGCTTCCGCTCCAACCGGCGCCAAG
TTAACTGGCGCAGCAGCAATGTCATCTGCAGCTGGCTGCTGTGCCGGCTGATCCGGCTGCTGAAATGGACGCCTCATGTACATGATGATGCCCAG
CAGTAGAGTTAGAACGGTAATCATGTACAAGTCCCAATTGGCAGCAATATTTTCATCCATGTAGAAGATGAACCTGTAAGGTGACTAAAGGGGAA
CAACATTAAAAAGCTAGTAAACAGTTTATCCATAGGGTTGGGTAATCACCTCCTTGATTGATTCAATCGTGGCCAACATTTGTAGCTTAAAAAGC
GCAATGGCCACAGGCACTTTGGCGTCTGAATTGGTTTCCGCAGCCAAATCGTATAATCTCTTTGCCAGATGCCAGTCTTTCTTCATTCCGAGCCC
TTGCTCGTGCATGTATCCCAAGTTGAACATGGCTTGGGCATTATATTGCTGCTCAGAGGCTTTCCTGTAGGGATTGATGCGGTTATAAGTCGTTT
TCACACTTCATAGTTCATATTCAACTAACCTGTAAAGAGCAGCGGCAGTCTCGAAGTCCGTCGAAGTACCCCAACCGTAGTAATAGTAATCGCCC
AGCTTGACTTGGGCCGCAGAATAGCCCTGTCCGGCTGCTCGTTTCCAGTAGTAGAAGGCACGAATCAGATCTTCGTGCCGATCGTTGAACACATG
CACCTCCTTGCGGTCTAGTAAAAAGGCGGCATTACTTTGAGCCACCTCATAGCCCATTTCGGCCATCAACGAGTACTGCATGTAGGCCTCGTCG
(SEQ ID NO: 1132)

Exon: 1001..1324
Exon: 1389..1809
Exon: 1867..2894
Start ATG: 1115

Transcript No. : CT29122
AAAAACAAGAAATTTACAAGTCATCGACAGAGTGTTTGCCCAAAAAGATCGGCAATAATAGCATTTTAACAAAGAATTACATTCAGCAACGGCTA
ATCAACAATCGTATTAGACATGGCTCAGACTCTGGAGGATAAGTCAATCTGGGAGGACGGGGAGGAGTCCCTGGGCGAGGAGGTGATGCGTATGT
CCACCGATGAAATTGTGAGCAGGACTCGCCTGATGGACAACGAGATCAAGATCATGAAGAGCGAAGTGATACGCATAACGCACGAGATTCAGGCG
CAAAATGAGAAGATCAAGGACAACACCGAAAAGATCAAGGTCAACAAGACACTGCCCTACCTGGTGTCCAATGTAATAGAGCTGCTGGATGTGGA
TCCACAGGAGGAGGAGGACGACGGCTCCGTCACCGTTCTGGACAACCAGCGAAAGGGCAAGTGCGCCGTCATCAAAACATCCACTCGACAGGCGT
ATTTCCTGCCCGTCATCGGCCTGGTTGATGCCGAGAAACTGAAGCCAGGTGATCTGGTCGGAGTCAACAAAGACTCCTATTTGATCCTGGAAACC
CTGCCGGCAGAGTATGATGCCCGCGTAAAAGCCATGGAAGTGGACGAGCGACCTACAGAGCAGTACTCCGACATTGGAGGTTTGGACAAGCAGAT
ACAGGAGCTCATCGAGGCAGTGGTGCTGCCCATGACGCACAAGGAGAAGTTCAAAAACCTTGGCATTCACCCACCCAAAGGTGTCCTTTTGTACG
GCCCCCCTGGAACTGGCAAAACATTGCTGGCCCGTGCCTGCGCCGCTCAGACAAAGTCCACCTTCCTCAAGCTGGCAGGTCCCCAGTTGGTGCAA
ATGTTCATCGGTGATGGTGCCAAGCTGGTGCGCGATGCCTTCGCCTTGGCCAAGGAGAAGGCGCCTGCCATTATCTTCATTGACGAGTTGGACGC
CATTGGCACCAAGCGTTTCGATTCGGAGAAGGCCGGTGACCGTGAGGTCCAGCGAACTATGTTGGAGCTTCTTAATCAGCTCGATGGCTTCAGTT
CCACTGCAGATATTAAGGTGATTGCGGCCACCAATCGCGTAGACATTCTGGATCCTGCTCTGCTGCGCTCTGGTCGTCTGGATCGTAAGATCGAG
TTCCCACATCCCAACGAGGAAGCCCGTGCCCGTATTATGCAGATTCACTCGCGTAAAATGAACGTTAGCAATGATGTGAATTTCGAGGAATTGTC
CCGATCCACGGATGACTTCAACGGCGCCCAGTGCAAAGCCGTCTGTGTGGAAGCTGGTATGATCGCACTGCGTCGCTCCGCCAATTCGGTTACGC
ACGAAGACTTCATGGACGCCATCATGGAAGTGCAGGCGAAGAAGAAGGCTAATCTTAACTACTACGCTTAGACTAAAAATTTGCAGTTTAACTTC
ACATTGTCAGCTCCCATTAAAATAAACCATGGAAATGTAAAATTTTTCAGTTTCGATCTGAGTTGCCCCTTGAAGATCGCCTTTAAAATAACATC
GCAACGGCTCTTAAAAGTAACTAGAATGGGAGACGTACTGAAATCAATACCCAACCTTTTTAAAATAAACAAAAATATATATCAAATGTCGAGCG
ATTCATTGGTTTATCAGTACAACATTTACATTCTGAGTACGATATTTTTTAAATATCTAAAAAGGTCGGTTTTAGAATTAATAAAAAATATTACA
TCGGGCGAAATTAGATGATAAATATTTACACGCACACTAATTAACCTAGAGGGATGATTTACC
(SEQ ID NO: 1133)

Start ATG: 115

MAQTLEDKSIWEDGEESLGEEVMRMSTDEIVSRTRLMDNEIKIMKSEVIRITHEIQAQNEKIKDNTEKIKVNKTLPYLVSNVIELLDVDPQEEED
DGSVTVLDNQRKGKCAVIKTSTRQAYFLPVIGLVDAEKLKPGDLVGVNKDSYLILETLPAEYDARVKAMEVDERPTEQYSDIGGLDKQIQELIEA
VVLPMTHKEKFKNLGIHPPKGVLLYGPPGTGKTLLARACAAQTKSTFLKLAGPQLVQMFIGDGAKLVRDAFALAKEKAPAIIFIDELDAIGTKRF
DSEKAGDREVQRTMLELLNQLDGFSSTADIKVIAATNRVDILDPALLRSGRLDRKIEFPHPNEEARARIMQIHSRKMNVSNDVNFEELSRSTDDF
NGAQCKAVCVEAGMIALRRSANSVTHEDFMDAIMEVQAKKKANLNYYA*
(SEQ ID NO: 1134)

Name: 26S proteasome regulatory subunit 6A
Classification: endopeptidase
Gene Symbol: Rpt5
FlyBase ID: FBgn0028684

Celera Sequence No. : 142000013384415
CAGCAATTAGCATATACTACATATATACATATGTATATGTATATTTGGTGTGTGATTGGCATGAAACCGGCATTCTGTTTATTTACCCATCCAAT
TGGCGCCAGGTGAGTCCAAATATTTCACTTTTGTCCACTTTGATGTGTTTGCGCAGCCAATTCCTAGACGCTGTCGTAGACATCGAGATTACAAC
GGATTTTCGGGGGCGAAATATGGTAATATATGCAAACACGCTTTTATTTTATTACGTCGGGCTTGCCTGCAAATAATTTGGCATTTCAATTTTGA
GTTGGTTGATTCATCTGCGCGTAAACATGATTTCGTTTTTCTTTGTAAACTCAGTAAATACGTTTAGTTTATAACTAGTTTAGCTACGTTGTAAC
GAAGTGGAAAGCTTATGAATGGCGGTTACTTTTCAATTTTTAATGAATTCACGATGAGTTTGGGAATTTTTGGTGGCATTCTGGTTTGATGTGGT
TTAATCGTTCTGAATGGCATTAACTTTTTCTGGTTCTTAAATATTAATTTCAAGTCTGGAAATTTCTAGCAATGCTTGTTTTTCACAACAAACTA
AGGTTTAAAAATATTAATATTTGTGTTCGTTAGGGATAAAAATTAATTTGTTAGCGAAATAATGTTTGAAATCATTTAAAGTTTCCAACTATTCC
GGACTAAGAGCAAAAATTAACCATAAAAATTTTTACTTAATTTTTGTATTACTTATTTATATAAGATTTGGCTTGGAATGTCCAACAGCACAATC
TAATAAATATAAAGAAAGATTATAAAGCATACATATAGTTTACACTTTTTCAATACTTTAATATATTCTATTGTTTATAACGAATTTATTGATTA
CAAATATTTTCAAATTTGAAATTGAATTGTAACCGCCTTTGACTGGTTCCGAATCGACTGGCTCTCCACGGAACATATCGCCACATGCGGTATAA
TCAATGCAGCTCCCTACGGTCATACTATTAACCACATCCACATCAGAAGTCTGAAATCTGATTTAAAAACTCTCACGAAACTTACTTAAAACCAG
GTGAAATAAAGACTGAATACATTCTGGAGGCAAGACAAGCTGAAGCAGTATGAGTGGCAAGCAGGTAGTCATCCTTCTGGGCAGTGTCCTGATCC
TGGGATGCTTACAAGTGGCAGCGGCAACGGAAACGGATAACAAAACCAACGATTTCGTGGCCACCGACGAATGGCAGACGATTGCGGAAGGTTAA
TGGCTAGCCAGGCTAACTCTCGGATGACGTGTACTAAGTGAGCACTCTATATTTCCAGGTCAAGCTATTCCAAGGGGCCTGCACGTGCGCATCAA

Sequence Listing - 612 - 612

CCTACAAACGGGGCTCAAGGAAGCCAAACTCTTAGACGAAAGCGAACGTGGCACGTCGCTGCAGAGTCAACCGGATGATCAGAATGCTCGGGAAT
CTCACGATGACAACGAACCCCTGGCTCTGGACTATAAACCGGACATAATCGAGGAGTCTATACGGCGGGTCAAGGAGCAGAAGAAGAGCTATGCC
GAGCTACGCAAAGCGTACAAAGAGTTCCAGAAGAACTTTCGCACCGACGGAGAACTGATCGTCCAGTTAATCGATCAGTTTCGGAACTTCAGCAG
AACGCCGCTAGAGTCAGAGATGCGCTCCAAGCTGGACTGCCTGGAAAATCTGGAGTATTTGCTCCATCAGATAGACAATGCCTTGATGTTCATTG
ATAATGGGGGATTGGATGATGTACTACTGCCCATTGTTGTGAACGATACCAGTACATCCCTGAGAGTGTCGGCCATGCGTGTGTTGGGCTCGCTG
GCGAGCAACAATCCCAAGGCCCAGATCAAGGTGTTCGAAAAGAATTTCGGGTCTCATCTGGCTCAGATTCTGACCAGTTCCGGAAATGTCGGTGA
GATCTCCGCTGCATTGCACGCCTTTGGAGCCTTGTTGCGGAAATTTCCGCTAGCCCAGCAGCGAGTGCTTTCCACCTCGGGTACACAGGCTCTGA
TCAAGGTGCTCCAGAGTCCGGATGTGGAGCTGCGGAGCAAGGCGAAGGTAGTGACTCTCATAAGCGACCTAGTGCTGGAGAAGCGGTCAGTGCTG
GATGTCAGCAAAGATGATCCCGAAGCCTCATCCACAATGGCGCAATATGTGCTCTTGGACTTCGAGTCGTGGCTGAAAACGCCGGGCTACTGCGC
GGCGGTGGACACTGTGCTAACCAAGGAGTTCCTGCTCCTCCTAGAGCAACCGGAGGTGGTGGAACAGTTTGCCACCGCATTGGAGACCACCGAAG
ATATGTGCACCAGCACGTGGTCGCAAAGTTCCGGTCTCAGGCATGCACTATTAACCGTTCGCAATCGGTATGCCAACAGCACGGACGAGTACCGA
CTGGAGGTGTCCCAGATTTTGGCCAAACTGTGCGAGAGATTGTTCAACAAGCCCAAGCACACCGAACTGTAATCCTAGCCAATTTACTATGTTAT
TTATGTTAATTTCATTTAATTGTAAGCTGAGTTGGAATGAAATTCGCAGCCAAACCATAGAATACGATAGCTAAGATGCCAAGTACTTGTGATGC
AAAAATAATGCTCTTTGTCATTAACTTAGGATAGCAATCAATCATGCCAAACATCTACAGGATTTTCGTTATCAAATATAGTCTCTTACTTAAGA
TTATTTTAAGTGTGATTTTTTTTTAATAGGCAGACGATTCACCAACGAGCACATCAAAATAATTATGTTGTTACACGTCATTAAACTAGCAAAAA
TTTGTATGCTACAGAATTGTTCTCCAAACAGATTATGAATCCTTAAAGCCTTAAGTTCTTGTTTATTGTAGCTACAATAATAAAGCAATGACCTA
ATGTTTAATTTAGAAATTCTTTCTTAAATCAGTTGACTTCTTTTCAGTGGCATATTCTTAAAATGTAGTGCTAAATTATGAAAGGAAATGTATTT
TCAATCAAGAAATCGCATTAGGAGATTGGATATTCCACCCCTATAGAACTACAGACCCATTTAAAGCCCGATAAGGCGAGCATAATCGACCGGGC
CATAAAGTAAGTCAAAAGTGTCGGAAGGAAAGCAAAAACGCCGAGGAAAGCATGTCCCAAAAAACCACTTGAAGTTTGAATGTGAGCCAAACGAA
GCCACAAGAACAGGGAAAACCTGGCACGGAACTGTACAGGAGGAGAAAGGACATCGGAGCAGGAGAGTGCAATTATGTGCCGGCAAAGTTGGAAG
TTGGAGTCGAAGTCCAGCGCGGGAATTACAGCAATTAGCGGCAGTCACATGCAAATGCAATGTCACTGGGGCTGAGTCACGACGGTGGATGGTCG
GATAGGTGGAGTGGTAAAGGTGAAGCAGCGCCTGGAAGGGAGCCGGCTAGGACGCCGCCTTGGTTCCCATGGCTACTCCATGCAATGTAAACAGA
GAAAAGGGGTTGCAAAGCCGGCTCAGT
(SEQ ID NO: 1135)

Exon: 1001..1230
Exon: 1294..2447
Start ATG: 1095

Transcript No. : CT29244
CTGAAATCTGATTTAAAAACTCTCACGAAACTTACTTAAAACCAGGTGAAATAAAGACTGAATACATTCTGGAGGCAAGACAAGCTGAAGCAGTA
TGAGTGGCAAGCAGGTAGTCATCCTTCTGGGCAGTGTCCTGATCCTGGGATGCTTACAAGTGGCAGCGGCAACGGAAACGGATAACAAAACCAAC
GATTTCGTGGCCACCGACGAATGGCAGACGATTGCGGAAGGTCAAGCTATTCCAAGGGGCCTGCACGTGCGCATCAACCTACAAACGGGGCTCAA
GGAAGCCAAACTCTTAGACGAAAGCGAACGTGGCACGTCGCTGCAGAGTCAACCGGATGATCAGAATGCTCGGGAATCTCACGATGACAACGAAC
CCCTGGCTCTGGACTATAAACCGGACATAATCGAGGAGTCTATACGGCGGGTCAAGGAGCAGAAGAAGAGCTATGCCGAGCTACGCAAAGCGTAC
AAAGAGTTCCAGAAGAACTTTCGCACCGACGGAGAACTGATCGTCCAGTTAATCGATCAGTTTCGGAACTTCAGCAGAACGCCGCTAGAGTCAGA
GATGCGCTCCAAGCTGGACTGCCTGGAAAATCTGGAGTATTTGCTCCATCAGATAGACAATGCCTTGATGTTCATTGATAATGGGGGATTGGATG
ATGTACTACTGCCCATTGTTGTGAACGATACCAGTACATCCCTGAGAGTGTCGGCCATGCGTGTGTTGGGCTCGCTGGCGAGCAACAATCCCAAG
GCCCAGATCAAGGTGTTCGAAAAGAATTTCGGGTCTCATCTGGCTCAGATTCTGACCAGTTCCGGAAATGTCGGTGAGATCTCCGCTGCATTGCA
CGCCTTTGGAGCCTTGTTGCGGAAATTTCCGCTAGCCCAGCAGCGAGTGCTTTCCACCTCGGGTACACAGGCTCTGATCAAGGTGCTCCAGAGTC
CGGATGTGGAGCTGCGGAGCAAGGCGAAGGTAGTGACTCTCATAAGCGACCTAGTGCTGGAGAAGCGGTCAGTGCTGGATGTCAGCAAAGATGAT
CCCGAAGCCTCATCCACAATGGCGCAATATGTGCTCTTGGACTTCGAGTCGTGGCTGAAAACGCCGGGCTACTGCGCGGCGGTGGACACTGTGCT
AACCAAGGAGTTCCTGCTCCTCCTAGAGCAACCGGAGGTGGTGGAACAGTTTGCCACCGCATTGGAGACCACCGAAGATATGTGCACCAGCACGT
GGTCGCAAAGTTCCGGTCTCAGGCATGCACTATTAACCGTTCGCAATCGGTATGCCAACAGCACGGACGAGTACCGACTGGAGGTGTCCCAGATT
TTGGCCAAACTGTGCGAGAGATTGTTCAACAAGCCCAAGCACACCGAACTGTAA
(SEQ ID NO: 1136)

Start ATG: 95

MSGKQVVILLGSVLILGCLQVAAATETDNKTNDFVATDEWQTIAEGQAIPRGLHVRINLQTGLKEAKLLDESERGTSLQSQPDDQNARESHDDNE
PLALDYKPDIIEESIRRVKEQKKSYAELRKAYKEFQKNFRTDGELIVQLIDQFRNFSRTPLESEMRSKLDCLENLEYLLHQIDNALMFIDNGGLD
DVLLPIVVNDTSTSLRVSAMRVLGSLASNNPKAQIKVFEKNFGSHLAQILTSSGNVGEISAALHAFGALLRKFPLAQQRVLSTSGTQALIKVLQS
PDVELRSKAKVVTLISDLVLEKRSVLDVSKDDPEASSTMAQYVLLDFESWLKTPGYCAAVDTVLTKEFLLLLEQPEVVEQFATALETTEDMCTST
WSQSSGLRHALLTVRNRYANSTDEYRLEVSQILAKLCERLFNKPKHTEL*
(SEQ ID NO: 1137)

Celera Sequence No. : 142000013384415
TAAAGAATGTTTCATAGGCTCTAAATCGAGATTTTGTGAGGCTTCTAATGATTGGGCATTCAGCATTTTTTCAAGAATTTTGTAACCGACTCAAA
AAATCTTTAGAATGGTTGGTTATTCGGATCGCATATACTTAGCTTGTTTGTCTTATTTTTATTTGGATGAGCGCCAAAATTTTGCTGCGTCAGTC
TGGAAAAAATTGAATCAAATGTGTATAGTTTTATAGAAGTTGGGAAGCGGAATTTATTTATTTATTTAAATATTTATAATTAAAAAAATGAAAAT
AGTCACGTTGTTTAACTAGTCAGTATTCGAACCAACAAATGTAAAATGTATACTGGTTTGTGTCTAAGCTAAGCTTGTCATATTAACGGAGCTGC
CAGATGTTAGGAAGTGGGGATGCCATACATTATTCTAAATTTGCGCGCAATTTTAGAAGCTTATCGTCGTCAGAATTACAAAAACAAATTGAATA
TGAAAATGGGTTATTGCTACTTCATTATTATTGTCACGATATATGATAATTTATACAAAATGTGATAAATCCCAAATTGTTAAATAATGCTTTGG
CTTGCTTTATACAAAACCACTAGATAATTAAAATATAGGTGGCCTAAATTGTTGCATGTTGTTTTATAATTAATCAGCAATTTGATTTGGTTGTG
ATCGACCAAATCAGTGTGTATAATTGTAGTTAAAATGTAAAGTTCGTAATGGATTATTGAATCGCATTTCAAATTTCTTTAAATGCGCCCGGGTC
AATGACCTTTTGAGGTGACCATAAATTGAAACTTATTTGTGCGACGGCAACCCTGTTCTGGGACTCGACATGATATCGATACGTTAACAACAAAG
AGTCTGGACGCCATCATTCTTCCTCTTTCTCCTGAATTCGCAGACAGCGTGGCGTCAGGCATTTCAAACGGTAAAAAGAACCTGGCGATAAGGAA
AGATTTAAAAGGCAAAAATCGAGTGATTTGTGTGATTTAACTTAAGAATAATGCTTAATGCACGTGACGTGTGTCCTGAGGGCAACGACGACCAG
CAGTTGGACCACAATTTTAAGCAGATGGAGGAGCATTTGGCCTTAATGGTGGAAGGCAATGAAAACGAAGATCCGAGGAAAGCCACTTGTGAGTA

CGAGGATACGAACGAAGATGGTGCAACCTGCACATCGGGCGTTTTATCCGAAATCCAGGAGAACTTCGGTAGACTCCGGTTGTGTGACGTTACTG
CACCACTCCTCGAATTCCACGGTTTGGATTGCTTGCAACAGATTCAAAAGCGCTCGCGCCATTTTGCATTCGACGGTTCTCCGGCCAAGAAGTCG
CGATCCGGAGGCGTGTTGGTCACCGGGCCAAAGCAGAAGCAACTGCAGAAGGAAAATGTGTGGAACCGGAAGAGTAAAGGCTCTGCGTCCGCGGA
TAATATTGAGAAACTGCCCATAACTATTGAGAAACTGCATATGATTGGTCTGCACGGCGATTGGTGAGTCTTCTGGAGTATATCCCAAATATATC
ACATAATAAAAAGCTCCTTATCTAAACAATAGCTTAGAGCACAACGCCGTGCTGCGTTTGATGAATCTGTTCAGATCCCTGCATGATCACCTGAC
CGCCGATTTGGGCTTCTCGCGCCAAAACTCAATGCCCTCGGACTATCTGTTCGATATGCCGGTGAAGAGCACGATGCCTAAGAGCTTGAATGTGC
GCTACCAACTGCAGGTGCTGTGCACCAAAGTAGAGCGCTTCCTTGTCCAGCAGCGCCGCACCTTGGAGGCGAATCGCCACTTCGATTTCGAGAAA
TACGACGAGTGTGGACAAGTTGCTTAAGGGTTTCGCATCCTATTTGGACAACTTCAAACTGCTTTTAAAGCCCAAAATGCGCAATCGAAACGGAAA
CTCGGGGAGCAATGCGGACAAGTGTAAGCTGTAGATTTGCAAGCAACCATTCAGCTATTCCTGCAACGATTTTATTATTTACAGTCCATACTCAG
CGCATGGAGAGATTGCTAATTGGTCTGCGCGATTGGATCAAGGCTGCGCATCTCAGTGTGCACGTATTTAACTGGGAAATGGATCTGGAGCACCG
CTACTCCGGGGCCATGACCGAAAGCCACAAGTCGTTGAACGAGCGGGCCATCCTTTTGTCCGGTGCCGAGCTAAGGGCGGCCGAAGCGCGTGGAA
TCAGTGCGGAGGATCTGTTCATCGCCCAGAGATACAAACTGGGAGGTCCGATCTATTGCGTTCTGGAGCAGCATGAGTTCCTCTCCGCTCTGATC
GCCAATCCAGAGACCTATTTCCCGCCCAGTGTTGTCGCCATTTGCGGGCCACAGAAGCTTGGCGCAGTGAGCATGGAGCAGCCGTCAGCGTCGGA
GGAGGAGTTTGAGGAGACCGAGGAAGTGCCATCATCGCCACCTCGTCACACCGGACGTGTACCTCGCTTCAGAAGCTAAACTAATGCTGTGCACA
TCGATAAAAGAATGACAGCAAATATGCAATTTAAAAAAGCTACTCTTCTCATGGGAAGCAATAATTTCGTAAAGTAAACATATCTATAGTGTAAG
ATATATTTGTCCAATAGTGCGGACTCCATATTTGTATTCGTGAATAAGCTTATATAAGCTTTTTAAAAATATTTATCAAATCGATACAAACAAAA
TCAAAATGAAAACGATTTATTACCCCTGTTTTGAGATTGATAACAAATTTATATAAGTTTAACTGTGTTTACATTTATTTGGCAAAACTACAAAT
GTGTTTGCTTTTCACTTTTATAAATCTGTATTTTACTTAAACTTTAGAAATAAGAAATCCTTTAGTGCCTGAATTTATTTTGCAACTACGTTTTA
TTTGTATGAGGAACTTACCAGTTTTTCTTATTTGCTTTGCATTTGTATTTTGAAAGTCAAATAAATATTTACGATTTGTGTTTGGACTAATTAGG
GTGTTTGTACTAAGGTCTTAGACTACAAAGAGCTGTTCGAGCGGCAGTTTGCCAAAGATCCTGTCCACCACCGACTTGGCTATCAGTCCGAAGGC
CTCGCCAATGCCCGGTTTCAGTTCATTGAAGATGTCCTTCCAGTTCTCATTGATAAGCGCGTGCATGTTCTCGCTGAGATCTTTCTGGCCGTTGA
ACAGATTTTCCAGCTGGTAGGTCACATGGGATGGATCCAGCTCAACCTTTATGTTCATCACCTCGGCGTAGGTTTGATGATCGCCCTTGGAGACG
CGCTTCAATTTGATCTGTGCACGTACCTTTGTTCTAGCTGCGAATTCCAGAAACACATTAAAAATTTTAGATTTCAAAGCTGTGGGAGGCAAATC
TTACTGAGGCGTATGTCAGCAATGCCATTTCCGGTGATGGGCAGAATGAGTATTCTTCCGTCCACCGAGTAGGGTCCTCTGACTCCTATTTCTGG
AACTTCCATGACCAGCTCGATGGAGCGGCTGAGA
(SEQ ID NO: 1138)

Exon: 1001..1488
Exon: 1553..1923
Exon: 1985..2454
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT29276
ATGCTTAATGCACGTGACGTGTGTCCTGAGGGCAACGACGACCAGCAGTTGGACCACAATTTTAAGCAGATGGAGGAGCATTTGGCCTTAATGGT
GGAAGGCAATGAAAACGAAGATCCGAGGAAAGCCACTTGTGAGTACGAGGATACGAACGAAGATGGTGCAACCTGCACATCGGGCGTTTTATCCG
AAATCCAGGAGAACTTCGGTAGACTCCGGTTGTGTGACGTTACTGCACCACTCCTCGAATTCCACGGTTTGGATTGCTTGCAACAGATTCAAAAG
CGCTCGCGCCATTTTGCATTCGACGGTTCTCCGGCCAAGAAGTCGCGATCCGGAGGCGTGTTGGTCACCGGGCCAAAGCAGAAGCAACTGCAGAA
GGAAAATGTGTGGAACCGGAAGAGTAAAGGCTCTGCGTCCGCGGATAATATTGAGAAACTGCCCATAACTATTGAGAAACTGCATATGATTGGTC
TGCACGGCGATTGCTTAGAGCACAACGCCGTGCTGCGTTTGATGAATCTGTTCAGATCCCTGCATGATCACCTGACCGCCGATTTGGGCTTCTCG
CGCCAAAACTCAATGCCCTCGGACTATCTGTTCGATATGCCGGTGAAGAGCACGATGCCTAAGAGCTTGAATGTGCGCTACCAACTGCAGGTGCT
GTGCACCAAAGTAGAGCGCTTCCTTGTCCAGCAGCGCCGCACCTTGGAGGCGAATCGCCACTTCGATTTCGAGAAATACGACGAGTGTGACAAGT
TGCTTAAGGGTTTCGCATCCTATTTGGACAACTTCAAACTGCTTTTAAAGCCCAAAATGCGCAATCGAAACGGAAACTCGGGGAGCAATGCGGAC
AAGTTCCATACTCAGCGCATGGAGAGATTGCTAATTGGTCTGCGCGATTGGATCAAGGCTGCGCATCTCAGTGTGCACGTATTTAACTGGGAAAT
GGATCTGGAGCACCGCTACTCCGGGGCCATGACCGAAAGCCACAAGTCGTTGAACGAGCGGGCCATCCTTTTGTCCGGTGCCGAGCTAAGGGCGG
CCGAAGCGCGTGGAATCAGTGCGGAGGATCTGTTCATCGCCCAGAGATACAAACTGGGAGGTCCGATCTATTGCGTTCTGGAGCAGCATGAGTTC
CTCTCCGCTCTGATCGCCAATCCAGAGACCTATTTCCCGCCCAGTGTTGTCGCCATTTGCGGGCCACAGAAGCTTGGCGCAGTGAGCATGGAGCA
GCCGTCAGCGTCGGAGGAGGAGTTTGAGGAGACCGAGGAAGTGCCATCATCGCCACCTCGTCACACCGGACGTGTACCTCGCTTCAGAAGCTAA
(SEQ ID NO: 1139)

Start ATG: 1

MLNARDVCPEGNDDQQLDHNFKQMEEHLALMVEGNENEDPRKATCEYEDTNEDGATCTSGVLSEIQENFGRLRLCDVTAPLLEFHGLDCLQQIQK
RSRHFAFDGSPAKKSRSGGVLVTGPKQKQLQKENVWNRKSKGSASADNIEKLPITIEKLHMIGLHGDCLEHNAVLRLMNLFRSLHDHLTADLGFS
RQNSMPSDYLFDMPVKSTMPKSLNVRYQLQVLCTKVERFLVQQRRTLEANRHFDFEKYDECDKLLKGFASYLDNFKLLLKPKMRNRNGNSGSNAD
KFHTQRMERLLIGLRDWIKAAHLSVHVFNWEMDLEHRYSGAMTESHKSLNERAILLSGAELRAAEARGISAEDLFIAQRYKLGGPIYCVLEQHEF
LSALIANPETYFPPSVVAICGPQKLGAVSMEQPSASEEEFEETEEVPSSPPRHTGRVPRFRS*
(SEQ ID NO: 1140)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: bam
FlyBase ID: FBgn0000158

Celera Sequence No. : 142000013383897
CAAAATTACAATAAACCCAAAACGGAAAAAAACACCTGTAACTAAAGTACAATAGCTGGCAAATATCCTTCCTCAATAAACGTAATCTGCTCAAG
AACCTCTGCATCGCCTTTATTGAAGCACCCTGTATTTAGCATAAACAAAACCCGTGTCGGCGCTGCGCTGCGAATGTCATAAGATCCGGAGCGCA
CAAGGAACTCGGCAAAAGGCTGGTGGTTATGTATTCATCTCGATAGCTCCGCTCTCCAACCAGTTCATCCATGGCATTTCGGTTCTTTGGCAAGT
CCTTGCTGTACGCTCTGCCACTTGGCGTCACTTTCCTGGACTGCGTTGGTTATGTGGCCAGGGTGGATGGTGAGTCGTCCGGAGTTTATTCGCTC
CATGTTAGTGTGCGCTAATTAATCCACAACTTTTTGCAGGCATCTCCATGCAGCCCGCTCTCAATCCCGTGCCGGATGAAAAGGACTATGTGTTC
CTGCTGCGCTGGGGCACCCACAACAGTCAGGTGGAGCGCGGCGACATAATATCGCTCATTTCACCCAAGGATCCCGCCCAGAAGATTATCAAGCG
CGTGGTGGGGCTGCAGGGCGACGTCGTGTCCACGCTGGGCTACAAGCACGAGATCGTTCGCGTACCCGAAGGACATTGTTGGGTGGAGGGCGATC

ACACAGGCCACTCCATGGACAGCAATACCTTTGGACCCGTCGCCCTGGGCCTGATGTCCGCGCGGGCAGTGGCCATCGTGTGGCCACCGGAACGC
TGGCGAATACTGGAGAACGAACTGCCGCGGCGACGGAGACCCATACAGGCCTCCAAGAACTCCAGCAACTACTACAACTAGACTGACCAACTGGC
GGAGAGCCTGCGCCCAAGATAGTTCCAATTGTGTACATACTGAACCGTATATTTTATAAACAATTTGTTGTGTTCCCGCATGCAAAGCAAAGTAG
GATGTTCCAAAGTAAAAATTAAAGTTAAAGCCAAAGGAATAGCTCTTATACTACATCATTTTTAGCTCCCGAATGCCGAACTCCTCCATGAGGCT
GAGTGTCGGCTTGAGAGCCACGCCGGCGCGCACTATTTCATAGTAGCCAGGAGTGGCCAGGTCAATGACCGTGGAGGCCAGTCGTCGCTCCTCGG
TCAGACCGATTCGACCGGCATCGAAGACGGCGCCCAATTGGGGCCATAGGGAACGGAACTCGGACACCTGCAGACTGCTGGGCGCACTGGAGCGA
TTGGCGCTGGTCAGGGCCAGGGGCTTCTCCTGCCACACGGCGCACAGGTCGCGCATGAAGTTGAAGTCCGGAATGCGTATGCCGATTTTGGAGGT
GCTGGGATTAAGGAAACGGTTGCTCAGCTGGGACGTCCGCTCGATCACGATGGTCAGGGGGCCCGGGAGCAAACGAGTTAGCAGCTCGTCGCTGA
GATGGGCAGCCTGACCAAAGCGTCGCAACGCATCGATGTTGTGAACGCAGATGGCCACGGGCTTGTGTTCATCGCGACCCTTAATCTCGTAGAGC
TGCTGTATGGCTGTCTCGTTGTTGGCATCGCAGGCCAGGCCATACACGGTATCGGTGGGCAGGGCAATCACTTGGCCACCAAGCAGGCACTGGCG
GGCCAACTGGAGAGCAGCCTCGTCGCCCACCGCGCACACTGGAGTCCTCAGCTCGCTCGCTTGGTGCTGCATTCTGCTGGATGTGTGGTGAGCAC
GGAGCAGTCGATAAAGGCTCGTTTGAAGGCGGCGCATTAGTCTCGCCAGGTGTGGTTGCACTCGTGGTTGCAGCACTTGTAAAACGTGGTCATGG
GCTCATCCGCCGACCGCGTCTGGATTTGCATAAAGTACGCCCGCTTATGGCCGCACGTTGGACACTCTGCGTCCGTGGAGTCTACGTTCTCCCAC
GCCGCCTTGCCGCCCAGCACGTGATCCACCTCCTGGAAACACAGATTATCAGAGATATTATCATAAATTCGTAGCAAATTGCATCATCCAGTGGA
AAATGATCATACCTTGAGGCGTGGAAAGGTTTTCGTGGAGATCTTGCGCCTGATCTTCGATATGTACGGGCAGGTGTTGCACGTGAAGCGATGGC
AGTTGGTGTCCTCCTCGATAATCAATATATTTCCGCACGACGGGCAGAAAAACAACATAGTTTCGGAGAATCCGAATCCGCGCTGTTTAGTTTTT
TGATTTGAGCACGTTGAATTCTCAGTGTGACCGCGTATACGCTTAGATATACTAACTCAATAACATCACAATGTATACTGCAATACCATATGTTC
CACCGTTCCTCCATAGATGCTAATTTGAAGCACATTATAATAATTAATTAATAAATTAATTATTTGTAATAAATAAAAAATATTTTCAAATACTG
TTTGAAAATTTCATGTTCGGAATTTAGTGAATTTATTACTTAGCCCTAGCATATACTAACTGTATATTTTATGGTGAAATAAACGTATTTACCAT
CTTATAGTTTACGGTCATACTAATAGCATTATAAGAAATTTTGTTCGTTTTGCAAAAAACTATCAAAATAAACAATAAGCAACTCAATTTTTAGC
AGACATTAGAGTAGCAAAAGTTTTAAATCATGTCGGCCGATGTGCGTGATATTCTGGACATGGAGCGTGCCAACACGCCCGAGGTGACGCGGGAT
TCGTTTCTGGCCACCAAGAAGCGCAACTTTGAGCGGTAAACAAATGCATTTACATGTGTGCGATTCTCTAATTTACAATTTAATCATTTTAGGAC
CAAGACTGCGTCCCGGCGTCCGGAGGGCATGCATAGGGAGGTGTTTGCCCTGCTCTACACAGACAAGAAAGATGCTCCGCCTCTCCTGCCCACGG
ATACCGCTCTGGGAATCGGAGCGGGATACAAAGAGACGAAGGCCCGCCTGGGCATGAAGAAGGTGCGCAAGTGGGAGTGGGCGCCCTTTTCGAAT
CCGGCACGTAACGATTCGGCGGTTTTTCACCACTGGAAACGAGTCACCGACAATTCCACCGACTATCCGTTCGCCAAGTTCAACAAGCAACTGGA
GGTGCCCTCGTACACGATGACGGAGTACAATGCCCACTTAAGGAACAACATCAACAACTGGAGCAAGGTGCAGACCGATCACCTATTCGACCTGG
CCAGAAGGTAGACTCTTCATTAGACTTCTTATTAAGTAGCCAAAATTGTAAGCC
(SEQ ID NO: 1141)

Exon: 2189..2008
Exon: 1932..1001
Start ATG: 2148 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT29300
ATCAAAAAACTAAACAGCGCGGATTCGGATTCTCCGAAACTATGTTGTTTTTCTGCCCGTCGTGCGGAAATATATTGATTATCGAGGAGGACACC
AACTGCCATCGCTTCACGTGCAACACCTGCCCGTACATATCGAAGATCAGGCGCAAGATCTCCACGAAAACCTTTCCACGCCTCAAGGAGGTGGA
TCACGTGCTGGGCGGCAAGGCGGCGTGGGAGAACGTAGACTCCACGGACGCAGAGTGTCCAACGTGCGGCCATAAGCGGGCGTACTTTATGCAAA
TCCAGACGCGGTCGGCGGATGAGCCCATGACCACGTTTTACAAGTGCTGCAACCACGAGTGCAACCACACCTGGCGAGACTAATGCGCCGCCTTC
AAACGAGCCTTTATCGACTGCTCCGTGCTCACCACACATCCAGCAGAATGCAGCACCAAGCGAGCGAGCTGAGGACTCCAGTGTGCGCGGTGGGC
GACGAGGCTGCTCTCCAGTTGGCCCGCCAGTGCCTGCTTGGTGGCCAAGTGATTGCCCTGCCCACCGATACCGTGTATGGCCTGGCCTGCGATGC
CAACAACGAGACAGCCATACAGCAGCTCTACGAGATTAAGGGTCGCGATGAACACAAGCCCGTGGCCATCTGCGTTCACAACATCGATGCGTTGC
GACGCTTTGGTCAGGCTGCCCATCTCAGCGACGAGCTGCTAACTCGTTTGCTCCCGGGCCCCCTGACCATCGTGATCGAGCGGACGTCCCAGCTG
AGCAACCGTTTCCTTAATCCCAGCACCTCCAAAATCGGCATACGCATTCCGGACTTCAACTTCATGCGCGACCTGTGCGCCGTGTGGCAGGAGAA
GCCCCTGGCCCTGACCAGCGCCAATCGCTCCAGTGCGCCCAGCAGTCTGCAGGTGTCCGAGTTCCGTTCCCTATGGCCCCAATTGGGCGCCGTCT
TCGATGCCGGTCGAATCGGTCTGACCGAGGAGCGACGACTGGCCTCCACGGTCATTGACCTGGCCACTCCTGGCTACTATGAAATAGTGCGCGCC
GGCGTGGCTCTCAAGCCGACACTCAGCCTCATGGAGGAGTTCGGCATTCGGGAGCTAAAAATGATGTAG
(SEQ ID NO: 1142)

Start ATG: 42 (Reverse strand: CAT)

MLFFCPSCGNILIIEEDTNCHRFTCNTCPYISKIRRKISTKTFPRLKEVDHVLGGKAAWENVDSTDAECPTCGHKRAYFMQIQTRSADEPMTTFY
KCCNHECNHTWRD*
(SEQ ID NO: 1143)

Name: PUTATIVE DNA-DIRECTED RNA POLYMERASE III LIKE
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384661
TTAATAATGCGATACTCGTATTCGTACTCCATCACGCGCATTCGCCCGTCCAGTTCTATGGCTCGATATTGGTTCAATCCCTCCATGAACTGACC
GCGGCTGCACTGCACCGTGTCCAGGAGCTGCGAAAAGGTAAAGAGTAGCTTCTGCTCCACGCAGAACTCGTTCTCCGGCCCCGAATATCGAGTCA
GCTGCAGTAGTTCACCCAGCTTGCGAAAGCGCGGCTTTATCTCGCGGCACTCGAAGTACTCGTGGAACACCTTGAGCACCGGCCGCTGCTCCAGA
GTTCGCGGCACTTCCAGTTCATCCTCCGTGCTGTCATTGAGGCTGCGCTCCAGGGAGGCGTTGGCGTTGCCAGTGCGCGGACTCTTCAGCGGCGA
GGTGCTGGTGGCGGCGGCAAACTTGAGGTCCGGTACCAGCAAAAGGCTATTGGATATTTCCGCGCCCTTCACGTCGTACGTTCGCTCATCGGTGC
ACAGCACCAGCTTCTCGTTCTGGCCACCCTTGAAATATAGCGTCTGGCCGTCGCGGATTTGTCCAAGCATGTGCCCATCGAGCTCCAGAAGGCGC
AGATTGTCCGAATCCACGTCCGCCGAGGGAAAGTACAGAGCCTGGGTGAGTTGGGTCAACTGGCGCTCGTCCAGTTTCGCATGCTTCACAATGGC
CTTCACATCCTCCGGCGTGCGAACGTAGCTATGGCGGGTGGTTGGGTAACATTATAACTCCTACGCAGGCATACCAAAGGCACTCACAGCTGGGC
AGCAGACTCATCAACCTCCATGGATTCCATGTTCGCTGCATGTAAACAAAACAAAAAATTAACCAAAACAATGAGCGGGAAAAAGTAGTGGGACC
AAAGCACAGCAATGTTGCTTTCGTTGAGGGTATTCAATGGCCTTTCAATATGTAAGCTTAATGTGCTTGGAAAACATTACAGCATTAATCCGCAC
ACCCTGCAAGGGCACACTCACCGCTCAGCTGATCAGTTATTTAACGGTCGTAGCCTCGGCAAGAACGTTTCTTTTTTGAGCGGAGATTTCGCGAG
CACGCGTCTTGTTTTCCGCCGTTCGCCGTGCACTTGGACGCGCACTTTAGAAAGCGTTGACTGCGCCAAAGGTCATTGCTGGGCAAGAGAAGCGT

CCAATCGCCGCTGGTGGTGACGCTTGTGGAAAAATCAATTCGGACCAGTGACGGACGTCGAACTTCCAGTTCTCTGACAAGCGGAATCCAGTCAA
CAACAACATGCCCGTGGGAACGTTTGACGCCTGGGATGCGGCCGTGCTGATCACCATCCTGGTCATATCGGCTCTGATTGGCATCTACTACCGGT
ATACAGGCGGCAAGCAAAAGACCACACAGGAGTATCTGATGGCGGACCAGAGCATGACCACTTTTCCGGTCTCCTTCAGCCTGATGGCAAGCTTC
ATGTCCGCCATCTCACTGATGGGCGTCTCCAACGAGTCCTACGAATTTGGTACCATCTTCTGTGTGATCAACATTGCCTACGTGCTGAGTACGCC
CATTGCCGCGTACTTCTTCCTTCCTGTTTTCTACAGGATGCGGACGACCAGTGTGTACGAGTATCTGGAGCGGCGCTTTGGCCAGGCCACCCGGC
TGTCCGCCTCCCTGGCCTTCACCGTGCAAATGGTGCTTTACATGGGCATTGCACTCTATGCACCAGCGCTCGCTTTAGAAGCTGTAACCGGCATT
CATCGGTCAATGGCCATCGTGGTCATTGGACTGGTGTGCACCTTCTATTCGACACTTGGCGGCCTGAAGGCGGTGCTCATCACGGATGTGTTTCA
GTCCTTCCTCATGTTTGCCGCCATCTACGCCGTGATTGCCGTGTCGGCCATTAAAGCCGGCGGATTCGCGGCCATCTGGGATGTGGCTGTGGAGC
GAGGACGCGTGAACTTCATTGAGTTTTCATTGGATCCCACCGTGAGGCATACTTGGTGGTCTCTGATCATTGGCGGCATGGTCACTTACCTCTCC
TTGTATGGCGTTAATCAAACGCAAGTACAGCGACTCCTGAGTGTCCGCAATTTGAAGAGCGCTCAGTCGGCGCTTTGGTGGAACCTGCCCATCCT
AGGAATGCTTAGTTTTAGCACCATTTTCAGTGGACTGTCCATATTCTACTATTATCGAGATTGTGACCCTTTGCTAAAGGGACGCATCGACAAGC
GGGATCAGATCATGCCCCTTTTCGCACTGGAGACTATGGGTGAGTTGGAAAGACATCCAATAAGAATTAGCATTATTTGATTTCTTTTTCCGGCA
GGTCAATATCCTGGACTGTGTGGTCTGTTCGTGTCCGGAATATTCTCCGCCAGTCTTTCCACGATTTCGTCGGCAGTTACCTCGCTGTCGGCTGT
AACACTGGAGGATTACCTGAAGCCCTTGTACAAGGCGATATTTAAACGGACGCTAATTGACTCCAAGTCCACGATGCCCACCAAGATTGTGGCGT
GCATTTTTGGCCTGCTTTGCATCGGTCTAGCTTTTGTCGCTGGCTCCATGGGCGGAGTTCTTCAGGCATCGCTTACCATTTTCGGTGTGGTAGGC
GGTCCGCTGCTGGCCATTTTCACACTGGGAGTCTGCACTACACGCAGCAACCAAAGAGGCGTGCTGCTTGGCTTCCTCGTTTCCCTGATAGTTTC
CTTCTGGATGGGATTCGGCGGACCCAAACCAAAGCCAGTTACCTTGGAGTTTAGCACAGCGGGCTGTGAGAATGCCACCGCGGTAATGGCGCGTG
CCATCGAGCTCAGCTCAAAGAGCAGCGGAGTGGTCATCGAACCCGACTACTTCTGGTTATATCGAATTTCTTACTTGTGGCTGAGCGTCATCGGC
TTTCTTATTGCCGTGGTCGTCGGCTATTTCAGCAGCATTGTGCTGGCTCACTGTGGAAAGGCAGAAAACGCGGAAATCTATTTGGACAAGTCTCG
GAAGCAGCTGGACTACGATCTCTTCGCACCCATGCTGTCCCGCCGCTGGCGACGCCATAAAGAAGAACAAGACCAAACTGCCCAGGACGAAACGC
TCACCAAACTAACTGAGCAGTAGTTCCGCCCGGCTTAGATTTAGTGTAGAATATATACATACATATAAAAGAATTTCCAGAAGGCGTCGGCTATT
TGGTTAGTCGTGTTACGGATGTCGTACCTAAAAGTGCATAACTATGTGACCTTTTTGTATACCTGTGTGAACGAAACTGGCATACAGAGCGACCA
AAACAGAGTCTTCCATATACACGTAAACAACGATAATTAGTAGTTATTAGTCGTGTTGCAAATGTTCACAAGCGCATCATTAAGAGGCCTCTTAA
GAATAGTCAAATGTTTTTTACAAGAACGTATCAAAAGTAGGAGTCTACCTCAATGAACTTTTACAGAGGGACAATAATCAATTTGGAGCCTAAAA
GCGAGTTGGCCGACTACTTTCCCATGTTGAGCATTGGCAGCCACAATGCCCCACATAAATTATTGATTTAGTAGTACATCTAATTTTAATGGGAT
ATTTATATTCATACCTCTTAGTTACTCGATATTTGCATACATAGATAACATAATAACATTACAATAATACACTACAGTGAGCACCGCCTATAAAT
AGTTACTACATGGCTCTTAAAGCATTACATTGCGCCACAGTGTGAATTCTGTTTACTTATATACCTCTACTATATGTACACAAATATACTATAGA
CTAATTATATACTCGTGTCGTGTCGCAATCAACCATTGAACAATAACTCGGAGCAGTGAAAGTTATGTGTATTTGTAAAAGCCAAACTGCTGATC
ATTAAAGAAATCTGTTCTACAAAATGTGATTGCCTTTTTTTTTATTTGCTGCGGAAACATGATACTTGCAATCCCCAGCTGCAGCTTGGATTGAA
ATAATTACTTCGGTTGGCTCATGGGTGTTTTTCAGAAATCACGATTTGTCGAATACTTCCTGCGATAAGCAAATTCGTACGCTATCAGCTACCAA
GGTTATGCGAGGCTCTCCCAACATTGCTCACTCGATGAGGAATCTATTTCGGAACGAATGCCATAACTTTCAAGCGTTTACCTTTGCCAATTGAC
TATTGCGCCATGCGGGAACAAAGTCTAATTGCGGGTCGGAGACAGCAAATTGCTTAAAATTGGAGAAGCCATGGGTCAGCATGTGAATATGGGTT
CGCCTGTAAACAAATGCCAATTGATAGATTTGTCGAAACATCATTAATAAACCCAGACCACGCTCGTCTTGCTCATGGAAAGTTTTCAGAACGGA
TTGGGAGTTCAAAGTACGAATAGACTCGCATGACACACATTTTTGGCTAATGTTCTGGCGAAAGAGGAGACCAAAAGCGGTGGATAACATAGTTA
CGCCATAACCGATTTTTGTTTACTCTAACTTAGTGTGCGATTTACTATTTTTAACAATATTTATGTTAACCAACAAGAATCTTAAGGCATTTATT
TGTATTCATTAGCAACGTCATAAAATATAATAACCATACAGATTTACATATAAGAGTATCAATTTGGCGACTGATGATTGTTTAGCCTTCATTTT
TGCAACGCCAACAGATGATTTGGGCGATTTGTTAGCATTCGGAAGCAAAGCTTTCACAGATAGTTTCGCTGATACGATAAGGGTTTCGTTTGGAT
AGCATTCATTGAAGTGATTCATTGGGGAAGATTTATGGTTCTATTGATTCTGCTTCCTCACAAACTTCATGAACACATCCTGGAAAGTTGTATGG
CTGACCGAGTAGTACAATATCTGCATCTCATCCTTCAAGTTCTCCATGTACTCGAAGATCGCGGACCACT
(SEQ ID NO: 1144)

Exon: 1001..2224
Exon: 2282..3820
Start ATG: 1369

Transcript No. : CT29322
TAGCCTCGGCAAGAACGTTTCTTTTTTGAGCGGAGATTTCGCGAGCACGCGTCTTGTTTTCCGCCGTTCGCCGTGCACTTGGACGCGCACTTTAG
AAAGCGTTGACTGCGCCAAAGGTCATTGCTGGGCAAGAGAAGCGTCCAATCGCCGCTGGTGGTGACGCTTGTGGAAAAATCAATTCGGACCAGTG
ACGGACGTCGAACTTCCAGTTCTCTGACAAGCGGAATCCAGTCAACAACAACATGCCCGTGGGAACGTTTGACGCCTGGGATGCGGCCGTGCTGA
TCACCATCCTGGTCATATCGGCTCTGATTGGCATCTACTACCGGTATACAGGCGGCAAGCAAAAGACCACACAGGAGTATCTGATGGCGGACCAG
AGCATGACCACTTTTCCGGTCTCCTTCAGCCTGATGGCAAGCTTCATGTCCGCCATCTCACTGATGGGCGTCTCCAACGAGTCCTACGAATTTGG
TACCATCTTCTGTGTGATCAACATTGCCTACGTGCTGAGTACGCCCATTGCCGCGTACTTCTTCCTTCCTGTTTTCTACAGGATGCGGACGACCA
GTGTGTACGAGTATCTGGAGCGGCGCTTTGGCCAGGCCACCCGGCTGTCCGCCTCCCTGGCCTTCACCGTGCAAATGGTGCTTTACATGGGCATT
GCACTCTATGCACCAGCGCTCGCTTTAGAAGCTGTAACCGGCATTCATCGGTCAATGGCCATCGTGGTCATTGGACTGGTGTGCACCTTCTATTC
GACACTTGGCGGCCTGAAGGCGGTGCTCATCACGGATGTGTTTCAGTCCTTCCTCATGTTTGCCGCCATCTACGCCGTGATTGCCGTGTCGGCCA
TTAAAGCCGGCGGATTCGCGGCCATCTGGGATGTGGCTGTGGAGCGAGGACGCGTGAACTTCATTGAGTTTTCATTGGATCCCACCGTGAGGCAT
ACTTGGTGGTCTCTGATCATTGGCGGCATGGTCACTTACCTCTCCTTGTATGGCGTTAATCAAACGCAAGTACAGCGACTCCTGAGTGTCCGCAA
TTTGAAGAGCGCTCAGTCGGCGCTTTGGTGGAACCTGCCCATCCTAGGAATGCTTAGTTTTAGCACCATTTTCAGTGGACTGTCCATATTCTACT
ATTATCGAGATTGTGACCCTTTGCTAAAGGGACGCATCGACAAGCGGGATCAGATCATGCCCCTTTTCGCACTGGAGACTATGGGTCAATATCCT
GGACTGTGTGGTCTGTTCGTGTCCGGAATATTCTCCGCCAGTCTTTCCACGATTTCGTCGGCAGTTACCTCGCTGTCGGCTGTAACACTGGAGGA
TTACCTGAAGCCCTTGTACAAGGCGATATTTAAACGGACGCTAATTGACTCCAAGTCCACGATGCCCACCAAGATTGTGGCGTGCATTTTTGGCC
TGCTTTGCATCGGTCTAGCTTTTGTCGCTGGCTCCATGGGCGGAGTTCTTCAGGCATCGCTTACCATTTTCGGTGTGGTAGGCGGTCCGCTGCTG
GCCATTTTCACACTGGGAGTCTGCACTACACGCAGCAACCAAAGAGGCGTGCTGCTTGGCTTCCTCGTTTCCCTGATAGTTTCCTTCTGGATGGG
ATTCGGCGGACCCAAACCAAAGCCAGTTACCTTGGAGTTTAGCACAGCGGGCTGTGAGAATGCCACCGCGGTAATGGCGCGTGCCATCGAGCTCA
GCTCAAAGAGCAGCGGAGTGGTCATCGAACCCGACTACTTCTGGTTATATCGAATTTCTTACTTGTGGCTGAGCGTCATCGGCTTTCTTATTGCC
GTGGTCGTCGGCTATTTCAGCAGCATTGTGCTGGCTCACTGTGGAAAGGCAGAAAACGCGGAAATCTATTTGGACAAGTCTCGGAAGCAGCTGGA
CTACGATCTCTTCGCACCCATGCTGTCCCGCCGCTGGCGACGCCATAAAGAAGAACAAGACCAAACTGCCCAGGACGAAACGCTCACCAAACTAA
CTGAGCAGTAGTTCCGCCCGGCTTAGATTTAGTGTAGAATATATACATACATATAAAAGAATTTCCAGAAGGCGTCGGCTATTTGGTTAGTCGTG
TTACGGATGTCGTACCTAAAAGTGCATAACTATGTGACCTTTTTGTATACCTGTGTGAACGAAACTGGCATACAGAGCGACCAAAACAGAGTCTT
CCATATACACGTAAACAACGATAATTAGTAGTTATTAGTCGTGTTGCAAATGTTCACAAGCGCATCATTAAGAGGCCTCTTAAGAATAGTCAAAT
GTTTTTTACAAGAACGTATCAAAAGTAGGAGTCTACCTCAATGAACTTTTACAGAGGGACAATAATCAATTTGGAGCCTAAAAGCGAGTTGGCCG

ACTACTTTCCCATGTTGAGCATTGGCAGCCACAATGCCCCACATAAATTATTGATTTAGTAGTACATCTAATTTTAATGGGATATTTATATTCAT
ACCTCTTAGTTACTCGATATTTGCATACATAGATAACATAATAACATTACAATAATACACTACAGTGAGCACCGCCTATAAATAGTTACTACATG
GCTCTTAAAGCATTACATTGCGCCACAGTGTGAATTCTGTTTACTTATATACCTCTACTATATGTACACAAATATACTATAGACTAATTATATAC
TCGTGTCGTGTCGCAATCAACCATTGAACAATAACTCGGAGCAGTGAAAGTTATGTGTATTTGTAAAAGCCAAACTGCTGATCATTAAAGAAATC
TGTTCTAC
(SEQ ID NO: 1145)

Start ATG: 369

MADQSMTTFPVSFSLMASFMSAISLMGVSNESYEFGTIFCVINIAYVLSTPIAAYFFLPVFYRMRTTSVYEYLERRFGQATRLSASLAFTVQMVL
YMGIALYAPALALEAVTGIHRSMAIVVIGLVCTFYSTLGGLKAVLITDVFQSFLMFAAIYAVIAVSAIKAGGFAAIWDVAVERGRVNFIEFSLDP
TVRHTWWSLIIGGMVTYLSLYGVNQTQVQRLLSVRNLKSAQSALWWNLPILGMLSFSTIFSGLSIFYYYRDCDPLLKGRIDKRDQIMPLFALETM
GQYPGLCGLFVSGIFSASLSTISSAVTSLSAVTLEDYLKPLYKAIFKRTLIDSKSTMPTKIVACIFGLLCIGLAFVAGSMGGVLQASLTIFGVVG
GPLLAIFTLGVCTTRSNQRGVLLGFLVSLIVSFWMGFGGPKPKPVTLEFSTAGCENATAVMARAIELSSKSSGVVIEPDYFWLYRISYLWLSVIG
FLIAVVVGYFSSIVLAHCGKAENAEIYLDKSRKQLDYDLFAPMLSRRWRRHKEEQDQTAQDETLTKLTEQ*
(SEQ ID NO: 1146)

Name: sodium-dependent multi-vitamin transporter homolog
Classification: transporter

Celera Sequence No. : 142000013384329
GTAGAAATCATAATTCAATTGCAACGGATCGAGTACTTACATTATCACTCTTTTCTTGATCATTCCCCTTGACTACACAATCATCGATCTTAACA
ACTTCCGTTAAATCAGGACTGGTACTTTTGCACTTGTACTGCTTAAAAACTAGCTTGAACATGCTTCATAAACAATAAGTACAATATAAACAATA
AGTTAATATAAACGATAGCAATAGTGTGACTGCGTTTGGAGAAATCTTAAATGCTTTTGAGCACGTTTAGAAATCAGACATGTGGTGGAAATACT
ATGGGATAGATATAAAAATTAAAAATGAATGCAATTCATAAGAGACATTGCCGAAAAAGCTCGAATGTCCTTTTCATGGAAAAAATTTTAAGCCT
TTTTTCATGAGGTGATTCATTTGTGATTAATCTTATCGATATAAAGTTATCGATATATGAACGGGACTTTTAACTATTTTGAAATATTTTTGTTG
TTTTGAGACCGATTTTTTCATTGTTTACGTTTTTGCAGTGATCGTTTTCATTATTTCGGTCGAAGATACGTCTTAAGGGTTGCACAGGAAAAAAT
CAAGTGGGAACATTACACTTCAGAGCGATAATAGATCTTTATTTTTTATATTTTTATGAATTAATATTAAAAAAGGAGTTGAAATAAGAAAATGG
TATATTTATATGACATATTTATATATTTATATATGTTGTAGTTATTTTACTTTCATGTGAGGGGGCGTGCTTAATACTATATTCGGTTCAAAAGA
AAGGGGTACCACATTGTTTATATAAAATAAAATATGTTTTTAAAATATAACGTCTTTTGACAAATAAACTTTGAATAAATAAAGACAAGTTGGTA
TATTTGCCGGCTCTCTCCGTCCGCAGTGTGAACAGCCTGGCTGCCGAATATGTATCAATGCTATCGATATCCGCATACATCGATACTGCTTCCTT
GCACCCTTAATTTGTTTCTAGGTGTTGGCTGCCAATTGTAGAGTGCAAATGAAAAGTTACAGATTGGTGGCTTCGTTAACAAAATTTTCAGTTAT
TTGTGTAGTTGAAGACGGGAATTTGTTTTGCGTATAAAAAGTTAACACTGCGTGTAAGTAACGTATTGTCGTCATCAACAAACTGTCCAGTGAAT
GAAAATTGAAAGAAAAATTACTGATCTATGGTAATGTGTGTGTATGTGCTAAAAGGAAAAAAAAATTTTTCATACTCGCTGAACGACGAGTGATG
AAAATGCAGTCTCGATAGTTTTGCGCCTACATATATGTATGACTATTGCACAGATTTGGTTGTTTTTTTTTTCTAAACGATTGCCAGTCGGCATG
GAAAATTAAATGAAATGAGCTCCATATATTTTGTGCCTGTGCCAGTGCCTTCCCAACGAAAAATGTTCAACGTTTAAAATTGATTATTTTTTTT
TATCTATTTCCCTCCTGCTCTTTGTCATGTGTACGCTTACGCGGTTGCTGCGCGTGCGAATGGGACACCGATTGCCGCGACTGTTTTTGTCTCAC
CGCCCGCTTTCGGGAACTTCTGACCTGCTTTCGCTGCCGCGCTTTCAATTGCGCACGGCTCGCATCCACTAGTCGTGCTCCTTGCTCCAATCGAA
AGGGCCACTTGCGCCCGCGGTGGTGGTGCAAAACTTGCAATTTTGGTGTACAAAAAAAGCAAAAGGAATATATCCCATATATCCTACCCATCTATC
GGAAGAACGGAATTCGAAATCCAGCACATAAAAAGCATAAATCACATCAAAAAATTCGCATTTTCTCTGGTCCTTAGCACCAGATCGCTTTTTAT
GCATCCAATTCGGTTTCCTCTTTTTTTTTTAGTATACCATCCCATCCGCGAGATAACATTCTGTATTAAACAAAACGCCCAACATCCTAATTACAA
ATCAGACGGGACGGAAAATCGAAAAAACTATAGGAACCTCTCTCTCCCCCCCCACTAACGTAGTTTATGTGTATTTAACAAGCGAAGAACTTTCT
GCAGAGGTCTGAAATACACCAATCGCACATACCAAACAAAAAGTAATAAAAAAGAAATAATTGAAAAACCAAATAGTTAAATTGGCAGAGCAAAC
ACAGGACGACGACTATGAACTAAAGTCAGAAATTAATGGACATCGTACCGAGAATATAATCCGTGAATAGTACTATACGATAAAACAGAAAAAGA
AAAAAAGTCAACTAAAAAGCAAAAAACCAACTCTTGCAGAACACAGTTCATGATTTATCCATACTAGAAGTGCACAAAATAAACGCCGTATGCAA
GCGTGATCATCCAAGGCTCATTATCCGACTAAGCTACTGGCCAGCTTAAAAAAAGTAAGCGTAAGTACACCCACAACTGACCATATAACTAGGTT
AATGAACGCCTCCATTTACTACTTCCCCATATGTATAGCACCATCTAACAAGAGCGAATCGAATCGAATCGACTTGGACGACCGACCGACCGACC
GCACAAAGAAGGATCTATCTGGAAAGCCGGCTAGCCGATTCCCGCATCCGATTCCGAATACGAATACGTATCCGTATCCGAATCCGAATTTGAAA
CCGAATCCTCAACCAAATCATCCCATAAGGACGCCGCTGTCTTCAACGATCACAAGATGAATGAACTAGACAGTCTCAGGCAGGAAGCCGAGTCC
CTAAAGAACGCCATTCGGGATGCCCGGAAGGCGGCCTGCGACACATCACTGTTGCAAGCGGCCACCTCGCTGGAACCCATCGGCCGCATACAGAT
GCGCACCCGTCGTACATTACGCGGCCATTTGGCGAAAATCTACGCCATGCATTGGGGCAACGATTCAAGGAATCTCGTATCAGCCTCACAGGACG
GCAAACTGATCGTTTGGGACTCGCATACCACGAACAAAGTCCATGCCATTCCACTGCGATCCTCGTGGGTGATGACCTGTGCGTACGCCCCATCC
GGTAGCTATGTGGCCTGCGGTGGCCTCGACAACATGTGTTCAATTTACAACCTAAAGACGCGCGAGGGCAACGTCCGGGTGTCCCGTGAGCTGCC
CGGCCATGGTGGCTATCTATCGTGCTGCCGCTTCCTGGACGACAATCAGATCGTGACCAGCTCCGGTGATATGTCGTGCGGATTGTGGGATATCG
AGACGGGACTGCAGGTAACCTCGTTTTTGGGCCACACCGGCGATGTGATGGCCCTCTCACTGGCGCCCCAATGCAAAACGTTCGTATCCGGCGCC
TGCGATGCGTCCGCCAAGCTATGGGACATCCGGGAGGGTGTCTGTAAACAAACCTTCCCCGGCCACGAATCCGATATCAATGCGGTCACATTTTT
CCCGAATGGTCAGGCATTCGCCACCGGTTCGGACGACGCAACCTGTCGATTGTTCGATATCCGTGCCGATCAGGAGTTGGCCATGTATTCGCACG
ACAACATCATATGCGGCATCACATCGGTGGCATTCTCGAAGAGCGGACGTCTGTTATTAGCGGGCTACGATGATTTCAACTGCAATGTATGGGAC
ACGATGAAGGCAGAACGGTCTGGCATACTCGCTGGCCACGACAACCGTGTATCCTGTTTGGGTGTCACCGAGAACGGCATGGCGGTGGCAACAGG
ATCGTGGGACTCCTTCTTGCGTGTATGGAACTAAAAATAAAACAGAAACAGAAACAGCAGCATAAGCAGAAACAGAAACAAAACAAAACAAAAAA
CAGAGAAAACCAAACAAACAAAGAACAACAAAAAAAGAGGAAAAAGAAAAAGAACTTGAAAATGCATTAAAGGGTGGGGTGGGGTGTCAGGTCAA
CGGTTGCGCAGTCTGCGGATAGTGTTTCACCCATCATCTACATTGTGATCTAATGTATATGATTCGGTGTTACCGTCTCTGTGGTAAATATTAAA
TGAGTGCCGGACGTTTTGAATATGTGGGCGCAGCTAGTTGACTAGAACGTAGACCACAACAACAAAGAACTTTATATACAACATTATTTATATTG
CTATATACTTATTAACTAAAATTATACAAAAAAACAAAATAAAACCAAAAAAAAAAACAACAAAAAACCGAAAAAAAAAAACCGCAGACATACGCA
GCAACATACAAATAGACATACACACGCATACAAGAATATTATTAGTGTAAATGGAAAATTGAGAAAAGAAAAAATGAAAAACCAAGAACAAGCGA
TCAAGAAGAAACCAAAACGATAAAGAAATTGATGGAGTAACGATGGGCCCGCTGATAGTCAGAAGAGTAAGAGTCAGTTGTTTAGTCAGAATTCC
GGTTACAGCTACAGTTTAAAGCGTACGTAAATTAAACTTAGTTCAAATCGCATTTCAGCGGTGAGTGCGTGCAGCTGAGAGCACAAGGCTGCCAG
CCCCTGGACTCCTGGCATCCCGATCCTGGTCCTGATCCCGCATCGGAACCCGCATCCGTGTCCCAGGAGCCGCAGGAGTGGTGCTGGCCAGTCAG
TCAGTTAATCAGTGAGTCAGTCGTTTGCACTTTGTAAAAGAAAATGAAGATGGTATCATTGTAATCATGTATGTCAACAAGTAAATACATATTCT
TTTGCGTATAATACATAAAACTTCAGAATGTGTGGATGTGGATGATCCTGATGCAAGGTGGGGATGGTGGAGAAGTCAAATAAAGTTAAAGCATT

TAAAAAAAATAAAATAAAAAAAGAATCACGGCAAACCTAAACGTAAAGCAAAACAAAAGAAAACAAAAATGAGAAAGAAAAGAAGATGAAGATGG
AGGAAACCAAACAAGAAACAAAAACAAAAATTGCGTAATAAACTTTATAAATCAAGTAATGAAAACAAAACAAAACAAAAAAAAAGTAAAGAAAA
CACTATAACAAATTTTTGTCTTATTATGTTTAAGTCCCTAATTTATATACAAACAAAAATAAGAATGATTTAAATAACATATATGTAAACTATGC
ATTAGTGAAAAAGTGGAAAACTATTTATATATA
(SEQ ID NO: 1147)

Exon: 1001..1098
Exon: 1988..2340
Exon: 2414..3973
Start ATG: 2622

Transcript No. : CT29492
GAAAAGTTACAGATTGGTGGCTTCGTTAACAAAATTTTCAGTTATTTGTGTAGTTGAAGACGGGAATTTGTTTTGCGTATAAAAAGTTAACACTG
CGTAACTTTCTGCAGAGGTCTGAAATACACCAATCGCACATACCAAACAAAAAGTAATAAAAAAGAAATAATTGAAAAACCAAATAGTTAAATTG
GCAGAGCAAACACAGGACGACGACTATGAACTAAAGTCAGAAATTAATGGACATCGTACCGAGAATATAATCCGTGAATAGTACTATACGATAAA
ACAGAAAAAGAAAAAAAGTCAACTAAAAAGCAAAAAACCAACTCTTGCAGAACACAGTTCATGATTTATCCATACTAGAAGTGCACAAAATAAAC
GCCGTATGCAAGCGTGATCATCCAAGGCTCATTATCCGACTAAGCTACTGGCCAGCTTAAAAAAAGTAAGCCACCATCTAACAAGAGCGAATCGA
ATCGAATCGACTTGGACGACCGACCGACCGACCGCACAAAGAAGGATCTATCTGGAAAGCCGGCTAGCCGATTCCCGCATCCGATTCCGAATACG
AATACGTATCCGTATCCGAATCCGAATTTGAAACCGAATCCTCAACCAAATCATCCCATAAGGACGCCGCTGTCTTCAACGATCACAAGATGAAT
GAACTAGACAGTCTCAGGCAGGAAGCCGAGTCCCTAAAGAACGCCATTCGGGATGCCCGGAAGGCGGCCTGCGACACATCACTGTTGCAAGCGGC
CACCTCGCTGGAACCCATCGGCCGCATACAGATGCGCACCCGTCGTACATTACGCGGCCATTTGGCGAAAATCTACGCCATGCATTGGGGCAACG
ATTCAAGGAATCTCGTATCAGCCTCACAGGACGGCAAACTGATCGTTTGGGACTCGCATACCACGAACAAAGTCCATGCCATTCCACTGCGATCC
TCGTGGGTGATGACCTGTGCGTACGCCCCATCCGGTAGCTATGTGGCCTGCGGTGGCCTCGACAACATGTGTTCAATTTACAACCTAAAGACGCG
CGAGGGCAACGTCCGGGTGTCCCGTGAGCTGCCCGGCCATGGTGGCTATCTATCGTGCTGCCGCTTCCTGGACGACAATCAGATCGTGACCAGCT
CCGGTGATATGTCGTGCGGATTGTGGGATATCGAGACGGGACTGCAGGTAACCTCGTTTTTGGGCCACACCGGCGATGTGATGGCCCTCTCACTG
GCGCCCCAATGCAAAACGTTCGTATCCGGCGCCTGCGATGCGTCCGCCAAGCTATGGGACATCCGGGAGGGTGTCTGTAAACAAACCTTCCCCGG
CCACGAATCCGATATCAATGCGGTCACATTTTTCCCGAATGGTCAGGCATTCGCCACCGGTTCGGACGACGCAACCTGTCGATTGTTCGATATCC
GTGCCGATCAGGAGTTGGCCATGTATTCGCACGACAACATCATATGCGGCATCACATCGGTGGCATTCTCGAAGAGCGGACGTCTGTTATTAGCG
GGCTACGATGATTTCAACTGCAATGTATGGGACACGATGAAGGCAGAACGGTCTGGCATACTCGCTGGCCACGACAACCGTGTATCCTGTTTGGG
TGTCACCGAGAACGGCATGGCGGTGGCAACAGGATCGTGGGACTCCTTCTTGCGTGTATGGAACTAAAAATAAAACAGAAACAGAAACAGCAGCA
TAAGCAGAAACAGAAACAAAACAAAACAAAAAACAGAGAAAACCAAACAAACAAAGAACAACAAAAAAAGAGGAAAAAGAAAAAGAACTTGAAAA
TGCATTAAAGGGTGGGGTGGGGTGTCAGGTCAACGGTTGCGCAGTCTGCGGATAGTGTTTCACCCATCATCTACATTGTGATCTAATGTATATGA
TTCGGTGTTACCGTCTCTGTGGTAAATATTAAATGAGTGCCGGACGTTTTGAATATGTGGGCGCAGCTAGTTGACTAGAACGTAGACCACAACAA
CAAAGAACTTTATATA
(SEQ ID NO: 1148)

Start ATG: 660

MNELDSLRQEAESLKNAIRDARKAACDTSLLQAATSLEPIGRIQMRTRRTLRGHLAKIYAMHWGNDSRNLVSASQDGKLIVWDSHTTNKVHAIPL
RSSWVMTCAYAPSGSYVACGGLDNMCSIYNLKTREGNVRVSRELPGHGGYLSCCRFLDDNQIVTSSGDMSCGLWDIETGLQVTSFLGHTGDVMAL
SLAPQCKTFVSGACDASAKLWDIREGVCKQTFPGHESDINAVTFFPNGQAFATGSDDATCRLFDIRADQELAMYSHDNIICGITSVAFSKSGRLL
LAGYDDFNCNVWDTMKAERSGILAGHDNRVSCLGVTENGMAVATGSWDSFLRVWN*
(SEQ ID NO: 1149)

Name: G protein beta-subunit 13F
Classification: signal_transduction
Gene Symbol: Gbeta13F
FlyBase ID: FBgn0001105

Celera Sequence No. : 142000013384690
TTAGTACAATCGCTTGTAGGTCAACAGTAAAACTAACTAAATACTAAACCTATTCCTTGGAGACGGGTTTGCAGGCTATCATGTACACTGGAAAG
AGTCCCTTGGGAAAGTTTTGTTGCTTGACCTTGCGTACAATGCGAAATCCGGCTTCCTTTAGGAAGTGTTCATAGCTGTCCAGAGGCCTCGTTAC
CGACGAGTCGTTCCTATCTTCCACTGTCTTCTTCGAGCTGCTCACGTTCTCCTTCAGACACAAGAAGGCGCCGGGCGCCAGTCCCTGCTTTATGC
GTCGAAAGAACGAGACCAGATCGCGGTCCGTGAGATGGCCCAGGACCCACTGGGTCCAAACGAGGTCGTACTGTTGCGTAGGCGTAAACTTCTGC
AATCCCACGTTATAGATCTGTCCCACCTTTCCACGGCTTCCGTCTTCCGAAGTGCAGTACTCCCGTGCTTTATCGGCAAACGCGGGATCCTGCTC
GACAAGATCCACGCAGCTGAAGCGGGGGATCAGGAGATTCCGAGTCACCCGACCAATGCCAGCTCCGCAGTCGAGGGCCAACCTGTTGCCCGGCA
CGCGGATCTCGCGCAGGAACACATTCGATCCCTGTATATCTATGGCACTAATGTAGCCCAGGCCGCCGAGCATCCCGTTAACAGTCGCCGGTACC
TCAGACCAATATTTTTGTGCCTTATTGTAAAATTCGGACTCCGGTGCGGCGACTTTGGTCGAACTATCGCTCGAAGAAGGGGACGCTGTCTTGGC
ATCTGAACTTGCGGCTATACTGCTATCATCCTTCTGCTTCGACGACCCCTGGACCTTATCCGTGGTCTCGTCCATCATCTGCAACTTGTCTGAAA
GCTGCTCTTCTAATGTAGTCGTCATTTTTGTCAGGATTTCGAAGGCCGCATGCTTTGTTTTGTTTTAGTGCGATAACCAGGGCTCCTAAACACAG
TGAGCCATTTAGGTTTTACGAAAGAGTGGCAACCCTTCACCAATCAGCTGTTCAACAAGCAACAAAATTGTCCGTTTGTTTATGTTACTAGTTTT
TTGTTTAATTTTTCTATTGTCCGGACAAAATGACTCTCGATTTGGATGCGCATAAGAAAGATGACAAGTTGCTGATCACAACCATACAGCAGGAG
TATAAAATTCTGGCCGAATAGTGAGTTTTCAGAGTTCACTGATAACTACGTGGAGTAAAACTAAACTTATTTAATTTCTTATGTTTTAGCAAAAT
GATTGAGTCGGAGAAGTTGAGTGGGATATATGTGATACCCAGCTATGCTAACTCCTTGCGTTAGTCTACCCACCTGCCAACCTGTATGCAGTCTT
TAGCTAATTTTATCTTTTGTTAATAGAGTGGTTTGGAGTCTTCTTTGGCCGACAGGGCTTGTATGCGGAAAGTGTTTTTCGATTCACAATTTTGC
TCCCAGATCGTTTTCCCGACGACAAAAGTCTTCCGGTGAGTAGGATCGGCAATAGAGCAAACGTATTTAACTCTACAAGTCCCCTTTAGAGCATA
ATTTTCCAGCAGGATGTGATTCATCCCCATGTGTGCCCGTACACCCACAGTTTGGACGTGAGCCACGCCTTCCCGGAGTGGCGCTGTGGAGAGGA
TCACCTTTGGCAGCTTTTAAAGTACCTGCAAGTCATTTTCTCCGATCCCTTGGACAGTATTCGGGGCATTGAGGTAGATAAGCTCAAAAACAGCG
AGGCTGCGGAGCTGCTGATGAATAACAAGGAGGAGTATGTTGCTCGCGTACAGGAAAATATCAAGGAGAGCAAGGAGCATATATTTGACACCCCA
CCCACCGAAGATCCGCACTACATAGTATTCGAGAAGTTCCAGCAGGACGTGCACGGGCCCGTTCTGGAGCGCATCAAGGCCGGAAGAAGCAAGCT

GACGGAGCCTTCAGCGCAACAAGCAAATGGTGGACATGCAACTGGTCTGTCATGGGTTAAGGAGGGCGAGTTTAAGCCACTTAGCATTGAGTAAA
ACCAATATACATATATTCTGTAAGTTATATTCTATCGTTGTCTCAATTTTAAAACGATTAAAGTTATTCAATTATTTACAATCCTCGTTCATGGG
AAATCGCTGAGTATTGTTAACCCACTCGTTCTGCAACTCTAAACGTTCTCCGTTCCATTGGAAATGTGTGGGGGAAGCCTCGCCAGCGAGAAACT
CAAAGTGCTGGCTGAGCTCGATGGCCAGTTTGGAGCGGACTAGGCCTATTCCGCCCACCTGTGGCGCAGCTGGATGATAGACCCTTCCGTTTCGC
GGATCCATGTACAGTTTGTGGGGTTCGTAAGGCAGGGTAAGGACCTGTCCCGCGTGTGCATAGCTGAGCACCTCCGTATCGTCCTTCCTCAGCTG
TTCAGTAAACACAACAGGTGTGTCATCGCACCTAATAAAATTCCTTTCGCGGCCACAGAGGGAAATGTATGGAAATTCGCTTTCATATCTGCTCG
TTTTGTTTAGCCGCAGTCGGTTGAAAAAGAACTTGAGGAAATCCTTCTCCTTAAAGCAGCTGGTGAAGTTTTTCATCTTTGCATCGTCCAGGAAG
AGCTGCAAAACGGGTTATGCGAGTTGAAGCACAGATGCATAGTTGAGAGTCTCACCATTCCCTCATGATCGATATAGTAAAAGTATTCGCGAATT
TTTGGCTCCGGAGATTGACCTTGGTTATATTGTACGTAACGGCAAGATATGCTTGGAGATCTAACGAATTTTAGGTTTGTAAGGGATCTAGAACG
TAGTATAAACATTGTTCCTCTATCTGAGTACTGTGTCTTCTTATGAGCAACAAAAACAGCTGACTTTTGTTTACTACATCTGTAGGTGCATTTGA
TAACCTCCCATTATCAATTTAACGTTTTTACAGTTTTGTATTTTCTCAATAGGTAGCGATTATTTTTGCAAGTACATTTTTTGGCAGTCACATAT
TTTTGCATCGCGAATACAGCGATATACAGAAATGAAAACATTTTATTTAAAAAAAGGTGGCTATGTGACTGTCTATTGAATTCGACATTTGGTCG
AAAAGCTCAGGTTTTGCTTAAAATAGCA
(SEQ ID NO: 1150)

Exon: 1001..1160
Exon: 1230..1294
Exon: 1357..1460
Exon: 1515..2068
Start ATG: 1075

Transcript No. : CT29563
TTCAACAAGCAACAAAATTGTCCGTTTGTTTATGTTACTAGTTTTTTGTTTAATTTTTCTATTGTCCGGACAAAATGACTCTCGATTTGGATGCG
CATAAGAAAGATGACAAGTTGCTGATCACAACCATACAGCAGGAGTATAAAATTCTGGCCGAATACAAAATGATTGAGTCGGAGAAGTTGAGTGG
GATATATGTGATACCCAGCTATGCTAACTCCTTGCAGTGGTTTGGAGTCTTCTTTGGCCGACAGGGCTTGTATGCGGAAAGTGTTTTTCGATTCA
CAATTTTGCTCCCAGATCGTTTTCCCGACGACAAAAGTCTTCCGAGCATAATTTTCCAGCAGGATGTGATTCATCCCCATGTGTGCCCGTACACC
CACAGTTTGGACGTGAGCCACGCCTTCCCGGAGTGGCGCTGTGGAGAGGATCACCTTTGGCAGCTTTTAAAGTACCTGCAAGTCATTTTCTCCGA
TCCCTTGGACAGTATTCGGGGCATTGAGGTAGATAAGCTCAAAAACAGCGAGGCTGCGGAGCTGCTGATGAATAACAAGGAGGAGTATGTTGCTC
GCGTACAGGAAAATATCAAGGAGAGCAAGGAGCATATATTTGACACCCCACCCACCGAAGATCCGCACTACATAGTATTCGAGAAGTTCCAGCAG
GACGTGCACGGGCCCGTTCTGGAGCGCATCAAGGCCGGAAGAAGCAAGCTGACGGAGCCTTCAGCGCAACAAGCAAATGGTGGACATGCAACTGG
TCTGTCATGGGTTAAGGAGGGCGAGTTTAAGCCACTTAGCATTGAGTAAAACCAATATACATATATTCTGTAAGTTATATTCTATCGTTGTCTCA
ATTTTAAAACGATTAAAGTTATTCAATT
(SEQ ID NO: 1151)

Start ATG: 75

MTLDLDAHKKDDKLLITTIQQEYKILAEYKMIESEKLSGIYVIPSYANSLQWFGVFFGRQGLYAESVFRFTILLPDRFPDDKSLPSIIFQQDVIH
PHVCPYTHSLDVSHAFPEWRCGEDHLWQLLKYLQVIFSDPLDSIRGIEVDKLKNSEAAELLMNNKEEYVARVQENIKESKEHIFDTPPTEDPHYI
VFEKFQQDVHGPVLERIKAGRSKLTEPSAQQANGGHATGLSWVKEGEFKPLSIE*
(SEQ ID NO: 1152)

Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384486
ATTAAAACTTAATTTTACAAAAAAAAAATTAAACGAAATGTTTGTTTGGTTGGCGGGGGGGGGGGGGTGTTTTCTCGATGCGAAGCTTTGGGAGC
TTTTAAGCGCCGTCAACCGAAATGGGGGCTCGTCAGCGGCTCTCAAACTGTGCCGAGGAAGTTTGAGAGCCTATGAAGGCGGTAACTAATTAATA
AATTTCCTTTTATTAGCACATGCCTTTTAAGTTTACACAATTTTAATAGTTTCTAAATGAAAGTGAAATGTAACTATTATTTATTTGATTAGTTT
TTTTTCTTTATTCAGTGGTTTCTATTTATGCTAGTGCCCTTTTTACGCTGCTCTTTCAAATGCCAATCATCGACGTTTCTTTATTTTTAGCCATT
TCCCACCTGGGCACGCAAATGGCAATTGATTAGCATAATTAATGGCAAAAACTTTGCAATAAAGTAAAAAGTTCGAAGAAGGGCCCCGAGCCAAG
TCAAATGACGGAGGCGCAAAAGCGAAAGTATGTTAGCATAAATCGATCAAGGAGGAGCAGCCGCCGGCCGAAAGGGGGAATCCCACCGAGGTGCC
GTAAGACGGGACCGCAAGGTGCAGGAGCAGCCGGCGGCTCCTTCGCCGGATTTGAGCGCTGTGTGCCCAATTGGATTGACTGTCAGGTGACACAC
GGCACAAGCGCATTGGACGAGCACATGCACACGGTCGTATGGCATTGGTACACTGAGAGAAAGGGAGCCGAGGAATTGGAAATATTTAGGATAAT
AGCATATCATTCTACAATTTGGAAAAGAGGAACATTATGTGCGTTCTCAATAATGAATTTATATTACTACTCCCATGTTTATCATGCTAAGATGC
ATCATAGTATTAGGTTAAACACCCTACTTTGGTGCAGTGTATGCTAAAGGGAAGGGGGGGGGGGAGGTATGACTGGGGCTAGTCAGCAACATAAC
AATAAATACCGCTAGGCAACCGTAAATTCCCTAGCATGAATCGATTTAACATGACCGCGGGAGCGGAGGGCAGGCCACTCAGTTCGCCAGCGAAG
CTCCTCCGTCCAACTCCGGCCGAGATTCCGAGCCAGGCAGCCAGCCAGCCAGGTACATACGATTTCCTGCCCGGTCTCCAGAGAAGTGTGCCAGG
TGGGTATAATCGAGTGTAGAGATTTGCAGTGACAGTTCCACTTTTTACCCAGCGCTCCTTGCATACATTTCTTATATACATACTTCTTATGCAAT
CTTAATCGCACCCAATCCCAGCGAGAAACATGTTGCCCAACCTGAAGTCGCGCCGCATCAGCGGCCTGCAGCTGGCCGGGAAGCACCTGGGTCCG
GTGGCCAAGTGCCCGCCCAGATATTCCGAGGAGGACTGGGACTATAACAACAAGATCAAGTTTCGAATCACCTGCGACCAGGAGAAGCTGGCGGA
GCGGATCGTGGAGTGAGTATATCGGGCGGGTGGCGGATTCATTGGGAGCGGATTCAAGTTGGTGACCCTATTCTATGCAGGGAGTCGCGTCGCGT
GGTGGACGAAACGAAGGACACCACAAAGAACTGGCAACGGGAGGTGGAGCACCATATGCGCGAACGGACGAGCGAAATCCGATTCCTGGTGGACG
AGTTGAATCGCCAGAAGAAGACCGCCGCCCTGGAGGATGAGGCCTTGAACACCTATCGCAATCGCGTGCTGAACTGCATCGAGTTCCTGAAGGAC
AAGTCGCTGGCCATTTGCAAGCAGTGCCTGATCCTACGCGAAGGTCGGATCGGTGTGGATTTGTGCGACGACGAGGTGGATCGCTCGCTGCGCCG
TGAGCTCAAGGTGATCAAGGGCTGTCAGGGATTGGCCGATGCCGCCCTCAAGGAAGCCGAGGAGCAGATCCGCAAGCTGCGCGCCGCCATCTATT
TGCTCGATCAGGATCTGGCCGCCAAGGATAAGTCACTGGCCATCGACGAGAAGAACCTGAAGCTCAAGGAGTTCCAGCACGACCTGGCTAAGGGA
CAGGATTTGTCCAAACAGCATTGGTAGGTTTTTGAAAACTAGGTTGCATGTCAATCACACATGTTGGGGTTTCCTTTTTAAGGAATGATGAAGTG
GATTGATTATTAATCTTTTTTCTTTCACTTTTATGCGTAAGTCATTTCGGTGTTCATCAGTACAAGGAGTTTAAAAGGATAAACATTTTACTAGA
GTCTTATCCACAAATTCCATTACAAAGTCAAGTAGTTGTTCCCCTTTTCAGTTAGGAATGGAATTGAGGAAGGTCAAACCTAACAATGAAACCGC
AGTTTCCTTGGTGATATGGGATAGAGTTGTCCTGAGTCTATTTTAGTGCATTGGAATTAAGTGATTTATTTACAACCACTCAAATCGACCTGATA
GTTGCCATGACTCCACCATGCCTTTACCCCCTTCTCTTCCTTACCCAGCCAATTTTCGCTGACCGAGTGGCAGGCGCAGACGTACGAGAATCTGG

AGGCCAACGCCAAGGCGCTGGTGTCCGCCGGGCAGCTGCGGGCCTACATCGATTTGCTGCTGAAGCAGGTGTGCGAGGATATGCAGAACCAGACG
GACAGGACCAACGAGGCCTTTGAGCGAAGGATCTCGGAGACGAAGCACGTGAAACAGTGTTTGGAGAACAAGCACAAGGACACCATGGATCACAT
CCATCAGGTGCAGCGCAACATGACCGAGCTGGAGAAGGAGATGATGGACAAGCAGCGGGCCATTACACTGTGCCAGACGCGGCTCAGCAATCGCG
CCCATCGTCCTGGCCTGGAGCTGACCTGCGACATGGTCCAGGATGCGCTTTACAACGAACTGCAGGCGCTGAAGGCATCCGTATGCAAGCTCAAT
CAGAAGCTGAACGAGAACAAGGCATCCATGCGCTACCTGATGCACGTCCAGGTGATGCAGGAGGAGGAGATCAACATCAAGGCGAACACCTGCAA
GATCGACGAGGTCGACTGCATGACCCTGCGACAGGCCCTGAAGTACCAAACATTTTAGTCGGGCAGCACTACATCCAGTACAGCACCAGTCCAGT
AGTCGCCACACAGCCCAGCCACCAATAATCAAATTAAAATCTAATTATTAGATGCATGTGCATTTCGTGTTCGATCCCAAATTACTTAATAAATT
GAAATTCACTTTCGATTTCCAGTTACCAAAACTATGGCTTTTTAATGCATTTTTAAATTGTTCATTTTATTCGAAATAGTTAATCATATATTTCT
TTTGCTTAATTTTCGTGAATTTAAATTTCCCGCTTTGAATCTAGTATTTTTAGTTTTACCTGCCTCTATTCGATATTTACCGCTAAGCACAGACA
TATAGTTATCGATAACGTGAACGCAAATGCGAGGGAGTATTGCAAATAGTGTTACCGTGCTGCTGTGAAAATTCCCAGGTGTGACCGCAGCCCGC
ATTCGATATTGATGAAGCCAGGCAAAACGTAGAAAAGCAAAAGAAAACCTTAATTAATGTTAAGTTAAAAGTGTATAAACCCGAGATTAAGGTAA
GTGGCCCACCACCATCTAGATTTTGAGTACACCGAAGGCATGGCGATGTTGGCAGTGGCGGGAGCGTTACGCCTCTACCGCCACCGCCTCCGCCG
CACACGATAAAAAATGGAGTACAGCCACGAATGGGCAAATCAATAATTTTCAACACTCCAATTGTTTTTACAACTGAAATCAGTCCTAATCTTGT
TTTCCGCAGTGCAAGGATGTCGAAACGGAGCGCCGACGACGCCACCGGCAGCAGCTGCTTGGTGGCCGCCGCAGCCGCCGGCCAGCCGCCCATCA
AGAAGGTGCACTTCGAGCCCCATCTGATTGGGCCGGTGTCCACGCTGGAGGAGATGGACATCAAGGTGCTGGAATTCCAGAACAAGAAGCTAGCA
CAGCGCATCGAACAGCGGATGCGAACGGAGGCGGAGCTGCGACATCGAATCGAGCAGCTGGAAAAGCGGCAAACGCAGGACGACGCCGTTCTAAA
CGTGGTCAATCGG
(SEQ ID NO: 1153)

Exon: 1001..1139
Exon: 1257..1437
Exon: 1506..2018
Exon: 2424..3003
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT29571
ATGACCGCGGGAGCGGAGGGCAGGCCACTCAGTTCGCCAGCGAAGCTCCTCCGTCCAACTCCGGCCGAGATTCCGAGCCAGGCAGCCAGCCAGCC
AGGTACATACGATTTCCTGCCCGGTCTCCAGAGAAGTGTGCCAGCGAGAAACATGTTGCCCAACCTGAAGTCGCGCCGCATCAGCGGCCTGCAGC
TGGCCGGGAAGCACCTGGGTCCGGTGGCCAAGTGCCCGCCCAGATATTCCGAGGAGGACTGGGACTATAACAACAAGATCAAGTTTCGAATCACC
TGCGACCAGGAGAAGCTGGCGGAGCGGATCGTGGAGGAGTCGCGTCGCGTGGTGGACGAAACGAAGGACACCACAAAGAACTGGCAACGGGAGGT
GGAGCACCATATGCGCGAACGGACGAGCGAAATCCGATTCCTGGTGGACGAGTTGAATCGCCAGAAGAAGACCGCCGCCCTGGAGGATGAGGCCT
TGAACACCTATCGCAATCGCGTGCTGAACTGCATCGAGTTCCTGAAGGACAAGTCGCTGGCCATTTGCAAGCAGTGCCTGATCCTACGCGAAGGT
CGGATCGGTGTGGATTTGTGCGACGACGAGGTGGATCGCTCGCTGCGCCGTGAGCTCAAGGTGATCAAGGGCTGTCAGGGATTGGCCGATGCCGC
CCTCAAGGAAGCCGAGGAGCAGATCCGCAAGCTGCGCGCCGCCATCTATTTGCTCGATCAGGATCTGGCCGCCAAGGATAAGTCACTGGCCATCG
ACGAGAAGAACCTGAAGCTCAAGGAGTTCCAGCACGACCTGGCTAAGGGACAGGATTTGTCCAAACAGCATTGCCAATTTTCGCTGACCGAGTGG
CAGGCGCAGACGTACGAGAATCTGGAGGCCAACGCCAAGGCGCTGGTGTCCGCCGGGCAGCTGCGGGCCTACATCGATTTGCTGCTGAAGCAGGT
GTGCGAGGATATGCAGAACCAGACGGACAGGACCAACGAGGCCTTTGAGCGAAGGATCTCGGAGACGAAGCACGTGAAACAGTGTTTGGAGAACA
AGCACAAGGACACCATGGATCACATCCATCAGGTGCAGCGCAACATGACCGAGCTGGAGAAGGAGATGATGGACAAGCAGCGGGCCATTACACTG
TGCCAGACGCGGCTCAGCAATCGCGCCCATCGTCCTGGCCTGGAGCTGACCTGCGACATGGTCCAGGATGCGCTTTACAACGAACTGCAGGCGCT
GAAGGCATCCGTATGCAAGCTCAATCAGAAGCTGAACGAGAACAAGGCATCCATGCGCTACCTGATGCACGTCCAGGTGATGCAGGAGGAGGAGA
TCAACATCAAGGCGAACACCTGCAAGATCGACGAGGTCGACTGCATGACCCTGCGACAGGCCCTGAAGTACCAAACATTTTAG
(SEQ ID NO: 1154)

Start ATG: 1

MTAGAEGRPLSSPAKLLRPTPAEIPSQAASQPGTYDFLPGLQRSVPARNMLPNLKSRRISGLQLAGKHLGPVAKCPPRYSEEDWDYNNKIKFRIT
CDQEKLAERIVEESRRVVDETKDTTKNWQREVEHHMRERTSEIRFLVDELNRQKKTAALEDEALNTYRNRVLNCIEFLKDKSLAICKQCLILREG
RIGVDLCDDEVDRSLRRELKVIKGCQGLADAALKEAEEQIRKLRAAIYLLDQDLAAKDKSLAIDEKNLKLKEFQHDLAKGQDLSKQHCQFSLTEW
QAQTYENLEANAKALVSAGQLRAYIDLLLKQVCEDMQNQTDRTNEAFERRISETKHVKQCLENKHKDTMDHIHQVQRNMTELEKEMMDKQRAITL
CQTRLSNRAHRPGLELTCDMVQDALYNELQALKASVCKLNQKLNENKASMRYLMHVQVMQEEEINIKANTCKIDEVDCMTLRQALKYQTF*
(SEQ ID NO: 1155)

Name: TEKTIN
Classification: cytoskeletal_structural_protein

Celera Sequence No. : 142000013384486
ATTACACTGTGCCAGACGCGGCTCAGCAATCGCGCCCATCGTCCTGGCCTGGAGCTGACCTGCGACATGGTCCAGGATGCGCTTTACAACGAACT
GCAGGCGCTGAAGGCATCCGTATGCAAGCTCAATCAGAAGCTGAACGAGAACAAGGCATCCATGCGCTACCTGATGCACGTCCAGGTGATGCAGG
AGGAGGAGATCAACATCAAGGCGAACACCTGCAAGATCGACGAGGTCGACTGCATGACCCTGCGACAGGCCCTGAAGTACCAAACATTTTAGTCG
GGCAGCACTACATCCAGTACAGCACCAGTCCAGTAGTCGCCACACAGCCCAGCCACCAATAATCAAATTAAAATCTAATTATTAGATGCATGTGC
ATTTCGTGTTCGATCCCAAATTACTTAATAAATTGAAATTCACTTTCGATTTCCAGTTACCAAAACTATGGCTTTTTAATGCATTTTTAAATTGT
TCATTTTATTCGAAATAGTTAATCATATATTTCTTTTGCTTAATTTTCGTGAATTTAAATTTCCCGCTTTGAATCTAGTATTTTTAGTTTTACCT
GCCTCTATTCGATATTTACCGCTAAGCACAGACATATAGTTATCGATAACGTGAACGCAAATGCGAGGGAGTATTGCAAATAGTGTTACCGTGCT
GCTGTGAAAATTCCCAGGTGTGACCGCAGCCCGCATTCGATATTGATGAAGCCAGGCAAAACGTAGAAAAGCAAAAGAAAACCTTAATTAATGTT
AAGTTAAAAGTGTATAAACCCGAGATTAAGGTAAGTGGCCCACCACCATCTAGATTTTGAGTACACCGAAGGCATGGCGATGTTGGCAGTGGCGG
GAGCGTTACGCCTCTACCGCCACCGCCTCCGCCGCACACGATAAAAAATGGAGTACAGCCACGAATGGGCAAATCAATAATTTTCAACACTCCAA
TTGTTTTTACAACTGAAATCAGTCCTAATCTTGTTTTCCGCAGTGCAAGGATGTCGAAACGGAGCGCCGACGACGCCACCGGCAGCAGCTGCTTG
GTGGCCGCCGCAGCCGCCGGCCAGCCGCCCATCAAGAAGGTGCACTTCGAGCCCCATCTGATTGGGCCGGTGTCCACGCTGGAGGAGATGGACAT
CAAGGTGCTGGAATTCCAGAACAAGAAGCTAGCACAGCGCATCGAACAGCGGATGCGAACGGAGGCGGAGCTGCGACATCGAATCGAGCAGCTGG
AAAAGCGGCAAACGCAGGACGACGCCGTTCTAAACGTGGTCAATCGGTATTGGAATCAGCTGAACGAGGACATACGAGTCCTGCTGCAGCGCTTC

GATGCCGAGACGGCCGACGAACTGGAGAACCGGAATGAGAACGAGGTGACCACCTCGTTTCTCGCCCAACTGTCCACCTGGGACAAGGAGGAGCT
GGACGAGAAGCTGGCCAACCGCGTCCAAGTGTCCAAAAGGGCGGTCGCCAAGATCGTACAGGTTATTGATAGGTTAATGCAACGCAATGAAAAGA
TAACTCATGTCTTGAAAGGTGATAGTCTGGCTTCAGCTGGCTCCGGTTCAGGAGCGGGAGCTGGCGGCGAGGAGGAGCAGCAGCAGGCCAGCGGC
GATGCGGAGACCACAACGTCATCGGCCGGTGTCCATGCGCTAGAGGAAACCCTGAAGCAAACGCACATCGAGATCATGAGCGAAAATCACAAGCT
GCAGAATCTGAATACCTCGCTGCACGAGAAGTTCCACACCATGTCGCTGAAGATGAAGGAGTACCAGGACGCTCATACCGCCAAGGAGACGGAGA
ACGCCGAACTGAAGAACCAGATAGACGAACTGCAATATGACCTAGAGAAGATCCATTGCCGGAATGATAAGCTGGAGAACCACTTGGCCGAGGCT
ATTGAAAAGCTGAAGGCCTACCACCAGATTTACGGTGATCCCAATAAGAGCACTAATAGTGCCAAGACACCAACTACCACAGGCAGCGGCGGCGC
CACCACCAGCGTTAATAGCCAGCTATTGGAGGAGCTGCAAAAGGAGCTGGAGGAGTACCGCGAACTGGCCAACAACCGACTGCAGGAGCTGGATA
AGCTTCACGCCACGCATCGCGAAACCCTGAAGGAGGTGGAGAAGCTTAAAATGGATGTAAGTTTTGAATGAATAATGTATTAGCTTATCTGGAGC
ATTGCTAATTATAGTTAGTCATTTCGTTTATATTTTCTTTGTATTATACTGATTCATCCTTAAAATCCATTCCAGATACGACAGTTGCCGGAATC
GGTAATTGTGGAAACCACGGAGTACAAGTGCCTGCAGAGCCAGTTTTCCGTGCTCTACAACGAGTCCATGCAGATAAAGACCATGCTGGACGAGA
CCCGAAACCAGCTTCAAACGAGCAAGAACCAGCATCTGCGACAAATCGAAGTGATGGAGAGCGAGGAACTTATTGCCCAGAAGAAGGTGCGCAGC
GAGATGATCCAGATGGAGGACGTTTTAGCCCTCATCCGAAAGGAGTACGAAACGCTACGCATTGAGTTCGAGCAGAACATGGCAGCCAACGAGCA
GACGGCACCCATCAATCGCGAGATGCGCCACCTGATCACCTCTCTACAAAACCACAATGGCCAACTGAAGGGTGAGGTGCAGCGCTACAAGCGAA
AGTACAAGGACACGTCCACGGACAACTTGAAGCTGCGTCAGGAGCTGGCCGATGCACTAGCTACACTCGAAGGCAACAAGTTGCAGGCGGCGACT
GGTGCGGCTGGCGAAGAAATCAAGCAGGAGAACTCAACAGGTGTGAAGGAGGAGAACTCCAACAACGTTTCCGCCAGTGGACAAACAAACCAAAC
AAATTCCGGCAACGATACCAACGTAGCCATCAAGGAGGAGAACCATATCTCGGCTGAAGATGAAGCTGATGACGAGGCCAGTGGTAAGGACGTAA
AAGACGGCATCAAGCAGGAGAAGCTCAGTTCTGGAGACGCGGCGGCAGCTGAGAAGAAGGATTCCCCTGGACCCGGAAACTCAACAAGTTCTGCG
ACCAATTCTGTTCCCGTCAAAAACGAAAAGGATTCCAAGGATGGTGTCAAGGGCAAGGATGTGAAGGCAGTGGAAAGTGAAACGGTGCGCGATCT
GAAGGCGCAACTAAAGTAAGTTTGTTCAGCAATTACGATTATCTATTTAACATTGTTTGATTTACAGAAAAGCACTGAACGACCAGAAAGAAATG
AAACTCCTGCTGGATATGTACAAAGGCGTATCGAAGGATCAGCGCGACAAGGTCCAGTTGATGGCCACCGAAAAGAAACTGCGCTCCGAGATCGA
GGAGCTCCGCCAGCAGCTGAAGAAGCTGCAGGAAAGCAAGCGCGAGGAACGCAAGAAGCTGGCCGACGAGGAGGCGTTACGTAAGATTAAGCAAT
TGGAGGAGCAGAAGTACGAGCTGCAAAAACAGATGGCCAACCACAAGCCAACGGATAATTCTTGGGGCAGTGGAGCCCCCGGCACAGCGAACTAC
ACGCGACCGTTTGTTGGTTCCCACGAAGAGGAGGCACTGCTGAACGAGATGGAGGTTACCGGCCAGGCGTTCGAGGACATGCAGGAGCAGAACTC
CCGGCTCATACAACAGCTGCGTGAGAAGGACGATGCGAACTTTAAGCTAATGTCGGAGCGCATCAAGGCCAACCAGCTGCACAAACTTCTGAGAG
AGGAAAAGACGGTGCTGGAGGATCAGATGGCAACGGCGACCACGCAAATCGAAGCCATGCACATTGTGCTGCGAAAGCTGGAGGAGAAGGAACGC
AGCCTGCAGGCCACCGTCGCGTCGATTGAGAAAGAGTTGATGCTGCGGCAGCAAGCAATGGAGATGCACAAACGCAAGGCGATTGAATCGGCGCA
ATCGGCAGCGGACCTCAAGCTGCATCTGGAAAAGTATCACGCGCAAATGAAGGAGGCGCAGCAAGTGGTGGCGGAGAAGACCAGTTCGCTGGAGG
CGGAGGCCTACAAGACCAAGCGGCTGCAGGAGGAGCTGGCGCAGTTTAAACGCAAGGCGGAGCGCATGAAGAAGATGGAAATGTCGGGCACCACC
ATCGACGAGGTGATGATTGAGGAGATCCGCGAATACAAAGAAACGCTCACGTGTCCCTCGTGCAAGGTGAAGCGGAAGGATGCTGTCCTGTCAAA
GTGTTTCCACGTCTTCTGCTACGACTGCCTGCGCACTAGATATGAAACGCGGCAGCGGAAGTGTCCCAAATGCAACTGCGCCTTCGGCGCCAACG
ATTATCATAGGCTATATCTGCAGTAGATAAGCGATAATTTAGATACGTTCCGGTCATGTCCTATTCATACACAAATCCACCCACGCCACACACCA
CTACCGCACACCCAGCATTCATGCCGGATTATTATTCATTATGCATATATTACCTACGTACTAATATTTGGTTAAGTAGTCTCCGAATAACTTTC
CCCCACCAGATTTCCCATGGCAATTATTTGAATTCGTTCATTCTGGCGCCAAGCAAAAGCATCTCATTATGAGTGCCGCGAGATCGTGACGCGGT
TTTTATGTAGCTTCTAGTTTTTGTAAATCAAACTATTTTTAAATGATTTCATTTGAAAACTAAATGTACGAACACTAATAAATGGCTAAAACCTA
TTGTTTAGCATGCCCCGAGTTATTTAGATACCCCATATATACATAAGTGTAGGTTCTTTGTCTTGCATTCAGTTAGCATTATATTAAGCGTATTC
TAATCTTAAGTTAAATACTCCTATTGTAATGATCAAACGTAGCATAGATATCAAATGTATAAACTTGGCGGAGAATCCGTTTAAAAGTCGCGCTT
TGCTTTGAAGGGCTGCTAACTTGGTTATAATTGATAAGTAATTGTAATAATGTATGATCGAAAATTGTTGTTCAGCTGAACAAAACGAGTTTTGA
TTGCTTTTTTGTTTGTGTGTAAATGTGTTCGTTCTTTATGTGTACTGTTTAACGAATAAAGAAACTAATGATCAGAAATCGTGACTTTCAATCAA
TGTTATCTCTCTACATGAAATCCACCTGTTAGAGCTGTTAGCACCCACGCACTCATGTTAATAACATCGATGCTTATCTGAAACCTGTAACCATT
GGCGCGCAACAGGTTATCGGGGTTTAAAACGCTATGCTGGTATTTTGTTCTCTACAGAAAGTAGGAAAGTGGCCATAACTATAATTTTATGTATA
AACAGTTTGATCATATTCTAAATTTCTATTTTATGGCACAAGAACATAAAACGAATGGTTAATTTAACTCAACTGG
(SEQ ID NO: 1156)

Exon: 1001..2146
Exon: 2261..2756
Exon: 2796..3150
Exon: 3203..4301
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT29573
ATGTCGAAACGGAGCGCCGACGACGCCACCGGCAGCAGCTGCTTGGTGGCCGCCGCAGCCGCCGGCCAGCCGCCCATCAAGAAGGTGCACTTCGA
GCCCCATCTGATTGGGCCGGTGTCCACGCTGGAGGAGATGGACATCAAGGTGCTGGAATTCCAGAACAAGAAGCTAGCACAGCGCATCGAACAGC
GGATGCGAACGGAGGCGGAGCTGCGACATCGAATCGAGCAGCTGGAAAAGCGGCAAACGCAGGACGACGCCGTTCTAAACGTGGTCAATCGGTAT
TGGAATCAGCTGAACGAGGACATACGAGTCCTGCTGCAGCGCTTCGATGCCGAGACGGCCGACGAACTGGAGAACCGGAATGAGAACGAGGTGAC
CACCTCGTTTCTCGCCCAACTGTCCACCTGGGACAAGGAGGAGCTGGACGAGAAGCTGGCCAACCGCGTCCAAGTGTCCAAAAGGGCGGTCGCCA
AGATCGTACAGGTTATTGATAGGTTAATGCAACGCAATGAAAAGATAACTCATGTCTTGAAAGGTGATAGTCTGGCTTCAGCTGGCTCCGGTTCA
GGAGCGGGAGCTGGCGGCGAGGAGGAGCAGCAGCAGGCCAGCGGCGATGCGGAGACCACAACGTCATCGGCCGGTGTCCATGCGCTAGAGGAAAC
CCTGAAGCAAACGCACATCGAGATCATGAGCGAAAATCACAAGCTGCAGAATCTGAATACCTCGCTGCACGAGAAGTTCCACACCATGTCGCTGA
AGATGAAGGAGTACCAGGACGCTCATACCGCCAAGGAGACGGAGAACGCCGAACTGAAGAACCAGATAGACGAACTGCAATATGACCTAGAGAAG
ATCCATTGCCGGAATGATAAGCTGGAGAACCACTTGGCCGAGGCTATTGAAAAGCTGAAGGCCTACCACCAGATTTACGGTGATCCCAATAAGAG
CACTAATAGTGCCAAGACACCAACTACCACAGGCAGCGGCGGCGCCACCACCAGCGTTAATAGCCAGCTATTGGAGGAGCTGCAAAAGGAGCTGG
AGGAGTACCGCGAACTGGCCAACAACCGACTGCAGGAGCTGGATAAGCTTCACGCCACGCATCGCGAAACCCTGAAGGAGGTGGAGAAGCTTAAA
ATGGATATACGACAGTTGCCGGAATCGGTAATTGTGGAAACCACGGAGTACAAGTGCCTGCAGAGCCAGTTTTCCGTGCTCTACAACGAGTCCAT
GCAGATAAAGACCATGCTGGACGAGACCCGAAACCAGCTTCAAACGAGCAAGAACCAGCATCTGCGACAAATCGAAGTGATGGAGAGCGAGGAAC
TTATTGCCCAGAAGAAGGTGCGCAGCGAGATGATCCAGATGGAGGACGTTTTAGCCCTCATCCGAAAGGAGTACGAAACGCTACGCATTGAGTTC
GAGCAGAACATGGCAGCCAACGAGCAGACGGCACCCATCAATCGCGAGATGCGCCACCTGATCACCTCTCTACAAAACCACAATGGCCAACTGAA
GGGTGAGGTGCAGCGCTACAAGCGAAAGTACAAGGACACGTCCACGGACAACTTGAAGCTGCGTCAGGAGCTGGCCGATGCACTAGCTACACTCG
AAGGCAACAAGTTGCAGGCGGCGACTGGTGTGAAGGAGGAGAACTCCAACAACGTTTCCGCCAGTGGACAAACAAACCAAACAAATTCCGGCAAC
GATACCAACGTAGCCATCAAGGAGGAGAACCATATCTCGGCTGAAGATGAAGCTGATGACGAGGCCAGTGGTAAGGACGTAAAAGACGGCATCAA
GCAGGAGAAGCTCAGTTCTGGAGACGCGGCGGCAGCTGAGAAGAAGGATTCCCCTGGACCCGGAAACTCAACAAGTTCTGCGACCAATTCTGTTC

CCGTCAAAAACGAAAAGGATTCCAAGGATGGTGTCAAGGGCAAGGATGTGAAGGCAGTGGAAAGTGAAACGGTGCGCGATCTGAAGGCGCAACTA
AAAAAAGCACTGAACGACCAGAAAGAAATGAAACTCCTGCTGGATATGTACAAAGGCGTATCGAAGGATCAGCGCGACAAGGTCCAGTTGATGGC
CACCGAAAAGAAACTGCGCTCCGAGATCGAGGAGCTCCGCCAGCAGCTGAAGAAGCTGCAGGAAAGCAAGCGCGAGGAACGCAAGAAGCTGGCCG
ACGAGGAGGCGTTACGTAAGATTAAGCAATTGGAGGAGCAGAAGTACGAGCTGCAAAAACAGATGGCCAACCACAAGCCAACGGATAATTCTTGG
GGCAGTGGAGCCCCCGGCACAGCGAACTACACGCGACCGTTTGTTGGTTCCCACGAAGAGGAGGCACTGCTGAACGAGATGGAGGTTACCGGCCA
GGCGTTCGAGGACATGCAGGAGCAGAACTCCCGGCTCATACAACAGCTGCGTGAGAAGGACGATGCGAACTTTAAGCTAATGTCGGAGCGCATCA
AGGCCAACCAGCTGCACAAACTTCTGAGAGAGGAAAAGACGGTGCTGGAGGATCAGATGGCAACGGCGACCACGCAAATCGAAGCCATGCACATT
GTGCTGCGAAAGCTGGAGGAGAAGGAACGCAGCCTGCAGGCCACCGTCGCGTCGATTGAGAAAGAGTTGATGCTGCGGCAGCAAGCAATGGAGAT
GCACAAACGCAAGGCGATTGAATCGGCGCAATCGGCAGCGGACCTCAAGCTGCATCTGGAAAAGTATCACGCGCAAATGAAGGAGGCGCAGCAAG
TGGTGGCGGAGAAGACCAGTTCGCTGGAGGCGGAGGCCTACAAGACCAAGCGGCTGCAGGAGGAGCTGGCGCAGTTTAAACGCAAGGCGGAGCGC
ATGAAGAAGATGGAAATGTCGGGCACCACCATCGACGAGGTGATGATTGAGGAGATCCGCGAATACAAAGAAACGCTCACGTGTCCCTCGTGCAA
GGTGAAGCGGAAGGATGCTGTCCTGTCAAAGTGTTTCCACGTCTTCTGCTACGACTGCCTGCGCACTAGATATGAAACGCGGCAGCGGAAGTGTC
CCAAATGCAACTGCGCCTTCGGCGCCAACGATTATCATAGGCTATATCTGCAGTAG
(SEQ ID NO: 1157)

Start ATG: 1

MSKRSADDATGSSCLVAAAAAGQPPIKKVHFEPHLIGPVSTLEEMDIKVLEFQNKKLAQRIEQRMRTEAELRHRIEQLEKRQTQDDAVLNVVNRY
WNQLNEDIRVLLQRFDAETADELENRNENEVTTSFLAQLSTWDKEELDEKLANRVQVSKRAVAKIVQVIDRLMQRNEKITHVLKGDSLASAGSGS
GAGAGGEEEQQQASGDAETTTSSAGVHALEETLKQTHIEIMSENHKLQNLNTSLHEKFHTMSLKMKEYQDAHTAKETENAELKNQIDELQYDLEK
IHCRNDKLENHLAEAIEKLKAYHQIYGDPNKSTNSAKTPTTTGSGGATTSVNSQLLEELQKELEEYRELANNRLQELDKLHATHRETLKEVEKLK
MDIRQLPESVIVETTEYKCLQSQFSVLYNESMQIKTMLDETRNQLQTSKNQHLRQIEVMESEELIAQKKVRSEMIQMEDVLALIRKEYETLRIEF
EQNMAANEQTAPINREMRHLITSLQNHNGQLKGEVQRYKRKYKDTSTDNLKLRQELADALATLEGNKLQAATGVKEENSNNVSASGQTNQTNSGN
DTNVAIKEENHISAEDEADDEASGKDVKDGIKQEKLSSGDAAAAEKKDSPGPGNSTSSATNSVPVKNEKDSKDGVKGKDVKAVESETVRDLKAQL
KKALNDQKEMKLLLDMYKGVSKDQRDKVQLMATEKKLRSEIEELRQQLKKLQESKREERKKLADEEALRKIKQLEEQKYELQKQMANHKPTDNSW
GSGAPGTANYTRPFVGSHEEEALLNEMEVTGQAFEDMQEQNSRLIQQLREKDDANFKLMSERIKANQLHKLLREEKTVLEDQMATATTQIEAMHI
VLRKLEEKERSLQATVASIEKELMLRQQAMEMHKRKAIESAQSAADLKLHLEKYHAQMKEAQQVVAEKTSSLEAEAYKTKRLQEELAQFKRKAER
MKKMEMSGTTIDEVMIEEIREYKETLTCPSCKVKRKDAVLSKCFHVFCYDCLRTRYETRQRKCPKCNCAFGANDYHRLYLQ*
(SEQ ID NO: 1158)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384486
AAGAAGGATTAGGGATTATTTTTGGAACATTTCCAAATACTGCACTATATTACCAATCCCTGCCCGTAATCCTCGCCCCCCTCCTCGCCACCGGA
TGTACCGATGTGCTCCTGGATCTTGGCCTCGAGCCCATTGACGTCCGCACCCTGGACGCGATCGATCTTGGTCCTGTTCCTGTAGAAGATGAATG
TTGGCATGGCCGAAACGCCCTGTCCAGCAGCCGTGTCCTGGCACTTGTCCACATCCACTTTCAGGAAGATGGCCTTTGGGTACTTTGTTGGAAAC
GTCTCGAAGATGGGCGCAATCCGCTTGCAGGGACCACACCACGAAGCTGTGAAGTCCACCACAACCAATTGAATGCCCGCTTGGGCCAACTCCGC
CTGGAAGTGGGACTCGTCGTTGATCACGCGCACGGACATGGTGATAGGATTAGGTTTCTATTAATTGAGCTTTTGTTTCGGCAGCCGAATTGGAT
TTAAGCAAGTAAATGTTATTATTAACGTTCAATGCAAATTTTTTTTGTTAAAGATGACTTGTAATATGCATTTAGTCCAAATTCGTGCTAAGAAA
AATACCGAATGCGGTATTCCACAAGCGGTCACACTGTGATGGTATCGATATTTCGAGCTCTTTGACTTCCTATTTTTAGAGGGACCATTTATGTG
TAATAGAAAAAAACCGAAACTTAATATTTAAACTTTTATTGAAATATTAGTGGATTACAATATGTAAAACTATGAAATATTCTCATTTGATATAG
CTCAAAGTGTTATTTAAAATTCATTCAGTGTTTACGACTAGCAATCTACGCTTTCACGCTCATCTTAAGCTTACCGCCCATTTGCCAGGGTTGTC
AAGGCGAATGAGCGGTCCCACCATACACGCCACTGGAACTTTCGATACCTGCGCTGCGCCTGGCCACACGTTCATTACCTCGTGGTGTTTCAGTC
GGTCGCATTTTCATTAAGTCGCCATTTTAAAATTATTAGAGTCAAGTACAATGGCAGATGTGGAAAAGGAGCCCGAGAAGACCATCGCCGAGGAT
TTGGTGGTGACCAAGTATAAGTTGGCCGGCGAAATCGTCAACAGTGAGTATTCCTTGGCCGGAAACAGCGAACGCTGGCCGATTCCTGGAGTCGC
TGCTACGTGGCGCTTACACAATGCACCGAATGCCGCTTTCCCTTGTGCGCCACGCGTTGGTTAATCTGCCTATTTCTGGACTCTGTCTGCTCGTT
TAATTTTAGAAACCCTCAAGGCGGTAATTGGACTCTGCGTGGTTGATGCCTCCGTCCGGGAGATCTGCACCCAGGGCGACAATCAGCTCACCGAG
GAGACCGGCAAAGTAAGTGGTGGCCACCTGGCGGTCATTCGCGCCAATTTCATGTCCAATGATTAAGACTTACACCTTTGAGGGTTTCCCGATGG
CGAGCCATGTGCTGTGCGGGCTGGGGATCACCTCGTGGTCGCCAGGCGCACGCGGGGACTCCAATGCTCCACGTGCCCGGCTTGTGTGCTCTCCA
AAAGGTCCCGAGGATTTACAGATTATGAGATCTGAGGACACACCGCGCACTATCATTGATATATAGTACAACGAACAAGCAATCTAATGCTTTTA
TCGATCTTTCACAAACAGGTATACAAAAAGGAGAAAGACCTGAAGAAGGGCATTGCCTTTCCCACCTGTCTGTCCGTCAACAACTGTGTCTGCCA
CTTCTCGCCAGCCAAAAACGATGCTGACTACACGTTAAAGGCCGGTGATGTGGTCAAAATGTAAGTTGAACCTCCTATTCCACATATACCGCCAC
TAAATACGTAACATTTCTTTTCTACAGCGATCTGGGTGCCCACATTGATGGTTTCATTGCCGTGGCCGCTCACACAATTGTGGTAGGCGCTGCTG
CGGATCAGAAGATCAGTGGTCGCCAGGCCGATGTCATCCTCGCCGCCTACTGGGCTGTCCAGGCTGCCTTACGTCTGCTCAAGTCCGGCGCCAAT
GTGAGTCCTCCCTTACTTCTAGGTAATCCTCCGTTAATCCCTGCAAGAAACGGATTGTCTGCCGCGATTCTCCAGCGACTGAACATCTCAACACT
TGCAAAGATCAGCTGTGGCAGCTGGTAATTGCCCTGGCCTATTATTCAGGACTGGAGGCTTCTTGTCAGTTGTCCACAAGGTTATTTCTTCTGCA
GGCAACGGATTGACTGCGCTCAAACTCTGACACAGATCAGCTCAACACCTGCGGATAGAAACTGTGTCAATTTCGTGAACTGAACAAGTTCATTC
CATAGAAGTGTTCGGTCTTTAAATTTGTCCACATCTCCAGTTTATAGATATGTCGGAATTGTAATCTGCAGGCAACGGATTGTCTGCTGCCTTAA
CTCGTGGCTCAGCACAGCTCAACGTCTGCAGAGATCAACAGTGTCGATTTCGTGAACTGAACAAGTTTAGATACTTGAAATGTTCGGTCTTTAAA
GTTGTCCACAATCGCAATGATAATGCCGATCAGTTATTGTTATTTTGCGTTATCTATAGTATACTATGATATTTGATTAAGATTAGTCAAAGGGA
ATTGGAATGTTTTCTTTATCTCTGCTTTGAACTATTTCCATTTTATTTCATACTTAATATTTATGTTTCAATTCTGTATCCTTACAGAACTACTC
CCTCACCGATGCAGTGCAACAAATCAGCGAGTCGTATAAGTGCAAGCCCATTGAGGGCATGCTCAGTCACGAGCTGAAGCAGTTCAAAATTGACG
GCGAGAAGACGATCATACAGAACCCCAGCGAGGCGCAGCGCAAGGAGCATGAGAAGTGCACCTTCGAAACGTACGAGGTGTATGCCATCGATGTT
ATCGTCAGTACCGGCGAAGGAGTGGTTAGTAATCCATCAATAGACACTACATCTCCACTAATTTGTTCGATGATTAAAAACACGCGCTTGAGGCT
GACTTTGCTGGAATGCGGTGTTTGTTGCGAGAGTGACTTGTTTGCTCGGCGTTTTTTTATACTAAAATGCGGCACGTGCAGACACCAAGTTCCGG
CTGGCTGTTGTCCGAAGATTGCAAGATTATGAGATCTGAGAACGCCAAATTTAAGCTGGATCCTGGATCATCGCAGCCAGAGCATTATTGCTAAC
ATTATTCGTATTCGTTGCAGGGACGCGAAAAGGACACCAAGGTCTCAATTTACAAGAAGTCTGAGGAGAACTACATGCTCAAGATGAAGGCGTCC
CGTGCTCTGCTGGCAGAGGTGAAAACCAAGTACGGAAACATGCCATTCAACATCCGCAGCTTCGAGGAGGAGACCAAGGCCCGCATGGGAGTTGT
TGAGTGCGTCGGCCACAAGATGATTGAGCCCTTCCAAGTGCTGTACGAGAAGCCATGTAAGTGTGATGCATATTATTATTAATCCTATTCCCTAT
TATGCGAGTTGGCAGAACTTAATTCCGGACCTGGTACACCTTCGGGTGCTAAGTGCGGCCAGACATTTTGCCAGAACAAATTCCAGGCATTGTCG

TCTTCAGCAGTTGCCTCAGTGTGGCCTCTGTCTGAACATGGCACTGTCACAATCGTATCCAATCTATTAACCTGTTTTCTTATACTTATTAAAGT
TAATTTAGAGACTAAACTAGTTTGAGCAACCTTTATAAAGTTCGAATTTTAGCCGGAAGTAATAGCAAAGTTAAACAATCCTTTTCCTTATCTTG
CATTACAGCCGAGATTGTGGCGCAGTTTAAGCACACGGTTCTGCTCATGCCTAACGGCGTCAACTTGGTCACCGGCATCCCATTCGAGGCGGAGA
ACTATGTGAGCGAGTACAGTGTTGCGCAGGAGGAGCTCAAGGTAAGCTGCAACAATTTCCTTGTATTCACGATGCGTACTCAATGAAATCTCAAC
TTTTTGCAGACTCTGCTCGCGCAGCCTTTGGGTCCTGTGAAGGGCAAGGGTAAGGGCAAGAAGGCAACAGCTGGGGCGGCGACAAAGGTGGAAAC
GGCGCCGGCCGTGGAGACCAAGGCATAGACCAGCCCGCTGATGATGATCCGCACCGCCAAGCCATCAACGGAAACACAATGTGAACAATTGCGCT
GCCCAACGCTGCGCTCCACAGATTTTTACTATCGAATTCGTTGCGTATTAGAGGACCCTTTTGACAACAGAACAGGACAGAAGAGAAGACGGCAA
CAATTTGAGGATACATTTCCCCAGAAATCCTCCATCCATCAACAAGGCGGGCGGTCGGTCGGTCCCGCGCCAACTTTACCTCTTTATTTCCTTTA
CTATAAGCTGCCTTCGTTTATCGGTCTGTTCAACATCATCGCAACGAAAAAGCAAAGCAAGAACTGTCATCAAATTGTAACAATTTTAACGCTAA
ATGATCTTAAAATATAATTCAAGTGAAACGTTATTAACGCTGCGTAGTAGGTATTAAATAAAATTAACATTTTCTATAAAACAGCCGATAAATGC
CAAACGATTTTTCATTTATTTACTTTCCGCTGGCGCCCAATTTTAATTCGATTTCGATACGCTTCTCATTCTAATAAATGCACTTGCGAGTTGTG
TTTATTTTATACGTTTAATTTAGTTTTGATGTTCACATTCACATTATACAATTTGTAATTTAGATTTCTTGCCTTTTGTTATTTTAAATTTTACA
GTCTCATCTTTGAACTCTTGTATTACGAAAGTTGCAAGAATAACTTCGTTATGTTAAACGTCACTTAGTGCTGTGCTCACTTGGCCACCCCAGTT
GTCCATCCCAGATCCAATCCCAACAAGACCAGACCAATTCGATGCCGTATACGGCGACTTTGCCCAACTCGCTGACCTCTTCCCTTGCGTCAAAC
AAAATAAAGAACAACAAAAAACGCAATTGCTGCGGATGAAGTATAGAAAACACGAGCAGCACTTGCAGACGACAAAGATATGTGGCCGGTGATCA
AAAGAGGATCTGGGATTTAATGGTCTGCCGTCGCTTACATACATGGTTTGGTGTACTTTTTTTTTTTTTGTTATGATC
(SEQ ID NO: 1159)

Exon: 1001..1088
Exon: 1245..1342
Exon: 1634..1770
Exon: 1833..1995
Exon: 2653..2874
Exon: 3156..3381
Exon: 3714..3841
Exon: 3905..4018
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT29664
ATGGCAGATGTGGAAAAGGAGCCCGAGAAGACCATCGCCGAGGATTTGGTGGTGACCAAGTATAAGTTGGCCGGCGAAATCGTCAACAAAACCCT
CAAGGCGGTAATTGGACTCTGCGTGGTTGATGCCTCCGTCCGGGAGATCTGCACCCAGGGCGACAATCAGCTCACCGAGGAGACCGGCAAAGTAT
ACAAAAAGGAGAAAGACCTGAAGAAGGGCATTGCCTTTCCCACCTGTCTGTCCGTCAACAACTGTGTCTGCCACTTCTCGCCAGCCAAAAACGAT
GCTGACTACACGTTAAAGGCCGGTGATGTGGTCAAAATCGATCTGGGTGCCCACATTGATGGTTTCATTGCCGTGGCCGCTCACACAATTGTGGT
AGGCGCTGCTGCGGATCAGAAGATCAGTGGTCGCCAGGCCGATGTCATCCTCGCCGCCTACTGGGCTGTCCAGGCTGCCTTACGTCTGCTCAAGT
CCGGCGCCAATAACTACTCCCTCACCGATGCAGTGCAACAAATCAGCGAGTCGTATAAGTGCAAGCCCATTGAGGGCATGCTCAGTCACGAGCTG
AAGCAGTTCAAAATTGACGGCGAGAAGACGATCATACAGAACCCCAGCGAGGCGCAGCGCAAGGAGCATGAGAAGTGCACCTTCGAAACGTACGA
GGTGTATGCCATCGATGTTATCGTCAGTACCGGCGAAGGAGTGGGACGCGAAAAGGACACCAAGGTCTCAATTTACAAGAAGTCTGAGGAGAACT
ACATGCTCAAGATGAAGGCGTCCCGTGCTCTGCTGGCAGAGGTGAAAACCAAGTACGGAAACATGCCATTCAACATCCGCAGCTTCGAGGAGGAG
ACCAAGGCCCGCATGGGAGTTGTTGAGTGCGTCGGCCACAAGATGATTGAGCCCTTCCAAGTGCTGTACGAGAAGCCATCCGAGATTGTGGCGCA
GTTTAAGCACACGGTTCTGCTCATGCCTAACGGCGTCAACTTGGTCACCGGCATCCCATTCGAGGCGGAGAACTATGTGAGCGAGTACAGTGTTG
CGCAGGAGGAGCTCAAGACTCTGCTCGCGCAGCCTTTGGGTCCTGTGAAGGGCAAGGGTAAGGGCAAGAAGGCAACAGCTGGGGCGGCGACAAAG
GTGGAAACGGCGCCGGCCGTGGAGACCAAGGCATAG
(SEQ ID NO: 1160)

Start ATG: 1

MADVEKEPEKTIAEDLVVTKYKLAGEIVNKTLKAVIGLCVVDASVREICTQGDNQLTEETGKVYKKEKDLKKGIAFPTCLSVNNCVCHFSPAKND
ADYTLKAGDVVKIDLGAHIDGFIAVAAHTIVVGAAADQKISGRQADVILAAYWAVQAALRLLKSGANNYSLTDAVQQISESYKCKPIEGMLSHEL
KQFKIDGEKTIIQNPSEAQRKEHEKCTFETYEVYAIDVIVSTGEGVGREKDTKVSIYKKSEENYMLKMKASRALLAEVKTKYGNMPFNIRSFEEE
TKARMGVVECVGHKMIEPFQVLYEKPSEIVAQFKHTVLLMPNGVNLVTGIPFEAENYVSEYSVAQEELKTLLAQPLGPVKGKGKGKKATAGAATK
VETAPAVETKA*
(SEQ ID NO: 1161)

Name: methionine aminopeptidase
Classification: peptidase

Celera Sequence No. : 142000013383791
TCGACTATCCGCGCACCAGCTCAAATCGCGTCTGAGATTCCTTGAACTGAATTCTCTTCTTGTGCTGCACGTGGGCTTCACTGAGGAACAAAGTA
GACGCCACCAGGGTTAACACAGTACCCACACACGCCAGGATAAAGGACCAGCCAAACCAATTGTTCGCATGCTCCGGCATCCAGCCATTCCGGTT
GCCAAATCCAGCGAATACAATCACTGCAATGGCTGCACTTACTCCAGCACCGAGAAGCACATATCCCAACGATTTAATGAGCGTAATGAAGTGCT
TTTGATCCGGACCAGCACACAGGATGAAGACCAGTACTCCGATGGCAGATACCAACATCCCGATGAAGGCCAAAGTGTAGAAGAACTGAGTGGCT
ATCATGAAGGCGGGCAGCAGGAATCCACGGATCTCATCGTAACCCGTGGTAAATGGGTCATACACCCAACGGCAGCCCACGAAGAATCTCCGCTG
GCTATCGTCGTTCACGTCCGGCAGCGACCGGAAGCAGTGCACCCACAATCCCAGGCGATCCAGCTTGGCGCCCGTGATGCGGTAATCACTGACCA
ACCAACTGGGCGTTGCAAACGCAATCACGATGAAGGCAAAGGCGAACACGAAGACGCCAACGCCACAACTTCCGGATAGTGTGCGTCTCTTCATG
TTCACTGTGTGACTGTTTTGCGTGTGGCTGGTGGGCAGGTGCTCCTGGGAATCCTCGCGTGCGAAGTGGGATGGTTTTTGCATCCTTTGAGTGGG
AAATTCTATTGGAATTTCGCTGGTTTCCTGGGGAAATGTTTGTTTGGTTTGCTGTTTGGGTGTGGACTGCAGTGTGGCCGCACTGGTAATACCGC
AGAATACCATGGGGCCACAAAATAAATACCAAATGCTACGGTACCAATAAATTTCAAAACAGTAAATTAAACAATTTAGATTATACATTTTTTAA
ATTAAGAAATAAATGATTTTAAATTTAATTAATTTTTGATAGATGGCTAAGGTACTTCTTAAATCAAATAAAAAGCTTTTTATATAGAATATAAC
ATATTTTGGTTATATTGTCGATAAAAACTTATACTTAAAAGGCCCAACCGTTGTAAATGCTAATGAGCGTCGTTTCATTCTGGAAGACATGCTCT
CCTCAATCGTTCCCCTAATTAAGGGCTGCCACAGCCTTGTGGGCGGCATCATCCAAGTCACTGGCTGTCTGAATGGGCAGGCCCGAATTCTTCAG

GATCTCGCGAGCCTGATTTACATTGGTGCCCTCCAGTCGCACAACCAGTGGAACATTCAGTTGCAGCTTTTTGGATGCAGCCACAATGCCATTGG
CAATGGTGGCACAATTGACAATGCCGCCAAAGACATTGACCAGGATTCCCTTGACTTTCGGGTCAGCAGTGAGGATCTCGAAGGCTTTGGCCACC
TGATCCTCCCTGACGCCACCGCCGACGTCCAAAAAGTTGGCGGGCTCGCCTCCATTCAGCTTGATGATGTCCATGGTGGCCATGGCCAGGCCGGC
ACCATTAACCAAGCAGCCAATGTTGCCATCCATGGCGACGTAGTTCAGATTGTACTTGGCCGCCTCCACTTCTCGGGGATCGGATTCCTCCTCGG
TGACGTCCATGGAGAAAATATCCTTCTGACGGAACTGGGCATTGTCGTCAAAGTTGAGCTTAGCATCAACGGAGATAACTTCTCCCTTATCCGTC
TCCGCCAGCGGGTTGATCTCGATCTGTACGGCATCCACAGCTTTGAAGAGAGTATAGAGTTTTTGAATTTCCTCAGCACAACGCTTTACAGAGTC
TCCCTTGAACTCCAAGAACTTGGCCACCTCCAAGAGCGTCGACTCCGGTATGGGCTTGCCAATGTCTAGCGGAACAGTCTTAATTTTCTCAGGGG
TTTCCTCGGCCACCGCCTCGATATCCATGCCACCGGCAGGTGAGGCAATCAGCACGGGTCCATTGTGCTCGCGGTCCAGCAAGATGCAGAGATAG
GTCTCGCGGGTGATGTTGATACTGCGTGCCACCATGACCTTGTTGACCAAAATTCCCGATTTGGGCGTTTGTTTCGTTATCAGTCGGTTTCCAAT
CATCTGCTGGGTAAGCGAAAGCACCTCGCTCTTGCTGGCAAAATGTTAAATAATTATTAGTATAAGCTGGTCTTATCACTTGTGTTTTTAAGGTA
CACTCTGGCTTTCACAAACTTTTATCATTTTCAATATGGGCAGAATGATAAGATTAATCTTATATACAAATGATATTGTAGAACATAAATAATAT
TAATTTTTTAGATAAAATGTGAATGTGAATAGCCGGAATAGACCTAATCTATAATACTTGGTGGTGATATGGACGCCGCCTTTGAATCCGTTGTC
GAAAGTTCCCTTGCCACGCCCACCGGCGAGAATCTGCGCCTTCACCACGTATTCCGGGCACTCTGAAACACAGAAGCACAGCATTTAACACCAAT
TAGCCCAGGGATTACATAAACACCGGCATGGTTCCGTCCTCCACTTACCAAAAGTCTTGACGACCTCGGCATCTGCCTTGGAGTTATTCAAGACC
TTGAATTGCTGTATGGCCACTCCATACTTCTGGAGGAGATCCTTGCTCTGGAACTCCAGCAGATTCAGGTTGCGCACGGGAACCTATCATCGAAA
GATAAACAAAGCCAAGACAAAGGTCACTTCAACTTCTCTTTTCGAAGAGTTGATATATTATAGAGGAATGTGAGTGCGAGGAAACCTTATGAACG
ATGTGACGGGCTGTGGTAACTGCTTTCAGTAGGAACGACATCTTGGCTGATCTGCGGTGGTAACTGAATACCTTGGCTAACTTGGTATTAATTTA
TTTTCGTAACTTTGTCGGTAAATTTAGTTTAAAAACACAACCGAAAATCGCCGCCGTTCCACGATGCTTATCACTGCACAATGTGACCAAGAAGC
ACGACTACTTTCCATGGTGATAAAAATATACCAAATGCCACTGCCATCTTGAACTAGTTCTCGCGAAGCAATGGTCTTACTGTTGCAGTCAGCTG
AAAATCAGCTGTCGTTGTGTACTTTTTTTCTTCGGCTAATAGTCAGCGAAGAATGACGAATAACACAAATTGAATGAAAAACCTGAGTGAGACGG
AAGCCGAAGTCACCATGCAAGAAAATGTAGTCCACGAATCATTGCCCCAGATCCCGGTGGCCACTTCGGTGAGCTGTTGCTTCGTTCTGGCTGTT
CTGTACGTGGGTAGCCTCTACATCTGGAGCACCAAACACAACCGGGATCATCCAACCACGGTCAAGAGAAGATTCGCCAGTGTGTCCATGGTGAT
GCTGGCAGCCCCGTTCTTCGTTTACTTCTTCTCATCGCCGGAGCTGCTCAGCCGGGTACCATTTCCCAAGCTGCTCGGTTTGCGCTTGGAGGGAT
TGTGGCAGGCTGTTGTTATACCATACAGCCTGACGGTGCTGCTCTTCCTGGGACCCATCTTTGTCAACATGCAGAACGAGTCCGTGCGCTCCTAC
TTCGGTAATAGTTAAAGCCCCTCTGCCTATCAGCCCCTTCTCACTGCTTGATTTGAATTGCAGATCTGGACTACTGGAGGGGATCATTTGGCAGC
ATCATCTGGGTGCGCAACCATGTGATAGCACCGCTGAGCGAGGAGTTCGTGTTCCGAGCCTGCATGATGCCCCTGATCCTGCAGAGCTTTTCGCC
CCTGGTCGCCGTTTTCATAACGCCGCTTTTCTTCGGAGTAGCCCACTTGCATCACATAGCCGAACGCCTGAGCTTAGGCGTGGAGTTGAGCACTG
CCCTATTGATTGGACTGTTCCAGTTCATCTACACCACGCTATTTGGCTTCTATTCGGCCTTTCTATTTGCCCGTACAGGTCATGTGATGGCTCCC
ATCTTGGTGCACGCGT
(SEQ ID NO: 1162)

Exon: 2911..2746
Exon: 2648..2519
Exon: 2437..2338
Exon: 2124..1001
Start ATG: 2796 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT29754
TGGAACGGCGGCGATTTTCGGTTGTGTTTTTAAACTAAATTTACCGACAAAGTTACGAAAATAAATTAATACCAAGTTAGCCAAGGTATTCAGTT
ACCACCGCAGATCAGCCAAGATGTCGTTCCTACTGAAAGCAGTTACCACAGCCCGTCACATCGTTCATAAGGTTCCCGTGCGCAACCTGAATCTG
CTGGAGTTCCAGAGCAAGGATCTCCTCCAGAAGTATGGAGTGGCCATACAGCAATTCAAGGTCTTGAATAACTCCAAGGCAGATGCCGAGGTCGT
CAAGACTTTTGAGTGCCCGGAATACGTGGTGAAGGCGCAGATTCTCGCCGGTGGGCGTGGCAAGGGAACTTTCGACAACGGATTCAAAGGCGGCG
TCCATATCACCACCAACAAGAGCGAGGTGCTTTCGCTTACCCAGCAGATGATTGGAAACCGACTGATAACGAAACAAACGCCCAAATCGGGAATT
TTGGTCAACAAGGTCATGGTGGCACGCAGTATCAACATCACCCGCGAGACCTATCTCTGCATCTTGCTGGACCGCGAGCACAATGGACCCGTGCT
GATTGCCTCACCTGCCGGTGGCATGGATATCGAGGCGGTGGCCGAGGAAACCCCTGAGAAAATTAAGACTGTTCCGCTAGACATTGGCAAGCCCA
TACCGGAGTCGACGCTCTTGGAGGTGGCCAAGTTCTTGGAGTTCAAGGGAGACTCTGTAAAGCGTTGTGCTGAGGAAATTCAAAAACTCTATACT
CTCTTCAAAGCTGTGGATGCCGTACAGATCGAGATCAACCCGCTGGCGGAGACGGATAAGGGAGAAGTTATCTCCGTTGATGCTAAGCTCAACTT
TGACGACAATGCCCAGTTCCGTCAGAAGGATATTTTCTCCATGGACGTCACCGAGGAGGAATCCGATCCCCGAGAAGTGGAGGCGGCCAAGTACA
ATCTGAACTACGTCGCCATGGATGGCAACATTGGCTGCTTGGTTAATGGTGCCGGCCTGGCCATGGCCACCATGGACATCATCAAGCTGAATGGA
GGCGAGCCCGCCAACTTTTTGGACGTCGGCGGTGGCGTCAGGGAGGATCAGGTGGCCAAAGCCTTCGAGATCCTCACTGCTGACCCGAAAGTCAA
GGGAATCCTGGTCAATGTCTTTGGCGGCATTGTCAATTGTGCCACCATTGCCAATGGCATTGTGGCTGCATCCAAAAAGCTGCAACTGAATGTTC
CACTGGTTGTGCGACTGGAGGGCACCAATGTAAATCAGGCTCGCGAGATCCTGAAGAATTCGGGCCTGCCCATTCAGACAGCCAGTGACTTGGAT
GATGCCGCCCACAAGGCTGTGGCAGCCCTTAATTAGGGGAACGATTGAGGAGAGCATGTCTTCCAGAATGAAACGACGCTCATTAGCATTTACAA
CGGTTGGGCCTTTTAAGTATAAGTTTTTATCGACAATATAACCAAAATATGTTATATTCTATATAAAAAGCTTTTTATTTGATTTAAGAAGTACC
(SEQ ID NO: 1163)

Start ATG: 116 (Reverse strand: CAT)

MSFLLKAVTTARHIVHKVPVRNLNLLEFQSKDLLQKYGVAIQQFKVLNNSKADAEVVKTFECPEYVVKAQILAGGRGKGTFDNGFKGGVHITTNK
SEVLSLTQQMIGNRLITKQTPKSGILVNKVMVARSINITRETYLCILLDREHNGPVLIASPAGGMDIEAVAEETPEKIKTVPLDIGKPIPESTLL
EVAKFLEFKGDSVKRCAEEIQKLYTLFKAVDAVQIEINPLAETDKGEVISVDAKLNFDDNAQFRQKDIFSMDVTEEESDPREVEAAKYNLNYVAM
DGNIGCLVNGAGLAMATMDIIKLNGGEPANFLDVGGGVREDQVAKAFEILTADPKVKGILVNVFGGIVNCATIANGIVAASKKLQLNVPLVVRLE
GTNVNQAREILKNSGLPIQTASDLDDAAHKAVAALN*
(SEQ ID NO: 1164)

Name: PROBABLE SUCCINYL-COA LIGASE LIKE
Classification: enzyme
Gene Symbol: Sucb
FlyBase ID: FBgn0029118

Celera Sequence No. : 142000013383791
TTTCGCTTACCTTTCTCTGGGTCACTTAATTAAGGCACTAGCTTAGCTGAAGTTTATGCAATTCAATGATCTCTATGGTTAGTCGCAGGTCAGTC
GTTCAGGTATGTTTATAACAATAATTTGTTTTCAGGCACTACGAACTACACCATAATAGTTCTATCTAATTAAGGCACGAGTGTAATATTTCGAT
GCTAGTTCCGACTAGCCTGCGACTTTTGCTAAAGAAAAAAATAAACGTACAATTGCGGAGGGGTATGCTCTTTGTGTCTGGGCGTTAATTGAGCG
AAAATTGATATGCAAATACTGTAGAATACTCTACATGAACATGAGTCATCTAGTTGAGCGTCTTCGTTTGATGTTAGCTGTGCTTGGTTCTGGTT
TTCATTCGGAAAAACATTCAGTCTTCTCTTGGAACTGATCTGGTCGATTGGATGGATGATTATAAGTACCAAAAACTGAAAGCTTGTGAATCGGT
GCGGCCGTCAATTGCATAAACTTTTTAAATTAAAAACTACGAGTACAGTCGAACTTCTCTGAACTAAAATTAATTTCTTTAGGTATGTTAGAGAG
AAGCGATGAATATATGGCGAAAATTATTTTTATCCAAAATAACTTTGGTTCGTTAAAATTTTTCGAAATCTCCGCCAGTTGGGGAGTTATTTAAA
CGATTTAAGGTAATATAAAACGAATGTTACCGACATGAATACTTTAACCTATGCACAGGGAAACCATTGAATAAAATATAAAACGAACATAAACC
AACTTTAAAAACGTGCACTACCAGAAACTGTTAGTTAGAATATTTCGCCTTAGAGAAGTTCGACTGTAATGTTTAGGGTGAGAATTCTTTGAGGG
GACGGAATGTTTTTGTTTTGTTTTCCTCTTGGTTGGCTTGTGTTTTCCTTGGTGCAAGTGTGCCAGCTGCCACGGCTAAAATAGACAATGCAAGA
AGGTTAAGCGACCGACCCTGACTTGGATATAGTCAAGTACTTACCATCGACTATCCGCGCACCAGCTCAAATCGCGTCTGAGATTCCTTGAACTG
AATTCTCTTCTTGTGCTGCACGTGGGCTTCACTGAGGAACAAAGTAGACGCCACCAGGGTTAACACAGTACCCACACACGCCAGGATAAAGGACC
AGCCAAACCAATTGTTCGCATGCTCCGGCATCCAGCCATTCCGGTTGCCAAATCCAGCGAATACAATCACTGCAATGGCTGCACTTACTCCAGCA
CCGAGAAGCACATATCCCAACGATTTAATGAGCGTAATGAAGTGCTTTTGATCCGGACCAGCACACAGGATGAAGACCAGTACTCCGATGGCAGA
TACCAACATCCCGATGAAGGCCAAAGTGTAGAAGAACTGAGTGGCTATCATGAAGGCGGGCAGCAGGAATCCACGGATCTCATCGTAACCCGTGG
TAAATGGGTCATACACCCAACGGCAGCCCACGAAGAATCTCCGCTGGCTATCGTCGTTCACGTCCGGCAGCGACCGGAAGCAGTGCACCCACAAT
CCCAGGCGATCCAGCTTGGCGCCCGTGATGCGGTAATCACTGACCAACCAACTGGGCGTTGCAAACGCAATCACGATGAAGGCAAAGGCGAACAC
GAAGACGCCAACGCCACAACTTCCGGATAGTGTGCGTCTCTTCATGTTCACTGTGTGACTGTTTTGCGTGTGGCTGGTGGGCAGGTGCTCCTGGG
AATCCTCGCGTGCGAAGTGGGATGGTTTTTGCATCCTTTGAGTGGGAAATTCTATTGGAATTTCGCTGGTTTCCTGGGGAAATGTTTGTTTGGTT
TGCTGTTTGGGTGTGGACTGCAGTGTGGCCGCACTGGTAATACCGCAGAATACCATGGGGCCACAAAATAAATACCAAATGCTACGGTACCAATA
AATTTCAAAACAGTAAATTAAACAATTTAGATTATACATTTTTTAAATTAAGAAATAAATGATTTTAAATTTAATTAATTTTTGATAGATGGCTA
AGGTACTTCTTAAATCAAATAAAAAGCTTTTTATATAGAATATAACATATTTTGGTTATATTGTCGATAAAAACTTATACTTAAAAGGCCCAACC
GTTGTAAATGCTAATGAGCGTCGTTTCATTCTGGAAGACATGCTCTCCTCAATCGTTCCCCTAATTAAGGGCTGCCACAGCCTTGTGGGCGGCAT
CATCCAAGTCACTGGCTGTCTGAATGGGCAGGCCCGAATTCTTCAGGATCTCGCGAGCCTGATTTACATTGGTGCCCTCCAGTCGCACAACCAGT
GGAACATTCAGTTGCAGCTTTTTGGATGCAGCCACAATGCCATTGGCAATGGTGGCACAATTGACAATGCCGCCAAAGACATTGACCAGGATTCC
CTTGACTTTCGGGTCAGCAGTGAGGATCTCGAAGGCTTTGGCCACCTGATCCTCCCTGACGCCACCGCCGACGTCCAAAAAGTTGGCGGGCTCGC
CTCCATTCAGCTTGATGATGTCCATGGTGGCCATGGCCAGGCCGGCACCATTAACCAAGCAGCCAATGTTGCCATCCATGGCGACGTAGTTCAGA
TTGTACTTGGCCGCCTCCACTTCTCGGGGATCGGATTCCTCCTCGGTGACGTCCATGGAGAAAATATCCTTCTGACGGAACTGGGCATTGTCGTC
AAAGTTGAGCTTAGCATCAACGGAGATAACTTCTCCCTTATCCGTCTCCGCCAGCGGGTTGATCTCGATCTGTACGGCATCCACAGCTTTGAAGA
GAGTATAGAGTTTTTGAATTTCCTCAGCACAACGCTTTACAGAGTCTCCCTTGAACTCCAAGAACTTGGCCACCTCCAAGAGCGTCGACTCCGGT
ATGGGCTTGCC
(SEQ ID NO: 1165)

Exon: 1861..1001
Start ATG: 1861 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT29760
ATGGTATTCTGCGGTATTACCAGTGCGGCCACACTGCAGTCCACACCCAAACAGCAAACCAAACAAACATTTCCCCAGGAAACCAGCGAAATTCC
AATAGAATTTCCCACTCAAAGGATGCAAAAACCATCCCACTTCGCACGCGAGGATTCCCAGGAGCACCTGCCCACCAGCCACACGCAAAACAGTC
ACACAGTGAACATGAAGAGACGCACACTATCCGGAAGTTGTGGCGTTGGCGTCTTCGTGTTCGCCTTTGCCTTCATCGTGATTGCGTTTGCAACG
CCCAGTTGGTTGGTCAGTGATTACCGCATCACGGGCGCCAAGCTGGATCGCCTGGGATTGTGGGTGCACTGCTTCCGGTCGCTGCCGGACGTGAA
CGACGATAGCCAGCGGAGATTCTTCGTGGGCTGCCGTTGGGTGTATGACCCATTTACCACGGGTTACGATGAGATCCGTGGATTCCTGCTGCCCG
CCTTCATGATAGCCACTCAGTTCTTCTACACTTTGGCCTTCATCGGGATGTTGGTATCTGCCATCGGAGTACTGGTCTTCATCCTGTGTGCTGGT
CCGGATCAAAAGCACTTCATTACGCTCATTAAATCGTTGGGATATGTGCTTCTCGGTGCTGGAGTAAGTGCAGCCATTGCAGTGATTGTATTCGC
TGGATTTGGCAACCGGAATGGCTGGATGCCGGAGCATGCGAACAATTGGTTTGGCTGGTCCTTTATCCTGGCGTGTGTGGGTACTGTGTTAACCC
TGGTGGCGTCTACTTTGTTCCTCAGTGAAGCCCACGTGCAGCACAAGAAGAGAATTCAGTTCAAGGAATCTCAGACGCGATTTGAGCTGGTGCGC
GGATAG
(SEQ ID NO: 1166)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MVFCGITSAATLQSTPKQQTKQTFPQETSEIPIEFPTQRMQKPSHFAREDSQEHLPTSHTQNSHTVNMKRRTLSGSCGVGVFVFAFAFIVIAFAT
PSWLVSDYRITGAKLDRLGLWVHCFRSLPDVNDDSQRRFFVGCRWVYDPFTTGYDEIRGFLLPAFMIATQFFYTLAFIGMLVSAIGVLVFILCAG
PDQKHFITLIKSLGYVLLGAGVSAAIAVIVFAGFGNRNGWMPEHANNWFGWSFILACVGTVLTLVASTLFLSEAHVQHKKRIQFKESQTRFELVR
G*
(SEQ ID NO: 1167)

Celera Sequence No. : 142000013383795
CCTGAACTGCAGCTGAGCTCCAAGGAACTGTGCTGCGGAACGCATGCAACCAACACCAGTGAGCTTTCGTGCTTCTGCATCGTGAATCTCAAGCA
AACCAATCGTGCGAGATTCGCATTTACCGCCGTTGCTGGCCAGGCGGCGGAAAATGTGAGTGGACTTATATATCGCCTTAGACTAGTCATTTAAT
CTTCTTACTCTGTTCCAAATAGGTGCTGAAAACGGCTGCCCTGCTGCGACACCGCGTTGATCTCCTCGAGAAGCAGTTCCAAACTGACAAACTCA
CAAACGCTACGGAGGCGGAACTGCAGACGATTCGGCACAACATGTTGCACACGGACATTAAACTGCCATACGCTTTTAAGATGGACACGCTGGAA
CGCATCACCGAGATGCTGAAGAGAATAAAAGATTCATCGCGCACAACCTTAAAGTAAGTTTAACTTATTAAAGTAATGTGCTCCATTTCTAAACT
CTACATTTTCAGAGAATTTGTGGACGTAGAGATGCGCACGCTGCTGCAGGAGAAGCCGTTGGACACACACCCCTTCATTCTGCACTACATCACCA
GTTCCGCGCTCGTGGAGGAGATTCCTTTGCAACGAGCCACCAAGCTGTGCCCGGATCGGCCCATCCTCGTAATCAGCGTGTGTGATAGCGTGGTC
AAGGCTCGCTGTTGTGTACCAGAAAAGTGTATCACGGAGAAATTCAACGCTTCCGCCTGGCTGCAATCCTTTGCCGACACCTTTAATGGACAAAT
AGCCGCGCCCAAGGGCCAAAATCCGCAGGCCGTGTGCAACATGAAGGGTCGACGGGTGAGCAATCTGTTCGAGGAACAGTTGGAGCAGGCAATGT
CCAAGGCACATGCATACGCTAAGCTTTATCTATAGGTATAAGTTGTGATTACCCTCCAAAATGTGCTAGCTGTAAGCTTGCCCTTTGAATAATTG

CTCATGTGAGGAGCGAGTAAATGGCGAAGTTTTAAGGAATTTCAGAATCTTTAATCACTAATCACTACCAGGTCATCCTCCTCCTCATCTTCTGC
GTTATCCTCTTGATCCTGGGGCACCAAGCTGGAGTTCATCAACTCTTCAAAGACATCCGCATTATCGGAACTTTGATTGAAGAAGTAACTTATGT
TATCCAAGGGCTTCACTGGCGTTGGAATCTTTTCGCTGATGCGATGCTGCATCTTGAATCGCTCCACTGGCGTCCTGGCCAGCTTCTGCAGATCT
CCCTTGACCAGCAGATCAAAACTGTCCTCCAAGGAGAATCGCTTACTCTGCGGTAGTTGATCCACTTGAGAGAGATCTCTTTTCGTTTCCACTTT
GGGCGATTCATTCACATTTCCTAGACTCATCTGCGCCAGACGTAAGCTCAAATCTTCCGCCATGGGTTCGTAATGAAGCTGGTGACCATCGTGGT
TGGTCAGTGCTGGCTTGGCATTCGGATTCGAGATAATGCCTTTAACTATGTCCGACATATCGAACTCTTCGGCATCGCAATCGCTTTCCAGATCG
GAGGGCAGGAACTTGGTGATGGGGGTGGAGCATTGCTGACGTTGCGGAGCGGGAGCCTTGACCGGAGTACCTTCCTTCTTGCGCCCTAGGAATTG
GTGCAGTAATGGCTGGTTCTCTTCAGGCTGAGCCTTTATCTTTCTGACCACTCGCTTTGGTTTCGAATTCGGCTCGTTTTCCTTATTCTCCTCTT
CAGATGCGGTTTTCTTCTTTCGCGTGGTTTTCTTGGCGGGCTTCTCCTTCGACTTCAAAAAGGCCGCTACTAAATCGGGATACGCTGTCTCCAGC
ATGTCCAATGGCTCAATGGTGTAGTAAAGTTCCTCGATTCCCTTGGGATGCTCCGCTTCGTACTCCGCAATCTGCTTGTCCGGAATAAGACCCTT
GAAGATGCCACTGGGATCGTGCCAGCGCAATTCTAAGCTGGGCACACCCTTCACAGTTCGCTTTTTGATAATCTCGTGTGGCTGGATAAGTATCT
TCTCCTGCTTCGATTGCTGCACCTGCCAGCGTGTGAGTATGGGAAAGAACTTTTGGAAGCAGTATATTTCTGGCCACTGCAAGAGATGTCCGATT
TGTTTGATGAATTTGACAAGATTTGGTTGCCGCCAGTTGAGATTTAGATTGGGAATGGTGTCGGGTTCGCTGAGAAACTCGGCAATGATCTCTTC
GTTGGGAAAGTCAGGAGATAATAGGGCTTTCCGCCTCAAAGTCAACTCGGACTTAATGGATAGTCGTTGTTCTCTAAGGGAAGAGTTTAATAAAC
AAATGTTTATATTAGTTTTAGGAAATAGCTCACTTCCAGAGACTCTCATCGCAGCCTTTGTGTGTGCGACACACACTGCAGCCACTTTTTGTGTG
GCTCTGGGTCTTGCCAATGTGGCCACAATTGCTGCAGATGGATTTGTCGTCCACTCGGATCTCCAAGGCATTGTATTTATCGGTTTCACCACGCC
AGCTTCTCATTCTGCAGAAATAATAATCAAAGCTTATTAGCTTTAAAAATATAATATATGTAACAATGTAGTAGACTACCTATCCAAAATCTCAG
TCTCCTTGTACTTGTTGAACAGCTTTAGGACGCCATCCTTGCCAATGCCACCTATGCCATCAGGACAATAATCACAGCCGCAGAGCAAAGCCATC
ACAATGATCTTCTGTTGGCCAAAGTCCATTCGGGATGTGATCTCCCGCATGTCGTAGATGTCCACAGCTCCGCCGGCGGCTGCCTGGGCTCCTTG
GGTGGAAACGGAGAAGTTGCGATAGACACGAACGGCTCCATAGGCAAAGCAATCCGAGTCCTGGCTAATGACGCCGTCCACTAGCTGCGGACAGG
AATATAATCGGATTTGGTACAGAGTTCTTGTGAGGATGTAGTTGATATACGTACGCCATGCTTGTTGAGAAAGGCACAGTAGGCCTCCGCCTCGC
CGGGACCTTGGACGCACTGGATTCCCATGGAGAGCAGCAGCGTTTCGCACTGCTTGAGAACATGGTTGAACCGGCTGCGTCCCTTGTCGCCCTTG
GACGGCTGACTTTGGGTGCACTCAGGCGAATTCTTGGGCTTCACTCCCCGAAACTGGAGCTCATTCCTTTTGGCTATCACCTGGCTCTTGAGTTT
TGGAGCAACTCCCTCCAAAACGAAAACCGGAGTAACTTGCTCCCAAATCAAGTAGCAAGTGCGAAAGAAGAGGTTCCTGTTGGTAAAGCGTAAAT
ATTAATATTTTAAAAGAATATAAGGTATTAAGAATTTTTTAAACCTACTTTAAATGATGCCTTGGATGCACAAAGTAGTCCACAACATTAAGAGA
TTCGCACACCCAGCCGGCCAGGTCGATGGCCACTTTCTTTCCCCGCAGTTCATTAATGGGTTTACGTTCACAATGGGGCGTTAAAACACCCCATA
ATTCCTTGACGCCCATTTAAATAAGCTAAACAAAAACCCCGCGAGAAATTCGCAACAAATTTAAACAATCGCTTCTTCGTCAGAGTTGCCCAATC
AGTTACTTTCTAGCTACTTGAAGCTATATTCAAAAGCAGCCAAGTGCAAAGTTGTGACAATAATTGGCAATGATAACTTTTTTAACAATAATACA
TGATGCTATTTTCAATAACAAATATTATACATATAAATGTCATCTTATTCGATTTTAAGAACACATTTCGTTTTTAGCTTTTTTTGAGCTTGTCT
CTAGCTACATTTGACAGCACTGCGACTTCCGCCAGTCACTGCGAAGCATGCTCGATAACCGATAGCGGGCTTTGTTTTGACAGCTGCACAAGCGA
CCGCTGCGAATGGCCAGTGGTCAGCAGTCTCTTCTTCTTCCACGTCGACGTGTCGTGTCAGCCAAAAGAAAGTCGAAATAAAATATTGAATTGAA
GCTGCCCCTTTGCGAGTAGGCCCGACAAAATTCAGAAGCTGCCAGTCGTCCGTACGCCAAACCACACACAACCACCACCGGCAAGATGGTTCTCG
CGGATTTGGGTCGCAAGATAACAACGGCGCTGCACTCGCTCAGCAAGGCGACCGTAATCAATGAGGAGGCACTGAATTCCATGCTGAAGGAGATC
TGCGCAGCGCTCCTGGAGGCTGATGTGAATATCCGACTGGTTAAGCAGCTGCGCGAGAATGTGCGTGCCGTTATTGATTTCGATGAGATGGCCGG
TGGCCTGAACAAGAGGCGAATGATCCAATCGGCTGTGTTCAAGGAGCTCGTCAAACTGGTCGATCCCGGCGTGAAACCCTACCAACCCATCAAGG
GCAAGGCCAATGTGGTCATGTTTGTGGGTCTGCAGGGCTCCGGTAAGACCACCACCTGTACCAAGCTGGCCTATCACTACCAGAAGCGCAACTGG
AAGTCGTGTCTCGTGTGCGCGGATACCTTCCGTGCTGGTGCCTACGATCAGGTCAAGCAGAACGCC
(SEQ ID NO: 1168)

Exon: 3436..3279
Exon: 3211..2905
Exon: 2839..2550
Exon: 2481..2314
Exon: 2258..1001
Start ATG: 3436 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT29886
ATGGGCGTCAAGGAATTATGGGGTGTTTTAACGCCCCATTGTGAACGTAAACCCATTAATGAACTGCGGGGAAAGAAAGTGGCCATCGACCTGGC
CGGCTGGGTGTGCGAATCTCTTAATGTTGTGGACTACTTTGTGCATCCAAGGCATCATTTAAAGAACCTCTTCTTTCGCACTTGCTACTTGATTT
GGGAGCAAGTTACTCCGGTTTTCGTTTTGGAGGGAGTTGCTCCAAAACTCAAGAGCCAGGTGATAGCCAAAAGGAATGAGCTCCAGTTTCGGGGA
GTGAAGCCCAAGAATTCGCCTGAGTGCACCCAAAGTCAGCCGTCCAAGGGCGACAAGGGACGCAGCCGGTTCAACCATGTTCTCAAGCAGTGCGA
AACGCTGCTGCTCTCCATGGGAATCCAGTGCGTCCAAGGTCCCGGCGAGGCGGAGGCCTACTGTGCCTTTCTCAACAAGCATGGCCTAGTGGACG
GCGTCATTAGCCAGGACTCGGATTGCTTTGCCTATGGAGCCGTTCGTGTCTATCGCAACTTCTCCGTTTCCACCCAAGGAGCCCAGGCAGCCGCC
GGCGGAGCTGTGGACATCTACGACATGCGGGAGATCACATCCCGAATGGACTTTGGCCAACAGAAGATCATTGTGATGGCTTTGCTCTGCGGCTG
TGATTATTGTCCTGATGGCATAGGTGGCATTGGCAAGGATGGCGTCCTAAAGCTGTTCAACAAGTACAAGGAGACTGAGATTTTGGATAGAATGA
GAAGCTGGCGTGGTGAAACCGATAAATACAATGCCTTGGAGATCCGAGTGGACGACAAATCCATCTGCAGCAATTGTGGCCACATTGGCAAGACC
CAGAGCCACACAAAAAGTGGCTGCAGTGTGTGTCGCACACACAAAGGCTGCGATGAGAGTCTCTGGAAAGAACAACGACTATCCATTAAGTCCGA
GTTGACTTTGAGGCGGAAAGCCCTATTATCTCCTGACTTTCCCAACGAAGAGATCATTGCCGAGTTTCTCAGCGAACCCGACACCATTCCCAATC
TAAATCTCAACTGGCGGCAACCAAATCTTGTCAAATTCATCAAACAAATCGGACATCTCTTGCAGTGGCCAGAAATATACTGCTTCCAAAAGTTC
TTTCCCATACTCACACGCTGGCAGGTGCAGCAATCGAAGCAGGAGAAGATACTTATCCAGCCACACGAGATTATCAAAAAGCGAACTGTGAAGGG
TGTGCCCAGCTTAGAATTGCGCTGGCACGATCCCAGTGGCATCTTCAAGGGTCTTATTCCGGACAAGCAGATTGCGGAGTACGAAGCGGAGCATC
CCAAGGGAATCGAGGAACTTTACTACACCATTGAGCCATTGGACATGCTGGAGACAGCGTATCCCGATTTAGTAGCGGCCTTTTTGAAGTCGAAG
GAGAAGCCCGCCAAGAAAACCACGCGAAAGAAGAAAACCGCATCTGAAGAGGAGAATAAGGAAAACGAGCCGAATTCGAAACCAAAGCGAGTGGT
CAGAAAGATAAAGGCTCAGCCTGAAGAGAACCAGCCATTACTGCACCAATTCCTAGGGCGCAAGAAGGAAGGTACTCCGGTCAAGGCTCCCGCTC
CGCAACGTCAGCAATGCTCCACCCCCATCACCAAGTTCCTGCCCTCCGATCTGGAAAGCGATTGCGATGCCGAAGAGTTCGATATGTCGGACATA
GTTAAAGGCATTATCTCGAATCCGAATGCCAAGCCAGCACTGACCAACCACGATGGTCACCAGCTTCATTACGAACCCATGGCGGAAGATTTGAG
CTTACGTCTGGCGCAGATGAGTCTAGGAAATGTGAATGAATCGCCCAAAGTGGAAACGAAAAGAGATCTCTCTCAAGTGGATCAACTACCGCAGA
GTAAGCGATTCTCCTTGGAGGACAGTTTTGATCTGCTGGTCAAGGGAGATCTGCAGAAGCTGGCCAGGACGCCAGTGGAGCGATTCAAGATGCAG
CATCGCATCAGCGAAAAGATTCCAACGCCAGTGAAGCCCTTGGATAACATAAGTTACTTCTTCAATCAAAGTTCCGATAATGCGGATGTCTTTGA
AGAGTTGATGAACTCCAGCTTGGTGCCCCAGGATCAAGAGGATAACGCAGAAGATGAGGAGGAGGATGACCTGGTAGTGATTAGTGATTAA
(SEQ ID NO: 1169)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MGVKELWGVLTPHCERKPINELRGKKVAIDLAGWVCESLNVVDYFVHPRHHLKNLFFRTCYLIWEQVTPVFVLEGVAPKLKSQVIAKRNELQFRG
VKPKNSPECTQSQPSKGDKGRSRFNHVLKQCETLLLSMGIQCVQGPGEAEAYCAFLNKHGLVDGVISQDSDCFAYGAVRVYRNFSVSTQGAQAAA
GGAVDIYDMREITSRMDFGQQKIIVMALLCGCDYCPDGIGGIGKDGVLKLFNKYKETEILDRMRSWRGETDKYNALEIRVDDKSICSNCGHIGKT
QSHTKSGCSVCRTHKGCDESLWKEQRLSIKSELTLRRKALLSPDFPNEEIIAEFLSEPDTIPNLNLNWRQPNLVKFIKQIGHLLQWPEIYCFQKF
FPILTRWQVQQSKQEKILIQPHEIIKKRTVKGVPSLELRWHDPSGIFKGLIPDKQIAEYEAEHPKGIEELYYTIEPLDMLETAYPDLVAAFLKSK
EKPAKKTTRKKKTASEEENKENEPNSKPKRVVRKIKAQPEENQPLLHQFLGRKKEGTPVKAPAPQRQQCSTPITKFLPSDLESDCDAEEFDMSDI
VKGIISNPNAKPALTNHDGHQLHYEPMAEDLSLRLAQMSLGNVNESPKVETKRDLSQVDQLPQSKRFSLEDSFDLLVKGDLQKLARTPVERFKMQ
HRISEKIPTPVKPLDNISYFFNQSSDNADVFEELMNSSLVPQDQEDNAEDEEEDDLVVISD*
(SEQ ID NO: 1170)

Name: FEN1-like
Classification: DNA_repair_protein
Gene Symbol: BcDNA:GM10765
FlyBase ID: FBgn0027914

Celera Sequence No. : 142000013384133
TAAAAGCTGCCATTGGCAATCCGGTTGCAAACCCGCCCAATGGTTGCTCCAAAATACGGATTTCTCTCGCTCTGATAGCCCGCCAAATCGTCAAA
TCCGAGGGTCACGTCATCTATTTGACCGCTGGCATCAGGCGTCTTTATGCTGGTAATGGTGGCTCCACGGGTGATCAATTGCACGGACATTCCAG
CTCCATTTGTCAGGGTGAACCGCTTGATGGTGTCCTTTGACTTGGTGAACGGATTCACCGCTCCGTTGGCGAAGACGTCTTCCGTGACGTTGACC
ATTTTGGATCCGGCTGCAGCTGTGGAATGATTACGAGTGCCAATTGCACTGCGTTTTTATCTGACCCTCTCCAAGCCGTAAAGGTTAATCAGCAC
TCGATGTGCGTATGTGTTTGTTTTAATTATCGCAAAAAAGCCGCAAACAAAATGTACATATGTACGTACATATATAAACAGATCTAGTTATCACA
AATTGGTGGGAAAGTCTGCGATAAGGGGGATAGACACCTTGTGGAGTCTTTAAGAATTGTGCAATGTTCGTATTCCAAATTTAGCGGTAATTCAG
AAAATTCTTACTTAAATTATCTTTTAATCGCCGTAGTTGCAATTCAAATTTTAGAGTTGCCTTACCTATTTTAGACCAGCTGTTTTTACATGTGC
GTAGTAAGTAAAAATTCGCAGGGGCTTGTTTTAGTAGTTAAAAATTTGTTGGTAAAATTTTTTGATATTTGCTTATTAAGCCTTTTAAATAGAAC
AATTTTATTAACATACTTGAATACAATATACATTTTTTTATATATATGTTTAAATGCCCATCTTTGCTACACAGTGGTGGCAGTTGCAAAGATCT
GGCAGCCCTGCTCTAGAAATACCACACAGCAAATAGTCCACCTCTAAGCAACAGGTCGGTTGTTTATTGAATTCGTTTATTTAACTTTATGGGTA
GTTTGGCAAATAGAAAGCTAGCTAACCGGTGCAGTTAACCCTTTTTGTTGACAGAGAGCTCAGAGGAAACGGCAGATTAGATCCCCCTGAGTTCA
TCCCCACCCAGGCACCACTAATCCGACGAGTATAAATCCCAAAATGCAATTGACGTGGCAGAGAGATCAGATAAATCTAGTACTTCCGATTGCTC
TGATTTGTTGTTGTCTTTTGATCGACGTAACCAGCGCTCAGGAGGCCCAACAACCATGGTACGAGAATCTGCCAGCGGTGGCCATGGACTATAAG
GTGTGTGCTGATTTTAAGACTCCTCTAGAGCATCAAATTTCACCGGGAACGTGGTTTCTCTTTCAGGTTCACATAGATGCTGGTAAGGAGGACTG
CTACCATCAGTACGTTAAGGCAGGAGCCACCTTCTACGTGTCCTTTAGTGTAAGTTGATAGAATTTGGGATCAATAGCATGTTTCCGATCCAATG
GATGGGTTTCCCCTTGAGCAGTCTGTGATATTCTAAAATAAATCAAATCGAATCCATTAATACAGTAATATAATCTATCTAATACAATGAAATTA
TTCATATAAATTTTTTTTAGGTGGTGCGCGGAGGCGATGGAATGGCTGGTTTCGCCGTCCGCAATCCTGCTGGTGAAGTGGTGAAGCCCTACCAG
TGGCAGGCTACTGCGGACTACACGGATCAGGTATCGCCCGGTGGCTACTACTCCGTCTGCATTGACAACCAGTTCTCCCGATTCGCTGGCAAGCT
GGTCAACATCTATATCACGGTGGTGAAGTACGATGCATGGGACAAGTACGCCAAGGAGATCGAGCAGCTGCAGCTGAACATGCAAAACTTCACTG
TAAGCCAAACTGGTTTTCAGACACACCCAAACATCCATTTACAAATATTCACATTGATCTATTTCTTTAGGCCACCGTTGGCACTGTGGAGCGCA
ACATCAACGATATGATGGGCTATCAAGCCCACAGTCGTCATCGCGAATCGCGTGATTATGCGTTGCTCCTGGACAACAATGCCTATATTCAAACC
TTCTCGATTAGCCAAATTGTGGTCATATTGATCACGTGCTCTGTACAGGCGAGTATAGACATGTTTTTTGCTTTTCCTAAATTAATAACCTAATA
TTTGCAGGTATTCTTTGTGCGCAAACTATTTGAAGTAAAATCGAGCTCCAAAAGTCGCATCTAAGGCGCAAAGATACTTTTCAAAGACTTCGCAA
CATGTTTCTAAAATTCCATCCGCATTTCCAAGACATTCATTCTATTCTACCTGCTGAATGAGTTTTTGTAACTTATTTTATCACTGGCTAATTGA
TCAAGCGCAACTGAGCAGACTTTTTTATAATTGGGACTACTTATGTCATACGAGTTATAGACAGCAAAACTTATTGTGATAAGTGTACATTTGTG
TGTTTTGTTTAATTAAAAGATTGAAGATTTTTGTATTTGCTTTGTTTTATTTGGGAAAGAACCTTAAGGATTTATTCGAAGCCATTTGGGTTTGT
TAATTTACTAAAAGCTCTACAAGCTTTAAAGTTAAGCTGCTTTGGTAAGCTCACTTAACCGTTAAATTTCATTATCCTGGAAAGGATTTTAAACT
TAAAAATATATAATTCAGGTTGTTGTTTTAAGAAACCTGTTTTTCTTTTTATATGGGAGTAAGTTATTTTCAAATTACGACATTGTTGCAAAGAC
ATCTTCTCGTTGCCTAAAACCAATCTTAAATATTAAATACATGCTGTACATGAGCTCATTAGTTTAAATTGAGAGCTGAAGACATTTCGAAGACA
TTCCACAACTTGGGCTGGCAAATTAATCACCCCGAATGCCGCTTATCGCAAATTATCCTGCCCCATCCATCGCAGGACCTTAAATCATGTCACCA
GGCTCACCGCTTATCTAGACGTCATTTAGCACATGTGTGTGTCTCTGCAGCAGCTGGCATGTTAATTATATCCTTTTTGGCAGGCAGCAGGAGC
ATCTGGGTATCTTGGCGGGTCTTTTGTGGCCACTGCTGCTCGAAATTAAAATGTTATTATGCGAGGCTTATCTGCGGGCCTTAAAGCCACCGCAA
AACTAAGGTCCTAATGGCCTCGCACACCAGCACACGCTCTTTAACTGTTTTAAACGCCATTGTTAAAATATTGCTCATACGCACTTCCGCCCAAA
ATGGGGTCTTCTCTCTTCGGCAGCACTAATGATGCCCCAAGAACGCGGAGCAAAGGACCCGGCGAAAGGCAGGAGCATCCACAGCCATAGCCACA
TCCACATCCACATCCCCGATGGCACAGAGTTGGCTCCGCCCACCAGCAGCCGATGACAGCGGCAGATAACAGAGCAGCGGCAAAGTGGGCGGTGG
ATGGGGTTGTGGTGCGGAGAGCGCGCCTGCGCATTAGCCGC
(SEQ ID NO: 1171)

Exon: 1001..1235
Exon: 1302..1379
Exon: 1541..1804
Exon: 1876..2016
Exon: 2098..2366
Start ATG: 1089

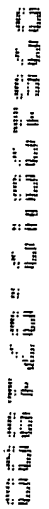
Transcript No. : CT30086
ACAGAGAGCTCAGAGGAAACGGCAGATTAGATCCCCCTGAGTTCATCCCCACCCAGGCACCACTAATCCGACGAGTATAAATCCCAAAATGCAAT
TGACGTGGCAGAGAGATCAGATAAATCTAGTACTTCCGATTGCTCTGATTTGTTGTTGTCTTTTGATCGACGTAACCAGCGCTCAGGAGGCCCAA
CAACCATGGTACGAGAATCTGCCAGCGGTGGCCATGGACTATAAGGTTCACATAGATGCTGGTAAGGAGGACTGCTACCATCAGTACGTTAAGGC
AGGAGCCACCTTCTACGTGTCCTTTAGTGTGGTGCGCGGAGGCGATGGAATGGCTGGTTTCGCCGTCCGCAATCCTGCTGGTGAAGTGGTGAAGC
CCTACCAGTGGCAGGCTACTGCGGACTACACGGATCAGGTATCGCCCGGTGGCTACTACTCCGTCTGCATTGACAACCAGTTCTCCCGATTCGCT

GGCAAGCTGGTCAACATCTATATCACGGTGGTGAAGTACGATGCATGGGACAAGTACGCCAAGGAGATCGAGCAGCTGCAGCTGAACATGCAAAA
CTTCACTGCCACCGTTGGCACTGTGGAGCGCAACATCAACGATATGATGGGCTATCAAGCCCACAGTCGTCATCGCGAATCGCGTGATTATGCGT
TGCTCCTGGACAACAATGCCTATATTCAAACCTTCTCGATTAGCCAAATTGTGGTATTCTTTGTGCGCAAACTATTTGAAGTAAAATCGAGCTCC
AAAAGTCGCATCTAAGGCGCAAAGATACTTTTCAAAGACTTCGCAACATGTTTCTAAAATTCCATCCGCATTTCCAAGACATTCATTCTATTCTA
CCTGCTGAATGAGTTTTTGTAACTTATTTTATCACTGGCTAATTGATCAAGCGCAACTGAGCAGACTTTTTTATAATTGGGACTACTTATGTCAT
ACGAGTTATAGACAGCAAAACTTATTGTGATAAGTGT
(SEQ ID NO: 1172)

Start ATG: 89

MQLTWQRDQINLVLPIALICCCLLIDVTSAQEAQQPWYENLPAVAMDYKVHIDAGKEDCYHQYVKAGATFYVSFSVVRGGDGMAGFAVRNPAGEV
VKPYQWQATADYTDQVSPGGYYSVCIDNQFSRFAGKLVNIYIITVVKYDAWDKYAKEIEQLQLNMQNFTATVGTVERNINDMMGYQAHSRHRESRD
YALLLDNNAYIQTFSISQIVVFFVRKLFEVKSSSKSRI*
(SEQ ID NO: 1173)

Celera Sequence No. : 142000013384504
ACGTTTTTGCTTAACCTTGACGAGGAACCGACAAATTTTGTATTACATTTCTGTGCAATTAAAAGTTATAACGTTTGTGGATATGAATAAAAATT
TTACCATACCTACGTAGGTGATAAACGCGTACTTAGTAGATGGTTTCATTAAACTAAAACAACATTTTTATGGTGTTTGTAAAAGCGCAATTTTT
TAATGCGTTTACTCAATTATTTATTGCCCAGGCCCGTTTGCCACAGCCCATTTAGCAACTTTAGCTGTGCGTTACCAACTATTTATATGCGTTAC
CACATTTGAAATTGTATGAGACAGCTGGTATTACAAAGAGTATATCTTATTAATTCACATTGTAGCACTGGTGTAAAAGTGGCATATACATTGAA
TTACGAATGAGAGTGTAAAAATACGGTGTACATTTGTGTATTCTTATTATTTTTGGTAGTTTTAAACATTTGAGGCATTTCTGTCGTTTGCAATT
TACAAATAAATGGCTAAAAACTATGGCTGACGAATGAGAACACCAAATTGAAATCAACGAACTTAAGCGAAAGCTATATGAATATCGAAGTTACA
TGTGAGATATATCACCGTGTATGTATGCTTACGTAAATATATATATATATATGATTCCAAATGGGTATTTCTTGATCAAAGATACTAACGATTTT
CTGAAGGGTCCTTAAATATTTACGAGTAATTCACCTTTTTGTTGGGTGAAACTATTTAGTTATTAAACTTGTACAAAAATAAAAATAAAATTTTG
AAAATTTCACAAACTTTGTGGCAAATAATTCAACAATATATTGTAGGTCTATTACGATATAAAATGAATTGGCACTTCATGTATAAATATGTTAT
TAAAAAATCAAAACATAATATAATTCTAGTTTATTCAAGGCCCTAAAGAGAATGGTTTTTACTTTTGAGATAGAACTACCCATGCCGGAGATGCG
TGAGAAAAATGTATAAAAAGCTTAGTCGGCAGTCTAGCGTTTCCTCCAATTCAGAAATTCGTCTCCTTGAACTCCTTGGATTGCAGTACAGGCGA
AATAGCTCCCCCATCGCCGTTTTCATTTCCATTATTGTGCTCCTCTCCGCCGCCCACCGTGTAGGCCATCACAGTGGCATGATCCAATTTCCCGG
GCAATGCTACAAAGGCGCTGCTGTCCACCACACGCTTCCTGGCCGCGCGATGCTGCATGCGGTTCAGTTGCACCTCACGCTTGGCGCCATCTGGT
CCCGTAGAGAGTTTATAGAAGAGTTCCCTTTGCTCCAGGGTCTTCCTCCTGGCTGACGTTATCATCCGTACAAAATCGATAAGCAAGTGGCAGAG
CCTGCGTGCCGATACGCAGGGCGAAAACGTGCCGTTGATGCCATAGCTGAGCAGATCCTCTAAGCGGTAGAGGGTAAGAGCATGCCGCTGGGGAC
CGGTAACAAGGGGCAGTCCTGAAATGGACTTCGGAATGCGTTGGGGCACCACCGATGGCGGTGGAGCTGATACCAATCCCTGGCGTGGTTCAATA
AGCGTTTGGGAGCGCATATACTTTGGTCGACTAGGCGCATTATTAGGCGGACTTTCCGCCTTGGACTGACGAGCTGGTCGCGTGGGCGGAGTCGA
AGGATGCAGACGGGCATAGATGGCGGATGCACTCTTGTTCTGCCGTTTGGGTGCCAAGTTGGCGGGCTTGACATGTCCCGACGTCTGAAGCTTAA
CATCCGGAGTCCAGGCTTCGGCAAACTTGCCCACAACTGGATCGAAGTTATCGCTGATTCCATCCGACGTTAAAAAGACTATGTCTCCACTTTCA
ATGCAGGTCATCGAGAAGGTTAGATTGCTCAGCTCTGGCTTGTTGCCATCCGCCGGTCCAAGGGCACCCAACGCATCGCGCATGTCCCTCATGGA
ACTGATGTCGTGGGATGCCTGTGTTAGTTCCCGTACTCCGTGCTTCTTGGAGTACACATAGCCCAGGGAATCGCCAACATTACACGAGCACACGA
CATATTTCCCTGGCGCTCCGTCCAGCGGCAGCACAACGGCTATGGTGAGAGTAGATAGGGCTCCTCCAACTTCCAGGATACAACCGTGTCCCTCC
CAAAGACTACGCAGCAAACTCACAAAAACCTCCTGGGTTGTGGTGGCTCGGCACTCCAGCGCCTGTCCGAAGACCGCCCGGTCCAGATAGTCCAA
ACAACCGTGAACAGCTGAACGGGCGGCCAGACGAGCGCCATCACCCCAGTTGACACCATCTGCCATGGCCATGGCAGCTGAGTCTCCGCGCACTA
CCATTCCGTAGCAGTCGGCGATGGGATTGCCCATGGGTTCTTTAGTCAGCATGTTGGTCTCGTAGAGGGACACCGAGATACCATATGCGAAGTCG
CACTCCATGCGCCAGTTCTCCACGCCAGCGATCAAAGCTGCGGGATCAGAGCCACCCTGGTTGCTTACAGCTTCGCGGAGCAAACGTTCCCGCTC
TGAGTTGGGATCCCCATCCGTCGAGACCTCAGTCTTTGCATTTAACACATTCCTATTGTTCTGATCGCTGTTGGCTTTTCCAGCATCCGTGCCAG
CAGACGCAGCGGCCAGATTGGCTATGCTGCTTTTGGAATTCTTGCGGGAACGCATTCCCGACGCAGAAGCAGATCCGGAGGGCTGCTCCGCACTG
CTCTGTCTGCGAGGTCCTGCCGGCGGCCGTCCGAATTTGCTGGTAAGTCGGGTTGAGTTCTGTGTGGCCACCTGAACTGGTGGTGTACTCCTCCT
AACGCCATAGCAATCATCGTTCTCCTGCTGCGTATCTATGAAGTCAATGTCATCCGCGAAGCTGGTGCTCAAGTGCAGTTTGGAGCGCTTGATGC
CGGTGAGCCCCTCGTCAGGACCTGTGCAGGCGGCTGTTATAGAGCAGTTTCCAGCTTCGTATGTATCCAACTTGAGAACGGGCATGTCCGTGGGA
TTCTGGCCATTGTAAATCTCCGGACCCTCAACAAACTGACGCTGCATTCGGCTGTCGGTGAAGGTGGTCGGGTAAATATTTGAGCAACTTTCGCA
GGCTACTAGGTTTCTATTTACTTACCCCTCCAGATATTTAGTTATGAAGCTACCATCATCCTCGTGCTCGCTGGCCCGCCGGCGACCCTCGC
GAGGCTCCGCGATGAAGCTCAACTGGCGGAAGTAAGTGGTGACTTTCTGGCGCAGCGACGGCATCTTTAGTCGAGTTGCTCCCTCCTCCTCGCCA
GCAGTTCTCGCCCTCCAGTTAGGGTTCTCTTAATTGCCAGAGATGGAGGGGCTAAAAAATGGATGCTGGGATGCTGACCAGTTCGTTCACCTCAT
CAGTGGCAATTGTTGTGGGAGTCGAGTCACTCCAAACGAATCCAGCCGCCGACCCTGCAAAGAGGTTTAATTTAGAGCTTCATTTAATTATCAAT
AAATTATGCAATTAAATGGGACTGGGCAAACACGAAAGAATTACAAGCAAATTGCATAGGCAGCCGCATAACTGACATTACTCCCTCCTTTCAAC
CGCCTACTCCTAAATGACGAGATGTGCTTTTTAGTTGCCGCAGGCCCTGCATCCTTTCCCTGGCCACACAAAACCCTTCGCTCATCAGGAGCAGG
ATGTCAGAGGAGAAATCCCACCCTGTGAATGGGCTTTTACCCAGCTCATTGCGAATGCAGTAGACACTGAACTGATGCGGACACAGAAATCCCCT
CCTTCCTTCGGGGTTCAGATGACATAGCTTTTAGCAGGGCTCTCCGCATGTGTTCTGAACCAGAGATGCCAATTTGGTTCTTTGCTCAACTAATT
TTAAATTGTTTATGGATTAACTTATGTGCCAAACTACTTGCCTTTCAAAATAAACCATTTATAAAATCGAACGCAATAATTTGGGACTTGATTTA
TCACAACATTTATTTATTTATATTAAACCCTTTTCAGGATCAACTTTCAAATAGTCCTTTAGCATGAATTAAGTAACTGGCATCACTGATGTGTT
GATGATTAATGAATGGACAAACCAACTGCCTGGGGCGACCTGCAACTCCAGCAGATGTTGGGTTTTCGGATTCTGACAGCATCAAGTTCGGTTTC
AATGGAAAGATGATATCATATAGGGGTAAGTTTGCCGGCGAGAAACACACCAAGGTCTGCTGTACAATTATGTATCTAACTCTCCGCCGCTATCG
CAGACGACATTTAATTGCCGTGTTAGGGCATTTAACTACCTGATCCATTCTCGTAGACAATGTAACGCCAAGACAGCCTTCATTTCGGCGAGATT
ACAATGGATCGCAAACACAATAAATGCTAATCTTCAGCAGCAATTGCCGTGGAGATGCTTTTCCTTAGACGATGTACACAAAACGATTTGTATAA
ATGATAAACAACAACAAAAAAGTCGGCACGGAAAGTAGTTTCGTTGATGGGGGCAATTATTCAAGATACCCCCCCTCCCTTGTTGTTGAAAT
TTTCACAAATGCTTCAAAGATATATATAAAAAGAAAAAAACACAATCAACCACTTTAATTTGTGGCATAAGTACTTCAAGTGACAAATGAGTGGT
CAATTAAAAACTATGTCGATTAACGGTGAATACTGTGGGTCGGTACGCCTCTCTATGCGCTTCTCATAAACGGCACTTAACGGCACGCGAAAATC
GCATGAACCCTGAACCAATTGTTCGAGTTTCGATGAACTTGAACTGCACTCACGAATCAATCAGCGAGTAATGTAATTCAATTTCAATCTGATGG
CCCCAAGATGCGCGATTTCTTGGCAATTGCTGGGCACTGATCCGATTGCCACCACACCCGCATTCCTTGCGGCAAAGCATTAAAATCAAATTAAC
CCACATAACCATTAAGTGCAGGAGTGGGAGATTTCCCATTACCATATCCACATTTCCCAGATACAAATCAAATGAATTGAAAAGTCAGAGCCGCG
AGACAAAGTCGATCGCTGGACGAAAGGGATGGATAGCTGAGTGCCCATGTGGTTATAAAGATATATCTTTCTGTGGATGCATTGAGGCGCGGCCA



GCTGTGTGCACTCGTACCGGTCCAGGGCAATCAATACGGATGATTGAAAAGCCCACCTTCACATCACCACAAAACAATTCAATTTAGCCACAACA
ATGTGCAGCTTGCGATTAAATGTGCAGCCAAAGAGATTACAACTGCACCACAAGAGCCAACATTGAAGCTCAGCCACAAGCGTTTTGTAGTTCCC
ATCTGCAATTGCTCCAATTTCTTTACGCCTCCTCCAGATCTGCTCATCCACGTCAATCAGAGTCGTCATCACTTGACACACAATAGGCATCTGAC
TGTGACTTACTGGCTTCTCAATTCCCTCAGCTTTTTCGCTTATAAGTGTCCATTGTGGGATCTCACAAATTATTTAAGTTCTGACTTTTGTCCAC
CTGACGGCACGTGCCGAGAATAAAGTATAGGTTTTATAGAGATGGAAAAATCTCTGGATTGAGAAGTAAACTCATGTAAGATGCCCGTAGCAGCC
GTTTTGTTTACCCATGTACATATATTATTTTTTAATCTTTAATTGCATTTTATGTATGTATTCAATTGTATATGAAATGACACTCCCCCAAACAT
TAAACAAACAATTCTTCGAGGCGTGTGCCGCAATCAATCGACACTTTTCGATTGGATTTCGGGACCATCGAAATTTTCAACACTTGAAACTAATC
AAGCGTGGAAATGGGGAAATAGGAACGCGGTGCTGTGAGATCATTGTGCAAGATCTGGGTGGGGCGATCCGTGGTGTATAAAAACAACTGAGTAA
ATATTATCGGATGTGGCACAGATCTCGTGAGTCTTTCGAACTTTGTTTATGCTCGAAAACCAAAATAAACCATTTGCGCTTCCTCCAACCAAAAA
TAGTTGTGTTGGCCCGTATTTATAGCTGCCGCCCGTGGAAACAAAAAATGTCTGGGTGAATTTCTCGCTTGAAAAACTCATTTGGGCAAGGCTTT
GAAATGCATTTCCCGTCGCATTCGAAATCAGCTAAATTTTCTGAGCTAATCAAATGCGCAAAATTATTGTTTACACACTGGGTTAATTAGATGTG
GAGATTGGTTTCTCTGCTCCGCTTCGAGATTCTTTTGTGCTCTTTCGGCTTTGTGCATACTTAAAATGTGTGTGGATTTACGAGGGAGAAGTGCT
AAAACCCAATGCAAACAAGTCTGCTTTGGGGTCCAACCAAATGCTCCAACCAAATGCAAACACACCCGTGACATTCAGAGTCTGGATGCACTTGA
GGCAAGTGACAGTTGTCTGCAGATTATGTGCTATGTGCTGCATATTGTGGAATCTCAAGGTGCAGTCGGTGGGCCAAAGCCGCAGTCAAAGAAAA
AGCCTTAACAGCACAAGTCAAGTGAGGCTGCTCAAAGCCGTTTTGTGTGCTTCTGTTTGGGCCAGACAACAAACAACAAGAAGCTATAAAAGCAG
AGAGTGAAAATTTGTTGCATTCATTGCGTGTTTTCTTCGAAAGAAAGTTGAAGGCCATCGTTAAGCTGTAGATTAAATAGAGCTGTCTGCTTGAT
TACGAGCTCCCAAATATTTCAATCATTTCGAGCGACCCACTTTATGTATATTGCTTTTGTAGCGAGTTCCCTCCTTAACGTATAAGTTGTGTAGC
TTAGGTATTCTAAGACCTTAGATTAGATGATTCTCCCTTATGGGAATTATAATATATGAAACAAAACCGTATGCACAAACCACATACACGCGTCA
AGTGCTGATTCAACCGCAGTCAAGGCAATCTTGGATAGGAAATGCATGCTTAATTTTCATTTCCTCATATGCAATTTTTCTCATTTCAAGTCCAG
GCTGATCAAGCCGCATAAAAATAAAATATTAAGTAGCAAATGCATTAAGCAAAATGGACGGGGTTCCCCAACCCAGAGTTTTAAACTGACAAGCT
TTTGGCTTAAACCTTCCCCCAATATTTGACCATGTGTTGACTCATTGGACAAGCCGTCAGCTGCATTAATAATGCATTAGACCAGCCCCAGGACA
TAAAAGTCCCCCCATCGTGCTAAAGTGGGCGCAACACGGCCTGGGGCTTCATGAAAATCTGGCAATTAAAATGTTTTACATTATGTAAACCGCAC
GAAAACAATCACTAAAGAGTTCCTTCACCTCGAAATGGCGTCGTGAATATGAAGCGATATGTATGATGTGGGAAACAAAGGAGGAGTTGAGGAGT
CTCTTCCCGGTTTTCGAAGCATTTCTTATAAATTGCCACCTAATTGGCGTGTTCAACATTGTGACTGTGCGTGGTACGCCTCATTTCCTGTTGCA
ACAATTTGCATTAATAGAGGGTCTCATACCACAGATTCAGTTCGAGATCTCCCCATCCGTATGCGAATGCGAATCTATTCCAGTGAATGCATTTC
AGTACCATTCAATTGAAGGCGCGATGAAATGGAAAGTTAAGATCCCTTTGGAGGATTGGATGTGTGTCAGAAGTTGAGAAACATCCTTTGTTTTA
TGTGCCTTCCATGTGCATTCGCACTTAACGCCAATGCCAGGACCTAAGAGCACCCAAACCCACCCAGTTTTTCCCCACTGCATTTCCGCTTGCAT
GTTTTCCCTTGTTTTTCCGCTTTTCGGGTCGCGCCACTTGGCCCGCTTTTCAGCCACGAAAAACTATACTTGAAGAACTTGCCACACGCCGAATA
CAATAAACTAAAACTGGGGCAAGGCGAAATAATTCGGGCCTAGAAAGGCAATATCAAAGGAGTGCCGGAGCTTATGTATGGTATAAGGGTAAATT
ACCTTTCGGACTTACTGGGTATATAGCATCAAACCACCCTCACACAAAACATTTAGTATGATTGTTTTTAAAGCCATATAATTACGGCGAAGGAA
AGCCATTCCCATACCATTCTACTAATTGGTTGATTTTTTGTTGGATTTCGCAAACATCTGGCAGAAAAATTGATGCCGCCAAACAACTCCACACA
CATTTGGCAAGCCCACAAGATAATTTGCATAAATTGAATTGAAGTCTTTACTTGTTGGCCAGGTAGCGACAGCTGTCGTCGGTTTATGTAGGACT
TATATACGACTAATCCTGCATGAATAAATTAAATGGGAAGCCTCAACTAAGTCTGTCTGGCGGCGGATGGGTTTTGGGTTTGGCCTCTGCCGAAG
CCTTTGTTGCCAAGCATACAAATGAGTTGAATCCAAACTCCTGGGCGCTGTCACTCTATGCAAATCTAGAAAACCAGTAACCAGTTGTTGTAGGA
TGGAGAAGGCACGGTGGACGGACTTTCGGGGCGCTCAACTCACATATTAAATTAAATGTTAATGGCAACAAAGACAATTCAAACGGAGTCAAGGC
CCGGGCCAAAGAACTGTGGCTAACAAAGAGGCAAACAACACCAATTTCTCGACTGCCCCGCAGCAATTGAGCAACCAACGAGCCACTTTGTTCGC
CCCATATACCCCGCCCACATCCCAGCCCCTGTCCACCCGTGAAATCTGTTCTCCACCTCCAGCTACCTCTAGATAATATTGCACTGTTCGGTGTC
AAATGGCTGCCCACTGACGGACTTCTTGGTTTGTCAGGTGCCATGGTTATTCCACCTACAGTAGAAGCTCTTGAAAGTGGAATTTCTTTCTATCT
AATAATAAAAGATAATTGCCGAGACAGTTTTGGTTAAAAGTGGTCAAAGTGCTCAAAGACTCTCTATCGTCGGTTATGTACGTTAATCATATTAG
AAGTAAGTGAAAATGTCCCCAGAAAGGACGTTCATTACAAGGAGCCCCTACTGTACAAGACCTTGCGGCGGGTTAAGTGACCGATTGGCTGTCAG
TCCCCAGCCAACCAACCTCACCTCTCGGACTTCTAGTTTTAATTTGAATTTCATTCCGTCTCGTGTGGTGGCCAAACGCTTTGGTGGTTCGCTTA
GTCATATCACTCGGCTGACTAATCATTGAAAGCGGAGCGTGCTTGGAGGGAAACCTTAAGCCCCAGATATACCCCCCTTCTAACTCCAAACCATT
TACCGAAATCTCCACCCCGCCAAAACCCCACACAGCTGCAAATTCAATGAACCTTTGCTGCTGTTGACTTTGCTGATTAATTGGAAATTGGCAAA
ATGTTATTTATTTTCGCGCGGCTGGTCTAGCGCCAAATGGTTGTTTTTCATCAAAGGCATAAAGTTCTATAAATGTTCCCAGACAAATTGGTTTT
AATGAGCCGGAAACTTTTTCGGTTGAGCTCGGATTTTTACGGGTTTGGCGGATAGAAGGAGAAGCCACATATTGTACCCGATTGGCTTTAAACAA
ACACGGACATACTATACTGAGACAACTTCTTCAGTGGCTCGCTAATGCATTATACAAGAATGAACTCCTTTGCAGGCACGGCCGAGCAAACAAAC
TTCAACTTGTCCGGACCAACTGCGTCATAAAAGAGCCAACGGCAGCGCCAATCGCCATCTCCGTTTCCAGCGAGACAACAAAGGATGTTGGGCGC
CGGGAAGCAGGAGGAGCAGGACCTGGGAAACCAGCCAGTTGTGGATGGAGCGCAGACAGAACAACTTCATGCAACCCCATCCCCTGGGAACCAGA
CGGCAGCCAGGAGTCTGTGTGCCTGATCCTTGCCATCTCGAAACGAAAAAGAAGCCGGCGAAAAATATATAAAATGGAGAAACAAAATATTTTCC
CGATGTGCATGCATAGTTCAAAGTTAGTTTCAGGCATCTGTGCACCACCAAATACACCACATTCCCCACTACTTACAAGCAGAATTGTGAAAATT
TTTTGGTTGCCAAGCGAAAGTGATTGAATTCCTAGGGATTTTGTCGGGCGCCAGTTGAAAAGGAATTTTTGATGCGTTTAAGTGCCGAAGTTCC
CTAAAAAAGTTTGGCCTTAGAGTCAGGGGATGTATTAAAAAGAAAAATGTCGAAAGTTTTTGAAAGAAGAGATTAACAATGATGTGTGATACAAT
GATTGTGTGTTTTGGTCTGGAGAATTTAAATCTCAATAAAAAACTACAAAATGTATATTAATGAGGCTAACGATGGTTATATTATGCAAACAAGT
GTTGGGGGGAATATAATTATTTAAAATAATTGCATTTTTTTGCGATTCCCACTTTGCAATTCTAATCCCTAATAAAACTAGAGATAACTTATCTT
ATGAAGCAATTTGTTTACTACTGCGACTGGTCTACAGAATATACTGATGCAATCGCTTTAGAAGTGTGGTAGGTAATCCCGTTCGTTCTCAGCCG
GAAATCACCCCCAATAAGAAGTTTAGATAATCTTAGATACGGTATCTGCTTGTTGTTTGCCACATGCATCTACACCCTGGATTCTAAACTTAGTT
CCCCCAAAATATCTGACCGAGTTGTCCCCTTTAATTTACAGCTTATATCCGGCATGTTTTTCTCCCGTTTGAATTTTGCCACAGTTTGCGCCAGA
AGTTGTGAAAAGGGCAGAAAGAGAACGAGTTGAAAGTTCCCATTAGAATGCCCAATCCAAGCCATCCTGTTCCTTTATTGCGTGGCCCCTTTTTT
TTACATTTTCCGTAATTCCCAGCCAGGCACCATCACGTGTCGGGTTTTCTCCAAGGTATTGGGCTTCGTGGAGAATCGATTTGTGGCCTGACGA
GCCTGTTATCCTTGGAGCGAGCGCTTTTGGCTTGTTTCAGGACATAGAAATTGCCTGCTGCATGTCCGAAAGGCTCAACGAGAAATTATGCTAGC
TACACTGAAATCTAAACTTCAGTTCAAGGAACTCAGGAAAGAAAATACTATTCAGAAAATGAAGTTTTTATGTTTTAAAACTTTTATAACAGTTT
ATAATATTATTGATACGATGTCAATATTTTATATTTGTTTTAGTTCGGTAAAATGAAGATTATCATGAATTTTTCTCAGTGTGCGAATGGAGGTG
AGTGCGAAAACGAGAAGGAGGAAGCATCCATCACATGCATCTGCAGTTGGCAGGCAGGTAAAAATGTTGTACAAAAAATGAATAACTGACATTTT
AAGTGGGAAAGTTTTTGCATCAAAATCAACTGCCTGCCAATGCTGCTACCGAAATTCAATATATTAACAAGTGCTCCGTAATTGTAAATTATCGC
CACTTTTTACAGTCATTACTATTAGTAAGTTTATAATTATGTGGGTAACAAAGCGGTAAAATATGCCAAACGAAAAACAACACCAGCTATTAGCA
CAGTTTCGAAATACGATAAAGCTTGAAAACCGGTTATTGCACCAACGAAAGCTGACTTTTGTTGTTCTTGTTTTGTTTATTGTTATTTTTGC
TAGAGCAGCTGAGATTTCGCAGCTGCCCGTGAAGTTGAAAACAAAATAAGAGAAAAAAACAAACGGCAGGTGAATCAACAGCGGTTCAAGCGCCC
AACCCACCCACAAGTTTGTTGGAGGGGGGACGACGACGTAAAAAACAGAATAATAAAGACGTAAACCCAGTTAAATGGAAAAATCAAGGCGAACG
AACACACACGGAAGCAAAAGCACAAAACAAAAGGCGACAAAAACACGTCGAAGGCGGCAAAAAAATTTGGAGAACCCAAAAATCAATAGAACTTC
GAAATATCCATAACCATGTAACACAGTGCACATTCACTTACAATAAGTGTGCCTTCCTCTTCTGGGTTGTTTTCTTATCGCTACTTTACATATGT
TGGCGCCACTTGCAATGGGGAAATATATGTAAGTGCGTGCGTTCCGTTGGTGGTGTGTATAAATATTTAACATTTGCCGGAGGGTGGTTCCATCG

CCCAGAACTTCGGCTTCTGCATGGAATACTAACATAAATCGCGCTGCACAGTCCACTTTTGTGTGTTGCACTTCGAGTCCCAATGGTTACCAATT
AATGTCGCTACGAAATGGAACTGCTAACGACTGTTTCCGCCGCGGACCGACGTTCCTGCTTCGATTTGAAATTCGAAGTGAATTGGCCAAGCCAA
GCGATATTTGTGGTAATCGAATCGTCGATATGAAACACACTATTCTATGTGCAACCAACCGAGTTGGCAGCTCCCAGCGCGATTTTTCAGTATAT
TTTGCAGTATTTTAATTGTTGCAGACGGCTTTTTAAAGCGCCACCAGTTCGTTCACATTGTCGCTATTTTTCAGCATTTCGCGGGATCTGTATTT
TTTATAGGCGAATATTGAAATTTGCATGGTCTAACATTGATTATAGTGTTGTATTCACCGAATATTTATTGGTTTTACTGTCCATTGCTTTGAAA
GCAATAGAAATAATTGAGGATCAAGTAAGTTTAAGATAAATTATTACAGTTAAATGCCGATGCAGGCACTCACGCACACTAACGCACCCAAAACA
GCGACACGCGAATTTGCGAATTTCGTTTTGGCCCGTTGTTTGTGTGTTGTTGCTGTTGTTACAACGTTGTTTGTGCTAAACATTAATTAATTGTC
GCAATGTCTGTTTCGCTATAAATATGCGAAACGTGCCGTTGTTATTTGCGCGAAACTAAATGGCCAATTGCGCTTTACCGGTGTTAGTGTAGGTG
TATGTGTTGTCTGTGTGTGTTTGTGGTTGCTGGCGCGGGCGAATGGCGGGTAATCCGCATACACTCGCACTTATTTTTTGCAAAGGGTTTATGCG
ACACTCGCTTTGATCACGATATTAAAAGCTCAAACACCACTCTACCATTATACAAATATTTATTTATGTAAAATAAATGCGGTTAAATAATTTAC
CTTAGAACTTGCCCTAAAGGATATTAAGTGCAATTAAAAGTAGAACAAACATTCATTGCTAAGTTACTAAATGAATAGCATTTTCTTTTGCAAAC
TTGTTCATTATAAACTACTCCTTCGAATATATATTTACTTAGTATATTTTCTGTTTCCACGACTTTGTCTCACACATAAACACGTAAAAGCGCGA
AACAGACACAACGCACAC
(SEQ ID NO: 1174)

Exon: 11938..11632
Exon: 3379..3066
Exon: 2996..1001
Start ATG: 3199 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT36839
CGAAGCAGGAACGTCGGTCCGCGGCGGAAACAGTCGTTAGCAGTTCCATTTCGTAGCGACATTAATTGGTAACCATTGGGACTCGAAGTGCAACA
CACAAAAGTGGACTGTGCAGCGCGATTTATGTTAGTATTCCATGCAGAAGCCGAAGTTCTGGGCGATGGAACCACCCTCCGGCAAATGTTAAATA
TTTATACACACCACCAACGGAACGCACGCACTTACATATATTTCCCCATTGCAAGTGGCGCCAACATATGTAAAGTAGCGATAAGAAAACAACCC
AGAAGAGGAAGGCACACTTATTGGTCGGCGGCTGGATTCGTTTGGAGTGACTCGACTCCCACAACAATTGCCACTGATGAGGTGAACGAACTGGT
CAGCATCCCAGCATCCATTTTTTAGCCCCTCCATCTCTGGCAATTAAGAGAACCCTAACTGGAGGGCGAGAACTGCTGGCGAGGAGGAGGGAGCA
ACTCGACTAAAGATGCCGTCGCTGCGCCAGAAAGTCACCACTTACTTCCGCCAGTTGAGCTTCATCGCGGAGCCTCGCGAGGGTCGCCGGCGGGC
CAGCGAGCACGAGGATGATGATGGTAGCTTCATAACTAAATATCTGGAGGGCCGAATGCAGCGTCAGTTTGTTGAGGGTCCGGAGATTTACAATG
GCCAGAATCCCACGGACATGCCCGTTCTCAAGTTGGATACATACGAAGCTGGAAACTGCTCTATAACAGCCGCCTGCACAGGTCCTGACGAGGGG
CTCACCGGCATCAAGCGCTCCAAACTGCACTTGAGCACCAGCTTCGCGGATGACATTGACTTCATAGATACGCAGCAGGAGAACGATGATTGCTA
TGGCGTTAGGAGGAGTACACCACCAGTTCAGGTGGCCACACAGAACTCAACCCGACTTACCAGCAAATTCGGACGGCCGCCGGCAGGACCTCGCA
GACAGAGCAGTGCGGAGCAGCCCTCCGGATCTGCTTCTGCGTCGGGAATGCGTTCCCGCAAGAATTCCAAAAGCAGCATAGCCAATCTGGCCGCT
GCGTCTGCTGGCACGGATGCTGGAAAAGCCAACAGCGATCAGAACAATAGGAATGTGTTAAATGCAAAGACTGAGGTCTCGACGGATGGGGATCC
CAACTCAGAGCGGGAACGTTTGCTCCGCGAAGCTGTAAGCAACCAGGGTGGCTCTGATCCCGCAGCTTTGATCGCTGGCGTGGAGAACTGGCGCA
TGGAGTGCGACTTCGCATATGGTATCTCGGTGTCCCTCTACGAGACCAACATGCTGACTAAAGAACCCATGGGCAATCCCATCGCCGACTGCTAC
GGAATGGTAGTGCGCGGAGACTCAGCTGCCATGGCCATGGCAGATGGTGTCAACTGGGGTGATGGCGCTCGTCTGGCCGCCCGTTCAGCTGTTCA
CGGTTGTTTGGACTATCTGGACCGGGCGGTCTTCGGACAGGCGCTGGAGTGCCGAGCCACCACAACCCAGGAGGTTTTTGTGAGTTTGCTGCGTA
GTCTTTGGGAGGGACACGGTTGTATCCTGGAAGTTGGAGGAGCCCTATCTACTCTCACCATAGCCGTTGTGCTGCCGCTGGACGGAGCGCCAGGG
AAATATGTCGTGTGCTCGTGTAATGTTGGCGATTCCCTGGGCTATGTGTACTCCAAGAAGCACGGAGTACGGGAACTAACACAGGCATCCCACGA
CATCAGTTCCATGAGGGACATGCGCGATGCGTTGGGTGCCCTTGGACCGGCGGATGGCAACAAGCCAGAGCTGAGCAATCTAACCTTCTCGATGA
CCTGCATTGAAAGTGGAGACATAGTCTTTTTAACGTCGGATGGAATCAGCGATAACTTCGATCCAGTTGTGGGCAAGTTTGCCGAAGCCTGGACT
CCGGATGTTAAGCTTCAGACGTCGGGACATGTCAAGCCCGCCAACTTGGCACCCAAACGGCAGAACAAGAGTGCATCCGCCATCTATGCCCGTCT
GCATCCTTCGACTCCGCCCACGCGACCAGCTCGTCAGTCCAAGGCGGAAAGTCCGCCTAATAATGCGCCTAGTCGACCAAAGTATATGCGCTCCC
AAACGCTTATTGAACCACGCCAGGGATTGGTATCAGCTCCACCGCCATCGGTGGTGCCCCAACGCATTCCGAAGTCCATTTCAGGACTGCCCCTT
GTTACCGGTCCCCAGCGGCATGCTCTTACCCTCTACCGCTTAGAGGATCTGCTCAGCTATGGCATCAACGGCACGTTTTCGCCCTGCGTATCGGC
ACGCAGGCTCTGCCACTTGCTTATCGATTTTGTACGGATGATAACGTCAGCCAGGAGGAAGACCCTGGAGCAAAGGGAACTCTTCTATAAACTCT
CTACGGGACCAGATGGCGCCAAGCGTGAGGTGCAACTGAACCGCATGCAGCATCGCGCGGCCAGGAAGCGTGTGGTGGACAGCAGCGCCTTTGTA
GCATTGCCCGGGAAATTGGATCATGCCACTGTGATGGCCTACACGGTGGGCGGCGGAGAGGAGCACAATAATGGAAATGAAAACGGCGATGGGGG
AGCTATTTCGCCTGTACTGCAATCCAAGGAGTTCAAGGAGACGAATTTCTGA
(SEQ ID NO: 1175)

Start ATG: 488 (Reverse strand: CAT)

MPSLRQKVTTYFRQLSFIAEPREGRRRASEHEDDDGSFITKYLEGRMQRQFVEGPEIYNGQNPTDMPVLKLDTYEAGNCSITAACTGPDEGLTGI
KRSKLHLSTSFADDIDFIDTQQENDDCYGVRRSTPPVQVATQNSTRLTSKFGRPPAGPRRQSSAEQPSGSASASGMRSRKNSKSSIANLAAASAG
TDAGKANSDQNNRNVLNAKTEVSTDGDPNSERERLLREAVSNQGGSDPAALIAGVENWRMECDFAYGISVSLYETNMLTKEPMGNPIADCYGMVV
RGDSAAMAMADGVNWGDGARLAARSAVHGCLDYLDRAVFGQALECRATTTQEVFVSLLRSLWEGHGCILEVGGALSTLTIAVVLPLDGAPGKYVV
CSCNVGDSLGYVYSKKHGVRELTQASHDISSMRDMRDALGALGPADGNKPELSNLTFSMTCIESGDIVFLTSDGISDNFDPVVGKFAEAWTPDVK
LQTSGHVKPANLAPKRQNKSASAIYARLHPSTPPTRPARQSKAESPPNNAPSRPKYMRSQTLIEPRQGLVSAPPPSVVPQRIPKSISGLPLVTGP
QRHALTLYRLEDLLSYGINGTFSPCVSARRLCHLLIDFVRMITSARRKTLEQRELFYKLSTGPDGAKREVQLNRMQHRAARKRVVDSSAFVALPG
KLDHATVMAYTVGGGEEHNNGNENGDGGAISPVLQSKEFKETNF*
(SEQ ID NO: 1176)

Celera Sequence No. : 142000013383859
GACCTCTACAAGAACGGCGGCATATCGCATGGGGCACACCAAAAGTCGGTTGTCATTTCGGGGATCGAACTGTACTTTCAGCACAGGCGATGGAA
ACCTATACTTGTGTTCCAGTTCGCCGGTTAGCACATCCCAAATGCACACATTGTTGTCCGTGGAAGCTGAAAGTAACTGGAGTGGATTGGAAAAT
GTAGATGATCAGGTGTACGGCGAGCGAGGGCCTACCTTGTGACCATTCCTGGTCCAACTGAGACTGCAAACGGGATGCACATGGGCCGAAATAAT
CTTGGCAATGCCCCTCGTCAGAAAATCCCAGATTACAATGCGGCCATCATTGCATCCCACGGCCAAAAGGGTTCCGTATTTGTTAAAGGCACACG
TCACGGCCAACGAAATGCAATCCAGCGAGCCGTCGAACTCCTCTGGGTAGTTTTGTCCGAAAGATTCTTAATAAAGCTGGAGTTATTTACTACAT

AAGCATAAAAAATGGGCGGCAATCTCACCTAGTAGCTCCAAATTCATTTTTGTTTACTATCTTCTTCTTTTAAAATGGCAACTGACACTCACACC
GAACGGCAATAACATATTATGTTATAAATGATAAGCATAACAGAAGACGAGTTTTTCGATAGTTAAGGTTATATTCTGTACAACTACTGAACATC
AATTATTATATTATAATACGAATTTAAAAATCTACGTATCTACGTTGGTGTTTTTTGTGGTTTTATTAATAGAATAAGTTTAGTTAATTTTAGAG
GTGAAATTAAATATTGAAATAGTTAAACATATAAAATAGATAAATTTGGTGAAGCGTAAGTAAATTTTAAACTGCATTAGTTATATCTTAATTCA
AGTTCCCCACTAATTTATGAGCGTTAGATGCGATAGTGTTATGTCTGGCGCAAGCGATTGTCTCGACGTTTCTTCGATATTTTAAGATATCGATA
ATGTCATCGGAGATTTGCCACCCCTATTTTTTGAGCTCTGTGCACGTTGTATGAGAAAAATTTATGCAGATGTATTCGCCAATTGTAACCAAGTC
CGGATTGTGAAATTGCACGCAGACAGCGAGCATCATAATAAGCGCTCTAATTGGAGAAGGCAGAAGTTTCGAATTAAGCCATTTCGGAGACGTTT
CGTCCGTGGCACGCGATTGTGTCAACGTCACCTTTGGAGCACTCGCCCTCTCTCGCTCGCTCCCGCTTTCGTTGCCAATTTTTTGCTTGCCCTCT
CTCGGTCACTCCCTTCGAAAGCTTAACGGTTAGAGTGTAATAATGAAATAACCCAGTTTCGAATTTCGTTCACAACAAAAGTGCGGGCCTTTCAT
GCCAAAATAACATTTGGTTTCGAATTGTTTTTCAAATTCGAATCGAGGTTTTCCAGCTTTCCAGTTTGACAGCGAGAGAACGAGAGAGAGCGAGG
GCGAATTACGGTGTTCGCGCTCTGCTTGTGCTTTCCACTCCACTCCCCTTCTTAACTTCCCCCCTCCCAGCCTATTTACTCTGTGTGCATGTGTA
AATGAATACTTTAAAACGTTTTTAATCGTTGCAGTGTATTCATCGCCAGCCACGTTAAAAGGAAGAACGTGTATGTGAATACGACCATCAGAGGA
TCTTAGCGAAGGATTCAGGAGCCCAAATTCTTAATCCCCATCCCACACACACACATATACTCGCACGTAGGCACGCTCTCTGTGAGAGGAAGGGT
AAATAAAAGAAGCAACGAGCAAAATGTCTGGCGAGGAAACGTCTGCCGATCGCAATGTCGAGATCTGGAAAATCAAGAAGCTCATCAAGAGCGTG
GAAATGGCCCGCGGGTGAGTCTTATCAATGATATACATGTCCTTTAACGTCCCCCCCAACGACTGTTTTGCGTACGTGTGTGGGGTATACACAAT
GCATGGCACGAAAACAACAACACTGGGGTGGAAGTGGGCGTACTGGACGTGGGTGTGGGTGGGGACTTGAGGGAGCGGCGAGTACAACCACCTTT
CCTTGTTGTCGCCGTGTGAATCTCCTTTGCATTGTTTCCAATCTTGGCAAGATCCCCCGCCTCACTCTATCTCTCTTTTTTGCATACGAGCAACA
CGTTTTTGTCGAGTTTTTATCAGTTCAAACTAGACTGATTGAGAGACGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGGAGTGAGTGAGTGAGTGAGTAATCGC
CTCGTGGCTGTTGTGCGTATGCGTGCATGTGTGTGTGTTTTTCCCCCAAAATGGGCCAAGCTTTGTGGACCCCTCGCTCTCACTCATCCTGCC
TCGCTCACTCCCTTGACCCGGTCCTTACCGCTTCACACCGCTTTAGAGTGGGTAACAAGGTCAGCAAATCGAGTGACCCCCACAGGAGCATATCT
GCTATGTATATACATATATATGTATATTGTTGTCAATATGCTCCACAATTGGAGCTAACATTACACCTCTTCCAATTGGAGTTGGCCACTGTTGC
CAATTGGGATTCGCTTTGACAGATATCTTCCTATTGGTTTTCAGCCATATGCGAAATATATACACACATATGTATTTGTTTTTCTTTTTTTAAGT
TCTGTGCTATTTTTTGTTGTATTTTGCATTCCAACATTTTGTACAAATTACGATTGGCACTCCTCTGTATTATAACGAACGAGAAAATGATTTGC
ATCAGAGAAACAAACGTTTGGAAGTTACAGAAACGTATTTGTTTCAATAAATTAATCAAAGTTTAAATTTAGTCCAATAACCGAATGTCAAGTTT
AAAAGACATATGCCACGAAATTTCACGGCTAATTAAATAACTTTAAAGTAGGTTGCTATTATGTGCATCTGACGCGCAAATATACGATTGAATAG
CACTGTTGCTATGGGAGAAAGAGCCATTTCCGCGACTTATGTTCTCCCTTGTTTGGGTTTCTTGCAGCAATGGAACCAGCATGATTTCTTTGATT
ATTCCGCCAAAGGATCAAATCTCGCGCGTCAGCAAGATGTTGGCCGATGAGTTTGGAACGGCGTCGAACATCAAGTCGCGTGTAAATCGGTTGTC
CGTCCTCGGTGCCATTACGTCGGTACAGCACAGACTCAAATTATACACCAAAGGTAAGCTGAGCTAAGAAATTGTTCATAAACAATCGAACAAAC
GAACTCTAAACCGTATCACCAACCGCTTCAATTCAGTGCCTCCCAACGGTTTGGTCATCTACTGCGGCACAATAGTCACAGAGGAGGGCAAGGAG
AAGAAGGTGAACATAGACTTTGAGCCATTCAAGCCCATAAACACGTCGCTCTACCTCTGCGACAACAAGTTCCACACGGAGGCCCTCACTGCCCT
GCTCGCCGACGACAACAAATTTGGATTCATCGTGATGGATGGTAACGGAGCGCTATTCGGTACCCTTCAGGGCAACACGCGCGAGGTGCTCCACA
AGTTCACCGTCGATCTGCCGAAGAAGCACGGTCGTGGTGGTCAGTCCGCCCTTCGTTTCGCCCGTCTGCGTATGGAGAAGCGCCACAACTACGTG
CGGAAGGTCGCCGAGGTGGCCACCCAGCTCTTCATCACGAACGACAAGCCCAACATTGCCGGACTCATCCTGGCTGGTAGTGCGGATTTCAAGAC
TGAGCTTAGTCAGTCTGATATGTTCGATCCTGTAAGTGGGAGTTAACCTATTTCCATCGATGCCATATTAAGCCTTACACTTGAATCTTTTTTCA
GCGTTTGCAATCAAAAGTCATCAAGCTGGTGGACGTGTCGTATGGTGGGGAAAACGGTTTTAACCAGGCCATTGAACTGGCGGCCGAATCATTGC
AGAACGTTAAATTCATACAGGAGAAGAAACTCATTGGTCGCTACTTTGATGAAATTTCTCAGGTGAGTTGCCGGATACGAGTTCTGAGGCATTTC
GAAATTAAAAACCACATCCGTATGCTTTCTATATTTAAAAGGATACTGGCAAATACTGTTTTGGAGTGGAGGACACTTTGCGGGCACTGGAACTT
GGCTCTGTAGAGACTCTCATTTGTTGGGAGAACCTGGATATTCAACGTTATGTTCTCAAGAATCATGCCAACTCGACGTCAACGACAGTATTACA
TTTGACGCCCGAGCAGGAAAAGGACAAGTCGCACTTCACTGACAAGGAGGTGAGAGCTAAACTGAGTAATGATACTAATCCGCACGCTAACTGGG
AATTCAATCGTATAGAGCGGGGTAGAAATGGAGCTGATTGAGTCTCAGCCGCTGCTGGAATGGCTGGCAAACAACTACAAAATGTTCGGCGCCAC
ACTGGAGATTATCACGGATAAGTCCCAGGAAGGAAGTCAGTTCGTGCGAGGTTTCGGTGGAATCGGCGGTAAGTTTGAGCGGCCAAACAGCACGG
CTGGCTAGTTGTAGATTGGTTATGTACTAAACAAATGCTGCAACTATATCCATTCCTCTTCCCTCATGCTGCTTTCACACGGTCGTCAACGCTAT
AATGTAAATGTTAATTTGCAAACTGGTACCTCAATTCGATATGTAGGCATTTTGCGCTATAAAGTAGATTTCCAATCCCTACAGGCCGATGAGCC
GCTGGAGGATGTCGATCTCGATGACTATTAAGCCTGTTAAGGGTGGGCTGCGAATGGGTCTCGATTATGCGTTACATACATAATAAACCAGTACT
TTTTGGGAAACCTCGTAAAGCAAAACGTTCAAATTGATTAGGAACCAATTTACTTGCCACATAGTTTTACCTATGTTCAGCGTAGCCGTTCAATA
TTTATCACCAATAGGGTCCCTCTCATCAGTCGGATGGTGCATTCCCTTGTCGATCAGATCAGCGTGCATCTAGATATGTACCTATACGTTTTACC
AAATTTTTTAATTAGTCGTGCACCAGGCGGAATCGCGTACTTTTAAGCAGCATATTAAATTCGTATTTCGTACTCGTAATTCGTAATTTGTATTT
CAATGGTCATGTAAAAGCGATGCGATAGATATTAGCGCATTCTCCGTTCATCTGGTTCGATTTCGACTGCGGTATTAGGAGCAAAAGATCTTCGG
TTAACTGCCACATGCCACTTTCGAACGTATCTGCATTTCCCCTATTCAAATTATAGCCGAGTGTTATAAGAAAGTATACAAATCTAATCCATAAA
ATTGTAATAAAAATTAAACCAGAATAAAAACACCACACAATGAGGATGGGGTATCCGTTTATATTCAGTCGCGAAGTACAACAAATATTTTATTT
AGTGTATGAAAAGTTAAATGTGGATACAAAGGAGGTGAGAATCTGAGTTTCGGTTGAACTATCCTGTGTGTTGATCCTTTTGTTTTTTCCTCTTC
ATTTATTTTTCAATTTTCAATCAGCTTCTGTTCTTCTATTTTTTTTTTTTTTTTGTTTCTTATTTTAATTTAATTCAATTGCTGGGTGTGCCTCT
GCAGGTATCTTACGCTACAAGGTGGATTTCCAGAGTATGCAGCTCGATGAATTGGACAATGATGGCTTCGATCTAGATGATTACTAGGAAATGTA
TCTGTAGAAATGAATTTGCCACTACGTTCGACCGCAAACTGAACTGCAACTACAACTATATGAATCCAGGAAATCAAATAGAATATTTAAATAAT
ATGAGAAAACACAAACCTTCTTCCATTTTTACGTTGTTGGCGAAAAAAGTAAAATTTTAAATAATGCATATAGATACAAACGATAAAATGTTAAA
TCGAGGAAAACATATTAAAATGCAACCGTTTTACGTGAACAAATTTGCAATTTGAATATATTTTCGAGGGACTAGAGCTCTTGTTATATAATTAA
TTGTTCCTCTATAAATCTAAATCTAAATCTACATTGACAATACGCCACGTTTCCTAAAGTTTTTGGGTACAAGGAGAATTGTATCTGTGAGTTTT
AATCGTTCTATTATAGCTTGAAAACGAAATTTGCACCGAAAGCTGATAAAATTCCGACTCTGCTATCTGCTGGATAAGTAAAATGCTGGTAGCCA
CTTGGAGTACTACCAGTACAGCAATGAAAGTAAAGTGAAATGGGCATTTCATTTTCTACTTTCTATTTGCAGGCACACTGGAAACAGTTTACTGC
GAGATTCCCACTTCATTAGTTGGCAATGCACGTGGACGACAGCAAAAAGCACTCGTAGTACTTGTTTCGCCCTTGATTTGCATCTAAGAATCGCT
CAGATACATCTGGTGAGCTGAAACTCGTTTCTGAGCCGCAGTGTCGTGCAGGTATCCGTACTCGTTTGAATATTTGTAAGTAATCATTGCAGCGA
GACTTCCAAAAAGTAAGCTCAGCTAAGTTCTGCGGTGTTGGGCATCCAATTAGTTGACCAAGTTTTCTGGTGGCATGCACATGAAACTTGTTTAA
TCGATAGGGTAAATATGCAAATTTCGATTGAATTTGACGATAATGCGTCGAGATGAAAAGAAAACGAATTGTGCAGGATTTTGGTTACGAGATAA
GCCGAATCAGCTAATAAGGCACGTGCTTAATTGATATATATTGTATGTTTAAGTAACCTAAATATGCACGACTTTAATATCACTTTTATTTCGCT
TTCGTAATAAAACGAGGTTCACTCTAAAGAGCACAAGCGTGGAGGTGTATGTGTTCTTACAGCCCCGATCATTTGTATTTCCATTTGAGTGCG
AGCGAAGACGAGGGTTTACAACTTGATGAGAATTTGATCAAGATAACATTAAAACACAATCTGCTGCAGTCGGACGGGGCACTTCTGATT
(SEQ ID NO: 1177)

Exon: 1001..1034
Exon: 1555..1819
Exon: 2918..3093

Exon: 3172..3641
Exon: 3707..3862
Exon: 3937..4134
Exon: 4196..4343
Exon: 4512..4589
Exon: 5420..5740
Start ATG: 1734

Transcript No. : CT36935
ATGAGAAAAATTTATGCAGATGTATTCGCCAATTTGTATTCATCGCCAGCCACGTTAAAAGGAAGAACGTGTATGTGAATACGACCATCAGAGGA
TCTTAGCGAAGGATTCAGGAGCCCAAATTCTTAATCCCCATCCCACACACACACATATACTCGCACGTAGGCACGCTCTCTGTGAGAGGAAGGGT
AAATAAAAGAAGCAACGAGCAAAATGTCTGGCGAGGAAACGTCTGCCGATCGCAATGTCGAGATCTGGAAAATCAAGAAGCTCATCAAGAGCCTG
GAAATGGCCCGCGGCAATGGAACCAGCATGATTTCTTTGATTATTCCGCCAAAGGATCAAATCTCGCGCGTCAGCAAGATGTTGGCCGATGAGTT
TGGAACGGCGTCGAACATCAAGTCGCGTGTAAATCGGTTGTCCGTCCTCGGTGCCATTACGTCGGTACAGCACAGACTCAAATTATACACCAAAG
TGCCTCCCAACGGTTTGGTCATCTACTGCGGCACAATAGTCACAGAGGAGGGCAAGGAGAAGAAGGTGAACATAGACTTTGAGCCATTCAAGCCC
ATAAACACGTCGCTCTACCTCTGCGACAACAAGTTCCACACGGAGGCCCTCACTGCCCTGCTCGCCGACGACAACAAATTTGGATTCATCGTGAT
GGATGGTAACGGAGCGCTATTCGGTACCCTTCAGGGCAACACGCGCGAGGTGCTCCACAAGTTCACCGTCGATCTGCCGAAGAAGCACGGTCGTG
GTGGTCAGTCCGCCCTTCGTTTCGCCCGTCTGCGTATGGAGAAGCGCCACAACTACGTGCGGAAGGTCGCCGAGGTGGCCACCCAGCTCTTCATC
ACGAACGACAAGCCCAACATTGCCGGACTCATCCTGGCTGGTAGTGCGGATTTCAAGACTGAGCTTAGTCAGTCTGATATGTTCGATCCTCGTTT
GCAATCAAAAGTCATCAAGCTGGTGGACGTGTCGTATGGTGGGGAAAACGGTTTTAACCAGGCCATTGAACTGGCGGCCGAATCATTGCAGAACG
TTAAATTCATACAGGAGAAGAAACTCATTGGTCGCTACTTTGATGAAATTTCTCAGGATACTGGCAAATACTGTTTTGGAGTGGAGGACACTTTG
CGGGCACTGGAACTTGGCTCTGTAGAGACTCTCATTTGTTGGGAGAACCTGGATATTCAACGTTATGTTCTCAAGAATCATGCCAACTCGACGTC
AACGACAGTATTACATTTGACGCCCGAGCAGGAAAAGGACAAGTCGCACTTCACTGACAAGGAGAGCGGGGTAGAAATGGAGCTGATTGAGTCTC
AGCCGCTGCTGGAATGGCTGGCAAACAACTACAAAATGTTCGGCGCCACACTGGAGATTATCACGGATAAGTCCCAGGAAGGAAGTCAGTTCGTG
CGAGGTTTCGGTGGAATCGGCGGCATTTTGCGCTATAAAGTAGATTTCCAATCCCTACAGGCCGATGAGCCGCTGGAGGATGTCGATCTCGATGA
CTATTGTATCTTACGCTACAAGGTGGATTTCCAGAGTATGCAGCTCGATGAATTGGACAATGATGGCTTCGATCTAGATGATTACTAGGAAATGT
ATCTGTAGAAATGAATTTGCCACTACGTTCGACCGCAAACTGAACTGCAACTACAACTATATGAATCCAGGAAATCAAATAGAATATTTAAATAA
TATGAGAAAACACAAACCTTCTTCCATTTTTACGTTGTTGGCGAAAAAAGTAAAATTTTAAATAATGCATATAGATACAAACGATAAAATGTTAA
ATCGAGGAAAACATATTAAAATGCAACCGTTTTACGTGAAC
(SEQ ID NO: 1178)

Start ATG: 214

MSGEETSADRNVEIWKIKKLIKSLEMARGNGTSMISLIIPPKDQISRVSKMLADEFGTASNIKSRVNRLSVLGAITSVQHRLKLYTKVPPNGLVI
YCGTIVTEEGKEKKVNIDFEPFKPINTSLYLCDNKFHTEALTALLADDNKFGFIVMDGNGALFGTLQGNTREVLHKFTVDLPKKHGRGGQSALRF
ARLRMEKRHNYVRKVAEVATQLFITNDKPNIAGLILAGSADFKTELSQSDMFDPRLQSKVIKLVDVSYGGENGFNQAIELAAESLQNVKFIQEKK
LIGRYFDEISQDTGKYCFGVEDTLRALELGSVETLICWENLDIQRYVLKNHANSTSTTVLHLTPEQEKDKSHFTDKESGVEMELIESQPLLEWLA
NNYKMFGATLEIITDKSQEGSQFVRGFGGIGGILRYKVDFQSLQADEPLEDVDLDDYCILRYKVDFQSMQLDELDNDGFDLDDY*
(SEQ ID NO: 1179)

Celera Sequence No. : 142000013384822
TTCCCAATTCCTTCGAGGTGATGGCACCTTCGTTATCCTTATCCAATAAGCTATAGATATTCTTGAGCAGGTCCTGCTCTTCAACAGACAATTCA
TCCATTATGCTTTATATTATGGGAAGGAGAATATTATTATTATGCTAGTAGATATACTTTTTCGATAGGATTGATACTCAGTTGAGGTCTGATAA
GCTTTGAAGGAGTTCTACGATTGAAAATTGTTATTCAAAACATTCAATATAAATATTTTTGAAAAAAGCCAACTAAGAGTTAGCCTTCGGTCTTT
AACAGATATTAAACAATCTGCGTGCTCCATGAAGTTCATAAACTTTTACTGAAGATAAAGGCATTAAAAGAGCATTCTCACGCACAGTTTGGCAA
ACAAATCACGTGCTTTCCTGGACCCAAATGATATCATCTGGCGGAGAAACTCTTTGGCTTTACGCGTATTATTTTATAGTTGAACCAGAAATTGA
TGTCATCGGTGGCGGTAAAAAATGGGCGCCCAATCCGCCCAATGAGGAAATTCCAGGAAGCCGGGCAACTCCAACTGTCGGTGATGACAATTTGC
GTGGCATTTTAATTGAACTTTCTACGTGTTCGAGTGGTGTACTTTGATTTGATCCCCATCCACCGATTTTTCGTCGATTTGAGTCAATGTTAAAG
GCGTTGCCACAAACCGCAAACTGTCGTGTCTAGGAGGTTGGGGAGGGGCTTGGTGGCTGGGGCCTCGAAACGTGCCTGAAGTATTATTACCGCCG
TCTGTGATTGATGGCCTCATGCGAGTGAGTCAGTGGATTTTTATAACTCTACGCAGATCCCTTCCTTTCAATCAAGCGGCAAAAAATCTGGACAT
CGATCTCGCCGATATTAGCTAACTTCATTTCAACTTAACTGCCCGGAGTGCTTTGAATAAAGTGGATTTGAGGCGATGCCTTGGGATTCTTGGCC
AGATTAAGTCGATTTTTTTTTTTTACTTCAATGAAAAAAATGGCACGCAATTGTTTTTCATTATTAATGCATACTTTATTTGAAATCAACTAACT
CGCTATGGTTTGAATAAAATCATTTAAAATTGAAGGAAGACCATGGAATTCTATGGGTTGCTTATATTAACTACTGCAAAACTCTTAAAATTTAA
GCCTAATTACATAAGGTTCTACTGGAATGTTGCTTGTAGTTGGATTTTTGTTTATGCTCTGCTTTACACTAACTTTTACTTTCAACCATTTTTTT
CCCTACAGCAAAATCGATTAACGATTTTGTTTACTCATTAAGATTAGCTTACCGGATAAGGAAACATAAATAAAAAATTGGAATTCACTCAGCAA
ACAGCAACACTTAGTGTTGGGCCACACATTAAAAACTAATCGATAGACTCTCGTACTAAAGGCTTAAACATTTAAATCGGTAGATTTAAGCTAAA
ATCCTAACGCATAAGAGCTCTATAAAATGCAACAACGGAGTTTGTTTCGCTTACAATTATCGCTTAACTGATTTTATTACTTAGTTTAGGTCTAT
TGCCTTGCCTAGACATTGTACTAAAAAGTATTAAATTGTAGATCTAAATTTATTTTAATGTACTTGTGGGTCTAAAACGATAAATCCTCGTTTAA
CCATTGGGAACAATAACTGTTTGTCATTATGATATTCAACTGTTCATAAGACCTTCTAAATGAAATACCAGAAAAAACAACCGAGATATATATTT
ATTAGGAATACTACTACTTTTTGATATTTCAAATTCGTAAGAGCTTTGATAAATAGTTTTCCAAATTGTGTTGTTTTTCTATTCCGATTTTACCT
CCATTAATGGATTGTTTTCTAGTTCTTTCTCGGTTTACTTCTAACGCCTCATTATGTCCTCAATGCTGAACCCTGTTCTTCTCGGTGGTGCAGGC
GGTGGTGCTATGGGCGGTGCTGCCACTGGTGGTCCCTTTTCGGTGGTGGCTCCACTTGTTTCCGTACTCGGTGGTTTTCCCAGAAGCTGTCTGGG
GGGATGTCGCGACATATTCAAAGCATATATGCTGGGACTATCCACAAAGGTCCTTTGACCCAATCCAGGATGGTGGTGCGGATCCATCAAGTCCA
AGGTCGGTGCCGGAAGAATCCTCTTTCGCATGGGTATCGATCCCAGGAAGCTGGGCATAGCTTCATGCGGTGAATGCAAAGGTTGATTGGGTGGT
TTACCCGACTCCGGCTGGGTTATTATAGTGGGTGGTGTATGTGGTGGCGGTGGAACACCAGCCTTCGAAAGGTTCAAGCTCTTGTGGTGCAAGTC
GCGTCGAACGTGCAGAATGGGCAAATAGGGATCCCCGTTGGGTGGGAGTAAGTGTGGATGTCCTGGGTGCTGGTGGGTTGGCGGAGGAGCTCCAG
GTGGTGCAGGCGGCGGTCCAGCTGCCCCAGGTGGTACAGAATATCGCACAAAGGAAGGTGGAACGGGTAGGCTGGCAATGCCAGAGTTCCCGGGT
TCCTCCTGATGTTTCTCGCCATGTGGCCGCATTGTGTAGGTTTCACCACCCTCATGATGACAGTGGGTGACTCCCTGGCGTTCCGGCTTGGTGCC
CACTGACGACGATGATTGCGATGTGGCGGCAGCCTTACTCGCCTGGAAACGCGCCACTAGTGCCACTTCTGCCTGCTCCTCGTCCTCGGGATCAA

Sep 30, 2004 10:36:36 PM

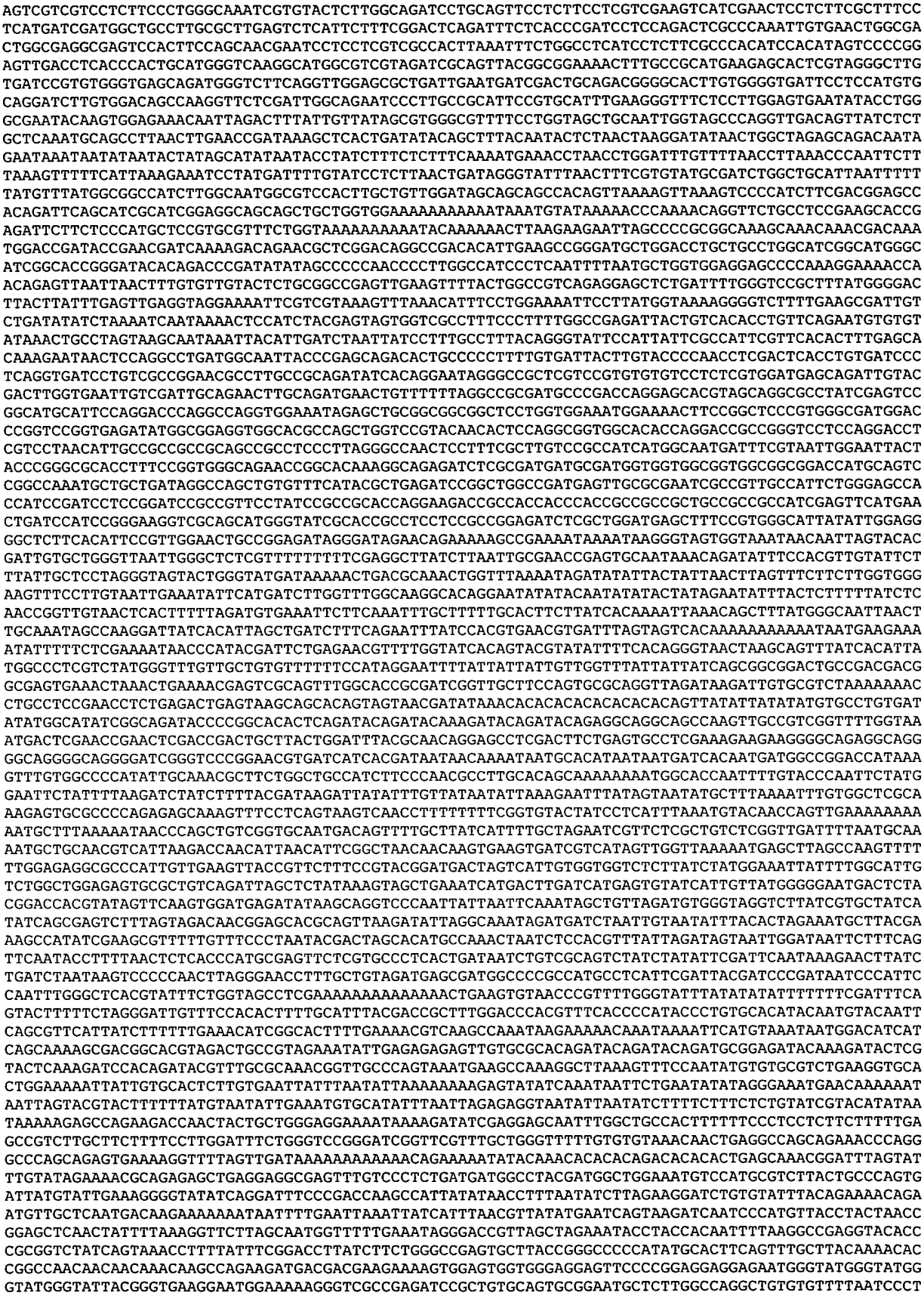


FIGURE SHEET 633

TCGGGATACTTTTTCTTCCACCGAGTGTGCATATGTTTGTGTGAAGGTAGCTAATAATCAAGACAGCGATGGAGAGGAGGAAAAACCGACGCAGA
CTTATAATTATAGTCGAAGAGGAGAACCAAAGAGACCTGCACTTCACATGCGTTAATCTGAAAACCCTTTCGGGCCCAAGCAGCATCTGAGATTA
TAGTCAAAGCTATTAAAAATCTAGCATAATCATTGCCCTCGGTGGAAAGCAAGTTGCGTTGTTGTTTTTCTCTTTTTTTTTTTTTTTTGCTCCCG
AGGTAGGCAGGCGATCTTCCTGCGCAGCCTTGTCTATAATTTTCTTGATTAATATCCATGAGATTTACACATTTGGAGTGCTGGCCAGAACCCTG
CACCTCAACCCTCCGCCACCCCCCGCGTTCCTGTGTGTGCTGGCCATTAATTTAAAAAGCTTTGCTAATTTCGCGGGGAAATCTGGAAACGAACA
ACTGCTAATGAAGTTTTATGGGTTCGGGAATGCAGCTGCAGCAGGATTGATAATGTCGTTAGCATAAATTGAAAATGCTTTCAAGTTACGACCAA
AGATTTGTTATGATTAAAGTATGGAGCACGCGGAGTGAGCAAGAATATCCACCAATGGATTTTTATTAAATGATAAATGGCGAGCTGCAGATAAC
CAGATTCCTCTGGTTGCTGAAATAAATATTTTTTTTTGAATTGAAACCTTCTTAGGATTAACTGAAGTTCAGACAGTTAGTTCCTAAAATTGAAT
TATTTCGGCTTAACTTTGACTCTTTCTAATCCCTCTTGAAGTAATCCACTTTGAATGCTAAGCCGATCTTCGTATAAATTCTATTGTCATATTGT
GCTGCTCCTTTCATTCGAACTAAATCCATTCAAAAATTTCACCCTTGAATAGAACTCTTAAGATCTTTTGTTGGTCGGATTGCTACTTTTTCAGG
CAATCTATTGTGTTATAATTTCAATGGGTCAATTCTTATTTATTGGAAGAGTTTATGCTAATAAGTGTAGAAGCACTAAGACTATGATTTATTAA
TTCAAATGCAATTGGATTATGCTAATTGCACACAAATCTTGGTACAAATTATTTATATATTTTTTTCTTCGACAACTTTTGGAACCCAGCCCAAA
ACTAAACATGTAAACTGATAATCACCTTTCCGCTGTCTGATTTCATTGATAGCATTAAAAATTCATATTCCCTAGACAACATCTAATTTCCCCAT
CAAAATTGATGAGTTCCCGTTCCAGAACAACAATAAATGAACTGGTCTATCAGGTGAATTATACACACGTGCCAAAACGAGGCGTGTCCATATAG
CCATTTCAATTTAAAACCCGAATATGGCGATCCCTAACGAGCCATTGTTCTGCGGTTTTATGGTAAATCTAAATTCATCAAGTATTTTGTCACGA
TTTTAATTAATTTCGATTTCAATTTTCCTGCCACAAGGCAATTACCAGCAACATTTTCCCCTGCTGCTGGTGCAACCGAAAAATGATAGTTGGTG
GCCCAAGATGGAGAGGAAAACCCACCCAAAGAGGTAAAGCGTAATAAACTTTTATGGTACTCCCTTTCTTATGCTAAAACTCTTTTTGGACACAA
AACCAAATGGCCCATAAAGCAAGACAATGAATATCCAAAATAGATCTCCACTGAGGCGAAACAAAAGCCAATAACTTTATAGAACCGCAACCAAA
AAATACAAAAAAAAAAATAATAATAACTCAGACTGTGAGAGCGCGGGAGGCGTTCTACAAAAAAAAAGCTTAAAAATGAAGGAAAAAGTAAAGCAT
TTAAAAGAAATCAAGAGATGTAGATGACGATGATGATGATGGTCTGAGGTTGAGGCTGAATCCGAATCCGAATCGGTATCTGAACCCAACAGAAG
CTTGCGGCAATTGCGTTTCCTCTTTGGCCACACGTTCTGGACAATTAAAGCCCCAGCCGAGCTCCGAATCTGAATCGAGCCAAGTTAAGACAGCG
ACCACGACCGAAAACCGAAAACAGAAAACCAAAAAAACCGGATTCCAAGCCGAGAAGGAGCGAAAAAGACGGCGAGAGCGACCACTGGCCACTGG
CACTGGCTACAAGTGAACTGGTTTACAAAGAAAAGAAACAGAAATGAAAGAAACATGTGAAAAATCACGATCTATAAAGCCGATGCACTTAATAC
CCTAGGCAAAATAAGTAAATAATACTATAGATCAAACTAGAGTAGACTTGTTGAAAAAAAAAACACTGGAATAAATAAGAAGCTTATAAACTATCA
GCTTATTAAACTAAGTTTGCCTAAATTTCGTAAAATATATTTTTAAAACCTAACGCGATGCTTTGAAATTCTGTAAAATTAAAGTTTTTCAGAAA
TGTAACGTTATTAACACCGATTAATATTTTTAAATAATATTTTACAAATTGTGTACACCATTTTCAAACGAAGTACCCTTACCAAGAGCACCCAT
AAGAGACCCCCAGAATTCCAAGCGAAGGTTTTTCGAGTCCGGCTCGAACCGACCAACTCGAACTGAGCGCCACAGCAACAACAATGGGGCAAGCG
GGTGGTTCAGGATGGTGGGGAAGTTTGCGGGGGGATGGGGGACGTACTCCACCGTGGACTGTGCGGCACCACACTGAGTTCAGTGGCAATGACAG
TGGCACATGCAGTTGTAGTGGAAGCCGCTTGTCGGTCGACAGTCCGCCAACCGCCAACGTTGTTGCGCTCTCTTTCCTGTTTTTTCGCCCCGTCT
CATTCTATTTGTGGAGCAGGTTTTGAGATATATCTTGGGTCTTTCTCTCTCTCTCCTTCTCTGTCTGCGTACTCGTTATATTTTTGTACTCGCTG
CCTTTTTGGCCAACGCAAAAAATACCAAAATAAAAAAATAATAAACGTAATTAGCTAGCCCTACGCCACAAACAGAAAACAAAAAAAAAAACAAC
AAAAAATAAAACAAGTAAAAATAAGTGGTGTGGAATTTTTGTGTTCATCTGGGAAGGCAGGGCCTGTTCTCGGCGGAATCTTACCTGTGGGTTAA
ACAGAAGAAAGCCCCAGGCTCTTTGGGCTTTATCTTTGCGTCCTAAAGTATCCAAGTAGTTGTTTCAATATGATTTTGCTGGTTTTTTGTCAGTT
TGTAAGCTTTGAAATGCTTGGCATTGTTTTTGGTTTTTAAAGTAGTAATTTATATCATTTAAGTGGCACTTGAATTGTATGTTGTTTTTTCTTGT
TGTATTTGTTTGAAGACTTCTGTTAATACGATTCTGTGAATTTAAAAGTAAATAATTTTATTAAAATTTTCAAAATATTTGTCGGAAATTTTTTG
TTATATTTTCAGGTTTGATTTTAATTTTAACAAGTATTTCACCGAATCATTCTCAAGTAAATGTATTTAAAAAAACACGCACACTAAGGGACAAT
TTTGAGATTCAAATCACGGCACGATCGCCCCAGGGGGTGGGGCTGAGGGGGCGGCAGGGGGGCGGTTACGGGAGCAGCAGCAGCATCAACGGCAG
TCAGCTACCACAAACCACGTAGTTTTTTTCCTTCCAAAATCCACGTACAACTCGCGCACAAACACACGATGTATTTGTATCTCACAGATATGAAA
ACCGAACGAAGAAAAACCCGAACCGAAACCTCAACCTCAACGAACTGAAAACCGAACGAGAACGAGAGATACACGGCAGCTGAAATGTGTTTTTC
TACATTTTGTTTGAAATAGGAGCTGAAGCCAGTGCAGCTACCAATTCGCTCCTCAAGTAGTCCCAAACTCTTCCCACACACAGAGTCAGTTGCAG
TTGAAAAGCGCTTTTCTCGAGGCAACTGGCGATGCAACAAGTTCACTCACACACACACACACACTAGCGCTCTGGGCCCGCTCAATAAGATACAT
CGGCGGCGAAAGATACAGATAGATATAGAGCGAGAGGCACTCACAATGCAGTTCACTTTTCCAACAGCTATTACCAGCGATCCGCGCGCAGGTGC
GTTGGCCACGATCAACTCTCGAAGACTGAGCCACGAACCCAAGAAACAGGGCCCGAATGGAAAAAGAGAGAATCGAGAGAATCGCGGGCTGAGAA
ATGCGTAGAAAGAGACAAGCGACGAGTAGCGAGCAGTGGCACTAAAACCAGCTTAGTGCACTGTGGAAAAAGTTTTAACAATTCTTAAATATCTG
AAGAGTAAGGCTCTAATTTTCTGTAAATAACAACAGTATAAATCTATCTGCTTAAATATACTAGATAAATAATGGATGCATTTACATATTTTTCT
GAATTAACTAGTAACTTATATTCAGTTTGAATATAGTACGACATTTCTTTCAGTGGAGGAGAGGAATTAAACCGAACTCAACCCAAACCCAACCG
GCCGCCAGTCGCACGCTGCTAAATGGACGGATGGGCCCGTGGACGGACTTATATGGAGACTGGCACTGGCGGAGCGTGGAACGTGCATTCGTACG
ACGAGTTATTGTCAGTTAGAGCGCTACCTGTTTACCGACCGACTACCGACTACCACCGACTGCTTTTTTTTTTTTTGGCCCAGTCGAGAGGGTAGG
GTACAATTGGCCCGGGTGTTGCCAGATTGCCGTTGCTGCTGCCCATGGATCGTTATGGTGGCTTCACCCGAAAAGGAGGAGGAGGGTGTAAC
TCTGGTAGTTCCCTGTTTATTGTTATGCCTTTTTAGTGGGGGT
(SEQ ID NO: 1180)

Exon: 13103..12813
Exon: 12668..12435
Exon: 5437..4551
Exon: 3226..1001
Start ATG: 5404 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT37221
ACATTTCAGCTGCCGTGTATCTCTCGTTCTCGTTCGGTTTTCAGTTCGTTGAGGTTGAGGTTTCGGTTCGGGTTTTTCTTCGTTCGGTTTTCATA
TCTGTGAGATACAAATACATCGTGTGTTTGTGCGCGAGTTGTACGTGGATTTTGGAAGGAAAAAAACTACGTGGTTTGTGGTAGCTGACTGCCGT
TGATGCTGCTGCTGCTCCCGTAACCGCCCCCCTGCCGCCCCCTCAGCCCCACCCCCTGGGGCGATCGTGCCGTGATTTGAATCTCAAAATTGTCC
CTTAGTAATCGTATTAACAGAAGTCTTCAAACAAATACAACAAGAAAAAACAACATACAATTCAAGTGCCACTTAAATGATATAAATTACTACTT
TAAAAACCAAAAACAATGCCAAGCATTTCAAAGCTTACAAACTGACAAAAAACCAGCAAAATCATATTGAAACAACTACTTGGATACTTTAGGAC
GCAAAGATAAAGCCCAAAGAGCCTGGGGCTTTCTTCTGTTTAACCCACAGTTCCAACGGAATGTGAAGAGCCCCTCCAATATAATGCCCACGGAA
AGCTCATCCAGCGAGATCTCCGGCGAGGAGGCGGTGCGATACCCATGCTGCGACCTTCCCGGATGGATCAGTTCATGAACTCGATGGCGGCGGC
AGCGGCGGCGGTGGGTGGTGGCGGTCTTCCTGGTGCGGCGGATAGGAACGGCGGATCCGGAGGATCGGATGGTGGCTCCCAGAATGGCAACGGCG
ATTCGCGCAACTCATCGGCCAGCCGGATCTCAGCGTATGAAACACAGCTGGCCTATCAGCAGCATTTGGCCGGACTGCATGGTCCGCCGCCACCG
CCACCACCATCGCATCATCGCGAGATCTCTGCCTTTGTGCCGGTTCTGCCCACCGGAAAGGTGCGCCCGGGTAGTAATTCCAATTACGAAATCAT
TGCCATGATGGCGGACAAGCGAAAGGAGTTGGCCCTAAGGGAGGCGGCTGCGGCGGCGGCAATGTTAGGACGAGGTCCTGGAGGACCCGGCGGTC
CTGGTGTGCCACCGCCTGGAGTGTTGTACGGACCAGCTGGCGTGCCACCTCCGCCATATCTCACCGGACCGGGTCCATCGCCCACGGGAGCCGGA

AGTTTTCCATTTCCACCAGGAGCCGCCGCCGCAGCTCTATTTCCACCTGGCCTGGGTCCTGGAATGCATGCCGGACTCGATAGGCGCCTGCTACG
TGCTCCTGGTCGGGCATCGCGGCCTAAAAAACAGTTCATCTGCAAGTTCTGCAATCGACAATTCACCAAGTCGTACAATCTGCTCATCCACGAGA
GGACACACACGGACGAGCGGCCCTATTCCTGTGATATCTGCGGCAAGGCGTTCCGGCGACAGGATCACCTGAGGGATCACAGGTATATTCACTCC
AAGGAGAAACCCTTCAAATGCACGGAATGCGGCAAGGGATTCTGCCAATCGAGAACCTTGGCTGTCCACAAGATCCTGCACATGGAGGAATCACC
CCACAAGTGCCCCGTCTGCAGTCGATCATTCAATCAGCGCTCCAACCTGAAGACCCATCTGCTCACCCACACGGATCACAAGCCCTACGAGTGCT
CTTCATGCGGCAAAGTTTTCCGCCGTAACTGCGATCTACGACGCCATGCCTTGACCCATGCAGTGGGTGAGGTCAACTCCGGGGACTATGTGGAT
GTGGGCGAAGAGGATGAGGCCAGAAATTTAAGTGGCGACGAGGAGGATTCGTTGCTGGAAGTGGACTCGCCTCGCCAGTCGCCAGTTCACAATTT
GGGCGAGTCTGGAGGATCGGGTGAGAAATCTGAGTCCGAAAGAATGAGACTCAAGCGCAAGGCAGCCATCGATCATGAGGAAAGCGAAGAGGAGT
TCGATGACTTCGACGAGGAAGAGGAACTGCAGGATCTGCCAAGAGTACACGATTTGCCCAGGGAAGAGGACGACGACTTTGATCCCGAGGACGAG
GAGCAGGCAGAAGTGGCACTAGTGGCGCGTTTCCAGGCGAGTAAGGCTGCCGCCACATCGCAATCATCGTCGTCAGTGGGCACCAAGCCGGAACG
CCAGGGAGTCACCCACTGTCATCATGAGGGTGGTGAAACCTACACAATGCGGCCACATGGCGAGAAACATCAGGAGGAACCCGGGAACTCTGGCA
TTGCCAGCCTACCCGTTCCACCTTCCTTTGTGCGATATTCTGTACCACCTGGGGCAGCTGGACCGCCGCCTGCACCACCTGGAGCTCCTCCGCCA
ACCCACCAGCACCCAGGACATCCACACTTACTCCCACCCAACGGGGATCCCTATTTGCCCATTCTGCACGTTCGACGCGACTTGCACCACAAGAG
CTTGAACCTTTCGAAGGCTGGTGTTCCACCGCCACCACATACACCACCCACTATAATAACCCAGCCGGAGTCGGGTAAACCACCCAATCAACCTT
TGCATTCACCGCATGAAGCTATGCCCAGCTTCCTGGGATCGATACCCATGCGAAAGAGGATTCTTCCGGCACCGACCTTGGACTTGATGGATCCG
CACCACCATCCTGGATTGGGTCAAAGGACCTTTGTGGATAGTCCCAGCATATATGCTTTGAATATGTCGCGACATCCCCCCAGACAGCTTCTGGG
AAAACCACCGAGTACGGAAACAAGTGGAGCCACCACCGAAAAGGGACCACCAGTGGCAGCACCGCCCATAGCACCACCGCCTGCACCACCGAGAA
GAACAGGGTTCAGCATTGAGGACATAATGAGGCGTTAGAAGTAAACCGAGAAAGAACTAGAAAACAATCCATTAATGGAGGTAAAATCGGAATAG
AAAAACAACACAATTTGGAAAACTATTTATCAAAGCTCTTACGAATTTGAAATATCAAAAAGTAGTAGTATTCCTAATAAATATATATCTCGGTT
GTTTTTTCTGGTATTTCATTTAGAAGGTCTTATGAACAGTTGAATATCATAATGACAAACAGTTATTGTTCCCAATGGTTAAACGAGGATTTATC
GTTTTAGACCCACAAGTACATTAAAATAAATTTAGATCTACAATTTAATACTTTTTAGTACAATGTCTAGGCAAGGCAATAGACCTAAACTAAGT
AATAAAATCAGTTAAGCGATAATTGTAAGCGAAACAAACTCCGTTGTTGCATTTTATAGAGCTCTTATGCGTTAGGATTTTAGCTTAAATCTACC
GATTTAAATGTTTAAGCCTTTAGTACGAGAGTCTATCGATTAGTTTTTAATGTGTGGCCCAACACTAAGTGTTGCTGTTTGCTGAGTGAATTCCA
ATTTTTTATTTATGTTTCCTTATCCGGTAAGCTAATCTTAATGAGTAAACAAAATCGTTAATCGATTTTGCTGTAGGGAAAAAAATGGTTGAAAG
TAAAAGTTAGTGTAAAGCAGAGCATAAACAAAAATCCAACTACAAGCAACATTCCAGTAGAACCTTATGTAATTAGGCTTAAATTTTAAGAGTTT
TGCAGTAGTTAATATAAGCAACCCATAGAATTCCATGGTCTTCCTTCAATTTTAAATGATTTTATTCAAACCATAGCGAGTTAGTTGATTTCAAA
TAAAGTATGCATTAATAATGAAAAACAA
(SEQ ID NO: 1181)

Start ATG: 559 (Reverse strand: CAT)

MPTESSSSEISGGGGGAIPMLRPSRMDQFMNSMAAAAAAVGGGGLPGAADRNGGSGGSDGGSQNGNGDSRNSSASRISAYETQLAYQQHLAGLHG
PPPPPPPSHHREISAFVPVLPTGKVRPGSNSNYEIIAMMADKRKELALREAAAAAAMLGRGPGGPGGPGVPPPGVLYGPAGVPPPPYLTGPGPSP
TGAGSFPFPPGAAAAALFPPGLGPGMHAGLDRRLLRAPGRASRPKKQFICKFCNRQFTKSYNLLIHERTHTDERPYSCDICGKAFRRQDHLRDHR
YIHSKEKPFKCTECGKGFCQSRTLAVHKILHMEESPHKCPVCSRSFNQRSNLKTHLLTHTDHKPYECSSCGKVFRRNCDLRRHALTHAVGEVNSG
DYVDVGEEDEARNLSGDEEDSLLEVDSPRQSPVHNLGESGGSGEKSESERMRLKRKAAIDHEESEEEFDDFDEEEELQDLPRVHDLPREEDDDFD
PEDEEQAEVALVARFQASKAAATSQSSSSVGTKPERQGVTHCHHEGGETYTMRPHGEKHQEEPGNSGIASLPVPPSFVRYSVPPGAAGPPPAPPG
APPPTHQHPGHPHLLPPNGDPYLPILHVRRDLHHKSLNLSKAGVPPPPHTPPTIITQPESGKPPNQPLHSPHEAMPSFLGSIPMRKRILPAPTLD
LMDPHHHPGLGQRTFVDSPSIYALNMSRHPPRQLLGKPPSTETSGATTEKGPPVAAPPIAPPPAPPRRTGFSIEDIMRR*
(SEQ ID NO: 1182)

Name: brother of odd with entrails limited
Classification: transcription_factor
Gene Symbol: bowl
FlyBase ID: FBgn0004893

Celera Sequence No. : 142000013384668
GGGCTATCCGGAGTTCGGACGCCTGCTCAATGAAACTGGTCGACCGATGGTATACTCCTGCAGTTGGCCCGCGTATCAGGAGGATGCAGGAGAAA
TGCCCGATTATGAGTCACTCAAGCAGCACTGTAATCTGTGGCGCAACTGGGACGACATCGAAGACTCGCTCGAGTCCCTTATGCAGATCATTGAC
TACTTTGCCAAGAATCAGGACAGGATTCAGCCGCATGGCGGACCAGGACATTGGAACGATCCAGATATGCTGCTGCTGGGAAACTACGGCTTGAG
CTACGATCAAAGCAAGCTGCAGATGGCGATTTGGGCCATTATGGCAGCTCCTCTAATTATGTCCAATGATCTGGCTGCAGTGCGTCCCGAGATCA
AGGCTATACTCCAGAATCGGTTGGTTAAGCTTCGATATCTTATCTTCTTGGACTTATTGGTAAACTTTTGTTATTTGCAGTGCGGTTATTGCTGT
GGACCAGGATGAGCTGGGCATCCAGGGGCGCCGTGTTTTGTCCCGCAACCAAATCGAAGTCTGGAAGCGTCCCATTACGCCAGTAACCAAGAGTG
GACATCACTCCTATGCTGTCGCCTTTGTCAGTCGCCGAGATGATGGCGCTCCCTACAGGATCCCCTTCACGGTCAAGGAGCTCGGATTGACGAAT
CCCAAGGGTTATAATGTGCAGGATCTGTACGATGCCAGCAGCAAGTTGGGCGTCTTCCAGTCTGAGAGTCAGTTCATCACACGCGTCAATCCCAA
TGGTAAAATCCGTTGCAAAACACTAACTAGCCCTGACTTACTTCATTTTCCCCTCCCCCAGGCGTAACTTTCTACAAGTTTACAGCGTTGTAAGC
CCAAGATATGCAAATCAGCCGCTGCCATCAAATCGAATATGCTCTTATATACACACTATTTCCACATTGTCCATTGACGTTGCATCGATGATCTG
TGTAATAAGTTAATTCCGACAATAAATACCAGGTAATCACTGAAGAGTTTGACTTTGTTGATTTTTATTGTTTATTAAACAATTGATTGTGTGCA
TTACACACAGGTATAAGTATTGTACAATTATAGGCATAGATTGCAGTACCGACGCTAGTTAAGACTTGTTCCATGATATAAATAAGGTCTGACTG
GATGAAAGAGTTAATTCGCAAGCTTGTATAAATAAGAAGTGTAGTACTATATACGCGACAAGGACCCGAATAAGAGCAAAAAGGATAGCGACCCC
TCGGGATCATACCAGTTATAAATAGATACCATCTACAGCTACTGCTTACATGGGTTTGGTCGAGAGAGTTAGAGTTATTGTCAAGTTGTAGGCGA
AACCGAAACCAAACCGAAGGAACCATAGCCCGGGGTTAGTGCACCCCATTGCTGATGGTCGGTGTGCGCTCGTAGGTGCGTCTATGCAGCGCATC
CACGTCCTTCAGGTAGTAGGTGCCGGGAAACAGTGCGGAGATGCTGCCCGTTGGCGTGTAGGGCGCCGCATGGTTGTTCTTCTCCCGCACCTCCA
TCAGCGCGGAGAACTGCTCGGGCGCAACCTTCTCCCGTGAATTCAGCAACGGCTGCACGTAGTCCAGCTGCGAGACGAACTTTTCGAAAGCAGCT
GCATCCTGGGTCACGCTGATCGAGTACATGGAAGCAGCCAGTCCGGATCCGTAGGAGAACAAACCAATGCGCTTTCCCACCAGCTCCTGGGCTGG
TCCGCTAATCAACAGAGACACCAAACCGGAGTACACCGAGGGTGTGTACATATTGCCCACTTGGTTGGCCAGCAGCAGCGATTTCTTGGTCTTGC
TGGCAAAGATGTTGGCGGACTGCGTCATGAAGGCCTTCTCCACATCGCGATCAAAGTAGGTGCTCTCCAGGGTAGCGGTATTAAAACGTTCCAGG
TCGGGAAACTGCTTCGTTCGCTCCTCCTCACTGCTCAGCAGGAAATCGTTGAAGCTCAGGCGACCCACAGATTTTTGCACCAACTTGCAGAACGG
TGTGTGGAATAGGATAGCATCGAAGGTGCTCAGGCTGGCCGGCTGCTTGGAAGTATCCTTCTGCTGCTGGTCGAACTTCTTGCGATACAGCCTGT
AGCAGGTGTCCAGAGCAGAAAGGTAGCACTGAATAGAGAGCTTTCCATCTACCGTTGGGTATTCGGAGCTGAGGTCCGGCTTGTAAAAGTCGTAG

GCGTGCTCCATGTGCGTTGCGCGTAGTCCACGATCGAGGATAAGCGGCGCATTTGGACCCACCAGCATAGCCACAGCACCCGCACCACCAGTTGG
GCGCGCTGCACCCTTGGCGTACACGGCGATATCAGCACAAACGGCCAAAGCCAGGCGGCCGTCCCAGCTAGAAGATTCCACCCAATTGACGGCAT
TGAAGAGCGCCGCCGTGCCGCCGTAACAGGCGTTCGTGGTGTCGATGCCCTCGATGTCCGTGTTCCCGCTCTCGGCGAACAGCTGCATCAGCACG
GACTTCACCGACTTCGACTTGTCCACAATGGTCTCGGTGCCCACCTCCAGTCGTCCGATCTCCGAGTGCTTCACATGTTGCCGCTCCAGCAGGCG
GCTCACAACCGTCAGGCAGAGAGAGTTGACATCCTCGCGGTCCGAGCAGAAGCCCATCTTGGCCTGGCCCAGGCCAATTGTGTACTTGCCCGCGG
AGGCACCATCGAAGGTCTCCAGCTCCGTTTGGTCCACGTACTGGGAGGGGAAGAGAATCTCGATGGCGCGTATGCCAACGTTCTCGGGCCAGTGG
GATGCCATGATTGTATCCGGTTATCTATTTAATCCTGAGCTCTGTAAGAGAGACAATTTGTATACTTTAGTGGGAGCTTTGGCATGAGAGTAAA
TATTTAATTCAATATCTTTGTTATTAACAACTATAACAATCACTATTTGCGTTTCGAAATTGCTTCATGATGTTGGGAGCTAAGGCCTTGTTTAA
TTTAATTTAAGCAGAGTTCTCGATGTGGCCCGAATTCCACTGCCAATTGGCATTGGGAAACTTTCTCCCCGCGCAATCACGGCGTATTTATAATG
CTTACAAATTGGACGAGGGCAGAGACAACCTGTTGCACGCTCGAGCTGCGTTGGACGTGTGTAAGCCAGTGACTTTGGCTGCGGCTGAAGAAGTC
ATCAAAGTCTGCCAGCCAGAGGCCCCCGTCTTGGGGGCCAACTGATTTCCCTGGCTGAGAAACTGAGCGTGTAGAGAGAGAGAGAGAGAGGGAGA
GAGAGCCGCCGGAGCGGAGAAAGTTTCCCCCGCTCAGGCGAGCTCCACAAAAGAGAACACTAAACCGCTGTGAAGTAAGCCAAAACACACGCATC
GCAATAAATGTAAGCCAACAAGACAAGCCCAAAGAGCCAAAGGGACAGGGGCGTGGATGCTGTGGCTACACGCAGAGAATTTATGATTACATTTA
TTTACAATAGATAATCATTTCTTTTAAACTTTTTTTGTCAGAGAACAAGCTACAAAAATGATTACTTTAACACAATAACTCTTTTTTCAAAACCG
CTTCCCCTGAAACTTCTCTACATTTTCACACATTTTAATTTCAGTTAGGCGCAAATTATAATTAAATCAAAATGATGATCGAAATATTATGATTT
CCTATCGAAATAGAATGGAATTTTGCTCGGTGGAGCATTGTGGGACAGGCTGGGAGCGTCTTCACCCATAAGTGGGTCATGCCCACCAAGCACTA
AGCACCAACCACCACTCTCCCTCAATCACACGCGTCCATATTGTATAACCGATAAGAGGTGCGAGTGTGGCCCAAACCCGAAAAGCGGTTGACAT
ATTTACCGTTACGTTTAGCACCTGCGACTACTGGCCTATTGACTATAGATTTTCACTTTTCGGCCCGGAACTTTGTGGATTTGTGAAAAAAGGCT
GGGTAGCGCGAAGCTCACTCGATCGGATCTCTCCGCGGACTGACGGCACTGGAGGCGCTGCACTGGCATATGAATATGACCATGACGACGGAATT
GGCAGTGGAGAAGCAGACACCTAGCCAACGAAGCCACCTAGCCACCGAGCAAACACAGAGGCGAGAATAGGCGCTGTAAGTCAATGCCAATTGCT
GAAAGCGCTCGGCGAACAAATAGCGATCGTGCATAATTACGGGAAATATTTATCGCTTAGATACGGCCAGCGAGCACGAAACACAATCGTCGGGG
ACTAAGAAGCCGCCAGACTATATAGATATGCACATCGATAGTCGTGGCCTTTTGCGATGGGGTAAAGATCAAAGGCTGTCCATCGCTGATAAGGC
CGAAACAAAGCGGCTTCCTTAAAAATGCCACCGAATAAGATGTGACACTCTGTCCATTTCAGTGACAAAAACTGGGAAGTGACTTCCAATAGCTT
TTCTCCGATTAATTACTTAAGACGTGCCCTTAGGAATTATTAATAGAAAATTATTTATAATTTGAGTTCTACTAATTTTCCTACTGGTATAACTT
AAATTGGATTATCATCTTTTCTGAACACTATCTTGAAACGTGATTTCAAATCACCTGAACACAATTGGTAATTGATAAAATATTCTACAGAAATC
ACTTAAAGTAAGATAATAACAAGACTACTTTAAGTAGTTGTGATATTACTTGAGTCGTACTTAAGTTAATTAATACAGTTTAGTTAAAGTAAGTA
AAATTAACAAATAAGAGAATACTTTGTCCTATTGTGCAAAAGAGTATGAATCATTATCCAAAGTCATGAAACTCTAATTTCAAGCAATTTAAGTG
ATTTAAGTCATTAATTCCTCGAGTGCCTGCGTGGAATACAGCTCACCCGGTGTTCCTAAGCAGCCCGTGGATTTAAGAATGGAAATTGATGCGCT
GTTTATGCGGAAAAGGAGTCATCGAAGGGAAGGGAACGGGGCACTGTTGTGGTTTTGTGGGCTTATTTTTAGCACTTCGGAATTGGGAAATATTT
GAATAAACATTTCCTGGAACTGCTGCGCACTTGGCTAATTGATTGCTCTTGAGTCATTCTTTTCTTTTTCGGCTGCAGGAGGGTGCGGAGGTGGA
GGAGGAGGAGGAGGAGGAGGTCAAAGGTCGGGATGTTCCCGATAGAAATACACGTGTATTTGAGAGCCGGGAGATAAGCATAGTTTAGGGGTCAG
GATTATGAAACTGATCTATGAGGTGACACATATCACTGGATGTTGATAATTTTTAAATCTACACTATTACACACGGCTGGAAAAACACTGTGAAA
CAGCTTTTCCCAATTTACAATAACCAATTCTAATTGCACACATATTATGTTCCTCCGACTTCTGGTTACATCAGCGCCCAAACTGACCACCTGCC
ACGCCCACAGCCCTCATCCAGCGCAGCACGAACAGTACTCGCACTCGCAATCAACTTACTTGCTAATATTAATGGTCCAGGGCGGGCGATATGTT
TTAAACTAAACTAATCTGGAATAAAATTAAGCAATGAAACTGCGGCACCTTAGCCGCAGGCAGTGTTGGAGAGCGCGCGGCGCTGGAACAGCTGC
TGGCGGAGTCAGCTGTTTGGCTCGCTGGCTAAGCAACACTGGCGCCATCACGTGAATCTCGTGGGCATTGTGAACTGTCACTTTTTTCGCCAGCG
CTTTTCTCACCACACAATTTCGTTCGCATTTGTGGGTGGCGGCGGTCGATTTGCGCTGATTTTTTGGCAAAGAAAAACGCACTTGCTGTTTTCAA
ATAGCACAAAAAGCACACCTGCTTCGTTTACAATCAACCATATTCGCTGAAAAGTAAGTGCCAACCGTAAGAAATAGTTAATTCGGCGGGTTTTC
CACGTCGCCGTGAAAAGTGCAAAAGTTACCCCCCGCCGAAAAAAAAGACCGATTACTACATCGCAGTAGGTCTGCTGACCAGGAAAAGTGCGCAA
ATCTCTTGTAGATTATTGAAGATAGTGAGAAAATTAGTTTTTGCAATGTGGCTATGATTTTTTGTCGAAGCAGTGTGACCCTGAAAAAAAGAGTT
CGCCAGTTTGTTGCGTTTCGTTCGACGGCAGATTGCCGCGAGGTCTGCGGATGTATCTGGAAATATCCAGCTGATGATCGTGTGGGCTGGGGGCG
GGGAGTCGGGAAAATGTGCGAAAAGTGTTTTGGTTTTTGTGCTTAAATGAAAAACCCGTGAGCAGCGGAAAATTATCGATCGAAAAACTGTCATG
TGACTGTCAACGAACAGCTGACATTGCGAGAGCAACTCACCACAGCGAGTGGTGAAAAGAGCGCAATAGGCGCTTTGAAAATTGAAAGAGAACAC
AAAATTCTCTTTCGCTCTTTGGGTAAACAAAAAAAGTTGGAAAATGTTGTTTAAAAATTGAAATACTTTTCGGTTATTTTGCCATAAGGCACGTA
TTTCGCTGATTAATAGATCGTGTTGTGCGAAAACAAGCAAATACACTTTGATGCGCTGCACGAGGATTAATAAATAATCGTATTGCGTGCAACAA
GGACCTTGATGAAAACCAAGCACATATTATACATGATATATATACTCTACGAAACTGTAGGC
(SEQ ID NO: 1183)

Exon: 5522..5380
Exon: 2796..1001
Start ATG: 2763 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT37345
CTGACTCCGCCAGCAGCTGTTCCAGCGCCGCGCGCTCTCCAACACTGCCTGCGGCTAAGGTGCCGCAGTTTCATTGCTTAATTTTATTCCAGATT
AGTTTAGTTTAAAACATATCGCCCGCCCTGGACCATTAATATTAGCAAAGCTCAGGATTAAATAGATAACCGGATACAATCATGGCATCCCACTG
GCCCGAGAACGTTGGCATACGCGCCATCGAGATTCTCTTCCCCTCCCAGTACGTGGACCAAACGGAGCTGGAGACCTTCGATGGTGCCTCCGCGG
GCAAGTACACAATTGGCCTGGGCCAGGCCAAGATGGGCTTCTGCTCGGACCGCGAGGATGTCAACTCTCTCTGCCTGACGGTTGTGAGCCGCCTG
CTGGAGCGGCAACATGTGAAGCACTCGGAGATCGGACGACTGGAGGTGGGCACCGAGACCATTGTGGACAAGTCGAAGTCGGTGAAGTCCGTGCT
GATGCAGCTGTTCGCCGAGAGCGGGAACACGGACATCGAGGGCATCGACACCACGAACGCCTGTTACGGCGGCACGGCGGCGCTCTTCAATGCCG
TCAATTGGGTGGAATCTTCTAGCTGGGACGGCCGCCTGGCTTTGGCCGTTTGTGCTGATATCGCCGTGTACGCCAAGGGTGCAGCGCGCCCAACT
GGTGGTGCGGGTGCTGTGGCTATGCTGGTGGGTCCAAATGCGCCGCTTATCCTCGATCGTGGACTACGCGCAACGCACATGGAGCACGCCTACGA
CTTTTACAAGCCGGACCTCAGCTCCGAATACCCAACGGTAGATGGAAAGCTCTCTATTCAGTGCTACCTTTCTGCTCTGGACACCTGCTACAGGC
TGTATCGCAAGAAGTTCGACCAGCAGCAGAAGGATACTTCCAAGCAGCCGGCCAGCCTGAGCACCTTCGATGCTATCCTATTCCACACACCGTTC
TGCAAGTTGGTGCAAAAATCTGTGGGTCGCCTGAGCTTCAACGATTTCCTGCTGAGCAGTGAGGAGGAGCGAACGAAGCAGTTTCCCGACCTGGA
ACGTTTTAATACCGCTACCCTGGAGAGCACCTACTTTGATCGCGATGTGGAGAAGGCCTTCATGACGCAGTCCGCCAACATCTTTGCCAGCAAGA
CCAAGAAATCGCTGCTGCTGGCCAACCAAGTGGGCAATATGTACACACCCTCGGTGTACTCCGGTTTGGTGTCTCTGTTGATTAGCGGACCAGCC
CAGGAGCTGGTGGGAAAGCGCATTGGTTTGTTCTCCTACGGATCCGGACTGGCTGCTTCCATGTACTCGATCAGCGTGACCCAGGATGCAGCTGC
TTTCGAAAAGTTCGTCTCGCAGCTGGACTACGTGCAGCCGTTGCTGAATTCACGGGAGAAGGTTGCGCCCGAGCAGTTCTCCGCGCTGATGGAGG
TGCGGGAGAAGAACAACCATGCGGCGCCCTACACGCCAACGGGCAGCATCTCCGCACTGTTTCCCGGCACCTACTACCTGAAGGACGTGGATGCG
CTGCATAGACGCACCTACGAGCGCACACCGACCATCAGCAATGGGGTGCACTAACCCCGGGCTATGGTTCCTTCGGTTTGGTTTCGGTTTCGCCT
ACAACTTGACAATAACTCTAACTCTCTCGACCAAACCCATGTAAGCAGTAGCTGTAGATGGTATCTATTTATAACTGGTATGATCCCGAGGGGTC

GCTATCCTTTTTGCTCTTATTCGGGTCCTTGTCGCGTATATAGTACTACACTTCTTATTTATACAAGCTTGCGAATTAACTCTTTCATCCAGTCA
GACCTTATTTATATCATGGAACAAGTCTTAACTAGCGTCGGTACTGCAATCTATGCCTATAATTGTACAATACTTATACCTGTGTGTAATGCACA
CAATCAATTGTTTAATAAACAATAAAAATCAACAAAGTC
(SEQ ID NO: 1184)

Start ATG: 177 (Reverse strand: CAT)

MASHWPENVGIRAIEILFPSQYVDQTELETFDGASAGKYTIGLGQAKMGFCSDREDVNSLCLTVVSRLLERQHVKHSEIGRLEVGTETIVDKSKS
VKSVLMQLFAESGNTDIEGIDTTNACYGGTAALFNAVNWVESSSWDGRLALAVCADIAVYAKGAARPTGGAGAVAMLVGPNAPLILDRGLRATHM
EHAYDFYKPDLSSEYPTVDGKLSIQCYLSALDTCYRLYRKKFDQQQKDTSKQPASLSTFDAILFHTPFCKLVQKSVGRLSFNDFLLSSEEERTKQ
FPDLERFNTATLESTYFDRDVEKAFMTQSANIFASKTKKSLLLANQVGNMYTPSVYSGLVSLLISGPAQELVGKRIGLFSYGSGLAASMYSISVT
QDAAAFEKFVSQLDYVQPLLNSREKVAPEQFSALMEVREKNNHAAPYTPTGSISALFPGTYYLKDVDALHRRTYERTPTISNGVH*
(SEQ ID NO: 1185)

Celera Sequence No. : 142000013385215
AGCACATTCGTTTTCCTCTTTAAATAAGGAGAATCCACTTAAAGAAATCTGATAATCGCTGCATATTGTGCTATTTATTTTATGTTAAAAAAGTA
TATTCGCAAGAGCATAAAAACAATCTGATCGGGTTAATCTTAACTTTTTCGCTGCTCCATTCTCATTGATTACTACAGCACAAAAAAAAAGTGGG
GAAAGCGTGGAATCCTAACTAGAAGAACGGAAGATAGAATAATGGATAAAAAACAAAGGGGCAGGGCAGCAAAAACTTAAATCATTGGCAAATAC
CTTTTTACGATGCGGATTTTAATCAAAGTTTTTGCCACCGCTGTCAGTTTCTTTTTTTTACTTAAAATGGTAATAAAAAAAAAAGGGGAAACGAC
GATAAATAAACATTTTAAAATAATTGCTAACGGCGTGTTGTTGCGCTTTAGTGAACTTATTAGTCTACCCTCGCACCGGCCAATTTCCACAATTG
ATTAGTTTAAAATTGCATTTTTTGGACATTTAAATGGGAATCTAATTGATTGCCATTTTTATTGAGAGCACTTAACACTATACAATGGCAGGTTT
TGTATTTAAGCTATATATTCCTCGTTTATACAGTGTCAAATTAATTATTGATTTTATAAGCAGCTAAGAAAATGATTGTTTAATTTGGACCGATT
GATCATCGAGGACTTAAAATGGACTTAAAATAATTGGATATTAGCAACTTTGAAAAGATCCCGTTTACTCCCAAAACTTCAGAATCAACCCACGA
ACTTCTTTAAGCCAGTGTGACCCCACCCGCTCTTTAGCTCTCTTTCGCTCCATCTCGCTTCCGCACATCGATTGGCGAAAGCTTCGCTCGCACTC
GATATCAGCTCACAACTTCGCTTGCAAGCTCGCCGCGGAAAGCTCGCGATCACACGGGTCGAAATCGAAATCGAATCGCGGTAGAGAGCTTTTCG
AAGTGCGAGCGTCGACGTTTTATTTCTGCGGCTCAGTCGGTTTTAGTTCGTTCTGTTGGAGAAAAGCAGCAATCACACGTTCGCAAGGTGAACGC
GAAGACACAGCAAAGTAAGCCCTTCCCCCCCACCAACACACACCCACCCAAAGCAAATAAGTAACAATAAATAATGGAATGGCTGGAAGACGG
TTCTGGGCGATTTAAACAATTAGCGAAAGAAAGCGGCATTGAAATCCGTCTTGAATTCGCCCCGAAAAAGTGACGAAGCAGCGATCAAAGCGCAG
AGCGAAAACACGCACACAGACTGCAAGTGTGTTAGATAATAAGTGCAGCACAAGTCCACACTTGAGTAAAATAATCCCTAAAAAAGCCGAATATC
AATTAGTTTTCCAAGGAGCTTGAAAAAGTGCGGTATGAAAACGTGAAAATTTGCGCGTGGAAAATTATTTTGCCTTGTCAGCTGACCCCCTTCCC
CGTGTTCGCTCCATCCCTGTCGCACCGCGGGTCTTGTGATCGCCGCCGCTCTTGCGCTCGCTTGCTCTCCCATTTCGAAACTCGAAACAGAAGTG
GGAGTTATTCGTATTCCGATAATGAAAAACCAATATGGAGAACGAGCGACGTAAAAAAGGCGGCCCAAAGATTTTTACCATTTCCCTTACCCACT
TTTTTTTCATTTGTCAGCTGACGGCAATGACAGTAGTCTTGTGATCAACGTCAAAAGCAATTGTCAAATATTCGAACTCGAATGGAGAGCGAGAG
AGCCAGAGCGGAGAGTTGCTCTCCCACTCCACCCTCTCTTGTTTTTCTTTGCTGATAATTATGAAAACCCGCATATTTTGAAAAACATGCATTTC
AGTTACATTCCTCCGTTGAATTTGTCAACCTGTGGTTGTTTTTTCACAGCTCTTATTTTATTTATTTAGCGATTAGTTTGACAAATTGCTCTCTT
CGAACTTTCAAAGCTCTGTCACGTGAAACGAAAGCTCTGCTTTTAAAGTTTTACGCAGCATAATCAAAGAGGGGGAGTTAAAAAAAAAATAATTA
AATCAATCGAAATTATTAGCTGCTAACCTACAACTTTATAACCTATAATCGAAAAATTTGGGAGCTGTGGGCTCTACAAAAACTTAACCTGTAAA
TGTAGCAGATACACCTGCCCCTTGTCAGCTGACAGAGGGCTGAGCAAGAAATTAGTGATAAGAAAATGTTCACCTTTATCTTCGCCCTTTTGCAG
CCAGCATTTAACAATTTTCCTCTTCTATTTTCCCTCCATTGCAGTCGAAAAAACAGAATAAAGCAAAATGTCCAACCTTAAGCGTTTCGATGATG
AGGAGCGTGAGTCCAAATATGGACGTGTCTTCGCTGTCTCCGGTCCTGGTAAGCACCTAACTATACTGACTAACCATAACTCATGCTATCTAAAA
GTTAATAAAAATAAGTTAATAATACCTGTGAACTGGAAACCTTACTTTGATGATTAGTCTAGAACTTACACTTCTGTGTGAAATAATGGCAACTT
TAGAAATGTGTCCACCTATTTGTGATTAATATTCAAACAACTCAAACATTTTGGTTTCATTATTCAAAATTAAATGTGAATAATTTTAATAATTA
ATTAATTGTTTCTTTAAACTTTTTTCTATAATTCTAACAAAAACATCATCAAGTATCATTAATAATAAAAAATTTTAAAAGAAAATGTTCAATGG
AACCTATCTTCGTTTGCTGAGTTATAAAAACTTCTTGAATGAAATGTAGCCCCCCTAACCCGACCAACCGCTTCATTCCAGTCGTCACCGCCGAG
GCCATGTCTGGATCAGCTATGTACGAGTTGGTCCGCGTCGGCTACTACGAGCTGGTGGGCGAGATCATCCGTCTGGAGGGTGACATGGCCACCAT
CCAGGTGTACGAGGAGACCTCTGGCGTAACTGTCGGAGATCCGGTGCTGCGTACCGGCAAGCCTCTTTCCGTGGAGCTGGGACCCGGTATCATGG
GCAGCATCTTTGACGGTATCCAGCGTCCCCTGAAGGACATTAACGAGCTGACCGAATCCATCTACATCCCCAAGGGTGTGAACGTGCCCAGTTTG
TCCCGCGTGGCCAGCTGGGAGTTCAACCCCCTGAACGTCAAGGTCGGCTCCCACATCACCGGAGGTGACCTGTACGGTCTGGTGCATGAGAACAC
TCTGGTCAAGCACAAGATGATTGTGAACCCCCGCGCCAAGGGAACAGTGCGCTACATCGCCCCCTCCGGCAACTACAAGGTCGACGATGTCGTCC
TGGAGACCGAGTTCGATGGAGAGATCACCAAGCACACCATGTTGCAGGTGTGGCCAGTGCGTCAGCCACGTCCCGTGACCGAGAAGCTGCCCGCC
AACCACCCCCTGCTCACCGGACAGCGTGTGCTCGACTCGCTCTTCCCCTGTGTCCAGGGCGGTACCACCGCCATTCCCGGAGCTTTCGGTTGCGG
CAAGACTGTGATCTCGCAGGTGAGAGTCCCACAAATTGAGAATTTAAGGAGCGATGCCTCGTGTAGCCTCCATACACTCAAGTTTCATAAAAATA
CAATCCCTAATAAATCATTTACTTGCTTGCAGGCTCTGTCCAAGTACTCCAACTCCGATGTCATCATCTACGTCGGTTGCGGTGAGCGTGGTAAC
GAGATGTCTGAGGTACTGCGTGACTTCCCCGAGCTGTCCGTGGAGATCGACGGTGTCACCGAGTCCATCATGAAGCGTACCGCCCTTGTGGCCAA
CACCTCCAACATGCCTGTGGCTGCTCGTGAGGCCTCCATCTACACTGGTATCACCTTGTCCGAATACTTCCGTGATATGGGTTACAACGTGTCCA
TGATGGCTGATTCCACCTCCCGTTGGGCTGAGGCTCTTCGTGAAATTTCTGGTCGTCTCGCTGAGATGCCTGCCGATTCCGGCTACCCAGCCTAC
TTGGGAGCCCGTCTGGCCTCCTTCTACGAGCGTGCCGGTCGCGTTAAGTGCTTGGGTAACCCCGAGCGCGAGGGATCCGTGTCCATTGTCGGAGC
TGTGTCTCCTCCTGGTGGTGACTTCTCCGATCCCGTGACCTCCGCCACTCTGGGTATCGTGCAGGTGTTCTGGGGTCTCGACAAGAAGTTGGCCC
AGCGCAAGCACTTCCCCTCGATCAACTGGCTCATCTCCTACTCGAAGTACATGCGTGCTCTGGATGACTTCTATGACAAGAACTTCCCCGAATTC
GTGCCGCTGCGTACCAAGGTCAAGGAGATCCTGCAGGAGGAGGAGGATCTGTCTGAGATCGTGCAACTGGTCGGCAAGGCCTCTCTGGCCGAAAC
CGACAAGATCACGCTGGAGGTGGCCAAGCTGCTGAAGGACGATTTCCTGCAGCAGAACTCCTACTCCTCGTACGATCGCTTCTGCCCCTTCTACA
AGACCGTGGGCATGTTGAGGAACATCATCGACTTCTACGACATGGCCCGTCACTCCGTGGAGTCTACGGCTCAGTCTGAGAACAAGATCACCTGG
AACGTGATTCGTGAGGCAATGGGCAACATTATGTACCAGCTGTCATCCATGAAGTTCAAGGTGGGTTAACACGCAAATTTATCCATTGCCTAGAC
ACTGGGTGACCACATTTTTCAATCCATTTCAGGACCCCGTTAAGGATGGTGAGGCCAAGATCAAGGCTGACTTCGAGCAGCTGCACGAGGACCTG
CAGCAGGCCTTCAGAAATCTGGAGGACTAGAGACCGCGCTGGCCCTACTTTTACACTCTAATCTTATATTTGTTATATAGTTAACGTTTAAAAAT
GAAAGCAGTCAAAAACCATCCGAAAAAGCCTAATCAAACACCAACAATTCCGTGCTGCATTCGATGAAAAACAAAAGTCCAACAAATACCACAAC
TTCTTGGTGCCTGCGAGAGATGTAAACATTCCGGCCTGCGGTTAATACTTTCCCCTAACCACGCCCCCTCCGCCCCTTGAAGGGCAACTCTAGGC
AACAGCAACTACAACGTCCTGCTATGTACTTCCATTTACAACAACAACACCAACATACACTTGAATAAAAGTACACGGACACTGGCGCACACACA
ACACATACATAAAAGACACAAATACAAATGCATGCATAAATAGTATTATTGTTTAATGAATGGAAATTCTTGTTTATTTGTGAAAAAAGTCATGT

TTTCTCCCTGTTTGTTTGTTAAATTTATGTAAATATTTAAAGTATGAAATATTAAATGTACGAATAAAGTGCAACAACAAATACATTTAATGTAA
TTGAAAGTGAATTTCACTGGCAGCAGAATGGATATTAAAAATGTGTCAACTCGATAAAAAGATAATAAGTTAAAATATTTTTTTGAATTTTAAAC
CTTCATTATATAAACATACTTGACTATATGAAAGCTAAGAAAATGGGAATATATTGAAAAGCATAATCTAAAATCCTATATCATTCTCAGTCATC
ACCTTAGTCTTTCCATAAACTTCTGCCCCATTTATTTTATTTATTTGACAATATTAGTAAAAATTGTACCAAGTGAAAAAATTGTATATATTTAA
ACCAAATGGAAAAGAAGTCCTGGGTTGCACCGCTTACCTCGTTCACCAACAGTAACGCAAGTAACGAAGACAGAGCCCGCAACTCGGGATCGTTA
AACCAAGATGGGGAGCCAAGGTCCGTGCCTCACCCAACGGTTCCGGCTAAGAAGTGCACATGTCCAACCTGCGCTTGCCAACGTAATGACCATAA
ATCCAATCCGGTACCCCCTCCCCCTCAATCACGCAAGCCTGTAGCCGAGCCGGAAAGTCCCCATGATACAGTCAATGACGAGGACAGTTTGAAGG
ACTTGAGACGTTCGACGGACCAATCCCACAAGAGCGCTCACATCGCCTTGGAGAAGAATGAGGACTCGGGTTTTGTGATCGAGCAGGTGGTTGAT
ACGCACAAATATTCGTCGGATGAAGAAGAGGAGGAGGCGACGATGGGTCGCATTTTCGGAGTCTCCGGTCCGGTGGTCAATGCCGAGGAGATGGC
CGGCGCAGCCATGTACGAGCTGGTTCGCGTTGGACACTCCCAGCTTGTTGGTGAGATCATTCGACTGGAGGGTGATATGGCCACCATTCAGGTTT
ACGAGGATACTTCGGGTGTGAGCGTGGGTGATCCCGTCTACCAGACGGGAAAGCCGCTCTCCGTGGAATTGGGACCCGGCATCATGGGCAGCATT
TTCGATGGTATCCAGCGACCATTGAGGTCCATCAGTGAACTAACCAACTC
(SEQ ID NO: 1186)

Exon: 1001..1037
Exon: 2230..2328
Exon: 2742..3439
Exon: 3548..4525
Exon: 4593..5225
Start ATG: 2253

Transcript No. : CT37353
TTCTGTTGGAGAAAAGCAGCAATCACACGTTCGCAAGTCGAAAAAACAGAATAAAGCAAAATGTCCAACCTTAAGCGTTTCGATGATGAGGAGCG
TGAGTCCAAATATGGACGTGTCTTCGCTGTCTCCGGTCCTGTCGTCACCGCCGAGGCCATGTCTGGATCAGCTATGTACGAGTTGGTCCGCGTCG
GCTACTACGAGCTGGTGGGCGAGATCATCCGTCTGGAGGGTGACATGGCCACCATCCAGGTGTACGAGGAGACCTCTGGCGTAACTGTCGGAGAT
CCGGTGCTGCGTACCGGCAAGCCTCTTTCCGTGGAGCTGGGACCCGGTATCATGGGCAGCATCTTTGACGGTATCCAGCGTCCCCTGAAGGACAT
TAACGAGCTGACCGAATCCATCTACATCCCCAAGGGTGTGAACGTGCCCAGTTTGTCCCGCGTGGCCAGCTGGGAGTTCAACCCCCTGAACGTCA
AGGTCGGCTCCCACATCACCGGAGGTGACCTGTACGGTCTGGTGCATGAGAACACTCTGGTCAAGCACAAGATGATTGTGAACCCCCGCGCCAAG
GGAACAGTGCGCTACATCGCCCCCTCCGGCAACTACAAGGTCGACGATGTCGTCCTGGAGACCGAGTTCGATGGAGAGATCACCAAGCACACCAT
GTTGCAGGTGTGGCCAGTGCGTCAGCCACGTCCCGTGACCGAGAAGCTGCCCGCCAACCACCCCCTGCTCACCGGACAGCGTGTGCTCGACTCGC
TCTTCCCCTGTGTCCAGGGCGGTACCACCGCCATTCCCGGAGCTTTCGGTTGCGGCAAGACTGTGATCTCGCAGGCTCTGTCCAAGTACTCCAAC
TCCGATGTCATCATCTACGTCGGTTGCGGTGAGCGTGGTAACGAGATGTCTGAGGTACTGCGTGACTTCCCCGAGCTGTCCGTGGAGATCGACGG
TGTCACCGAGTCCATCATGAAGCGTACCGCCCTTGTGGCCAACACCTCCAACATGCCTGTGGCTGCTCGTGAGGCCTCCATCTACACTGGTATCA
CCTTGTCCGAATACTTCCGTGATATGGGTTACAACGTGTCCATGATGGCTGATTCCACCTCCCGTTGGGCTGAGGCTCTTCGTGAAATTTCTGGT
CGTCTCGCTGAGATGCCTGCCGATTCCGGCTACCCAGCCTACTTGGGAGCCCGTCTGGCCTCCTTCTACGAGCGTGCCGGTCGCGTTAAGTGCTT
GGGTAACCCCGAGCGCGAGGGATCCGTGTCCATTGTCGGAGCTGTGTCTCCTCCTGGTGGTGACTTCTCCGATCCCGTGACCTCCGCCACTCTGG
GTATCGTGCAGGTGTTCTGGGGTCTCGACAAGAAGTTGGCCCAGCGCAAGCACTTCCCCTCGATCAACTGGCTCATCTCCTACTCGAAGTACATG
CGTGCTCTGGATGACTTCTATGACAAGAACTTCCCCGAATTCGTGCCGCTGCGTACCAAGGTCAAGGAGATCCTGCAGGAGGAGGAGGATCTGTC
TGAGATCGTGCAACTGGTCGGCAAGGCCTCTCTGGCCGAAACCGACAAGATCACGCTGGAGGTGGCCAAGCTGCTGAAGGACGATTTCCTGCAGC
AGAACTCCTACTCCTCGTACGATCGCTTCTGCCCCTTCTACAAGACCGTGGGCATGTTGAGGAACATCATCGACTTCTACGACATGGCCCGTCAC
TCCGTGGAGTCTACGGCTCAGTCTGAGAACAAGATCACCTGGAACGTGATTCGTGAGGCAATGGGCAACATTATGTACCAGCTGTCATCCATGAA
GTTCAAGGACCCCGTTAAGGATGGTGAGGCCAAGATCAAGGCTGACTTCGAGCAGCTGCACGAGGACCTGCAGCAGGCCTTCAGAAATCTGGAGG
ACTAGAGACCGCGCTGGCCCTACTTTTACACTCTAATCTTATATTTGTTATATAGTTAACGTTTAAAAATGAAAGCAGTCAAAAACCATCCGAAA
AAGCCTAATCAAACACCAACAATTCCGTGCTGCATTCGATGAAAAACAAAAGTCCAACAAATACCACAACTTCTTGGTGCCTGCGAGAGATGTAA
ACATTCCGGCCTGCGGTTAATACTTTCCCCTAACCACGCCCCCTCCGCCCCTTGAAGGGCAACTCTAGGCAACAGCAACTACAACGTCCTGCTAT
GTACTTCCATTTACAACAACAACACCAACATACACTTGAATAAAAGTACACGGACACTGGCGCACACACAACACATACATAAAAGACACAAATAC
AAATGCATGCATAAATAGTATTATTGTTTAATGAATGGAAATTCTTGTTTATTTGTGAAAAAAGTCATGTTTTCTCCCTGTTTGTTTGTTAAATT
TATGTAAATATTTAAAGTATGAAATATTAAATGTACGAATAAAGTGCAACAACAAATACATTTAATGTAA
(SEQ ID NO: 1187)

Start ATG: 61

MSNLKRFDDEERESKYGRVFAVSGPVVTAEAMSGSAMYELVRVGYYELVGEIIRLEGDMATIQVYEETSGVTVGDPVLRTGKPLSVELGPGIMGS
IFDGIQRPLKDINELTESIYIPKGVNVPSLSRVASWEFNPLNVKVGSHITGGDLYGLVHENTLVKHKMIVNPRAKGTVRYIAPSGNYKVDDVVLE
TEFDGEITKHTMLQVWPVRQPRPVTEKLPANHPLLTGQRVLDSLFPCVQGGTTAIPGAFGCGKTVISQALSKYSNSDVIIYVGCGERGNEMSEVL
RDFPELSVEIDGVTESIMKRTALVANTSNMPVAAREASIYTGITLSEYFRDMGYNVSMMADSTSRWAEALREISGRLAEMPADSGYPAYLGARLA
SFYERAGRVKCLGNPEREGSVSIVGAVSPPGGDFSDPVTSATLGIVQVFWGLDKKLAQRKHFPSINWLISYSKYMRALDDFYDKNFPEFVPLRTK
VKEILQEEEDLSEIVQLVGKASLAETDKITLEVAKLLKDDFLQQNSYSSYDRFCPFYKTVGMLRNIIDFYDMARHSVESTAQSENKITWNVIREA
MGNIMYQLSSMKFKDPVKDGEAKIKADFEQLHEDLQQAFRNLED*
(SEQ ID NO: 1188)

Name: vacuolar ATPase subunit A
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013385215
AAAAAACAAAGGGGCAGGGCAGCAAAAACTTAAATCATTGGCAAATACCTTTTTACGATGCGGATTTTAATCAAAGTTTTTGCCACCGCTGTCAG
TTTCTTTTTTTTACTTAAAATGGTAATAAAAAAAAAAGGGGAAACGACGATAAATAAACATTTTAAAATAATTGCTAACGGCGTGTTGTTGCGCT
TTAGTGAACTTATTAGTCTACCCTCGCACCGGCCAATTTCCACAATTGATTAGTTTAAAATTGCATTTTTTGGACATTTAAATGGGAATCTAATT
GATTGCCATTTTTATTGAGAGCACTTAACACTATACAATGGCAGGTTTTGTATTTAAGCTATATATTCCTCGTTTATACAGTGTCAAATTAATTA
TTGATTTTATAAGCAGCTAAGAAAATGATTGTTTAATTTGGACCGATTGATCATCGAGGACTTAAAATGGACTTAAAATAATTGGATATTAGCAA

CTTTGAAAAGATCCCGTTTACTCCCAAAACTTCAGAATCAACCCACGAACTTCTTTAAGCCAGTGTGACCCCACCCGCTCTTTAGCTCTCTTTCG
CTCCATCTCGCTTCCGCACATCGATTGGCGAAAGCTTCGCTCGCACTCGATATCAGCTCACAACTTCGCTTGCAAGCTCGCCGCGGAAAGCTCGC
GATCACACGGGTCGAAATCGAAATCGAATCGCGGTAGAGAGCTTTTCGAAGTGCGAGCGTCGACGTTTTATTTCTGCGGCTCAGTCGGTTTTAGT
TCGTTCTGTTGGAGAAAAGCAGCAATCACACGTTCGCAAGGTGAACGCGAAGACACAGCAAAGTAAGCCCTTCCCCCCCACCAACACACACACCC
ACCCAAAGCAAATAAGTAACAATAAATAATGGAATGGCTGGAAGACGGTTCTGGGCGATTTAAACAATTAGCGAAAGAAAGCGGCATTGAAATCC
GTCTTGAATTCGCCCCGAAAAAGTGACGAAGCAGCGATCAAAGCGCAGAGCGAAAACACGCACACAGACTGCAAGTGTGTTAGATAATAAGTGCA
GCACAAGTCCACACTTGAGTAAAATAATCCCTAAAAAAGCCGAATATCAATTAGTTTTCCAAGGAGCTTGAAAAAGTGCGGTATGAAAACGTGAA
AATTTGCGCGTGGAAAATTATTTTGCCTTGTCAGCTGACCCCCTTCCCCGTGTTCGCTCCATCCCTGTCGCACCGCGGGTCTTGTGATCGCCGCC
GCTCTTGCGCTCGCTTGCTCTCCCATTTCGAAACTCGAAACAGAAGTGGGAGTTATTCGTATTCCGATAATGAAAAACCAATATGGAGAACGAGC
GACGTAAAAAAGGCGGCCCAAAGATTTTTACCATTTCCCTTACCCACTTTTTTTTCATTTGTCAGCTGACGGCAATGACAGTAGTCTTGTGATCA
ACGTCAAAAGCAATTGTCAAATATTCGAACTCGAATGGAGAGCGAGAGAGCCAGAGCGGAGAGTTGCTCTCCCACTCCACCCTCTCTTGTTTTTC
TTTGCTGATAATTATGAAAACCCGCATATTTTGAAAAACATGCATTTCAGTTACATTCCTCCGTTGAATTTGTCAACCTGTGGTTGTTTTTTCAC
AGCTCTTATTTTATTTATTTAGCGATTAGTTTGACAAATTGCTCTCTTCGAACTTTCAAAGCTCTGTCACGTGAAACGAAAGCTCTGCTTTTAAA
GTTTTACGCAGCATAATCAAAGAGGGGGAGTTAAAAAAAAAATAATTAAATCAATCGAAATTATTAGCTGCTAACCTACAACTTTATAACCTATA
ATCGAAAAATTTGGGAGCTGTGGGCTCTACAAAAACTTAACCTGTAAATGTAGCAGATACACCTGCCCCTTGTCAGCTGACAGAGGGCTGAGCAA
GAAATTAGTGATAAGAAAATGTTCACCTTTATCTTCGCCCTTTTGCAGCCAGCATTTAACAATTTTCCTCTTCTATTTTCCCTCCATTGCAGTCG
AAAAAACAGAATAAAGCAAAATGTCCAACCTTAAGCGTTTCGATGATGAGGAGCGTGAGTCCAAATATGGACGTGTCTTCGCTGTCTCCGGTCCT
GGTAAGCACCTAACTATACTGACTAACCATAACTCATGCTATCTAAAAGTTAATAAAAATAAGTTAATAATACCTGTGAACTGGAAACCTTACTT
TGATGATTAGTCTAGAACTTACACTTCTGTGTGAAATAATGGCAACTTTAGAAATGTGTCCACCTATTTGTGATTAATATTCAAACAACTCAAAC
ATTTTGGTTTCATTATTCAAAATTAAATGTGAATAATTTTAATAATTAATTAATTGTTTCTTTAAACTTTTTTCTATAATTCTAACAAAAACATC
ATCAAGTATCATTAATAATAAAAAATTTTAAAAGAAAATGTTCAATGGAACCTATCTTCGTTTGCTGAGTTATAAAAACTTCTTGAATGAAATGT
AGCCCCCCTAACCCGACCAACCGCTTCATTCCAGTCGTCACCGCCGAGGCCATGTCTGGATCAGCTATGTACGAGTTGGTCCGCGTCGGCTACTA
CGAGCTGGTGGGCGAGATCATCCGTCTGGAGGGTGACATGGCCACCATCCAGGTGTACGAGGAGACCTCTGGCGTAACTGTCGGAGATCCGGTGC
TGCGTACCGGCAAGCCTCTTTCCGTGGAGCTGGGACCCGGTATCATGGGCAGCATCTTTGACGGTATCCAGCGTCCCCTGAAGGACATTAACGAG
CTGACCGAATCCATCTACATCCCCAAGGGTGTGAACGTGCCCAGTTTGTCCCGCGTGGCCAGCTGGGAGTTCAACCCCCTGAACGTCAAGGTCGG
CTCCCACATCACCGGAGGTGACCTGTACGGTCTGGTGCATGAGAACACTCTGGTCAAGCACAAGATGATTGTGAACCCCCGCGCCAAGGGAACAG
TGCGCTACATCGCCCCCTCCGGCAACTACAAGGTCGACGATGTCGTCCTGGAGACCGAGTTCGATGGAGAGATCACCAAGCACACCATGTTGCAG
GTGTGGCCAGTGCGTCAGCCACGTCCCGTGACCGAGAAGCTGCCCGCCAACCACCCCCTGCTCACCGGACAGCGTGTGCTCGACTCGCTCTTCCC
CTGTGTCCAGGGCGGTACCACCGCCATTCCCGGAGCTTTCGGTTGCGGCAAGACTGTGATCTCGCAGGTGAGAGTCCCACAAATTGAGAATTTAA
GGAGCGATGCCTCGTGTAGCCTCCATACACTCAAGTTTCATAAAAATACAATCCCTAATAAATCATTTACTTGCTTGCAGGCTCTGTCCAAGTAC
TCCAACTCCGATGTCATCATCTACGTCGGTTGCGGTGAGCGTGGTAACGAGATGTCTGAGGTACTGCGTGACTTCCCCGAGCTGTCCGTGGAGAT
CGACGGTGTCACCGAGTCCATCATGAAGCGTACCGCCCTTGTGGCCAACACCTCCAACATGCCTGTGGCTGCTCGTGAGGCCTCCATCTACACTG
GTATCACCTTGTCCGAATACTTCCGTGATATGGGTTACAACGTGTCCATGATGGCTGATTCCACCTCCCGTTGGGCTGAGGCTCTTCGTGAAATT
TCTGGTCGTCTCGCTGAGATGCCTGCCGATTCCGGCTACCCAGCCTACTTGGGAGCCCGTCTGGCCTCCTTCTACGAGCGTGCCGGTCGCGTTAA
GTGCTTGGGTAACCCCGAGCGCGAGGGATCCGTGTCCATTGTCGGAGCTGTGTCTCCTCCTGGTGGTGACTTCTCCGATCCCGTGACCTCCGCCA
CTCTGGGTATCGTGCAGGTGTTCTGGGGTCTCGACAAGAAGTTGGCCCAGCGCAAGCACTTCCCCTCGATCAACTGGCTCATCTCCTACTCGAAG
TACATGCGTGCTCTGGATGACTTCTATGACAAGAACTTCCCCGAATTCGTGCCGCTGCGTACCAAGGTCAAGGAGATCCTGCAGGAGGAGGAGGA
TCTGTCTGAGATCGTGCAACTGGTCGGCAAGGCCTCTCTGGCCGAAACCGACAAGATCACGCTGGAGGTGGCCAAGCTGCTGAAGGACGATTTCC
TGCAGCAGAACTCCTACTCCTCGTACGATCGCTTCTGCCCCTTCTACAAGACCGTGGGCATGTTGAGGAACATCATCGACTTCTACGACATGGCC
CGTCACTCCGTGGAGTCTACGGCTCAGTCTGAGAACAAGATCACCTGGAACGTGATTCGTGAGGCAATGGGCAACATTATGTACCAGCTGTCATC
CATGAAGTTCAAGGTGGGTTAACACGCAAATTTATCCATTGCCTAGACACTGGGTGACCACATTTTTCAATCCATTTCAGGACCCCGTTAAGGAT
GGTGAGGCCAAGATCAAGGCTGACTTCGAGCAGCTGCACGAGGACCTGCAGCAGGCCTTCAGAAATCTGGAGGACTAGAGACCGCGCTGGCCCTA
CTTTTACACTCTAATCTTATATTTGTTATATAGTTAACGTTTAAAAATGAAAGCAGTCAAAAACCATCCGAAAAAGCCTAATCAAACACCAACAA
TTCCGTGCTGCATTCGATGAAAAACAAAAGTCCAACAAATACCACAACTTCTTGGTGCCTGCGAGAGATGTAAACATTCCGGCCTGCGGTTAATA
CTTTCCCCTAACCACGCCCCCTCCGCCCCTTGAAGGGCAACTCTAGGCAACAGCAACTACAACGTCCTGCTATGTACTTCCATTTACAACAACAA
CACCAACATACACTTGAATAAAAGTACACGGACACTGGCGCACACACAACACATACATAAAAGACACAAATACAAATGCATGCATAAATAGTATT
ATTGTTTAATGAATGGAAATTCTTGTTTATTTGTGAAAAAAGTCATGTTTTCTCCCTGTTTGTTTGTTAAATTTATGTAAATATTTAAAGTATGA
AATATTAAATGTACGAATAAAGTGCAACAACAAATACATTTAATGTAATTGAAAGTGAATTTCACTGGCAGCAGAATGGATATTAAAAATGTGTC
AACTCGATAAAAAGATAATAAGTTAAAATATTTTTTTGAATTTTAAACCTTCATTATATAAACATACTTGACTATATGAAAGCTAAGAAAATGGG
AATATATTGAAAAGCATAATCTAAAATCCTATATCATTCTCAGTCATCACCTTAGTCTTTCCATAAACTTCTGCCCCATTTATTTTATTTATTTG
ACAATATTAGTAAAAATTGTACCAAGTGAAAAAATTGTATATATTTAAACCAAATGGAAAAGAAGTCCTGGGTTGCACCGCTTACCTCGTTCACC
AACAGTAACGCAAGTAACGAAGACAGAGCCCGCAACTCGGGATCGTTAAACCAAGATGGGGAGCCAAGGTCCGTGCCTCACCCAACGGTTCCGGC
TAAGAAGTGCACATGTCCAACCTGCGCTTGCCAACGTAATGACCATAAATCCAATCCGGTACCCCCTCCCCCTCAATCACGCAAGCCTGTAGCCG
AGCCGGAAAGTCCCCATGATACAGTCAATGACGAGGACAGTTTGAAGGACTTGAGACGTTCGACGGACCAATCCCACAAGAGCGCTCACATCGCC
TTGGAGAAGAATGAGGACTCGGGTTTTGTGATCGAGCAGGTGGTTGATACGCACAAATATTCGTCGGATGAAGAAGAGGAGGAGGCGACGATGGG
TCGCATTTTCGGAGTCTCCGGTCCGGTGGTCAATGCCGAGGAGATGGCCGGCGCAGCCATGTACGAGCTGGTTCGCGTTGGACACTCCCAGCTTG
TTGGTGAGATCATTCGACTGGAGGGTGATATGGCCACCATTCAGGTTTACGAGGATACTTCGGGTGTGAGCGTGGGTGATCCCGTCTACCAGACG
GGAAAGCCGCTCTCCGTGGAATTGGGACCCGGCATCATGGGCAGCATTTTCGATGGTATCCAGCGACCATTGAGGTCCATCAGTGAACTAACCAA
CTC
(SEQ ID NO: 1189)

Exon: 1001..1125
Exon: 1993..2091
Exon: 2505..3202
Exon: 3311..4288
Exon: 4356..4988
Start ATG: 2016

Transcript No. : CT37359
CGAAAACACGCACACAGACTGCAAGTGTGTTAGATAATAAGTGCAGCACAAGTCCACACTTGAGTAAAATAATCCCTAAAAAAGCCGAATATCAA
TTAGTTTTCCAAGGAGCTTGAAAAAGTGCGTCGAAAAAACAGAATAAAGCAAAATGTCCAACCTTAAGCGTTTCGATGATGAGGAGCGTGAGTCC

AAATATGGACGTGTCTTCGCTGTCTCCGGTCCTGTCGTCACCGCCGAGGCCATGTCTGGATCAGCTATGTACGAGTTGGTCCGCGTCGGCTACTA
CGAGCTGGTGGGCGAGATCATCCGTCTGGAGGGTGACATGGCCACCATCCAGGTGTACGAGGAGACCTCTGGCGTAACTGTCGGAGATCCGGTGC
TGCGTACCGGCAAGCCTCTTTCCGTGGAGCTGGGACCCGGTATCATGGGCAGCATCTTTGACGGTATCCAGCGTCCCCTGAAGGACATTAACGAG
CTGACCGAATCCATCTACATCCCCAAGGGTGTGAACGTGCCCAGTTTGTCCCGCGTGGCCAGCTGGGAGTTCAACCCCCTGAACGTCAAGGTCGG
CTCCCACATCACCGGAGGTGACCTGTACGGTCTGGTGCATGAGAACACTCTGGTCAAGCACAAGATGATTGTGAACCCCCGCGCCAAGGGAACAG
TGCGCTACATCGCCCCCTCCGGCAACTACAAGGTCGACGATGTCGTCCTGGAGACCGAGTTCGATGGAGAGATCACCAAGCACACCATGTTGCAG
GTGTGGCCAGTGCGTCAGCCACGTCCCGTGACCGAGAAGCTGCCCGCCAACCACCCCCTGCTCACCGGACAGCGTGTGCTCGACTCGCTCTTCCC
CTGTGTCCAGGGCGGTACCACCGCCATTCCCGGAGCTTTCGGTTGCGGCAAGACTGTGATCTCGCAGGCTCTGTCCAAGTACTCCAACTCCGATG
TCATCATCTACGTCGGTTGCGGTGAGCGTGGTAACGAGATGTCTGAGGTACTGCGTGACTTCCCCGAGCTGTCCGTGGAGATCGACGGTGTCACC
GAGTCCATCATGAAGCGTACCGCCCTTGTGGCCAACACCTCCAACATGCCTGTGGCTGCTCGTGAGGCCTCCATCTACACTGGTATCACCTTGTC
CGAATACTTCCGTGATATGGGTTACAACGTGTCCATGATGGCTGATTCCACCTCCCGTTGGGCTGAGGCTCTTCGTGAAATTTCTGGTCGTCTCG
CTGAGATGCCTGCCGATTCCGGCTACCCAGCCTACTTGGGAGCCCGTCTGGCCTCCTTCTACGAGCGTGCCGGTCGCGTTAAGTGCTTGGGTAAC
CCCGAGCGCGAGGGATCCGTGTCCATTGTCGGAGCTGTGTCTCCTCCTGGTGGTGACTTCTCCGATCCCGTGACCTCCGCCACTCTGGGTATCGT
GCAGGTGTTCTGGGGTCTCGACAAGAAGTTGGCCCAGCGCAAGCACTTCCCCTCGATCAACTGGCTCATCTCCTACTCGAAGTACATGCGTGCTC
TGGATGACTTCTATGACAAGAACTTCCCCGAATTCGTGCCGCTGCGTACCAAGGTCAAGGAGATCCTGCAGGAGGAGGAGGATCTGTCTGAGATC
GTGCAACTGGTCGGCAAGGCCTCTCTGGCCGAAACCGACAAGATCACGCTGGAGGTGGCCAAGCTGCTGAAGGACGATTTCCTGCAGCAGAACTC
CTACTCCTCGTACGATCGCTTCTGCCCCTTCTACAAGACCGTGGGCATGTTGAGGAACATCATCGACTTCTACGACATGGCCCGTCACTCCGTGG
AGTCTACGGCTCAGTCTGAGAACAAGATCACCTGGAACGTGATTCGTGAGGCAATGGGCAACATTATGTACCAGCTGTCATCCATGAAGTTCAAG
GACCCCGTTAAGGATGGTGAGGCCAAGATCAAGGCTGACTTCGAGCAGCTGCACGAGGACCTGCAGCAGGCCTTCAGAAATCTGGAGGACTAGAG
ACCGCGCTGGCCCTACTTTTACACTCTAATCTTATATTTGTTATATAGTTAACGTTTAAAAATGAAAGCAGTCAAAAACCATCCGAAAAAGCCTA
ATCAAACACCAACAATTCCGTGCTGCATTCGATGAAAAACAAAAGTCCAACAAATACCACAACTTCTTGGTGCCTGCGAGAGATGTAAACATTCC
GGCCTGCGGTTAATACTTTCCCCTAACCACGCCCCCTCCGCCCCTTGAAGGGCAACTCTAGGCAACAGCAACTACAACGTCCTGCTATGTACTTC
CATTTACAACAACAACACCAACATACACTTGAATAAAAGTACACGGACACTGGCGCACACACAACACATACATAAAAGACACAAATACAAATGCA
TGCATAAATAGTATTATTGTTTAATGAATGGAAATTCTTGTTTATTTGTGAAAAAAGTCATGTTTTCTCCCTGTTTGTTTGTTAAATTTATGTAA
ATATTTAAAGTATGAAATATTAAATGTACGAATAAAGTGCAACAACAAATACATTTAATGTAA
(SEQ ID NO: 1190)

Start ATG: 149

MSNLKRFDDEERESKYGRVFAVSGPVVTAEAMSGSAMYELVRVGYYELVGEIIRLEGDMATIQVYEETSGVTVGDPVLRTGKPLSVELGPGIMGS
IFDGIQRPLKDINELTESIYIPKGVNVPSLSRVASWEFNPLNVKVGSHITGGDLYGLVHENTLVKHKMIVNPRAKGTVRYIAPSGNYKVDDVVLE
TEFDGEITKHTMLQVWPVRQPRPVTEKLPANHPLLTGQRVLDSLFPCVQGGTTAIPGAFGCGKTVISQALSKYSNSDVIIYVGCGERGNEMSEVL
RDFPELSVEIDGVTESIMKRTALVANTSNMPVAAREASIYTGITLSEYFRDMGYNVSMMADSTSRWAEALREISGRLAEMPADSGYPAYLGARLA
SFYERAGRVKCLGNPEREGSVSIVGAVSPPGGDFSDPVTSATLGIVQVFWGLDKKLAQRKHFPSINWLISYSKYMRALDDFYDKNFPEFVPLRTK
VKEILQEEEDLSEIVQLVGKASLAETDKITLEVAKLLKDDFLQQNSYSSYDRFCPFYKTVGMLRNIIDFYDMARHSVESTAQSENKITWNVIREA
MGNIMYQLSSMKFKDPVKDGEAKIKADFEQLHEDLQQAFRNLED*
(SEQ ID NO: 1191)

Name: vacuolar ATPase subunit A
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384768
GAAATGAGTTTTGTTTTGTTTTGTTTCTTCCGAGTGTTTGTGTGTTTTATGTGTGTGGGGAGGGGGTGTATTCTGTGTGCGGCGTGTTTTGAGTGA
GAGAGATAGAGAGAGAGCGCGAGTTGCTGCGGGTCGACGGTCGAAGGGGGTGGTGGTGGAGTTGGTGGTGGGGGGCTTGGTTTATACGACAAGTT
TTGATTTATTATTAAATTTAAATACCTATGTATATAAATTACGTTTCTGTTTATTATAATTATTGTTGTTTCCATCTTAATCATTTTGTTTTCTT
TCGCTTTTTATTTTTCATATTTTTTTTTTTGTTTTTTGTATGTAGTGGGCAACTGCGGCATTTGTAAATTTCTTTATATTTAAATGTTCCTTTTGA
CTGTGTAAAAATATCGATTTCCATCTGATCTTGTTTTGTAGTTACTATTCATGTATGCATTTGCTTTTCGTTTTAGTTAAATTACGTTAACGCTG
CATTCTGAACTCTCTGTTGCTGCTGATTCTGCTGCTTGTTCTTCGGATTCTTGATCGGATTCTTCTGATTCTTCATCTTGGCGCGCTTTCTATGC
TATTGAAATGTTGTTTGTGGTGCTGCTTACTGCCTTCTGGATCGGGATCCTATATTCCGCTCTGATCTGATCGGTTATGTTCATGTTATGTCGGG
TTGTGTGTGTCTGTGTTGTGTGTATGAGAGTGGAGTGTGTTGGGTGTTCGCATCTCGTTATATGTTGTATATATATATATATGTGTATATA
TATATATATATAATATATTATATGTATGTATAGTTAGTTGCTTAATAGTAGAATTTCTTGAATGTTGTTGTGGTAAAGTGTAGGTAATGTTGCTC
TATGTCTCTATGTCGACTCAACTGCACTACATACATATGTCTTTCCACCGGATACGCGGCGAACCGAAACGTGCCGAGCCGAACCGATCCCCGTT
TCTGACCCGCATCCGCATCCGTATCCGTATTTCGTTTCCTCACCTCCGCCTCATTCGCTGCGCAGTTTCTTTAGATCCGGTGACTTCTCCCCCAC
GCCCACACCCACTCCGCCGGCGTTCTTCAGCTCCATATCGCAGTGCAGGGCAGTACGCTTCTGTCCAATGGCTGGTGCCGAGTCTGCACCCGCTG
CTACCGGTGAAACCGCATCCACCGCCTTGTTCGCCGCCAGCTGCTGCAGTTTACTGTCCCTCACAATGCCGTTGCTGCTATTGCTCTCGTCAGCC
TCTAGCTCCGCCTCATTATCCTCCTCCTCGTCCAGCTCATCTTCCTCCTCGTCCTCCGCCTCATCCTCATCCTCGTCGCCCAGGACGCCGTTCCC
GTTACCATTTCCATTGGCTGGTGCTGCAGTCGCTTTGCTGGCTGGCTGTGGTGCTGCTGTAACCGCTTCCTCTTCTGCCAAAGGAGCAGGCTGAC
CGTTGTTGGTGATCGAATTGTTAGTTTTGTGGGGCTGGCTCGGCGACTGCTTTTGATTCTGATTCTGGCTCGAGTGCTGTGTGGGAGTCAGGATG
GGCAGGCTGTTGGTCTTGGGCGGCGCCTCCTGATTGCTTTCAGAGTCCGAGGCGAGCGGTGTTCCACTCGAACCGATGCCAATGCCAATGTCTAG
GGCGATGGGCTCACCGTCCTCTGTGGAAGTGGTGGCCGTTGTCTGTGTGGTGCCATCGTTGTCATCGATGATCGGCTCCTGGGAGGTGGAATCGT
TCGAAACAAAGTTGGAGTCACCGTCCTGCAGGGCGGCGCCAACGGCAGCTGCGTTGTTCTTGGCCTCGCCCGACTGTAGAGGCGTCAGAGCAGCC
GGGTTGGTGTTCTCATTCTCTGTCTCCGATTCTGTAGCAGTGTTGCGACCGCCTGGGGGATAGAAAGCATTGGATTAGCCATCAATGGTCAATTT
GTTAACTCGGCGAACTGCGGTCAGAGTAATCAAACAAAGAAACTCTGTGTTTGAAATTATTAGACATCCTAACACTTTTGAAAAGCTGCCAACAA
GTATAAGCTACTGATAATATGTTAAAAGTTAACTATTTTACAGTAGTAACTTTACAATTCCTCCTTTTTATTTAACATGACGCCACGAGTAACGA
ATAAATTGTAAATTGTAAATTGACCACTAGGCTACTACAAACATAATGTTTAATGGAAAATTCCGGATAGGAAAAATACTTGGTTTCTGGAAAAG
ACCACTCGGTTTGAGTGTTTTGTTGCAAGGGTGTATACTCAAGCCGCAGTTATCGGATCATCTTAGCTGCTTACCTGCTCCTTGGCTTTCGTCGT
CCAAATCAACACCCACACCATCGTTGGTATCGTCGCCATCGAGCACCTTGCTGCTGTTGCCGTTTGTGCTGAGTGAACCGGTGCCAGTGGAGGCG
CCGGATCCAGGCGGCGGCATATCGTCGAGCATCTCGGGACTGAGATCATTGGCCACATAGTGTGACCAGAGGGCCAGCTCCACGCGATGAGGCGA
CCAGTGCGGCGTATCCCCGCCCACCTCCGCATTGAGGCGCTCCACGGTGGCCTGAATGTGATTGACGAAGTTGAGGTACTCCTTGGTGGTGTAAT
CGATGCCCTCGATCTCTGGTATGGCCATCAGGCACTCGTCGGCCATGAATGGTGCCGAATCGGGAGCTGCGGCTGCCAGCAGTGCACTGGCCATT

GTGGTGCCAACGCCCTTGAGGTTCGATAAAGCTGTGATCGCCTGCTCCAGATTGGGCAGCTTGCGGAAGGCCTTCTTTGTCTCCTGGATGACGGC
GCGCGGTGTGTTGACCTTGACCAGGTAGGATAGCTGCGGATAGAATTTGCCGCGCGACTGCTTCCACTTCATCGACTGGACGAGCTCATCGTATA
CCATATGCGCGTCCTTGCCGCGTGCCTTAATCAATTTGGGCAGTTCATTCTGATACCACTGATCCAGGCGGATCAGCTCTTGCGGCTTCTTGCAG
CGCTTCTCGGCCTTTAGCTTAAGAACCTGGGGATAGAGCTGGTAGCAGTACTCGAACTGTTTGGTGCTCCCGGTCTCGAAGAACGAGACCGTCGC
CTTGCCGTTGGACATCTTCTGCGGATGCGGATGTGTCGTTGTCGCCTGCTAATGATTGGTGGTATCGCTGTATCTCCTTATCGTGGTATCTATCG
CCTTGGGGCCCAGGACGTTGGCTGATCCGCAAGTGACCGGCTGGCTATATATGCGGCAATATATGTACTTTGGTGTAAGCTACTATACGCCAAAT
CAATTTATTGCTTACTGTTTAGTCTCCTGCTTTTCCTGTCCGTTCCGAGCTGCTCCTGTCAACGTACTGCTATTCGTGCGTTGAGAGTTCCCGGC
GAGAAAGAAGCGAGTACGTGAGAGACAGAGAGAATGCGAGTGCGAGAGAGGGAGCACGAAGAAGCAGCAACGCAAAGGAGAGTGGATGAAAAGAG
AAGAAAAGAGGCACACAATTAGGTTTACAGTTACGATTACATATGCAAGGGGGATCGGTGCGGTGGCATAGGGAGGTAGTTCGATTGATTACTGT
TAATGCTGCTGCTGCTGCGGCCGTGTCTCTGTTGTTTGTTGTATTTACTCAATCCGATAATCGCTCACTATTTGCCAAAAATCTGCTCGCTTCCG
CCGCCGTTTGCACAGCACACAAATCGAATTTTTACAGTGCTGTCGTCGGGTTCTTTTTAGTCCGCCATGCACTCACACAGTCAAACTGACAGGCA
CACGGATGGACACACACACACTTACTCAGCACACTCGCTCTCGCACACCCAAAGAGAGCCAGGCGCTCATACACAGGCAAAAACACGCACACAAC
ACACACACTGACTTAAACACGCACACACTTATATACTGAGGCAACAACAGCAGCAGCAGAAAATTTCTTTTTCATCTAGGTTTTCAAAAAAAATA
CGAACGCGAGCATTAAATAAACGAATGCTACTATTTTTCGCTGTTGTTGTTGTTTGTGCTTTTTTTCGTACCTCTTGTCTTTTTGGCAAACGGTGA
GAACAGCTTTTCACTAGCGCACTGCACGCACACAGATGAGTGGGTGAACAACAAATACCTTTTAGTTAGTCGCCGCCAGTCTTCCTTTCCGTCCA
CATCCAAACAACTACTCCAATGCTTTGCTGTTTTTCTGTGTTGCCTCTGCTTTGCTTTGCTTCGCTTCGCCTCTGTGCTTGTGCTGTGCTGCGTG
CTTCGTGCTGTGCCCGTGCTGTGCTGCTTCTTCTTCTTCCTCTGCTGTTTCAGTTTCTGCTTTCTGCCTGCAGGGGCGCCGTTGACAACTGACAA
ATAAAAAGGGGTTACTCTGTTCTCGAAATGAGCACGCCACCGAAGGCACAACAAAAAATTAAAAAGGATCGGAGCGGAGCGATGCAGCTGTGCGA
TGTGCTGCTAACTCGTGTGACGGGAATTGGGAATTGGGATTGCGAATGGGAATGGGAGGGAATACGAGAAGCGAATATGGGAATGACGAACGACG
ACGAACCGGGAACAGGAGTTGTCGTTCTATCTCGCCCGCACTCGGTGCCCGAATGTATCTGTATCTCTCTGGCACCCTCGGCGTTCCATTTCATT
TTGCCGGCGACGTCCGTGCTCTCTGCCGCCGCTCTGCCATCGCCTCTGCCGCTGCGTTTATGCGCAGTGCGTCATTACACGAATACCTGTTTAAA
GCGGAGGCATAAACGCGGCTTTGTCGATC
(SEQ ID NO: 1192)

Exon: 3684..3513
Exon: 3299..3246
Exon: 3179..2260
Exon: 1857..1001
Start ATG: 3055 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT37627
GAGTGCATGGCGGACTAAAAAGAACCCGACGACAGCACTGTAAAAATTCGATTTGTGTGCTGTGCAAACGGCGGCGGAAGCGAGCAGATTTTTGG
CAAATAGTGAGCGATTATCGGATTGAGTAAATACAACAAACAACAGAGACACGGCCGCAGCAGCAGCAGCATTAACACAGTACGTTGACAGGAGC
AGCTCGGAACGGACAGGAAAAGCAGGAGACTAAACACCAGCCGGTCACTTGCGGATCAGCCAACGTCCTGGGCCCCAAGGCGATAGATACCACGA
TAAGGAGATACAGCGATACCACCAATCATTAGCAGGCGACAACGACACATCCGCATCCGCAGAAGATGTCCAACGGCAAGGCGACGGTCTCGTTC
TTCGAGACCGGGAGCACCAAACAGTTCGAGTACTGCTACCAGCTCTATCCCCAGGTTCTTAAGCTAAAGGCCGAGAAGCGCTGCAAGAAGCCGCA
AGAGCTGATCCGCCTGGATCAGTGGTATCAGAATGAACTGCCCAAATTGATTAAGGCACGCGGCAAGGACGCGCATATGGTATACGATGAGCTCG
TCCAGTCGATGAAGTGGAAGCAGTCGCGCGGCAAATTCTATCCGCAGCTATCCTACCTGGTCAAGGTCAACACACCGCGCGCCGTCATCCAGGAG
ACAAAGAAGGCCTTCCGCAAGCTGCCCAATCTGGAGCAGGCGATCACAGCTTTATCGAACCTCAAGGGCGTTGGCACCACAATGGCCAGTGCACT
GCTGGCAGCCGCAGCTCCCGATTCGGCACCATTCATGGCCGACGAGTGCCTGATGGCCATACCAGAGATCGAGGGCATCGATTACACCACCAAGG
AGTACCTCAACTTCGTCAATCACATTCAGGCCACCGTGGAGCGCCTCAATGCGGAGGTGGGCGGGGATACGCCGCACTGGTCGCCTCATCGCGTG
GAGCTGGCCCTCTGGTCACACTATGTGGCCAATGATCTCAGTCCCGAGATGCTCGACGATATGCCGCCGCCTGGATCCGGCGCCTCCACTGGCAC
CGGTTCACTCAGCACAAACGGCAACAGCAGCAAGGTGCTCGATGGCGACGATACCAACGATGGTGTGGGTGTTGATTTGGACGACGAAAGCCAAG
GAGCAGGCGGTCGCAACACTGCTACAGAATCGGAGACAGAGAATGAGAACACCAACCCGGCTGCTCTGACGCCTCTACAGTCGGGCGAGGCCAAG
AACAACGCAGCTGCCGTTGGCGCCGCCCTGCAGGACGGTGACTCCAACTTTGTTTCGAACGATTCCACCTCCCAGGAGCCGATCATCGATGACAA
CGATGGCACCACACAGACAACGGCCACCACTTCCACAGAGGACGGTGAGCCCATCGCCCTAGACATTGGCATTGGCATCGGTTCGAGTGGAACAC
CGCTCGCCTCGGACTCTGAAAGCAATCAGGAGGCGCCGCCCAAGACCAACAGCCTGCCCATCCTGACTCCCACACAGCACTCGAGCCAGAATCAG
AATCAAAAGCAGTCGCCGAGCCAGCCCCACAAAACTAACAATTCGATCACCAACAACGGTCAGCCTGCTCCTTTGGCAGAAGAGGAAGCGGTTAC
AGCAGCACCACAGCCAGCCAGCAAAGCGACTGCAGCACCAGCCAATGGAAATGGTAACGGGAACGGCGTCCTGGGCGACGAGGATGAGGATGAGG
CGGAGGACGAGGAGGAAGATGAGCTGGACGAGGAGGAGGATAATGAGGCGGAGCTAGAGGCTGACGAGAGCAATAGCAGCAACGGCATTGTGAGG
GACAGTAAACTGCAGCAGCTGGCGGCGAACAAGGCGGTGGATGCGGTTTCACCGGTAGCAGCGGGTGCAGACTCGGCACCAGCCATTGGACAGAA
GCGTACTGCCCTGCACTGCGATATGGAGCTGAAGAACGCCGGCGGAGTGGGTGTGGGCGTGGGGGAGAAGTCACCGGATCTAAAGAAACTGCGCA
GCGAATGA
(SEQ ID NO: 1193)

Start ATG: 351 (Reverse strand: CAT)

MSNGKATVSFFETGSTKQFEYCYQLYPQVLKLKAEKRCKKPQELIRLDQWYQNELPKLIKARGKDAHMVYDELVQSMKWKQSRGKFYPQLSYLVK
VNTPRAVIQETKKAFRKLPNLEQAITALSNLKGVGTTMASALLAAAAPDSAPFMADECLMAIPEIEGIDYTTKEYLNFVNHIQATVERLNAEVGG
DTPHWSPHRVELALWSHYVANDLSPEMLDDMPPPGSGASTGTGSLSTNGNSSKVLDGDDTNDGVGVDLDDESQGAGGRNTATESETENENTNPAA
LTPLQSGEAKNNAAAVGAALQDGDSNFVSNDSTSQEPIIDDNDGTTQTTATTSTEDGEPIALDIGIGIGSSGTPLASDSESNQEAPPKTNSLPIL
TPTQHSSQNQNQKQSPSQPHKTNNSITNNGQPAPLAEEEAVTAAPQPASKATAAPANGNGNGNGVLGDEDEDEAEDEEEDELDEEEDNEAELEAD
ESNSSNGIVRDSKLQQLAANKAVDAVSPVAAGADSAPAIGQKRTALHCDMELKNAGGVGVGVGEKSPDLKKLRSE*
(SEQ ID NO: 1194)

Celera Sequence No. : 142000013384589
GTGGCACCATCGAGCCCCTCAAAGAGGAGCACATTTTCGTGGTCCTCGACGCCGCTACTGCCGTGTCCACCGTCCGTGCCGCGACCCGTTAATGG
CGGCGAATGCGGTCGATGATCCAAATGGATGTCGTCGGCGTGGGCATGGCCATCCTCCTCCGCGACGACCATGTTGCAGGAGGAGGAGGCGGTTA
GGGGCAACGCCCACACACTGCGCGCCGCCCCCGGACTTGGATGCACCTTCGAGGCCATGTAGAACTCGAAGTCCACGCCCAGACGGTCCGCCGTT

CCACCGTTGCCTTGATGCAGGGGGTTTTCCAGTAGGTGTGCAATCTTGTCGCCTTTTTCCGTTACGCTCCGACCGAAATTTGTACTCTGTTTGGC
CAATCTTAGGCGTGGAATGCTAGGTAAACACGACTGCACTCGATGGCGAGGAAATTATGTCAGCACTGTGAGAAAATCAATATTTGTCCCGAATC
GCAGGACTCGAATTGGGGCCACTTTCGAACTCGACTTGGCGCCAAACAAATCAACAGCTGACCGTTATTTTCGCAGTTGGGCGCGCAGTGTTGCC
AACACATACTGGTAATTAAGACTTTTCTCAGCGAGGGGTGATTTAAGATTTAAGTCAAGAAGTATTAAAGAAAAAATATATATATTTAATTTGTT
GGAAGGTCAATTGTTGAAACCGAGGTATCATTTAGCTTAACTTAAATATACTAGAAATCTCGTGGCATAAGCAAACTAAAAAAAAAAAGGTTTATC
AACTGACTTTTATATTAGTTTTAACATTATTGGGAAACATTTGTTTTCCGCCGCTAGAAACCTTTAAAATGTATACTACTATATTGCTTGGTACG
AATGTTGCATTTTGAACTGATGCTAGCATTGCATTTTGTAAGGTTCCCATGTCTCTGTTATTTTGCCACCTGGTAACACTGTGCCCCTTTTGAT
AAATTTGTTTCGTAAAAAATGGGCGACAACGTGGTGACGGAACTAAATAACTTGGATTTGAACAATCAAAAGGCATGTTAAACTCTTTTCGAACT
GCATTCGAGTGTATGAGAAGTGCTAGTTAGCCGAATTATGTTGAAGTTGGCGCCGCAGGGCGGCAGATATTATAGCCAAATAAGCCGCATTTGCC
AGTGGATTTTGCCGAAAATTCAGACGCAGTCGAAGCCACCAAAACAACAACAACAACAGCAACCACAATTGAAAGAACAACAACAACACAGCTAC
GCAACTTTGGTTGGTGTTTTAAGCTAAAAAGAATTGACCTAAACTTCAATTTAAACGCCTGTTACTGCTGGCACGTGTAAATGTTATGCTTGTCT
GTGTGAGTGTATGCGATTCTCCAATGAATCAGTGCCGCCGGCTGTGACGTCACTAACAACCAACCAACTTCATGAGTGTCTGTTTTTTTTTGCTA
CTCTATTGCATCAGCCATAAAACGACGAAGATACGCTCAAAGACGGCTCGATAAAACAGAGATAGGAGCACCGAAAACATAGCACCGAAAAGTGC
TCATTGCCATGTCCCCAATTGTTTAAACAATAAGAAAACATCAGTCGAAAGTAGATACCGAAAAAGAGCATTTGTCTAATTGCATACGTAGCACA
CTTGTGGCCACTTGAATATCTCCGGTTTATATTGATTTTTAACCTATTTCCGATGGATTTGCAGGCTGCCAAGATGAAGAAGGAGAAAAAGGAGA
AGCCATCCGGCGGTGGAGATACTCGCAAGGGTAAGTAATTCTAACTAAGAATTAAAAACACAAAACGCACTTCCGTCTGTAAGATATGTAGCATA
TCTTTAAGATTAGCTGCCTTCTTCTCTCTAATACCTGAAATTCCACTGATCTCTGCTATATTGATTTCAGAACTCAGTCCCTTGCCCAAGTACAT
CGAGGAGCGCAATGTCTTCTGGGAGAAGTGCAAGGCGGAATACGAGGCCGAACTGGCGGCCAAGAAGCGTGAGCCCATCAAGGTGACACTGCCCG
ATGGCAAGCAGGTGGACGCCACCTCCTGGGAGACCACTCCGTACGAAGTGGCCCGCGGCATTAGTCAGGGTCTCGCTGACAACACCGTCATCTCC
AAGGTGAACGGCGAGGTGTGGGATTTGGACCGTGTGCTCGAGGGAAACTGCACCCTGCAGCTTCTCAAGTTCGACGACCCTGAGGCGCAGGCCGT
CTTCTGGCACAGCTCTGCCCACATCATGGGTGAGGCCATGGAGCGCATCTATGGTGGACACCTGTGCTACGGTCCGCCCATTGAAAACGGCTTCT
ACTACGACATGCATCTGGAGGGCGAGGGTGTAAGTAATTTGTGATGTTCAGTAAGAATTAAATTAAATTGAACGCCCAATTAGATCTCCACCAAC
GACTACGGCGCCATGGAGGGTCTGGTTAAGCAAATTGTCAAGGAGAAGCAGAACTTCGAACGTCTGGAGATGAAGAAGTCCGACCTGCTGGAGAT
GTTCAAATACAATGAGTTCAAGGTGCGCATTCTCAACGAGAAGGTGACCACCGACCGCACCACTGTCTACAAGTGCGGTTCTTTGATCGATCTCT
GCCGCGGACCTCATGTTCGTCACACCGGCAAGGTGAAGGCCCTGAAGATCACCAAGAACTCCTCTACCTACTGGGAGGGTAAGGCTGACGCTGAG
ACACTGCAACGCGTCTACGGCATCTCGTTCCCCGACCCGAAGCAGCTCAAGGAGTGGGAGAAACTTCAGGAGGAGGCGGCTAAGCGTGATCACCG
CAAAATCGGTCGCGAGCAGGAGCTGTTCTTCTTCCATGAACTTTCGCCTGGCTCATGCTTTTTCCAGCCGCGAGGAGCGCACATCTACAACACCC
TGATGGGCTTCATCAAGGCGGAATATAGAAAGCGTGGTTTCCAAGAAGTCATTTCCCCCAACATCTACAACGCTAAGTTGTGGATGACCTCCGGC
CACTGGCAGCACTATGCCGAGAACATGTTCTCCTTCGAGGCCGAGAAGGAGAAGTTCGCCCTCAAGCCCATGAATTGTCCAGGACATTGTCTCAT
CTTCGATAACCGCAATCGATCCTGGCGAGAGCTGCCACTGCGAATGGCCGACTTCGGTGTGCTTCATCGCAACGAGCTCTCCGGTGCTTTAACCG
GATTAACTCGCGTGCGTCGCTTCCAGCAGGACGATGCGCACATCTTCTGTGCCCCCGAGCAGATTAAAAGCGAAATGAAGGGCTGCCTGGAGTTC
CTGAAGTATGTGTATACCATTTTCGGATTCTCCTTCCAGCTGGTGCTGTCCACACGCCCGGATAATTACCTTGGCGAGTTGGAACAGTGGAATGA
TGCGGAAAAGGCGCTGGCTGAATCACTCAACGAGTTTGGAATGCCGTGGAAGGAGAACCCCGGCGATGGCGCCTTCTACGGACCGAAGATTGATA
TTACCATTATGGATGCACTGAAGCGTGCCCATCAGTGCGCCACCATCCAGTTGGACTTCCAGCTGCCAATTCGTTTTAATCTCAGCTACATCGCC
GACGATGGCGAGAAGAAGAGGCCGGTGATCATCCATCGCGCTATTCTTGGCTCAGTGGAGCGGATGATTGCCATTCTCACGGAGAACTTTGCTGG
CAAGTGGCCCTTCTGGCTATCACCGCGCCAGGTGATGGTCGTTCCAGTGGGTCCTGCCTATGATCAGTACGCCCAGTCAGTGCGGGATCAGTTGC
ACGATGCTGGATTCATGAGCGAGGCGGATTGCGATGCCGGCGACACGATGAACAAGAAGATACGCAATGCTCAGTTGGCCCAGTTCAACTTCATT
CTGGTGGTGGGCGACAAGGAGCGCTCCTCGAATACCGTTAACGTGCGCACTCGGGACAACAAGGTGCACGGCGAGGTCTCCGTGGCGGAACTCAT
CACAAAGCTGCAAAAGATTCGCGACGAATTCATCGCCAACGAGGACAGCTTCTAAGACTCTATTTCGAACTATTTATCAAAAGTATACTTAACAT
TTGCATAGCAAAGCAAGTACGCATTTTTGTTCTTTCTATGTATTTACGCTTACGAAACCGGAATTCACAAATAAAAAACCAAATCCAAACACATT
TTAAGGTGTTTCAAATAGAAGAGAAGAGCATGCAATCAAATAAAAGCAATTCGATTCAATATACGATTATTAAGCTTCCCCAACTAAAAATCGTA
TTTTTCTGATCCACCTTAAGCCGCCTATTTCACTCCAGTTTCTTGACGAATCAGTGGAATTTGTCAGCAATTGAGGACTAGTCATGCCGACACAG
AGGTGCGCTGTAGTCCATTCAGGAACGATTTGGAATGATAAGATAAGTCGGCCCACATTTGGCGGAAAACTTTTTGGGAAAGGTGTGCGTGCACC
CACAACGTATGAGTCATGTTTTGAATTTATTTTTTTGTATTAATTTATTGCTAGTATCTTGTATACTTTTCATTTTCATAATTTGATTTATTAAA
AATTGCATCAATAGTTTATGTTTTTATTCAATTATCAATTTTGTAAGCTTTTGCTTTTCGCGTAAAAAATGCACAAAGTTCTCTCGCTAATCGAA
GCAAAAATCGTTAATAATATTGTTAAGTGTTTGCTCTGCTCGTGCTCTGCTTATCTGTTTCAGTTTTAGTCATAAAAATACATATTTTATATTTG
TGTATATTTATTCATAAGATGCACGTGGCCAAGTCCTATGCCATCCACAGTTCCAGTTAGCAGTCGCGTTCGCTGTGCTAAAAAAAAAACCGAAA
TCCTAACCAAAACTGGCGAAACAAAAGCCGCAAACAGAACAGAACGGGGGCTAAAATTGGAAACAAAATGCCTGGCTGGTGGAATCATTGAACAC
AGACTGGCTGCGTGGTATCTACGACTGCTGGAGATGCCGAGAGCTGGAATGTCGGAGGATCCTGGGACCGCCTGGCCTGACATAAGTACATGGTC
TTGGGTTTTT
(SEQ ID NO: 1195)

Exon: 1001..1244
Exon: 1680..1740
Exon: 1876..2309
Exon: 2364..3950
Start ATG: 1689

Transcript No. : CT37701
CTTGGATTTGAACAATCAAAAGGCATGTTAAACTCTTTTCGAACTGCATTCGAGTGTATGAGAAGTGCTAGTTAGCCGAATTATGTTGAAGTTGG
CGCCGCAGGGCGGCAGATATTATAGCCAAATAAGCCGCATTTGCCAGTGGATTTTGCCGAAAATTCAGACGCAGTCGAAGCCACCAAAACAACAA
CAACAACAGCAACCACAATTGAAAGAACAACAACAACACAGCTACGCAACTTTGGCTGCCAAGATGAAGAAGGAGAAAAAGGAGAAGCCATCCGG
CGGTGGAGATACTCGCAAGGAACTCAGTCCCTTGCCCAAGTACATCGAGGAGCGCAATGTCTTCTGGGAGAAGTGCAAGGCGGAATACGAGGCCG
AACTGGCGGCCAAGAAGCGTGAGCCCATCAAGGTGACACTGCCCGATGGCAAGCAGGTGGACGCCACCTCCTGGGAGACCACTCCGTACGAAGTG
GCCCGCGGCATTAGTCAGGGTCTCGCTGACAACACCGTCATCTCCAAGGTGAACGGCGAGGTGTGGGATTTGGACCGTGTGCTCGAGGGAAACTG
CACCCTGCAGCTTCTCAAGTTCGACGACCCTGAGGCGCAGGCCGTCTTCTGGCACAGCTCTGCCCACATCATGGGTGAGGCCATGGAGCGCATCT
ATGGTGGACACCTGTGCTACGGTCCGCCCATTGAAAACGGCTTCTACTACGACATGCATCTGGAGGGCGAGGGTATCTCCACCAACGACTACGGC
GCCATGGAGGGTCTGGTTAAGCAAATTGTCAAGGAGAAGCAGAACTTCGAACGTCTGGAGATGAAGAAGTCCGACCTGCTGGAGATGTTCAAATA
CAATGAGTTCAAGGTGCGCATTCTCAACGAGAAGGTGACCACCGACCGCACCACTGTCTACAAGTGCGGTTCTTTGATCGATCTCTGCCGCGGAC
CTCATGTTCGTCACACCGGCAAGGTGAAGGCCCTGAAGATCACCAAGAACTCCTCTACCTACTGGGAGGGTAAGGCTGACGCTGAGACACTGCAA
CGCGTCTACGGCATCTCGTTCCCCGACCCGAAGCAGCTCAAGGAGTGGGAGAAACTTCAGGAGGAGGCGGCTAAGCGTGATCACCGCAAAATCGG

TCGCGAGCAGGAGCTGTTCTTCTTCCATGAACTTTCGCCTGGCTCATGCTTTTTCCAGCCGCGAGGAGCGCACATCTACAACACCCTGATGGGCT
TCATCAAGGCGGAATATAGAAAGCGTGGTTTCCAAGAAGTCATTTCCCCCAACATCTACAACGCTAAGTTGTGGATGACCTCCGGCCACTGGCAG
CACTATGCCGAGAACATGTTCTCCTTCGAGGCCGAGAAGGAGAAGTTCGCCCTCAAGCCCATGAATTGTCCAGGACATTGTCTCATCTTCGATAA
CCGCAATCGATCCTGGCGAGAGCTGCCACTGCGAATGGCCGACTTCGGTGTGCTTCATCGCAACGAGCTCTCCGGTGCTTTAACCGGATTAACTC
GCGTGCGTCGCTTCCAGCAGGACGATGCGCACATCTTCTGTGCCCCCGAGCAGATTAAAAGCGAAATGAAGGGCTGCCTGGAGTTCCTGAAGTAT
GTGTATACCATTTTCGGATTCTCCTTCCAGCTGGTGCTGTCCACACGCCCGGATAATTACCTTGGCGAGTTGGAACAGTGGAATGATGCGGAAAA
GGCGCTGGCTGAATCACTCAACGAGTTTGGAATGCCGTGGAAGGAGAACCCCGGCGATGGCGCCTTCTACGGACCGAAGATTGATATTACCATTA
TGGATGCACTGAAGCGTGCCCATCAGTGCGCCACCATCCAGTTGGACTTCCAGCTGCCAATTCGTTTTAATCTCAGCTACATCGCCGACGATGGC
GAGAAGAAGAGGCCGGTGATCATCCATCGCGCTATTCTTGGCTCAGTGGAGCGGATGATTGCCATTCTCACGGAGAACTTTGCTGGCAAGTGGCC
CTTCTGGCTATCACCGCGCCAGGTGATGGTCGTTCCAGTGGGTCCTGCCTATGATCAGTACGCCCAGTCAGTGCGGGATCAGTTGCACGATGCTG
GATTCATGAGCGAGGCGGATTGCGATGCCGGCGACACGATGAACAAGAAGATACGCAATGCTCAGTTGGCCCAGTTCAACTTCATTCTGGTGGTG
GGCGACAAGGAGCGCTCCTCGAATACCGTTAACGTGCGCACTCGGGACAACAAGGTGCACGGCGAGGTCTCCGTGGCGGAACTCATCACAAAGCT
GCAAAAGATTCGCGACGAATTCATCGCCAACGAGGACAGCTTCTAA
(SEQ ID NO: 1196)

Start ATG: 254

MKKEKKEKPSGGGDTRKELSPLPKYIEERNVFWEKCKAEYEAELAAKKREPIKVTLPDGKQVDATSWETTPYEVARGISQGLADNTVISKVNGEV
WDLDRVLEGNCTLQLLKFDDPEAQAVFWHSSAHIMGEAMERIYGGHLCYGPPIENGFYYDMHLEGEGISTNDYGAMEGLVKQIVKEKQNFERLEM
KKSDLLEMFKYNEFKVRILNEKVTTDRTTVYKCGSLIDLCRGPHVRHTGKVKALKITKNSSTYWEGKADAETLQRVYGISFPDPKQLKEWEKLQE
EAAKRDHRKIGREQELFFFHELSPGSCFFQPRGAHIYNTLMGFIKAEYRKRGFQEVISPNIYNAKLWMTSGHWQHYAENMFSFEAEKEKFALKPM
NCPGHCLIFDNRNRSWRELPLRMADFGVLHRNELSGALTGLTRVRRFQQDDAHIFCAPEQIKSEMKGCLEFLKYVYTIFGFSFQLVLSTRPDNYL
GELEQWNDAEKALAESLNEFGMPWKENPGDGAFYGPKIDITIMDALKRAHQCATIQLDFQLPIRFNLSYIADDGEKKRPVIIHRAILGSVERMIA
ILTENFAGKWPFWLSPRQVMVVPVGPAYDQYAQSVRDQLHDAGFMSEADCDAGDTMNKKIRNAQLAQFNFILVVGDKERSSNTVNVRTRDNKVHG
EVSVAELITKLQKIRDEFIANEDSF*
(SEQ ID NO: 1197)

Name: threonyl-tRNA synthetase
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384832
GTAAAAAAGCGTAGCAAACTAGTTGGGCAACGGAAAAGGATGTGGCTGCTGCGATGGCGATGGCGATGGCCAATGGCAATTGGAATTGCAAGGAC
AACGCCAACGGCTGCTGCTAGGCACTGCTATGCCACGAAATCGAGCGGCCGGTTGAAGCCACCCTTGCGATTCATGTACTGGCGGTACTTTCGCT
TGAGGATTACATGCACTTCTCCGACATCGTTGCCCTCGACCTTCCTGTTCTTGGTGGTGTCGAACGTGCAGAATCCCATTGTCTTCAGCATCTCG
ACCTCTTCCGGCGATTTACCCTCCAGGTCCGCCTCGTTGATCTTGGGCCGGTCGGCAGCTGTGGCCGCCGCATTGTTCCTCGTCGTCCTTCGCGA
CGTCGATGGTCCGGAGCTGCTGTTGCCGCCGCTGCTTCCGCCGCCGCCTCCTCCTCCTCCTCCTCCGGCGACCCTCGACCGCGATCTGCAAATTA
TGAATGTGTGTGCATAGTGAGTGGTGAGTGTTCTATAGATTTCGTTTGAGTGACAGGACCGACCAGTTGATTGCATTCGAATTGCAACGAGCCTG
GGAAATAACTGGGGCGACCTTGGGCGTTGTGCACCCGATTGTGCAATATGAAGTTTTAATTACGCGAAATGCGACACTTCTCAACCGGTCGGTTG
GCTTCATTAAAGACCATATTTACGTCTCGATTTTGGCAATCATCTGAAGACCCAAAATAACCGGCTTGTATATGCATATGCTAGAGAATTTCATT
CTAAGATTTAAAATCAAGCTCAAGATCCCTCTAAAATCCATTCTGAATCCATTTATATACCTAACAGACAATATTCCTCTATTCCTCTAGCTTAT
ATCTCAAAAACTTCCATTGGAAAATAGCTAATTGATGCTTGCAGCTCCCAGACTTTGTTTTAGTTTCGTGTTTTGTATTTCTTAAATGAAATGTA
GAAGATAACAGATAATCCTTATATCAAGTAGAAAGTGGGGAAAGTTTCGCTTAGGACATGTCCTCGATGAGGGCCGCACGCAGCTTGGTCGTCAC
TGTGGCGGGCTGTGCCTGGTTAAGCTTGAAGACGCTCTCGATCACGGAGATCTCTGTGGCCGTGGTGTTCATGCCCACGAAGGAGAGCCAGTCGT
TGACGACCATGCCGGCGGCGAGTACTTCGCTGCCCCGGTTCACTGTTCCGGCCACGAGGGGAACCTGCAGCAGGGACGACAGTTCGTCCTGGTCC
TGAATGCTCGTCTTGGGATGCACCATGCCGCCCTGGTTGCTCAGCACGGCGTAAGAGCCCACCAGTGAGTTGTCGGCAATGGTCTGGCGGAAGAC
CTCTACTTTGAGCACGTCCGCGATGATCTCCTCGGTCTCCTTGTCCAGATCCGGGTGCACCAGGGCCACATAATCATTGCAGGCGATAACGTTGC
CCAGCGCGGACAGGCGCTCCTCCACACGATAAATCTTCACGGCGTCTGGCAGGCTGTTACGCAGGTGTTGCAGCTCCTCGTCGGTGGTGGAGTTG
GGCACCAGCAGGCCGTTGCGGTTGCCCACGGTGAGGCGGCCGATGATCCGGCAGCCGCCCACATTCGCATGCACCACCGGGATGGTGTCGCCCAG
CTCCGCCTCGAAGGCGCTGTAGAAGGTCTCGGATCCACCGATGGCCACCAGGCAGTATGTGTTGGTTAGTTTAGTGAAGACGCCGATGTCGTCGT
TGTTCTCGAATTGGACGCGTAGAGCCATTTTCTCTGTATTTACGTGGATCCTCTTTTCCTGCTGGTTACTCTCTTTTCGGATTTACTGGCCTGAC
TGAGCCTGCTGCCGGATGAGTTCTGGATTCTGTTTATATGTCCGGAAATCAATTTAAATGTCGTGATGAAATTCGCACAATTTCGCTTCACGTGG
TAATTTTTTTTTGATGTTGGGACGCCAGAGCTGCATAGCCATCGATTGGCTGCCTATCGAAGTGTGGGTCTATCGATACTCGTGGGTAAATAAAC
AAGTTCTGAACGGCGATTTCGGGGGTTTGAGGGGTCAATTGTCCCCTGTGTTGGAATGTGTTCCTAAATCTACACAAACACTCCCTAAGCTTATC
CTAAACTTATAAATATTGGTTGCTATTTAAACCCCATTTCACGGTTATCCAGCACGCCCCTGAACTGTGACCCACATCCCCGATTTTAGTGACTA
GTTTTATACTTATCGTGGTTGGCATTTGGTACACTACACTTTCTTATTCACCTAGATCGCCGACTCCGCGCACGGTCGCGCTCCCGTTCCCGCTC
CCGATCTCGGCTGCGACTGCGGTCGCGATCCCGTTCCCGGTCGCGGCGACCGGCGCCTCCAGATCCGGATCCTCCGGCTGGCGCTACTCCGATGG
CCTCCCGCTCCCGGGAACGGCGCTCCCTGCGCTTCTTCCGCTCGGATCGCTCCTTCTCGCGTCTCCTGTGCGCCGGCGAGGCGGGACTTCGGCTG
CGGCCCATGGCTCCGTTTCGGTCTCTGCTTGTGTGGCGGTTTGAGTGATTGATGATGGTTTGCCTGCAGTGGATTTGAGCGGATGTTAGACTCCA
TGTACTCCAATTGCACCGCACGCATCCCGCTTACCGTTGCACTAGGCTGTGTCTAGCATTATTTGGGCGACACCGGCGGTGGGTAAAAACGCGCT
AACTTAAAACTAAAACCAAATAAACAACGCGCGTTATCTCGCCGCGACGCCGAAACGGAATGAGGAATGCAGAATGCGGATGATGATGCGAGGGA
TGCGATGCAAGGGCAAAACATGGCCACCTATCGGATATCGATTGATGGTCGATTTTATCTTCGATAAAAATGTATCCTATGTATATCGCATACCG
AATGTTTAAATCGATCTGTTTCCTTTTGAATATGAACTAT
(SEQ ID NO: 1198)

Exon: 1890..1001
Start ATG: 1738 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT38864
CGAAATTGTGCGAATTTCATCACGACATTTAAATTGATTTCCGGACATATAAACAGAATCCAGAACTCATCCGGCAGCAGGCTCAGTCAGGCCAG
TAAATCCGAAAAGAGAGTAACCAGCAGGAAAAGAGGATCCACGTAAATACAGAGAAAATGGCTCTACGCGTCCAATTCGAGAACAACGACGACAT

CGGCGTCTTCACTAAACTAACCAACACATACTGCCTGGTGGCCATCGGTGGATCCGAGACCTTCTACAGCGCCTTCGAGGCGGAGCTGGGCGACA
CCATCCCGGTGGTGCATGCGAATGTGGGCGGCTGCCGGATCATCGGCCGCCTCACCGTGGGCAACCGCAACGGCCTGCTGGTGCCCAACTCCACC
ACCGACGAGGAGCTGCAACACCTGCGTAACAGCCTGCCAGACGCCGTGAAGATTTATCGTGTGGAGGAGCGCCTGTCCGCGCTGGGCAACGTTAT
CGCCTGCAATGATTATGTGGCCCTGGTGCACCCGGATCTGGACAAGGAGACCGAGGAGATCATCGCGGACGTGCTCAAAGTAGAGGTCTTCCGCC
AGACCATTGCCGACAACTCACTGGTGGGCTCTTACGCCGTGCTGAGCAACCAGGGCGGCATGGTGCATCCCAAGACGAGCATTCAGGACCAGGAC
GAACTGTCGTCCCTGCTGCAGGTTCCCCTCGTGGCCGGAACAGTGAACCGGGGCAGCGAAGTACTCGCCGCCGGCATGGTCGTCAACGACTGGCT
CTCCTTCGTGGGCATGAACACCACGGCCACAGAGATCTCCGTGATCGAGAGCGTCTTCAAGCTTAACCAGGCACAGCCCGCCACAGTGACGACCA
AGCTGCGTGCGGCCCTCATCGAGGACATGTCCTAA
(SEQ ID NO: 1199)

Start ATG: 153 (Reverse strand: CAT)

MALRVQFENNDDIGVFTKLTNTYCLVAIGGSETFYSAFEAELGDTIPVVHANVGGCRIIGRLTVGNRNGLLVPNSTTDEELQHLRNSLPDAVKIY
RVEERLSALGNVIACNDYVALVHPDLDKETEEIIADVLKVEVFRQTIADNSLVGSYAVLSNQGGMVHPKTSIQDQDELSSLLQVPLVAGTVNRGS
EVLAAGMVVNDWLSFVGMNTTATEISVIESVFKLNQAQPATVTTKLRAALIEDMS*
(SEQ ID NO: 1200)

Name: EIF-6 family protein
Classification: translation_factor

Celera Sequence No. : 142000013384665
ATCTCATCTCATATGAAAGCAATATCATATATGTATGTTAATATTAAATAGATATTAAACATAAAAATCCATCCCACCCACATTCCGCTGAAAAA
TGAAAACACTCGCTTTTGCCGAAGTGGAATTTTATTGTAATTAAATTTGTTGGGTGTACAAAGGTATGTTTTAAGGACTTTCTCTCTGCATTTAT
TACAATTTCTTCAAATGGTTTTAATTGCTGGGCTTTTGCTTCGAAGACGGGCAATCAAGTTTCAAGAATCCTATTTTCTTTAATCATACAAATTA
TGTTTTATTTCGCTTTAATATATAAGGATACATATATATATCTGCTATATATAGAAGTGTGTTGACTTGCGTATATTTCGTGAAAAGTAAAAGTT
TTCTTCTTCGCAATTTCCCTTGAACTAACATTCCAATTCGGGTTTTGGTTATGTTTTTTTTTTCTGTTTTACTCTCATTATTTTGTTTGTTTGTT
TTTTTTAAATAATTTTGCATTTTCTGCATACATGTGGTTTTGTGTTTTGCAATTTTTTCAATGATTTTTCCTTGGGTTTTTATTTGTTTTTAGTT
TTCGATTTGTTTAATAAAAAAATATGTATTTCACTGCCCAGAGCGAAAGCCATTTCTTACTTCCGCTTGCGTTAATATATCATTTTATGTATGTA
TGGTGTAAAAACATCATTTACTGGTAAAACTCTCGATATCCTTTGTAACAGAAATCGGAACGCAAATGAAATCGAGGCGACTTACCAGCTCCTTC
TCATTAAATACATATATGTTCTTGCAAATGTTTATAAATGTATGCATGTTTTTCCTTCTCTCGGATAATAGTGTAATCATAAAAATCCTGTCTGC
TTTTTTGTTGTTTATTAATATGCTTCATAAGTTGTTTACGCTTTAGCGCTTTTCATGTGTTTCTTGTATTTCTCATATATGTTGTGGTTGTTTAA
TATGTGTGTTGCTGTGTGTGTGTTTTTGTGTTTATATATATTATTTTTTTTTTGCTGTTTTTACATAGGTTTTGCCATTTTTTTGTAGTTTTTTC
GATTTATGTTTTGTTTTCATTTGTCAACATATTTTTTCAGCTGTTGGTATTCTGTATTTTCTCTCTTTTTTCAAAGTAGCAAAAACTTGACTCTC
ATATTCTTGCGGTTTTCTTTTTCTTTCTTTCTTTCTATTCTTCTGTTCTCTGCACAGTTTGCTTTCCATTTTTTCGTTTTTATTTTAACTCTTTT
GCAATTTTTTTGTTTTTTCTTTGCTTTTTTAAAAGTGTATGGTTGTCGCGTTTCTTTTTCTAAACAAAGCTTTCTTAAAGTTTGAATTTGAGAAA
AAAGAATTGAAAAAAATTACATATCGCTTTCGTGTTTGTTGTTTGAAAGTGTGGATGGAAAAAGTGTACGAAAAACTCAATATGTATGTAAC
ACTAGAAACTTCTTTAAAATTTTTAAAACACAATTTCAATACTTGCAAGAAGCGGTTTACATGTATGCTTTGCTTTAATCTGTTTATTTTGCAAT
GGTTTTTTGGTGTTTTCATTATACGCATACAAAATAATATCGATCCAGTTAAAGCAATAACGAAATTTTTTTCATTTCACATTTTTCCGTTTTTT
TTTTTAATTAACATGTTTATGTAAAAAAAAAGAATTTATAAGTGGACTGCAGAATTTGATTGCGTGACTTTCTTCTTTTGCTTCGTGTACTTGCG
TAAATGCGTTCGAAATTAAATGATTGAAATTGCTTTTGTTGATGTTTCTGGGATTAGAAAAGAAAAAGCCGTAGATTTTTCGCTTTGTTTTTCTG
TGTTAATTGTGTGTCCTTGGCAATCCTCCCCTGCGCAAAGCATCAGTGAATGCGAATTTTTGTTGTTCATGTATTGAAAGATTAGTGGAAAACTG
CAAGGACAAAAGAGAGGCGAGTTTAGACAGCTTGAACTTTTCGGAAAATTTGTAGACTACTTACTTTTTGGGTGTAAAGTGTTCTTGTAAAATGT
TCATACGCTTGAGCTGTTCGAGCTTAGTTGGCGGGCTCGGTGACGCGGTGCACCTGAAGCACGGCCACAGCCTCCTCCACCTTGGCCTTAAGGGC
CTCCTGATCCTCGATCATGTGCAAGAGCTCAGAGTTTTCGATCTCCAACAACATGCCGGTGATCTTACCAGCCAAATTGGCGTGCATATGCTCAA
TCATCGGATACAGACGCTCGCCCAGGATCTGTTTCTGCTCCTGCGGCTTGGCGTTGGCCAGCAACGAGGCAATGAGCTTCTCAGAATCTGCAAGA
AAAATAGCAATGGTGCCATTAGTGACAAATTGTGCATATTTTCAGTCGACCTAAAACTTACTCTTTCCTTGCAATTGCTGTGGAATTGGCTGGGT
CTGATGCAACTGTGGCACTGGAGGATTGCGCATGTTTGAGGTGTACTTATAGTTGGAAGTACGCTGCTGGGCACCGCCAGCGATTTGGGCTCCGG
GGATCTGCATGTTGGGTGCTGCAGTTTGCTGGCCAGTAATAGCGCGTGCTCCAGTGTTGCGCATGTTGTTAGCCGCAGCAGCGGCGGCATGTGTG
CCCTGCACCTGAGGCTGTGCCCCGCGAGCGCCAGCAGCAGCCGAACGGAACTGAGTGGGCACCGCACCGGCTGTGCCCTGGAAGCCACCAGCAGC
GGCAGCTCCGGCCTGGACACCCTGTATGGCTGCTGGGGGACGCACCTGGGGCACCCAGCGGGGTGTGTTTCTCATCTGAGTGGCCACCTGGGAAC
CGAAGAAACGCTGATTTGACGGAAGGGTCGGCACAAAGAAGCCGCTAGCCGCGTTGGGCTGGTAGATCTGTCCCAGCTGCTGCATACGCATGCCG
GTCATGTGACGCATGTACTGCGAGGCGAGATGAGCCTTGCGCTCCTCCTTCCTTTGGGCCAAAGCAACGTACAACGGCTTACTGCCGACGACGCG
ACCGTTCAGCTCGGTGACGGCGCAGGTAGCCTCGCTTGCGGCATTGAAGCACACGAAGCCGAATCCCTTGGAGCGACCCTCCTCATCGGTCATGA
CCTTGGCCGATGTGATGTTGCCGTATGGAGAGAACGCGATGCGCAGACGATCGTCATCGATTGTGTCGTCCAGGTTCTTAACGTACAAGTTAACG
CCGAACACAGACTCGTGACGCTTCTGCTTCAGTTCCTCGAACTTGCGCTTCAGCTCCTGCTGGCGTTCGGCCTTCTTCTGGGCACGAGCCACGTA
CAGGGACTTGCCCTCTCCCATGTCCTTGCCATTGAGAGCCTGAACGGCCGCCTCAGCAGCCTCTGTTGTCTCGAATGCAACGAATCCGAAGCCCT
TGCTCTTGCCATCCTCCTTGGACATGACCTTGTAGCTGGTTATCTTGCCGTAGGGCTCAAAGAATTCCTTCAGTTTTTCATCGTCGAAATCCTCA
GTGAAGTTCTTCACATATACATTGGTGAAGAGCTTAGCCTTCTCGCCCAGCTCCTTCTCGCGCTCCTTGCGCGGGATGAACTTACCCACGTAGAC
CTTCTTGCCGTTGAGCAACATGCCATTGACTTTGTCGATGGACGTGTTTGCGGCCTCCTCGGTCTCGAAGTGGACGAATCCATAGCCCTTTGAGT
TGCCCTTTTCATCGGTGGCTACCTTGCAGCTTAAAATGTTGCCGAAGGCGGAGAAAGTGTCGTAGATTGCCTTGTTGTCGATGGCCCTATCTAAG
TTCTTGATGAACACGTTGCCCACACCTGAGCGACGAAGAGAAGGATCACGCTGAGACCACATAATGCGAATGGGCTTGTTGCGAACCAGGTCAAA
GTTCATGGTGTCCAAAGCACGCTCAGCTGTTGATGAAAATCGGGAAAACATTTGGTTACTACCGACACGATTTGGGTATATCAAGATCATTATAA
GTTGAAGGGGCTTAAATAACAATGTGACTCTTCAACTTCTGCACTGGCCATGAGCAAAAGCAGCGCAGTGCATGGTAAGTCAAGTCTGATCTTTT
ATCTGGCAACTATGAATCTTAGTCGTGTCAAAAAGGGTTGAATCTGACCAACCAATGGGTAGGAGTTGCTAGATGTCTAAATACAAGGACAATCT
TATCAGTCTAATCATGTGATACATTGAGTGTTTGTTATGCAGATGGTATGCAAAACCCATCAGCATGGTAAGTCGCATTGCTTTCTCTGGCAACT
ATGAATCTTAGTCGTGTCAAAATGGGTTAAATCTGACCAACCAATGGGTAGAAGTTGCTAGAAGCTTAGATAAGAAAGGGCATAATCCTTCGAGT
CTAATCATATGATGTATTATTTAGTGTTTGTTATGCTTCTACTTCTGTGGATGGCATAGATCAGCCATCTACATGGTAAGTTGCATTGCTTTCTC
TGGCAACATTGAATCTTAGTCGTGTCAAAAAGAGATAAATCTGACCAACCAATGGGTAGGAGTTGCGAGATATGAATCGAAAAAAGAAAAACATT
TAGGGTGTTACTAGTCTAGAACGAGATGGTATCATTTTTGAAAGGTCTGTTTTTTCCAACCTAACCTTAACAGCTAGAGTTCAAGAAACTTGCTGG
AATGCGACAGACTTTCACACGCAGCGTAATCATCACCAACCGCCAGCTTTGTGCCATTGTGCGCTTAATTGAATAAACAAATGTAAGCGAACAAC

GGGAATCGAAGAAGCACCAACTATGCGCAGTGAAAGTTTTGTTTTCGTTTTTTGTAAAAACAAGATTTTGATGGTTAAAAGAGAGGCCGAAAAGC
AGTTCACTGACATGTCAAGAATTTGGAAGTGTTGATGGATGGAATGCGGAGAGTATGGAAGATATGAGAAAGTGAAAGCAAAACAAAAGTTGGAG
GCAGTACGAAAACTAAAGAGCGAACGTGCGGAAACTCAGTTAATGGAATATAACCTAAAATAGATGAAGGCCAAAAAGAAATGGTCCAAACAACA
ATGAACACATGTTTTTGCGCGTCGGCGTGTGCGTGCGCGCAAGTTTGCCGCTTGGAAACAACACACATCACACGAATAAAACGAGAAGAACGGGC
AAGGAAACAATGAAACCACCAATGGGCGGGGCTGCGATAAGCAGTTTGGGCAGTATGGAACCATATTATTCCATCATAATTGCAATTTTGTGCGA
AATTGAGACGGAAATTTCTAGGCGAACAGTTGATGAGTGCCACGAGCCAGCTGTTTAGCCCCCATCATCCCCCCGCACAAATCGTATACATCCAG
AATAACTGGAACTGATATAATCATGTGTGTGTGTGTACACACTGGCGGGAATTGAGTGCGTGTGTGTGTGCGCGACGAGATTAACGTAAGCAGTG
CACTGTGGAACAAGTTATGAAACACTTGGAAGCCGTTTATCTGGTCTCCTATGAAAGACATCTTTCAATAAAGTCCAGTTTGGACTTGCGTTTAG
CCCCACTGTATGACATGCGCTAGTGTGCGTGCGTGTGTGAGTAAGCGAGTGCAAAACTGCACACGTGTTTTCTTTGTTTCGCGCGGAAGGGGGCT
ACTTTTGCGGGCAGTAAGACTAAAAAAATTACACTACTTTTGCGGGGATTACTCACCATCGGCTGGCTGCTGGAAGTTGACGTAGGCATAGCCCA
ACGAGCGACGGGTAATCACATCGCGGCAGACACGAATGGACAGCACTGGACCAGCAGACGAGAACTTGTCAAAAAGTCCCGATTCGTTGACGTCC
TGTGGGAGATCACCGACGTATAGAGAAGCCATATTTGGTGATCAGGTCTACCTGCAATTTTTAACAATTAATTTCCACTTTTTTGACACTGAATT
TTGGGTTTTTTCTTAATCTTTACGGACCGGATGGATTCGACCAGGCAGGCGGTGAAATAGAAAGAAAAAAAGCGGCGTGGCTTTCGGTCTTCTAT
TCGTCTCTCTGTCTGTGTGTCTGGGTGGCAACACTGGTACATGTGACAGTCGGTAGACATGGCAACGTTGGCATTTGCTTTGTTGTTGCTCTTTG
CTCTCCCCTTTTATTTCTCTTCGTGTTGGAAAATTTCCACACAGACACAAAGATAGACACGCGTTTGCCTGATCGAATTTTGGGGAATTCTTTGA
TTTTCTCGAAAATATGCGACAACTAGTTCCTAGACCACTATTTTGCGGGCAATCTGGCGTTTATAGACGCCATCTTTGAGCGAAGAACGACCGCA
AACAAAGCAAATTTCGATGGGAAAGGAAAATTTCCCTATTCGCTTTGTCGTGCGTTGCGCCCTCTCACTCTCTACACCATTGTAACCAATAGCTT
TACACTGTACTTACTTCTCAAACACGCTCGATTTTTTTTGCTACTTTTTACAATTTTTTTTGTTACGTTTTTGTGTTTTAATATTTTTTTTTATT
TTTTATATGTTTTTTCTTCACAAAAAATATGTGATAAGCCGTGTGCTGAAAGCGAATCCACGACCGCTCACGTAAACGGACTCTACACGACTCAT
AGAGAGGAGATTCGTTAGCGATGACCCCACAAAGTATCGATTAAATCCCACTGCACAATGCTGCCACATAGGGTTAGAGACAAATAAATGTCACT
AAAAAATCCGTGAGGACAATTTACTAATTACGAAGCATTATTTTGAATTTCAAAAAAGCCAGCCATCACACATAAAAAATTTTTATATTTAGCTA
ATTCCCGAAACATGAAATACTTGTGCATTTTCAGGGGTTCTTTGGTAACTCTGCTTCATTTATGTTCTGATATTTTCGCCAATGTCCTTGAATAC
TTTGTCTCATAAAACACAATCCAAAATTAGGAATGCAGTTTTTTTTTCTTTTAAAAATGAGCGTAGACTTTTAGAAAATGATTTTTTGGCACTGC
ACAGATATTAGCGTATGCTCCGAAAACCGAATCCCATCTTTGTAATTCCCCACTGTGCGAACTTACCTAAATCAGAGAATAAAGCGATGAGGCTG
CAAGTCGACACTCCGAGAAGTGCTTGAGTACTTCTTTTCGTTCTCGATGGAAATCGGCACTACAGAGATTGAAGAATTTTTTAAGTTTTTTTTTT
GTGTTTTTGTTTTTACGAAATAGACCACATTCAAGGATGGCTGAGGATAATTTTTTTTTTCTTTTTCCCGTTTTGAACGTCTGGTGCATGTGCCC
TATCTGGCGATCGAGTACCTAATGAAGCGGTGTGAGGCGTCGGTGCCTGACAAGCTTCAAAGCGAAGTGTCACTTTGGGCGCCTACTGGCGTGTC
CTGAGTAAAATCTTAAAAGATTTGACATTTCGGAAACATTTATTTGGGCATTATATACTTCATTAAACATATTTCGATCTGGTTTGGCCAAACAT
TTACTTGGCTTGAGAATTAGTTTGCTTTCAACTCAATTTTGATTTTTCGTAGCATTTAATAGTTAAACATAAAACGTACTGGCTTAATTCATTAT
TGTGTAGTTTTGCCTAGACTATGGGTGAAAATTATTG
(SEQ ID NO: 1201)

Exon: 6447..6285
Exon: 5751..5567
Exon: 3826..2342
Exon: 2272..1965
Exon: 1897..1001
Start ATG: 5732 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT39086
AGTCCGTTTACGTGAGCGGTCGTGGATTCGCTTTCAGCACACGGCTTATCACATATTTTTTGTGAAGAAAAAACATATAAAAAATAAAAAAAAAT
ATTAAAACACAAAAACGTAACAAAAAAAATTGTAAAAAGTAGCAAAAAAAATCGAGCGTGTTTGAGAAGTAGACCTGATCACCAAATATGGCTTC
TCTATACGTCGGTGATCTCCCACAGGACGTCAACGAATCGGGACTTTTTGACAAGTTCTCGTCTGCTGGTCCAGTGCTGTCCATTCGTGTCTGCC
GCGATGTGATTACCCGTCGCTCGTTGGGCTATGCCTACGTCAACTTCCAGCAGCCAGCCGATGCTGAGCGTGCTTTGGACACCATGAACTTTGAC
CTGGTTCGCAACAAGCCCATTCGCATTATGTGGTCTCAGCGTGATCCTTCTCTTCGTCGCTCAGGTGTGGGCAACGTGTTCATCAAGAACTTAGA
TAGGGCCATCGACAACAAGGCAATCTACGACACTTTCTCCGCCTTCGGCAACATTTTAAGCTGCAAGGTAGCCACCGATGAAAAGGGCAACTCAA
AGGGCTATGGATTCGTCCACTTCGAGACCGAGGAGGCCGCAAACACGTCCATCGACAAAGTCAATGGCATGTTGCTCAACGGCAAGAAGGTCTAC
GTGGGTAAGTTCATCCCGCGCAAGGAGCGCGAGAAGGAGCTGGGCGAGAAGGCTAAGCTCTTCACCAATGTATATGTGAAGAACTTCACTGAGGA
TTTCGACGATGAAAAACTGAAGGAATTCTTTGAGCCCTACGGCAAGATAACCAGCTACAAGGTCATGTCCAAGGAGGATGGCAAGAGCAAGGGCT
TCGGATTCGTTGCATTCGAGACAACAGAGGCTGCTGAGGCGGCCGTTCAGGCTCTCAATGGCAAGGACATGGGAGAGGGCAAGTCCCTGTACGTG
GCTCGTGCCCAGAAGAAGGCCGAACGCCAGCAGGAGCTGAAGCGCAAGTTCGAGGAACTGAAGCAGAAGCGTCACGAGTCTGTGTTCGGCGTTAA
CTTGTACGTTAAGAACCTGGACGACACAATCGATGACGATCGTCTGCGCATCGCGTTCTCTCCATACGGCAACATCACATCGGCCAAGGTCATGA
CCGATGAGGAGGGTCGCTCCAAGGGATTCGGCTTCGTGTGCTTCAATGCCGCAAGCGAGGCTACCTGCGCCGTCACCGAGCTGAACGGTCGCGTC
GTCGGCAGTAAGCCGTTGTACGTTGCTTTGGCCCAAAGGAAGGAGGAGCGCAAGGCTCATCTCGCCTCGCAGTACATGCGTCACATGACCGGCAT
GCGTATGCAGCAGCTGGGACAGATCTACCAGCCCAACGCGGCTAGCGGCTTCTTTGTGCCGACCCTTCCGTCAAATCAGCGTTTCTTCGGTTCCC
AGGTGGCCACTCAGATGAGAAACACACCCCGCTGGGTGCCCCAGGTGCGTCCCCCAGCAGCCATACAGGGTGTCCAGGCCGGAGCTGCCGCTGCT
GGTGGCTTCCAGGGCACAGCCGGTGCGGTGCCCACTCAGTTCCGTTCGGCTGCTGCTGGCGCTCGCGGGGCACAGCCTCAGGTGCAGGGCACACA
TGCCGCCGCTGCTGCGGCTAACAACATGCGCAACACTGGAGCACGCGCTATTACTGGCCAGCAAACTGCAGCACCCAACATGCAGATCCCCGGAG
CCCAAATCGCTGGCGGTGCCCAGCAGCGTACTTCCAACTATAAGTACACCTCAAACATGCGCAATCCTCCAGTGCCACAGTTGCATCAGACCCAG
CCAATTCCACAGCAATTGCAAGGAAAGAATTCTGAGAAGCTCATTGCCTCGTTGCTGGCCAACGCCAAGCCGCAGGAGCAGAAACAGATCCTGGG
CGAGCGTCTGTATCCGATGATTGAGCATATGCACGCCAATTTGGCTGGTAAGATCACCGGCATGTTGTTGGAGATCGAAAACTCTGAGCTCTTGC
ACATGATCGAGGATCAGGAGGCCCTTAAGGCCAAGGTGGAGGAGGCTGTGGCCGTGCTTCAGGTGCACCGCGTCACCGAGCCCGCCAACTAAGCT
CGAACAGCTCAAGCGTATGAACATTTTACAAGAACACTTTACACCCAAAAATTTTCCACTAATCTTTCAATACATGAACAACAAAAATTCGCATT
CACTGATGCTTTGCGCAGGGGAGGATTGCCAAGGACACACAATTAACACAGAAAAACAAAGCGAAAAATCTACGGCTTTTTCTTTTCTAATCCCA
GAAACATCAACAAAAGCAATTTCAATCATTTAATTTCGAACGCATTTACGCAAGTACACGAAGCAAAAGAAGAAAGTCACGCAATCAAATTCTGC
AGTCCACTTATAAATTCTTTTTTTTTACATAAACATGTTAATTAAAAAAAAAAACGGAAAAATGTGAAATGAAAAAAATTTCGTTATTGCTTTAA
CTGGATCGATATTATTTTGTATGCGTATAATGAAAACACCAAAAAACCATTGCAAAATAAACAGATTAAAGCAAAGCATACATGTAAACCGCTTC
TTGCAAGTATTGAAATTGTGTTTTAAAAATTTTAAAGAAGTTTCTAGTGTTACATACATATTGAGTTTTTCGTACACTTTTTCCATCCACACTTT
CAAACAACAACAAACACGAAAGCGATATGTAATTTTTTTCAATTCTTTTTTCTCAAATTCAAACTTTAAGAAAGCTTTGTTTAGAAAAAGAAACG
CGACAACCATACACTTTTAAAAAAGCAAAGAAAAAACAAAAAAATTGCAAAAGAGTTAAAATAAAAACGAAAAAATGGAAAGCAAACTGTGCAGA

GAACAGAAGAATAGAAAGAAAGAAAGAAAAAGAAAACCGCAAGAATATGAGAGTCAAGTTTTTGCTACTTTGAAAAAAGAGAGAAAATACAGAAT
ACCAACAGCTGAAAAAATATGTTGACAAATGAAAACAAAACATAAATCGAAAAAACTACAAAAAAATGGCAAAACCTATGTAAAAACAGCAAA
(SEQ ID NO: 1202)

Start ATG: 183 (Reverse strand: CAT)

MASLYVGDLPQDVNESGLFDKFSSAGPVLSIRVCRDVITRRSLGYAYVNFQQPADAERALDTMNFDLVRNKPIRIMWSQRDPSLRRSGVGNVFIK
NLDRAIDNKAIYDTFSAFGNILSCKVATDEKGNSKGYGFVHFETEEAANTSIDKVNGMLLNGKKVYVGKFIPRKEREKELGEKAKLFTNVYVKNF
TEDFDDEKLKEFFEPYGKITSYKVMSKEDGKSKGFGFVAFETTEAAEAAVQALNGKDMGEGKSLYVARAQKKAERQQELKRKFEELKQKRHESVF
GVNLYVKNLDDTIDDDRLRIAFSPYGNITSAKVMTDEEGRSKGFGFVCFNAASEATCAVTELNGRVVGSKPLYVALAQRKEERKAHLASQYMRHM
TGMRMQQLGQIYQPNAASGFFVPTLPSNQRFFGSQVATQMRNTPRWVPQVRPPAAIQGVQAGAAAAGGFQGTAGAVPTQFRSAAAGARGAQPQVQ
GTHAAAAAANNMRNTGARAITGQQTAAPNMQIPGAQIAGGAQQRTSNYKYTSNMRNPPVPQLHQTQPIPQQLQGKNSEKLIASLLANAKPQEQKQ
ILGERLYPMIEHMHANLAGKITGMLLEIENSELLHMIEDQEALKAKVEEAVAVLQVHRVTEPAN*
(SEQ ID NO: 1203)

Classification: RNA_binding
Gene Symbol: pAbp
FlyBase ID: FBgn0003031

Celera Sequence No. : 142000013384665
ATCTCATCTCATATGAAAGCAATATCATATATGTATGTTAATATTAAATAGATATTAAACATAAAAATCCATCCCACCCACATTCCGCTGAAAAA
TGAAAACACTCGCTTTTGCCGAAGTGGAATTTTATTGTAATTAAATTTGTTGGGTGTACAAAGGTATGTTTTAAGGACTTTCTCTCTGCATTTAT
TACAATTTCTTCAAATGGTTTTAATTGCTGGGCTTTTGCTTCGAAGACGGGCAATCAAGTTTCAAGAATCCTATTTTCTTTAATCATACAAATTA
TGTTTTATTTCGCTTTAATATATAAGGATACATATATATATCTGCTATATATAGAAGTGTGTTGACTTGCGTATATTTCGTGAAAAGTAAAAGTT
TTCTTCTTCGCAATTTCCCTTGAACTAACATTCCAATTCGGGTTTTGGTTATGTTTTTTTTTTCTGTTTTACTCTCATTATTTTGTTTGTTTGTT
TTTTTTAAATAATTTTGCATTTTCTGCATACATGTGGTTTTGTGTTTTGCAATTTTTTCAATGATTTTTCCTTGGGTTTTTATTTGTTTTTAGTT
TTCGATTTGTTTAATAAAAAAATATGTATTTCACTGCCCAGAGCGAAAGCCATTTCTTACTTCCGCTTGCGTTAATATATCATTTTATGTATGTA
TGGTGTAAAAACATCATTTACTGGTAAAACTCTCGATATCCTTTGTAACAGAAATCGGAACGCAAATGAAATCGAGGCGACTTACCAGCTCCTTC
TCATTAAATACATATATGTTCTTGCAAATGTTTATAAATGTATGCATGTTTTTCCTTCTCTCGGATAATAGTGTAATCATAAAAATCCTGTCTGC
TTTTTTGTTGTTTATTAATATGCTTCATAAGTTGTTTACGCTTTAGCGCTTTTCATGTGTTTCTTGTATTTCTCATATATGTTGTGGTTGTTTAA
TATGTGTGTTGCTGTGTGTGTGTTTTTGTGTTTATATATATTATTTTTTTTTTGCTGTTTTTACATAGGTTTTGCCATTTTTTTGTAGTTTTTTC
GATTTATGTTTTGTTTTCATTTGTCAACATATTTTTTCAGCTGTTGGTATTCTGTATTTTCTCTCTTTTTTCAAAGTAGCAAAAACTTGACTCTC
ATATTCTTGCGGTTTTCTTTTTCTTTCTTTCTTTCTATTCTTCTGTTCTCTGCACAGTTTGCTTTCCATTTTTTCGTTTTTATTTTAACTCTTTT
GCAATTTTTTTGTTTTTTCTTTGCTTTTTTAAAAGTGTATGGTTGTCGCGTTTCTTTTTCTAAACAAAGCTTTCTTAAAGTTTGAATTTGAGAAA
AAAGAATTGAAAAAAATTACATATCGCTTTCGTGTTTGTTGTTGTTTGAAAGTGTGGATGGAAAAAGTGTACGAAAAACTCAATATGTATGTAAC
ACTAGAAACTTCTTTAAAATTTTTAAAACACAATTTCAATACTTGCAAGAAGCGGTTTACATGTATGCTTTGCTTTAATCTGTTTATTTTGCAAT
GGTTTTTTGGTGTTTTCATTATACGCATACAAAATAATATCGATCCAGTTAAAGCAATAACGAAATTTTTTTCATTTCACATTTTTCCGTTTTTT
TTTTTAATTAACATGTTTATGTAAAAAAAAAGAATTTATAAGTGGACTGCAGAATTTGATTGCGTGACTTTCTTCTTTTGCTTCGTGTACTTGCG
TAAATGCGTTCGAAATTAAATGATTGAAATTGCTTTTGTTGATGTTTCTGGGATTAGAAAAGAAAAAGCCGTAGATTTTTCGCTTTGTTTTTCTG
TGTTAATTGTGTGTCCTTGGCAATCCTCCCCTGCGCAAAGCATCAGTGAATGCGAATTTTTGTTGTTCATGTATTGAAAGATTAGTGGAAAACTG
CAAGGACAAAAGAGAGGCGAGTTTAGACAGCTTGAACTTTTCGGAAAATTTGTAGACTACTTACTTTTTGGGTGTAAAGTGTTCTTGTAAAATGT
TCATACGCTTGAGCTGTTCGAGCTTAGTTGGCGGGCTCGGTGACGCGGTGCACCTGAAGCACGGCCACAGCCTCCTCCACCTTGGCCTTAAGGGC
CTCCTGATCCTCGATCATGTGCAAGAGCTCAGAGTTTTCGATCTCCAACAACATGCCGGTGATCTTACCAGCCAAATTGGCGTGCATATGCTCAA
TCATCGGATACAGACGCTCGCCCAGGATCTGTTTCTGCTCCTGCGGCTTGGCGTTGGCCAGCAACGAGGCAATGAGCTTCTCAGAATCTGCAAGA
AAAATAGCAATGGTGCCATTAGTGACAAATTGTGCATATTTTCAGTCGACCTAAAACTTACTCTTTCCTTGCAATTGCTGTGGAATTGGCTGGGT
CTGATGCAACTGTGGCACTGGAGGATTGCGCATGTTTGAGGTGTACTTATAGTTGGAAGTACGCTGCTGGGCACCGCCAGCGATTTGGGCTCCGG
GGATCTGCATGTTGGGTGCTGCAGTTTGCTGGCCAGTAATAGCGCGTGCTCCAGTGTTGCGCATGTTGTTAGCCGCAGCAGCGGCGGCATGTGTG
CCCTGCACCTGAGGCTGTGCCCCGCGAGCGCCAGCAGCAGCCGAACGGAACTGAGTGGGCACCGCACCGGCTGTGCCCTGGAAGCCACCAGCAGC
GGCAGCTCCGGCCTGGACACCCTGTATGGCTGCTGGGGGACGCACCTGGGGCACCCAGCGGGGTGTGTTTCTCATCTGAGTGGCCACCTGGGAAC
CGAAGAAACGCTGATTTGACGGAAGGGTCGGCACAAAGAAGCCGCTAGCCGCGTTGGGCTGGTAGATCTGTCCCAGCTGCTGCATACGCATGCCG
GTCATGTGACGCATGTACTGCGAGGCGAGATGAGCCTTGCGCTCCTCCTTCCTTTGGGCCAAAGCAACGTACAACGGCTTACTGCCGACGACGCG
ACCGTTCAGCTCGGTGACGGCGCAGGTAGCCTCGCTTGCGGCATTGAAGCACACGAAGCCGAATCCCTTGGAGCGACCCTCCTCATCGGTCATGA
CCTTGGCCGATGTGATGTTGCCGTATGGAGAGAACGCGATGCGCAGACGATCGTCATCGATTGTGTCGTCCAGGTTCTTAACGTACAAGTTAACG
CCGAACACAGACTCGTGACGCTTCTGCTTCAGTTCCTCGAACTTGCGCTTCAGCTCCTGCTGGCGTTCGGCCTTCTTCTGGGCACGAGCCACGTA
CAGGGACTTGCCCTCTCCCATGTCCTTGCCATTGAGAGCCTGAACGGCCGCCTCAGCAGCCTCTGTTGTCTCGAATGCAACGAATCCGAAGCCCT
TGCTCTTGCCATCCTCCTTGGACATGACCTTGTAGCTGGTTATCTTGCCGTAGGGCTCAAAGAATTCCTTCAGTTTTTCATCGTCGAAATCCTCA
GTGAAGTTCTTCACATATACATTGGTGAAGAGCTTAGCCTTCTCGCCCAGCTCCTTCTCGCGCTCCTTGCGCGGGATGAACTTACCCACGTAGAC
CTTCTTGCCGTTGAGCAACATGCCATTGACTTTGTCGATGGACGTGTTTGCGGCCTCCTCGGTCTCGAAGTGGACGAATCCATAGCCCTTTGAGT
TGCCCTTTTCATCGGTGGCTACCTTGCAGCTTAAAATGTTGCCGAAGGCGGAGAAAGTGTCGTAGATTGCCTTGTTGTCGATGGCCCTATCTAAG
TTCTTGATGAACACGTTGCCCACACCTGAGCGACGAAGAGAAGGATCACGCTGAGACCACATAATGCGAATGGGCTTGTTGCGAACCAGGTCAAA
GTTCATGGTGTCCAAAGCACGCTCAGCTGTTGATGAAAATCGGGAAAACATTTGGTTACTACCGACACGATTTGGGTATATCAAGATCATTATAA
GTTGAAGGGGCTTAAATAACAATGTGACTCTTCAACTTCTGCACTGGCCATGAGCAAAAGCAGCGCAGTGCATGGTAAGTCAAGTCTGATCTTTT
ATCTGGCAACTATGAATCTTAGTCGTGTCAAAAAGGGTTGAATCTGACCAACCAATGGGTAGGAGTTGCTAGATGTCTAAATACAAGGACAATCT
TATCAGTCTAATCATGTGATACATTGAGTGTTTGTTATGCAGATGGTATGCAAAACCCATCAGCATGGTAAGTCGCATTGCTTTCTCTGGCAACT
ATGAATCTTAGTCGTGTCAAAATGGGTTAAATCTGACCAACCAATGGGTAGAAGTTGCTAGAAGCTTAGATAAGAAAGGGCATAATCCTTCGAGT
CTAATCATATGATGTATTATTTAGTGTTTGTTATGCTTCTACTTCTGTGGATGGCATAGATCAGCCATCTACATGGTAAGTTGCATTGCTTTCTC
TGGCAACATTGAATCTTAGTCGTGTCAAAAAGAGATAAATCTGACCAACCAATGGGTAGGAGTTGCGAGATATGAATCGAAAAAAGAAAAACATT
TAGGGTGTTACTAGTCTAGAACGAGATGGTATCATTTTTGAAAGGTCTGTTTTTTCCAACCTAACCTTAACAGCTAGAGTTCAAGAAACTTGCTGG
AATGCGACAGACTTTCACACGCAGCGTAATCATCACCAACCGCCAGCTTTGTGCCATTGTGCGCTTAATTGAATAAACAAATGTAAGCGAACAAC
GGGAATCGAAGAAGCACCAACTATGCGCAGTGAAAGTTTTGTTTTCGTTTTTTGTAAAAACAAGATTTTGATGGTTAAAAGAGAGGCCGAAAAGC

Celera Confidential

AGTTCACTGACATGTCAAGAATTTGGAAGTGTTGATGGATGGAATGCGGAGAGTATGGAAGATATGAGAAAGTGAAAGCAAAACAAAAGTTGGAG
GCAGTACGAAAACTAAAGAGCGAACGTGCGGAAACTCAGTTAATGGAATATAACCTAAAATAGATGAAGGCCAAAAAGAAATGGTCCAAACAACA
ATGAACACATGTTTTTGCGCGTCGGCGTGTGCGTGCGCGCAAGTTTGCCGCTTGGAAACAACACACATCACACGAATAAAACGAGAAGAACGGGC
AAGGAAACAATGAAACCACCAATGGGCGGGGCTGCGATAAGCAGTTTGGGCAGTATGGAACCATATTATTCCATCATAATTGCAATTTTGTGCGA
AATTGAGACGGAAATTTCTAGGCGAACAGTTGATGAGTGCCACGAGCCAGCTGTTTAGCCCCCATCATCCCCCCGCACAAATCGTATACATCCAG
AATAACTGGAACTGATATAATCATGTGTGTGTGTGTACACACTGGCGGGAATTGAGTGCGTGTGTGTGTGCGCGACGAGATTAACGTAAGCAGTG
CACTGTGGAACAAGTTATGAAACACTTGGAAGCCGTTTATCTGGTCTCCTATGAAAGACATCTTTCAATAAAGTCCAGTTTGGACTTGCGTTTAG
CCCCACTGTATGACATGCGCTAGTGTGCGTGCGTGTGTGAGTAAGCGAGTGCAAAACTGCACACGTGTTTTCTTTGTTTCGCGCGGAAGGGGGCT
ACTTTTGCGGGCAGTAAGACTAAAAAAATTACACTACTTTTGCGGGGATTACTCACCATCGGCTGGCTGCTGGAAGTTGACGTAGGCATAGCCCA
ACGAGCGACGGGTAATCACATCGCGGCAGACACGAATGGACAGCACTGGACCAGCAGACGAGAACTTGTCAAAAAGTCCCGATTCGTTGACGTCC
TGTGGGAGATCACCGACGTATAGAGAAGCCATATTTGGTGATCAGGTCTACCTGCAATTTTTAACAATTAATTTCCACTTTTTTGACACTGAATT
TTGGGTTTTTTCTTAATCTTTACGGACCGGATGGATTCGACCAGGCAGGCGGTGAAATAGAAAGAAAAAAAGCGGCGTGGCTTTCGGTCTTCTAT
TCGTCTCTCTGTCTGTGTGTCTGGGTGGCAACACTGGTACATGTGACAGTCGGTAGACATGGCAACGTTGGCATTTGCTTTGTTGTTGCTCTTTG
CTCTCCCCTTTTATTTCTCTTCGTGTTGGAAAATTTCCACACAGACACAAAGATAGACACGCGTTTGCCTGATCGAATTTTGGGGAATTCTTTGA
TTTTCTCGAAAATATGCGACAACTAGTTCCTAGACCACTATTTTGCGGGCAATCTGGCGTTTATAGACGCCATCTTTGAGCGAAGAACGACCGCA
AACAAAGCAAATTTCGATGGGAAAGGAAAATTTCCCTATTCGCTTTGTCGTGCGTTGCGCCCTCTCACTCTCTACACCATTGTAACCAATAGCTT
TACACTGTACTTACTTCTCAAACACGCTCGATTTTTTTTGCTACTTTTTACAATTTTTTTTGTTACGTTTTTGTGTTTTAATATTTTTTTTTATT
TTTTATATGTTTTTTCTTCACAAAAAATATGTGATAAGCCGTGTGCTGAAAGCGAATCCACGACCGCTCACGTAAACGGACTCTACACGACTCAT
AGAGAGGAGATTCGTTAGCGATGACCCCACAAAGTATCGATTAAATCCCACTGCACAATGCTGCCACATAGGGTTAGAGACAAATAAATGTCACT
AAAAAATCCGTGAGGACAATTTACTAATTACGAAGCATTATTTTGAATTTCAAAAAAGCCAGCCATCACACATAAAAAATTTTTATATTTAGCTA
ATTCCCGAAACATGAAATACTTGTGCATTTTCAGGGGTTCTTTGGTAACTCTGCTTCATTTATGTTCTGATATTTTCGCCAATGTCCTTGAATAC
TTTGTCTCATAAAACACAATCCAAAATTAGGAATGCAGTTTTTTTTTCTTTTAAAAATGAGCGTAGACTTTTAGAAAATGATTTTTTGGCACTGC
ACAGATATTAGCGTATGCTCCGAAAACCGAATCCCATCTTTGTAATTCCCCACTGTGCGAACTTACCTAAATCAGAGAATAAAGCGATGAGGCTG
CAAGTCGACACTCCGAGAAGTGCTTGAGTACTTCTTTTCGTTCTCGATGGAAATCGGCACTACAGAGATTGAAGAATTTTTTAAGTTTTTTTTTT
GTGTTTTTGTTTTTACGAAATAGACCACATTCAAGGATGGCTGAGGATAATTTTTTTTTTCTTTTTCCCGTTTTGAACGTCTGGTGCATGTGCCC
TATCTGGCGATCGAGTACCTAATGAAGCGGTGTGAGGCGTCGGTGCCTGACAAGCTTCAAAGCGAAGTGTCACTTTGGGCGCCTACTGGCGTGTC
CTGAGTAAAATCTTAAAAGATTTGACATTTCGGAAACATTTATTTGGGCATTATATACTTCATTAAACATATTTCGATCTGGTTTGGCCAAACAT
TTACTTGGCTTGAGAATTAGTTTGCTTTCAACTCAATTTTGATTTTTCGTAGCATTTAATAGTTAAACATAAAACGTACTGGCTTAATTCATTAT
TGTGTAGTTTTGCCTAGACTATGGGTGAAAATTATTGAACTAGTCCTACATTTTATTAAATTTGTGTGTATGTATATCAATTGTTTTTTTT
TTGTATGCATGACATGATTTGTGAGTTTTCCCATTTGAAGGTATATTTTTCAAAAACATACATGGGCGTGGCGTATCGCTAAAGTACAGTACTGA
ACTTAACTGAATTGTTCTCATTATTTAATACGTTTTCATTCATCAGCGAATTTTACATAGGCTTCCAGATTAATCTTGTAATACTTTTACCAATT
TTGTGAAAACTTATTTATGTTCTGCTGCAACACTTAACTGCCATTGCACAATTATAACCTGTATTCAGTTGCTTTTTGCTTTTTTTTCGTTTTTT
TTTTTTACAATTTAACATTTTATCGCTTTAATGCTGAACCAATATTTTGAACAATCTTTTTCTATTTTGGCAGTGGGTTGGTAATAAACTTTTAA
ACATTAACAAATAAAGAGGCCCGTAGTTGGCAGCGTTCATTAATACATAATAACGAAAAGAAATGATAATGGAAATGAAGAATATAAAATTCATA
ATGAGTCGGTATGCCAAAGGGTTCAATTTCCAAGCAATCCAATCGCCGTTGTCGCTGTATCTCCGCCCCACTCCACCAGGTACTGGACCTGTCCA
TTTCCCATGCGCCGCTTGGCCCGAATGGCAAAGGGCTCACCAGCATCTATGCGATTC
(SEQ ID NO: 1204)

Exon: 7132..6907
Exon: 5751..5567
Exon: 3826..2342
Exon: 2272..1965
Exon: 1897..1001
Start ATG: 5732 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT39088
CCAGATAGGGCACATGCACCAGACGTTCAAAACGGGAAAAAGAAAAAAAAAATTATCCTCAGCCATCCTTGAATGTGGTCTATTTCGTAAAAACA
AAAACACAAAAAAAAAACTTAAAAAATTCTTCAATCTCTGTAGTGCCGATTTCCATCGAGAACGAAAAGAAGTACTCAAGCACTTCTCGGAGTGT
CGACTTGCAGCCTCATCGCTTTATTCTCTGATTTAGGTAGACCTGATCACCAAATATGGCTTCTCTATACGTCGGTGATCTCCCACAGGACGTCA
ACGAATCGGGACTTTTTGACAAGTTCTCGTCTGCTGGTCCAGTGCTGTCCATTCGTGTCTGCCGCGATGTGATTACCCGTCGCTCGTTGGGCTAT
GCCTACGTCAACTTCCAGCAGCCAGCCGATGCTGAGCGTGCTTTGGACACCATGAACTTTGACCTGGTTCGCAACAAGCCCATTCGCATTATGTG
GTCTCAGCGTGATCCTTCTCTTCGTCGCTCAGGTGTGGGCAACGTGTTCATCAAGAACTTAGATAGGGCCATCGACAACAAGGCAATCTACGACA
CTTTCTCCGCCTTCGGCAACATTTTAAGCTGCAAGGTAGCCACCGATGAAAAGGGCAACTCAAAGGGCTATGGATTCGTCCACTTCGAGACCGAG
GAGGCCGCAAACACGTCCATCGACAAAGTCAATGGCATGTTGCTCAACGGCAAGAAGGTCTACGTGGGTAAGTTCATCCCGCGCAAGGAGCGCGA
GAAGGAGCTGGGCGAGAAGGCTAAGCTCTTCACCAATGTATATGTGAAGAACTTCACTGAGGATTTCGACGATGAAAAACTGAAGGAATTCTTTG
AGCCCTACGGCAAGATAACCAGCTACAAGGTCATGTCCAAGGAGGATGGCAAGAGCAAGGGCTTCGGATTCGTTGCATTCGAGACAACAGAGGCT
GCTGAGGCGGCCGTTCAGGCTCTCAATGGCAAGGACATGGGAGAGGGCAAGTCCCTGTACGTGGCTCGTGCCCAGAAGAAGGCCGAACGCCAGCA
GGAGCTGAAGCGCAAGTTCGAGGAACTGAAGCAGAAGCGTCACGAGTCTGTGTTCGGCGTTAACTTGTACGTTAAGAACCTGGACGACACAATCG
ATGACGATCGTCTGCGCATCGCGTTCTCTCCATACGGCAACATCACATCGGCCAAGGTCATGACCGATGAGGAGGGTCGCTCCAAGGGATTCGGC
TTCGTGTGCTTCAATGCCGCAAGCGAGGCTACCTGCGCCGTCACCGAGCTGAACGGTCGCGTCGTCGGCAGTAAGCCGTTGTACGTTGCTTTGGC
CCAAAGGAAGGAGGAGCGCAAGGCTCATCTCGCCTCGCAGTACATGCGTCACATGACCGGCATGCGTATGCAGCAGCTGGGACAGATCTACCAGC
CCAACGCGGCTAGCGGCTTCTTTGTGCCGACCCTTCCGTCAAATCAGCGTTTCTTCGGTTCCCAGGTGGCCACTCAGATGAGAAACACACCCCGC
TGGGTGCCCCAGGTGCGTCCCCCAGCAGCCATACAGGGTGTCCAGGCCGGAGCTGCCGCTGCTGGTGGCTTCCAGGGCACAGCCGGTGCGGTGCC
CACTCAGTTCCGTTCGGCTGCTGCTGGCGCTCGCGGGGCACAGCCTCAGGTGCAGGGCACACATGCCGCCGCTGCTGCGGCTAACAACATGCGCA
ACACTGGAGCACGCGCTATTACTGGCCAGCAAACTGCAGCACCCAACATGCAGATCCCCGGAGCCCAAATCGCTGGCGGTGCCCAGCAGCGTACT
TCCAACTATAAGTACACCTCAAACATGCGCAATCCTCCAGTGCCACAGTTGCATCAGACCCAGCCAATTCCACAGCAATTGCAAGGAAAGAATTC
TGAGAAGCTCATTGCCTCGTTGCTGGCCAACGCCAAGCCGCAGGAGCAGAAACAGATCCTGGGCGAGCGTCTGTATCCGATGATTGAGCATATGC
ACGCCAATTTGGCTGGTAAGATCACCGGCATGTTGTTGGAGATCGAAAACTCTGAGCTCTTGCACATGATCGAGGATCAGGAGGCCCTTAAGGCC
AAGGTGGAGGAGGCTGTGGCCGTGCTTCAGGTGCACCGCGTCACCGAGCCCGCCAACTAAGCTCGAACAGCTCAAGCGTATGAACATTTTACAAG
AACACTTTACACCCAAAAATTTTCCACTAATCTTTCAATACATGAACAACAAAAATTCGCATTCACTGATGCTTTGCGCAGGGGAGGATTGCCAA
GGACACACAATTAACACAGAAAAACAAAGCGAAAAATCTACGGCTTTTTCTTTTCTAATCCCAGAAACATCAACAAAAGCAATTTCAATCATTTA

ATTTCGAACGCATTTACGCAAGTACACGAAGCAAAAGAAGAAAGTCACGCAATCAAATTCTGCAGTCCACTTATAAATTCTTTTTTTTTACATAA
ACATGTTAATTAAAAAAAAAAACGGAAAAATGTGAAATGAAAAAAATTTCGTTATTGCTTTAACTGGATCGATATTATTTTGTATGCGTATAATG
AAAACACCAAAAAACCATTGCAAAATAAACAGATTAAAGCAAAGCATACATGTAAACCGCTTCTTGCAAGTATTGAAATTGTGTTTTAAAAATTT
TAAAGAAGTTTCTAGTGTTACATACATATTGAGTTTTTCGTACACTTTTTCCATCCACACTTTCAAACAACAACAAACACGAAAGCGATATGTAA
TTTTTTTCAATTCTTTTTTCTCAAATTCAAACTTTAAGAAAGCTTTGTTTAGAAAAAGAAACGCGACAACCATACACTTTTAAAAAAGCAAAGAA
AAAACAAAAAAATTGCAAAAGAGTTAAAATAAAAACGAAAAAATGGAAAGCAAACTGTGCAGAGAACAGAAGAATAGAAAGAAAGAAAGAAAAG
AAAACCGCAAGAATATGAGAGTCAAGTTTTTGCTACTTTGAAAAAAGAGAGAAAATACAGAATACCAACAGCTGAAAAAATATGTTGACAAATGA
AAACAAAACATAAATCGAAAAAACTACAAAAAAATGGCAAAACCTATGTAAAAACAGCAAA
(SEQ ID NO: 1205)

Start ATG: 246 (Reverse strand: CAT)

MASLYVGDLPQDVNESGLFDKFSSAGPVLSIRVCRDVITRRSLGYAYVNFQQPADAERALDTMNFDLVRNKPIRIMWSQRDPSLRRSGVGNVFIK
NLDRAIDNKAIYDTFSAFGNILSCKVATDEKGNSKGYGFVHFETEEAANTSIDKVNGMLLNGKKVYVGKFIPRKEREKELGEKAKLFTNVYVKNF
TEDFDDEKLKEFFEPYGKITSYKVMSKEDGKSKGFGFVAFETTEAAEAAVQALNGKDMGEGKSLYVARAQKKAERQQELKRKFEELKQKRHESVF
GVNLYVKNLDDTIDDDRLRIAFSPYGNITSAKVMTDEEGRSKGFGFVCFNAASEATCAVTELNGRVVGSKPLYVALAQRKEERKAHLASQYMRHM
TGMRMQQLGQIYQPNAASGFFVPTLPSNQRFFGSQVATQMRNTPRWVPQVRPPAAIQGVQAGAAAAGGFQGTAGAVPTQFRSAAAGARGAQPQVQ
GTHAAAAAANNMRNTGARAITGQQTAAPNMQIPGAQIAGGAQQRTSNYKYTSNMRNPPVPQLHQTQPIPQQLQGKNSEKLIASLLANAKPQEQKQ
ILGERLYPMIEHMHANLAGKITGMLLEIENSELLHMIEDQEALKAKVEEAVAVLQVHRVTEPAN*
(SEQ ID NO: 1206)

Classification: RNA_binding
Gene Symbol: pAbp
FlyBase ID: FBgn0003031

Celera Sequence No. : 142000013384010
TTTTGGTTACTTGAAACGCTAAGACTGAAATGGCTTGTTATGGAGAAGAAAACACGTCCTGCAATACATTATATAATAAAAAGAACCCAGCAATT
TTCGCATCACCACATTACAGACAACAAAGTACTTTGTCCTCATCGTTCTGTGTGATCCAGATCCCCGACTATATATGATATACACCCTAGCTAG
ATTTAAGCGATTTGTACATACAGAAGCAAAAGCAAAACAATATACCAGAAAATTGCCTGTTAAATACATTTATATACACATATGAATTTAGTTAT
ATCACGATGACTAGTTTTTAGTTCTTAGAGGTTATTTAGTTAGTAAGGAGCCCAACTGACGTAACGTGAATAAATCAACTATATATGTGCCCATA
TATAAAGCGTACTATTTAATTATTTAGTTTTTACTGGACTTATGACACAACGAGCCACTGTAATGTCTTATTCAGCTCAATGCTCATAAACAAAA
TAAATATTTTTGGAAAAAATACTGTAGTTCTTCTTATTTAGCCAAGACGTCCAAACCTTTTTTTAATAAATTTAATTGAGATGAAGATTTGCATT
CGAATTCTATAGAAGCATCAAACAAATATTACAACAGTATCGAGTGGGTTATTAAAAATTAAATATGTAAAAATCGCTCATTGTGTTAAAATATT
AATTATAATAGATTAGCTCAAACATCTTAAATCGACATTTTGTGCAACACATAAAAATTCTCGCAGACAATTGGCAGCTGATTACGATTAAACAA
AACCGAAATTAGCCGTTTTCCTTTAAAGCAATCAGCATTCGTGATCTCTTGTTTGGTTACCTCACAATGCTAGTTAGTTATAGCGCCATAAAACC
CCATTTTCAATGTCAGGGAAATCATAAGGTCATAAGGTTATCCCCACGATCGTTCTAATGTGATCACAGCCACAATCTATAATAACCAGTTCCCA
ATAGATAGACAAGATTAGAAAACGCAGCTTGGTAGAGTTTTTTATATTTTATAATTTAATTTATTCAGAGTGCTTTCTTGGGTATCGGGTCAGAC
AATTGAAACAGCATTAATATCATATTCGCATGTGTGGCCTGTGGGGGCAGCGGAGAGGAGATAACAAGGGGCTGGCCATCAAAGGTACAACATAC
GGACATACTTTCCAGCGAAAGCTAGACACACATAGGATTAAATATAGCACATAGTATAACAGAATATATATGGAATTGAATACTTTGAACTTGAG
TGTAGCTTAGTTTCGTACGATAGAATGTTTGGCTTTTAAAGTTAGAAAGATGTGTTTATAAAAAAGTGTGTATAAGTGCTGTGTTAGAGAAATGC
GTAAAGTGTTGTTTTGGAATGTACATGTGCAATGGCACACACGCAACATTAATGTATTCTTGCTGAGAAACAAGTATAAAGCATTTTCGCTATAC
TGAAACCGAAATTCGTTAGAAAGTAAAAGTATGTTGCTCCTGTGTCTGCCCACAATCGCTCCAACTAGTGAACTCTGTCCTTAAGGTAACCAATT
GGACTAGCCCACTTAATGCTGCTTGGCCTTCAGGCTAGCTGGCATCTCTGGTGGTGGTGGGCGGGGAATGCCCAGGGCGACCTTCACACCATCGT
AGATGAACCACTGCAGAGCGGTCAGGGTACCGATCATGATAATACGAGGAGTCAATCCGTTCCACATGCCACTGAAGCCCAGCGACTTGGCCACG
CTGATGGCGCTAGCTCCCTTGGCCTGGTTCAGCTTGGACACCACCACATCAGCGGGATGCGACACCACGGCACAGAACACACCGGCGATGTAGCC
AGCGGCGAAGGTCACGATCAGCTGCTCGCCCTTGGTGCAGTCGGCACGAGGCTTGGGCACCACATACCTGGGAAAAGTTGCATCATTAGTATTGA
TTTAACGGGGTTCGTTGGGGCTTGACAACCCGAACTGTGAACGGTATTGCTCTAGTTTTTACATTTGAACTTTCAGTGGCTACCTGCTAATTTGC
ACTTCAAAAGGAATGCTTTGCTTTTTTTATTTTATCCATAGTAACAAACTAGTTCTGAAATAATATGATTTTCCTATATTTGAACAAGATAAGCA
TTCGTCGTTGGTTTTTATTCTGGCGTGCCATTTATTAGATACGAATGGCATTCTTATCTGCTGACGCGCTAAAAGTTTATTTTATTATGAATACT
TTCAGTTTTGATCAATTAGCATATCACTTTTGAAATTTCACAGATTAACAGTCTACCTTTAAACTATTGTAATAGCAAAACGCTAATACGAATAC
AGATATTGTGCACAGCACTGGTAAGTTTTTCCGCTGTAGAAACTAGAGGATACCTAAAGAGGAAATGTTACTTACTTGTAGAGCAGCTCCACGGT
GCGCTCGAAGCAAGCGAACTTCATCATGGTGTATGGGATCTGTCGCATCCACAGGGGAACCAGACCCTTGTAGAAGGCATTGACGCCCTCCTCCT
TTAGCATCTTGGGCACTGCCTCGCGGAAGTTGTTGGCGTATCCGGGAATAGTCTGGATCTTCACCTTGGCGGCCTCGAACGGCGCCAGAGCGATA
TCGGCGAAGAACTCGGCCGAAGCGGAAGCAGCCAGATACAAGGAGGTGCGGTACAGGTAGGCGTTCTCCTCGCCAATGATTTCGGCGTACTTCAC
CTTGAACAACTCGTACAGACCGAACTTGCACAGACCCTGAAAGATACAGAAACGCGGATTAGCCTGCTGTTTCTCAGAAGTTATTTTTCAGTTTG
CAGTAGTATCCAAGATTTTATCTTCGGTATCTGTTTCTCCCGTAACCATAAAGTTGTCAAAGGTGTGTTGTTATTCTGAGGTATACTAAGATATC
AGCCTAGGAATCAAACTTCCTAATGTTCGATTCGAATCACTTTTATCTGCTTCAAGCCCGGAACCGATGTAATTAAGGTCAGCCGACCTGGTCAC
GAGCATATAATTCGCCTCCAGACGATTATGCAACCCATAAAGTGAAGCCCAATCTCACCTGTGCCGAGTAGCCGAGCAGAGTGGGGAACCAGCCC
TTAGCCAGTCCGCGGGCGCCCTCCTCCGCCACGGTGACCTTGAATCCGTGCACCAGATTCTTGTACTTGGCCTGGTCGACCTGCAGACGGCACTT
CACCAGATCCAGTGGGACCACGAAGGTGTGGGTGGTGCCGCAGCTGAGAATGCCACCAATTCCGCACAGAGCGAAGTACTTGGTGCTGCCGAATT
CGCACGAATCCTGCTGGTTGGCCACCGGGGTAGCGGCGGCGGCGATCTGGCGACCCTCAACCGGCTGGGGTTCCACCACTGGGGCGGCGGCATCG
CATCTTGCCATCGACATGGGGGTGCGGAATGGCGAGTTCCGGGCAGTTTCAAAGAAGCTGGAGAACATCTTGATTCTGTTCTTGTTCTGGGGTCG
GCTGAAAGTAGAGAGACCATCCATTAGTTACGTATATATGTACCTCGGAGGCGACATGTGCTTTATCTAATTATATATATAGCTGGGTAATCAGC
TGCTTTTCGCTTTTGTAGGTTACATAACGGCGTGCCTCGAATTCCGAGCACCCGGACTTACGACACCAAATTTACCCGAAAAGCGAAGGATTTTA
AGCAACCACGTAAATTTAGTGTATGTTAAGGGAGCGATAGAGCACCGCTCGGCTACTTTGATTTCGATTTTACAAAACTTATGCAATTTTCGCTC
GGAATTTTCGCACTTACTATTCGTCAGCAACGTTAGCGGCTCGTTGGCGAGGATTCAAAGAATGAGGGGGGGCTCACGGAGGTGCAGCGATTTCT
CACGAATACCAAAACGCCTTAATGGTTTTGCCGTGGAGAGGTGTAACTAGCGGATTGAGGATAGTTGGCCACACTCATGTCAAAATCTTCGGCTA
TGGACTGCAACCTTGGTGCAAAACTTTGGTGGCGCCTGAGCGTGGACTCGAACCATCTGCATACGAGGTATCAGGTGAGATTATTTTAATGCCAT
TGCCTTCGTTGTGAATAAAATATTAATTATTAATATTAATTTCATATTGATAACATTAGTTGTAAATATTTTGAAAAAATAATAAATTCATTTGT
AAAATCCTCATATTTTTGCATAGTATTTGTGATTTGTTTTCTATTTTTACACAATAAAACAAATTTTAATCTAAAGCTTTATTGTATTTAGAACT

CTCTGTAAAATATATAACAATTTTCAATTATATGTACATTTTAAATTTATAAGTTATAGCCCCATGGTAAAACTGGATAATTTTATGAGTAAATA
TGTGAAAATAAAGTTCTGCCATGATTTCACATGGGGTTGGCCCAATCCTTCACTTTTTACGCACGGACAGGAAATTAGGCCTTTGTATTCCATTT
TATATTTCACTCTGCAAGTGAAGCAAAATTCACCCTGGTGATCTTCAGTTAATAAGATTTGACAACCGATTTCTGGTGACCAAACGCAGCAGACT
TTGGCATTCATAGTATCTGTAAAATTAAAAAATTAGTCTTTTATTACTATTCAAATGCTTCTTATACCGATATGCAGTCCGGGTGGAACGCAAAC
ACCCTCTTTATTGGTTGTTTTTGGGAATTCACCTTGTAGACGACCCAATCGCCTATAAAAGTTTCCTTCATAACAACTGAATCCTGTCTCTTTAA
TCCGACACATTTCCGTATTTTCCTTCCTACAATCTAAGCATCTC
(SEQ ID NO: 1207)

Exon: 3699..3591
Exon: 3421..3004
Exon: 2696..2356
Exon: 1872..1001
Start ATG: 3393 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT39178
AAATTGCATAAGTTTTGTAAAATCGAAATCAAAGTAGCCGAGCGGTGCTCTATCGCTCCCTTAACATACACTAAATTTACGTGGTTGCTTAAAAT
CCTTCGCTTTTCGGCCGACCCCAGAACAAGAACAGAATCAAGATGTTCTCCAGCTTCTTTGAAACTGCCCGGAACTCGCCATTCCGCACCCCCAT
GTCGATGGCAAGATGCGATGCCGCCGCCCCAGTGGTGGAACCCCAGCCGGTTGAGGGTCGCCAGATCGCCGCCGCCGCTACCCCGGTGGCCAACC
AGCAGGATTCGTGCGAATTCGGCAGCACCAAGTACTTCGCTCTGTGCGGAATTGGTGGCATTCTCAGCTGCGGCACCACCCACACCTTCGTGGTC
CCACTGGATCTGGTGAAGTGCCGTCTGCAGGTCGACCAGGCCAAGTACAAGAATCTGGTGCACGGATTCAAGGTCACCGTGGCGGAGGAGGGCGC
CCGCGGACTGGCTAAGGGCTGGTTCCCCACTCTGCTCGGCTACTCGGCACAGGGTCTGTGCAAGTTCGGTCTGTACGAGTTGTTCAAGGTGAAGT
ACGCCGAAATCATTGGCGAGGAGAACGCCTACCTGTACCGCACCTCCTTGTATCTGGCTGCTTCCGCTTCGGCCGAGTTCTTCGCCGATATCGCT
CTGGCGCCGTTCGAGGCCGCCAAGGTGAAGATCCAGACTATTCCCGGATACGCCAACAACTTCCGCGAGGCAGTGCCCAAGATGCTAAAGGAGGA
GGGCGTCAATGCCTTCTACAAGGGTCTGGTTCCCCTGTGGATGCGACAGATCCCATACACCATGATGAAGTTCGCTTGCTTCGAGCGCACCGTGG
AGCTGCTCTACAAGTATGTGGTGCCCAAGCCTCGTGCCGACTGCACCAAGGGCGAGCAGCTGATCGTGACCTTCGCCGCTGGCTACATCGCCGGT
GTGTTCTGTGCCGTGGTGTCGCATCCCGCTGATGTGGTGGTGTCCAAGCTGAACCAGGCCAAGGGAGCTAGCGCCATCAGCGTGGCCAAGTCGCT
GGGCTTCAGTGGCATGTGGAACGGATTGACTCCTCGTATTATCATGATCGGTACCCTGACCGCTCTGCAGTGGTTCATCTACGATGGTGTGAAGG
TCGCCCTGGGCATTCCCCGCCCACCACCACCAGAGATGCCAGCTAGCCTGAAGGCCAAGCAGCATTAAGTGGGCTAGTCCAATTGGTTACCTTAA
GGACAGAGTTCACTAGTTGGAGCGATTGTGGGCAGACACAGGAGCAACATACTTTTACTTTCTAACGAAATTCGGTTTCAGTATAGCGAAAATGC
TTTATACTTGTTTCTCAGCAAGAATACATTAATGTTGCGTGTGTGCCATTGCACATGTACATTCCAAAACAACACTTTACGCATTTCTCTAACAC
AGCACTTATACACACTTTTTTATAAACACATCTTTCTAACTTTAAAAGCCAAACATTCTATCGTACGAAACTAAGCTACACTCAAGTTCAAAGTA
TTCAATTCCATATATATTCTGTTATACTATGTGCTATATTTAATCCTATGTGTGTCTAGCTTTCGCTGGAAAGTATGTCCGTATGTTGTACCTTT
GATGGCCAGCCCCTTGTTATCTCCTCTCCGCTGCCCCCACAGGCCACACATGCGAATATGATATTAATGCTGTTTCAATTGTCTGACCCGATACC
CAAGAAAGCACTCTGAATAAATTAAATTAT
(SEQ ID NO: 1208)

Start ATG: 138 (Reverse strand: CAT)

MFSSFFETARNSPFRTPMSMARCDAAAPVVEPQPVEGRQIAAAATPVANQQDSCEFGSTKYFALCGIGGILSCGTTHTFVVPLDLVKCRLQVDQA
KYKNLVHGFKVTVAEEGARGLAKGWFPTLLGYSAQGLCKFGLYELFKVKYAEIIGEENAYLYRTSLYLAASASAEFFADIALAPFEAAKVKIQTI
PGYANNFREAVPKMLKEEGVNAFYKGLVPLWMRQIPYTMMKFACFERTVELLYKYVVPKPRADCTKGEQLIVTFAAGYIAGVFCAVVSHPADVVV
SKLNQAKGASAISVAKSLGFSGMWNGLTPRIIMIGTLTALQWFIYDGVKVALGIPRPPPPEMPASLKAKQH*
(SEQ ID NO: 1209)

Name: mitochondrial carrier protein; phosphate carrier
Classification: transporter
Gene Symbol: Mpcp
FlyBase ID: FBgn0026409

Celera Sequence No. : 142000013384645
ACTCATTGATTCATTCTTATGTTTGTTATTTTGTTATTAAATTCCAATTGATGATGCCAGTGTCTAAATAAAAACGAAGACCTAATTTTCAACCA
AAAATCAGGTTTTCTGGGCTTGTCCGTATTAAACATTTTTGATAATTATTTATAATATATTGTTATTTTTTGCTGGCTTCAAAACATCAACAAAT
TGTGTATGATAAATGACGATGACGTTGTTGTTGATGGCGATCGCGCTGTGGGAATCAGATGAAATGTCAATTAAGTTTGCATTTATATCTTTGAT
TGAAGCTCTAAGATTTGCTTTGCCATTTTATGCGGAAGTTAAGCTCGGTCAGTTCTTGAAAAAGTTCCCATGGGAGCAAGTTATTTGTTTTTTGA
CAATAAGAAGCGTTTATTTAAAATGGCTTATTATGGCCTCAATGATTCCTAATAGGCGTAACTTACTGGTTATAAACTTGTTTAATATCGTTTCA
TTTTAAACCTGGATGACAGAAAATGAATTTCGGTTCAAATACAAATATTACAATAGAAAGTATGATATTTAGCTCCGATAAACATTTAACAATTT
TAGTATTTTAATGGTGAAATGGTAAATTCCGCGCATGAAAAGAGATAGAAGAGATGACATATATGGAAACCTTAAAAACGTAACGGTTGCTTGGG
TTTTATAACAATCAGTCAGTGACAGGCATTTCCAGAGTTGCCCTGTTCAACAATCGATAGCTGCCTTCGGTCGCTCGTCACTAACTTTCCTTTAG
GCAACGGCCACACTGTCTGGCCACCAAAATCCCAAACTTAATTAAAGAATTAAATAATTCGAATAATAATTAAGCCCAGTAACCTACGCAGCTTG
AGTGCGTAACCGATATCTAGTATACATTTCGATACATCGAAATCATGGTAGTGTTGGAGACGGAGAAGGTAAGGCGAGAAACGGCGAGCCGCATG
GTTTCGATTTCGGCTGAGCCGTGGCAGGAACAACAAAAACAGGGTTGTTGCACAAGAGGGGAGGCGATAGTCGAGCGGAAAAGTGTGCAGTTGGC
GTGGCTACATCATCATTGTGTTCACCGATTATTTTTTGCACAATTGCTTAATATTAATTGTACTTGCACGCTATTGTCTACGTCATAGCTATCGC
TATCTCTGTCTGTCTCTATCAAGCTATCTCTCTTTCGCGGTCACTCGTTCTCTTTTTCTCTCCTTTCGCATTTGCATACGCATACCACACGTTTT
CAGTGTTCTCGCTCTCTCTCTTGTCAAGACATCGCGCGCGTGTGTGTGGGTGTGTTCTTCTTTAGCTACATATACATAAATAGGAGAGCGGAG
AGACAAATATGGAAAGAATGGAAAAAGAGTGAATTACTGCAATTAACCAGTCGCGAACAGTTAAATCATATTTTTGTCGGCCATTGCAGTAAATA
AACCGTTGGCTTTCCCTCTTCACTTTCCACCTCCTTTCTTTGACGTTAATTTTTTTCAGTTAATCGCGCCGCTGCTTTGAACTCGAACACGAATT
TTAGCCGCAACATAAAATAAAATCAAGTAACTCTTTTAACTCAAATATAAAACAACAATTCCAATTCTTTCAACAGGCAATCTGTGTTTTTATGT
CAGATACGTGCGCGTGTGTGTGTGCTGTAATTCCATCGCCCCTTTCGATTCCGAGTTCGTTAGGAACAGCATTAGTTCGCCTATTTTAGTAGT
AGCCTAGTCCGATTTTAAGTGAAACAGGATACTCCAACACCATATACTCAATAATTAGTTACAACACCCACTCAACCATACAGCAACAACAAGTT
TAACGAGTTTTTTGTATTATCATTACTTAGTTTTTTGGTTAATAATACACAAGTGAAGAGCGAACTGCAGGGGAGCGAGATATCACGAAACAATC

CAAAATCCACACACACTCAAACAGAAATCAAAAGCTTCGCTCTCTCGCACACACACGCACCAACCAACTATCAACTATCACAAACACCGCGACAG
AGAGAGAGCGGCAAGTGAATCACGGCGAATCGAAACCGATCCGAACCCACTCCGGAGCCGAAAAAGAACTGATCCTACCATCAAACGCATCCAAT
AAACACGGCCGCCAACATGCAGAGCGACTTTCACAGAATGAAGAACTTTGCCAATCCCAAGTCCATGTTCAAAGTAATACTCTCAGTGCGCCTGT
CGCTAAGCCAAGCTAATCTAATCTTCTGATTCCCCTTCCCATCCATTGCCATCTTCTCCCGCAGACCAGCGCCCCCAGCACCGAGCAGGGTCGTC
CGGAACCACCAACTTCGGCTGCAGCGCCCGCCGAGGCTAAGGATGTCAAGCCCAAGGAGGACCCACAGGAGACTGGTGAACCAGCAGGCAACACT
GCAACCACTACTGCTCCTGCCGGCGACGATGCTGTGCGCACCGAGCATTTATACAAACACCCGCTCATGAATGTCTGGACGCTGTGGTACCTTGA
AAACGATCGGTCCAAGTCCTGGGAGGACATGCAAAACGAGATCACCAGCTTCGATACCGTCGAGGACTTCTGGAGCCTATACAACCACATCAAGC
CCCCATCAGAGATCAAGCTGGGTAGTGACTACTCGCTATTCAAGAAGAACATTCGGTGGGTTTGCTGTTTATTGCAATTCTGCCAAGATAACCTT
TACTAACTGATATCTCATTTGCAGTCCCATGTGGGAGGATGCAGCCAACAAACAGGGCGGTCGTTGGGTCATTACCCTTAACAAAAGCTCCAAGA
CCGATCTGGATAACCTATGGCTCGATGTGGTAAGTGCACAAAGAAACGAGTGGTGAGCGGATGGTCTATTTATAGTGAATGTACATTCTTGAAAT
GCAAAAATATAGAAATAGGTGTATGATTTTGCAATATAAATTATAACTTATAGAAAATATCAGCTAAAAATACGCTAGTGCTAGCTTTTGTCTTA
GGAACATTCAATAGTGAGCTTATATCATAAATATTTTTCGCATATGAGTAACTACAACTGTTTTGCCTTCCAGCTGCTCTGCCTGATTGGTGAGG
CCTTCGATCACTCTGATCAGATCTGCGGCGCTGTTATAAACATTCGCGGCAAGAGCAACAAGATATGTAAGTTTTCACGCACACCCAACTTCAGC
GGAATTCCTTTGTTTAACGATTAATGCTTTCCAGCCATCTGGACTGCCGACGGAAACAACGAGGAAGCTGCCCTTGAGATTGGTCACAAGCTGCG
CGATGCCCTGCGTCTGGGACGCAACAACTCGCTGCAGTATCAGTTGCACAAGGACACGATGGTCAAGCAGGGCTCCAACGTGAAATCGATCTACA
CTTTGTAGGCGGCTAATAACTGGCCGCTCCTTATTCGGTCCGATCCCACACTGATTATTTTGTCTTTCATTTATTTATCGTTATAAGCAACAGTA
GCGATTAATCGTGACTATTGTCTAAGACCCGCGTAACGAAACCGAAACGGAACCCCCTTTGTTATCAAAAATCGGCATAATATAAAATCTATCCG
CTTTTTGTAGTCACTGTCAATAATGGATTAGACGGAAAAGTATATTAATAAAAACCTACATTAAAACCGGATACTTTTGATCTTTGATTTTGGAG
ATATTTTAAAATAGAAAAAAGTTAACCTATATTGTTTTTGGGATAATTACTTGTTGTATTACTAAAACGAGCTTGTATCCTAATATGGGCACCTA
AAGCAAAACTTCCAAATTTGGAATTCAATTTGTTGCTAAAAATACGTTAGCAATTTCTAGGGTGGCCAAAAAAAAATGTGTATCGATATATCGAT
AGGTTTCCTAAATAGACATTAAAATAATTTTAGCTTTTTACTTATATTGTTAGAGTAAATACGTTTGTATTTAAAAAATAAGTCAGTATTTTTTT
TTTATTAACCTATTATTGAATTTTATATGAGTGAGAGCTTTTCCATTCAGCCAAGAACGGTCACACTGCATGTGACATGTTTCAATTGTGTAGGC
GCAGTCACACTGGTCGCGTCGCTCGTAGATATCGTGTAAGGATATGTCTCCGTGTTTAGCTAAATAAAATACATAAAATATATGTGCAATTCTAA
CAAGCATAGCCATTTAGCGTAGAGTAGTGGAACGAACAGCTCGTACCGGGCCAGTAACAACAAATTAACAAGCAAACGCACTAAAGTTTGTCGCG
GAATAAAGATATAATAATAGACCAGCTAACCAACACAAACAAACACACACACGGCCAGAAGTTCGTTGGCGTTGAAAGGGAAAAATGAAACGAAA
TGAAAGGAGAATAACAGTGCAATAGATTCGGTTTACATTGTGCAAAAAATCGAAGTAGCCCCTGCCAACAGGGTCGCTAAAAATAAAGAAGGCGA
CAGCCTCTGTTTATCGTTGGGAATAAACAAATATATGGCCAGCGGAGGAGAATCATAACAAAGGCGCAAGACTAGCCAGCATAAAAGACAAAGGA
GCTCTCCTCCCCCGCGTCCGCCACCCCCCTCCCTTTTTGGGGTTGAAAACCCCCCACGCGTTGCGGTGCAGCATCGCCCCGACTATGCGATACCC
TGCAATCGAGTTTATAGTGCTATAG
(SEQ ID NO: 1210)

Exon: 1001..1104
Exon: 1836..2163
Exon: 2250..2620
Exon: 2685..2784
Exon: 3019..3106
Exon: 3170..3585
Start ATG: 2107

Transcript No. : CT39424
CACAAGAGGGGAGGCGATAGTCGAGCGGAAAAGTGTGCAGTTGGCGTGGCTACATCATCATTGTGTTCACCGATTATTTTTTGCACAATTGCTTA
ATATTAATTTTTTTTGGTTAATAATACACAAGTGAAGAGCGAACTGCAGGGGAGCGAGATATCACGAAACAATCCAAAATCCACACACACTCAAA
CAGAAATCAAAAGCTTCGCTCTCTCGCACACACACGCACCAACCAACTATCAACTATCACAAACACCGCGACAGAGAGAGAGCGGCAAGTGAATC
ACGGCGAATCGAAACCGATCCGAACCCACTCCGGAGCCGAAAAAGAACTGATCCTACCATCAAACGCATCCAATAAACACGGCCGCCAACATGCA
GAGCGACTTTCACAGAATGAAGAACTTTGCCAATCCCAAGTCCATGTTCAAAACCAGCGCCCCCAGCACCGAGCAGGGTCGTCCGGAACCACCAA
CTTCGGCTGCAGCGCCCGCCGAGGCTAAGGATGTCAAGCCCAAGGAGGACCCACAGGAGACTGGTGAACCAGCAGGCAACACTGCAACCACTACT
GCTCCTGCCGGCGACGATGCTGTGCGCACCGAGCATTTATACAAACACCCGCTCATGAATGTCTGGACGCTGTGGTACCTTGAAAACGATCGGTC
CAAGTCCTGGGAGGACATGCAAAACGAGATCACCAGCTTCGATACCGTCGAGGACTTCTGGAGCCTATACAACCACATCAAGCCCCCATCAGAGA
TCAAGCTGGGTAGTGACTACTCGCTATTCAAGAAGAACATTCGTCCCATGTGGGAGGATGCAGCCAACAAACAGGGCGGTCGTTGGGTCATTACC
CTTAACAAAAGCTCCAAGACCGATCTGGATAACCTATGGCTCGATGTGCTGCTCTGCCTGATTGGTGAGGCCTTCGATCACTCTGATCAGATCTG
CGGCGCTGTTATAAACATTCGCGGCAAGAGCAACAAGATATCCATCTGGACTGCCGACGGAAACAACGAGGAAGCTGCCCTTGAGATTGGTCACA
AGCTGCGCGATGCCCTGCGTCTGGGACGCAACAACTCGCTGCAGTATCAGTTGCACAAGGACACGATGGTCAAGCAGGGCTCCAACGTGAAATCG
ATCTACACTTTGTAGGCGGCTAATAACTGGCCGCTCCTTATTCGGTCCGATCCCACACTGATTATTTTGTCTTTCATTTATTTATCGTTATAAGC
AACAGTAGCGATTAATCGTGACTATTGTCTAAGACCCGCGTAACGAAACCGAAACGGAACCCCCTTTGTTATCAAAAATCGGCATAATATAAAAT
CTATCCGCTTTTTGTAGTCACTGTCAATAATGGATTAGACGGAAAAGTATATTAATAAAAACCTACATTAAAACCGG
(SEQ ID NO: 1211)

Start ATG: 376

MQSDFHRMKNFANPKSMFKTSAPSTEQGRPEPPTSAAAPAEAKDVKPKEDPQETGEPAGNTATTAPAGDDAVRTEHLYKHPLMNVWTLWYLEND
RSKSWEDMQNEITSFDTVEDFWSLYNHIKPPSEIKLGSDYSLFKKNIRPMWEDAANKQGGRWVITLNKSSKTDLDNLWLDVLLCLIGEAFDHSDQ
ICGAVINIRGKSNKISIWTADGNNEEAALEIGHKLRDALRLGRNNSLQYQLHKDTMVKQGSNVKSIYTL*
(SEQ ID NO: 1212)

Name: eukaryotic initiation factor 4E
Gene Symbol: eIF-4E
FlyBase ID: FBgn0015218

Celera Sequence No. : 142000013384822

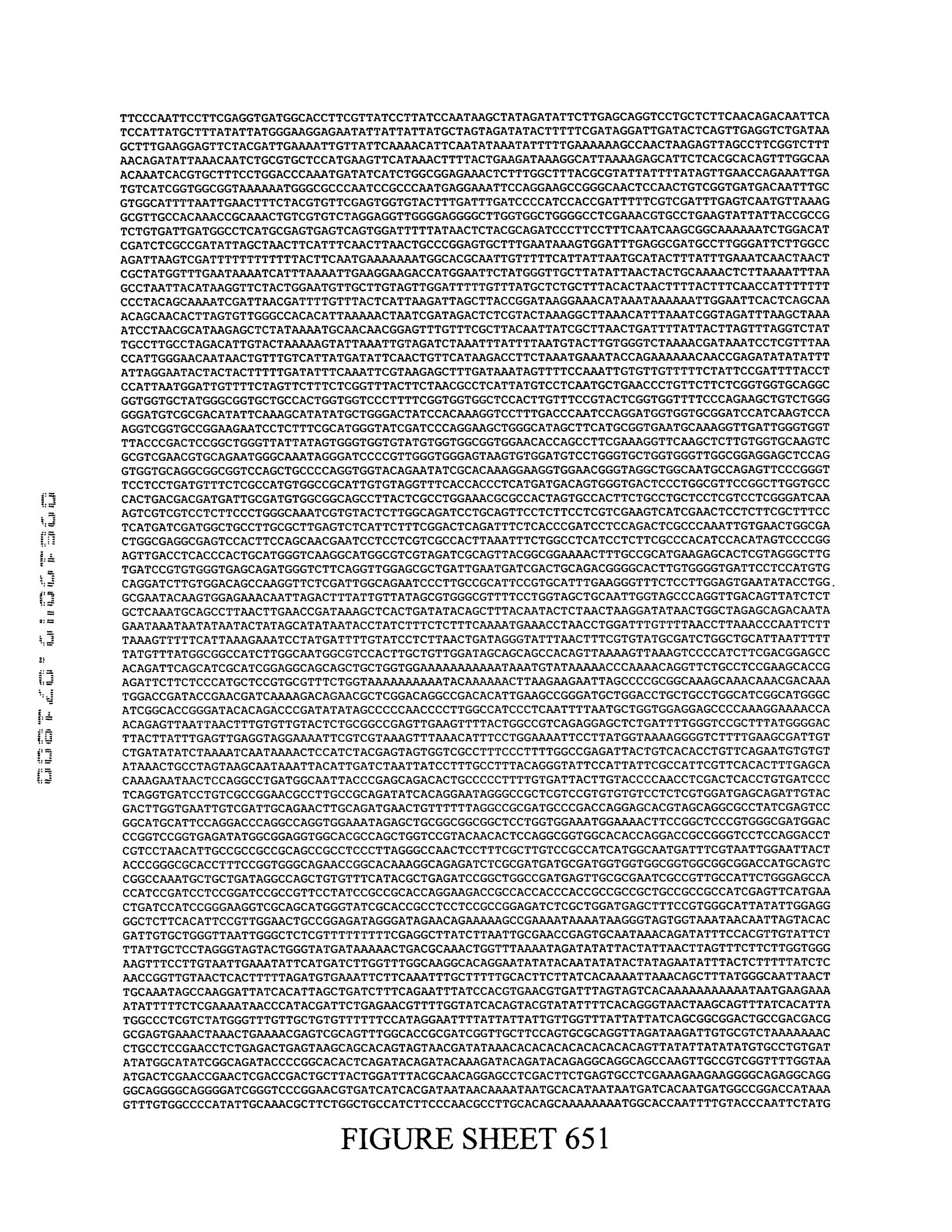


FIGURE SHEET 651

GAATTCTATTTTAAGATCTATCTTTTACGATAAGATTATATTTGTTATAATATTAAAGAATTTATAGTAATATGCTTTAAAATTTGTGGCTCGCA
AAGAGTGCGCC
(SEQ ID NO: 1213)

Exon: 5851..5813
Exon: 5437..4551
Exon: 3226..1001
Start ATG: 5404 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT40018
AGTGCAAAAAGCAAATTTGAAGAATTTCACATCTAAAAATTCCAACGGAATGTGAAGAGCCCCTCCAATATAATGCCCACGGAAAGCTCATCCAG
CGAGATCTCCGGCGGAGGAGGCGGTGCGATACCCATGCTGCGACCTTCCCGGATGGATCAGTTCATGAACTCGATGGCGGCGGCAGCGGCGGCGG
TGGGTGGTGGCGGTCTTCCTGGTGCGGCGGATAGGAACGGCGGATCCGGAGGATCGGATGGTGGCTCCCAGAATGGCAACGGCGATTCGCGCAAC
TCATCGGCCAGCCGGATCTCAGCGTATGAAACACAGCTGGCCTATCAGCAGCATTTGGCCGGACTGCATGGTCCGCCGCCACCGCCACCACCATC
GCATCATCGCGAGATCTCTGCCTTTGTGCCGGTTCTGCCCACCGGAAAGGTGCGCCCGGGTAGTAATTCCAATTACGAAATCATTGCCATGATGG
CGGACAAGCGAAAGGAGTTGGCCCTAAGGGAGGCGGCTGCGGCGGCGGCAATGTTAGGACGAGGTCCTGGAGGACCCGGCGGTCCTGGTGTGCCA
CCGCCTGGAGTGTTGTACGGACCAGCTGGCGTGCCACCTCCGCCATATCTCACCGGACCGGGTCCATCGCCCACGGGAGCCGGAAGTTTTCCATT
TCCACCAGGAGCCGCCGCCGCAGCTCTATTTCCACCTGGCCTGGGTCCTGGAATGCATGCCGGACTCGATAGGCGCCTGCTACGTGCTCCTGGTC
GGGCATCGCGGCCTAAAAAACAGTTCATCTGCAAGTTCTGCAATCGACAATTCACCAAGTCGTACAATCTGCTCATCCACGAGAGGACACACACG
GACGAGCGGCCCTATTCCTGTGATATCTGCGGCAAGGCGTTCCGGCGACAGGATCACCTGAGGGATCACAGGTATATTCACTCCAAGGAGAAACC
CTTCAAATGCACGGAATGCGGCAAGGGATTCTGCCAATCGAGAACCTTGGCTGTCCACAAGATCCTGCACATGGAGGAATCACCCCACAAGTGCC
CCGTCTGCAGTCGATCATTCAATCAGCGCTCCAACCTGAAGACCCATCTGCTCACCCACACGGATCACAAGCCCTACGAGTGCTCTTCATGCGGC
AAAGTTTTCCGCCGTAACTGCGATCTACGACGCCATGCCTTGACCCATGCAGTGGGTGAGGTCAACTCCGGGGACTATGTGGATGTGGGCGAAGA
GGATGAGGCCAGAAATTTAAGTGGCGACGAGGAGGATTCGTTGCTGGAAGTGGACTCGCCTCGCCAGTCGCCAGTTCACAATTTGGGCGAGTCTG
GAGGATCGGGTGAGAAATCTGAGTCCGAAAGAATGAGACTCAAGCGCAAGGCAGCCATCGATCATGAGGAAAGCGAAGAGGAGTTCGATGACTTC
GACGAGGAAGAGGAACTGCAGGATCTGCCAAGAGTACACGATTTGCCCAGGGAAGAGGACGACGACTTTGATCCCGAGGACGAGGAGCAGGCAGA
AGTGGCACTAGTGGCGCGTTTCCAGGCGAGTAAGGCTGCCGCCACATCGCAATCATCGTCGTCAGTGGGCACCAAGCCGGAACGCCAGGGAGTCA
CCCACTGTCATCATGAGGGTGGTGAAACCTACACAATGCGGCCACATGGCGAGAAACATCAGGAGGAACCCGGGAACTCTGGCATTGCCAGCCTA
CCCGTTCCACCTTCCTTTGTGCGATATTCTGTACCACCTGGGGCAGCTGGACCGCCGCCTGCACCACCTGGAGCTCCTCCGCCAACCCACCAGCA
CCCAGGACATCCACACTTACTCCCACCCAACGGGGATCCCTATTTGCCCATTCTGCACGTTCGACGCGACTTGCACCACAAGAGCTTGAACCTTT
CGAAGGCTGGTGTTCCACCGCCACCACATACACCACCCACTATAATAACCCAGCCGGAGTCGGGTAAACCACCCAATCAACCTTTGCATTCACCG
CATGAAGCTATGCCCAGCTTCCTGGGATCGATACCCATGCGAAAGAGGATTCTTCCGGCACCGACCTTGGACTTGATGGATCCGCACCACCATCC
TGGATTGGGTCAAAGGACCTTTGTGGATAGTCCCAGCATATATGCTTTGAATATGTCGCGACATCCCCCCAGACAGCTTCTGGGAAAACCACCGA
GTACGGAAACAAGTGGAGCCACCACCGAAAAGGGACCACCAGTGGCAGCACCGCCCATAGCACCACCGCCTGCACCACCGAGAAGAACAGGGTTC
AGCATTGAGGACATAATGAGGCGTTAGAAGTAAACCGAGAAAGAACTAGAAAACAATCCATTAATGGAGGTAAAATCGGAATAGAAAAACAACAC
AATTTGGAAAACTATTTATCAAAGCTCTTACGAATTTGAAATATCAAAAAGTAGTAGTATTCCTAATAAATATATATCTCGGTTGTTTTTTCTGG
TATTTCATTTAGAAGGTCTTATGAACAGTTGAATATCATAATGACAAACAGTTATTGTTCCCAATGGTTAAACGAGGATTTATCGTTTTAGACCC
ACAAGTACATTAAAATAAATTTAGATCTACAATTTAATACTTTTTAGTACAATGTCTAGGCAAGGCAATAGACCTAAACTAAGTAATAAAATCAG
TTAAGCGATAATTGTAAGCGAAACAAACTCCGTTGTTGCATTTTATAGAGCTCTTATGCGTTAGGATTTTAGCTTAAATCTACCGATTTAAATGT
TTAAGCCTTTAGTACGAGAGTCTATCGATTAGTTTTTAATGTGTGGCCCAACACTAAGTGTTGCTGTTTGCTGAGTGAATTCCAATTTTTTATTT
ATGTTTCCTTATCCGGTAAGCTAATCTTAATGAGTAAACAAAATCGTTAATCGATTTTGCTGTAGGGAAAAAAATGGTTGAAAGTAAAAGTTAGT
GTAAAGCAGAGCATAAACAAAAATCCAACTACAAGCAACATTCCAGTAGAACCTTATGTAATTAGGCTTAAATTTTAAGAGTTTTGCAGTAGTTA
ATATAAGCAACCCATAGAATTCCATGGTCTTCCTTCAATTTTAAATGATTTTATTCAAACCATAGCGAGTTAGTTGATTTCAAATAAAGTATGCA
TTAATAATGAAAAACAA
(SEQ ID NO: 1214)

Start ATG: 73 (Reverse strand: CAT)

MPTESSSSEISGGGGGAIPMLRPSRMDQFMNSMAAAAAAVGGGGLPGAADRNGGSGGSDGGSQNGNGDSRNSSASRISAYETQLAYQQHLAGLHG
PPPPPPPSHHREISAFVPVLPTGKVRPGSNSNYEIIAMMADKRKELALREAAAAAAMLGRGPGGPGGPGVPPPGVLYGPAGVPPPPYLTGPGPSP
TGAGSFPFPPGAAAAALFPPGLGPGMHAGLDRRLLRAPGRASRPKKQFICKFCNRQFTKSYNLLIHERTHTDERPYSCDICGKAFRRQDHLRDHR
YIHSKEKPFKCTECGKGFCQSRTLAVHKILHMEESPHKCPVCSRSFNQRSNLKTHLLTHTDHKPYECSSCGKVFRRNCDLRRHALTHAVGEVNSG
DYVDVGEEDEARNLSGDEEDSLLEVDSPRQSPVHNLGESGGSGEKSESERMRLKRKAAIDHEESEEEFDDFDEEEELQDLPRVHDLPREEDDDFD
PEDEEQAEVALVARFQASKAAATSQSSSSVGTKPERQGVTHCHHEGGETYTMRPHGEKHQEEPGNSGIASLPVPPSFVRYSVPPGAAGPPPAPPG
APPPTHQHPGHPHLLPPNGDPYLPILHVRRDLHHKSLNLSKAGVPPPPHTPPTIITQPESGKPPNQPLHSPHEAMPSFLGSIPMRKRILPAPTLD
LMDPHHHPGLGQRTFVDSPSIYALNMSRHPPRQLLGKPPSTETSGATTEKGPPVAAPPIAPPPAPPRRTGFSIEDIMRR*
(SEQ ID NO: 1215)

Name: brother of odd with entrails limited
Classification: transcription_factor
Gene Symbol: bowl
FlyBase ID: FBgn0004893

Celera Sequence No. : 142000013384695
CACCTCGTTGATAATTCACCAGAAGCTGAAACCGCTCGAAAATATGATCATCCTAGACATCACTTGCGACAGGGAGTTCGTCATGGACTACATTG
TCACGGTGATCCTTACAGCATTGTCTCTTGTGCAGTACACCATATCAACTGGAGGAAATATAAGCGAGTGCGTGACCCATAAATAGCAACCCATC
TGGACCACACTATTAGGAGGATGAGATCATTATATAACTGTGGAGCTGGACACAGTTATCGTATAATTGCGTGGGTCAAAAGAACTTCCTTAGCG
CCTACAAAAGTGTATCTTTTGAAAGCAGAACTCAGAGCTCGTAATTATAAAGCACTAAATGCTTACTATTTAAATGCTACAAATGGTTTTATTGT
TTTTATACAAAATTAAGGTTTATTGACTGTAGTAGTAAACTTGTCAGATACGTGGTTTTACGCACTGCGATTCAACAACACAGGATTTCCCGTTT
GCATAGAGAATTATGAGAATTCGTTCGTTTCAAGAAAATCCCGTGACTCTAATGAGAACAAGAAAATGCTGTCACTGTCGATTTATCCCTTTAGT

TTCGATTTCACGTGATGCTTAAGGTCCTGTTCTCGTTTCCTCGGCAGACAAGAGATGCTCAATTGTGCATAAGATTTGCCACACTGGAGCCCAGT
TTTATTTAGCTTACATATAGTTTAAATTTTATTTAGTAAATATGACACATGTTCCTATCTAACATATTACCTGAACTAACTATACGATTTACTTG
TAAAGTAACAATCAACCTAAATTATTGTAGTTAAGGTCCACGTAACAGGTAGGATATATGAATCAGGATATCATGTTCCTCGACTAGCAAATCCT
TTAATTGTTCTTATTACCTAGTACAGGCCATTGAATCTGGTATATCCTATTATACTAAGAGTGCGTACTTCAATAACCACGGCTGTTGTGAAATT
TAAGTGGCTTTAATTGCGACTAGCCCAATCACACTATTCCAGTAGCCCATTTACAGCGCAATTTTCGCCCACTTCTCGGACTGCGCCCACAACCA
CTGGGCCATCTGGTCGTCGAGGGCAGCGGGAGCTACCGGAGCCAGAGCGCAATCGCTGAAGTACTGACCCGACACTCTTTCGAGATCAGGATCCA
AGGCAGCATACAAGGTGGTCTGGGCCCCGTTCTTAGGCGTCTTCATCACGGCCCAAAGGAGCGGCCTCAAAATGGTTCTAAATGAAAACCAAAAA
TTAGTAAGTGTATAAAAAGAGAATTGAAAGAGGACACACTCTACCACATACTGAGCAAACTTTGTTTGGAAGAAGATCATGTTCCTGGCTATCTC
CGTGTCTGCTATTCCAGGATTAAGGGCGTTGACCGTCACGCCCGTTCCCTCCAACCGCTTGGCCAGTTCGCGGGTGAAGAGTATGTTGGCCAGCT
TACTTTGGCAGTAGGCTACTCCCTCGTCGTAAAAATCAGAGCTGTTGATGTCATCCACCTTAATCTGACCCCGTTCGTGGGCCCTGCTGGCGACC
ACCACCACCCGACTAGGAGCCGACCTCTCCAGCACGCCGAGCAGTAGGTTGGTTAGCAGGAAGTGTCCGATGTGGTTTACACCCAGGTGCATTTC
GAATCCCTCTTTCGTCAATCTATGCGGTTCCCAAAACACACCAGCATTGTTGATGAGGATGTGCAGCACCCTCTGCTCTTTCTTGAAGCTGTTTG
TGAATGAATTGTTAGTTCAAGAGAAAGACACTACGGAGTGGCATGACTCACTTCTCTGCAAACTTTCGAATGGAATCCAGGGACGACAAGTCGCA
CTCCCGTGAGAAGACATTGGAGTTTCCGGTCTCCTTTACGATTTCCCTGCGCGCTCTCTCCACCTTTCTTTGTTGCGGCATGCCATGTAAACGG
TGGCTCCTCTCCTGGCCAACTCCATCACGGTCTCCTTGCCAAGACCCGTATTTCCGCCAGTAACGATGGCCACTTTTCCCGTCTCATCGGTCTGC
TTCCTAAACTTTCCGCCCTGCATATACAGCCTGATGTGTGTTAAAACAATGCATGTTAATCGGTGATAACTACTTTGTCGTCACTTTTATACGTC
GTCGATAACGCTTCTCAGCGTTACATTTTAAATTGGCGTCTCACTTACCTCACGCAGAAGGCGATAATGCCGACAATCCCATGGGCCAAGAAGAC
GGGTGCTATGCTTTGCAGAAACCTTATAACAATTTCCATACTGGCTAAGCGGTCCGCTCCTTCTTGTGGTCTATTCCAAAGTGCCACCGCGGGCG
AAATTGTGCGGGTTTTTAAGAGATCGCCGCAGCGATTACCGGACGACAACTGATAAAATTGATAGTACGGGCTTCTATAAGTGTTCTTTAATCAG
AGAACCGCTATTCGAACACATTCAAAATTGCTTATAGCGACAAGAAGCCGAAACCGTCAAACTTTACAAAGAGCGAAAATGTTGCATACTGCCGA
AATGAACCTAAACTTTTGGACCGAAGGCTCGGGTTAAAATGTAATGGATATACACGTCTATTTTAAACAAATGATGTAGAAATTGCCCCTAACCG
GTTTCGGGGTACGTAAGTTTGAACGCACACAAGCCCTGAGCTTTCAACTCTTATTAGTCGGCCACGTTAAAATAACTAAAACAAGACAAGTGGAA
TTGTGTAGACTGTAAGAAACTGAAAATTTATGCGAAGTAACAGAGGGATTGTCAGAAACATATTTCACAATACGAACTATTGTATTTTAATCATC
GTTGGCTTCGTCCACTTTTCACTGACTGCCCAAAGCCACTTTGCCGTTTGGGTGTCGGTGGCAGCCGGCGCCATTTCCTTCAGTTTGCAGTCGCT
GAAGTATTGTCCTGTCACCTTTTCTAGCTCGGGATCCAGAGCAACATACAACGAGGTCTGAGCACCATTTCTCGGAGTCTTAACAAAGGGCCAAA
ACAAAGGCTTAACAAAGAGTCTGAAAAGATAAGTATTTCGTAAAAAAGGTTTTAATGGCATTACTTCTCTACAAACCCAGCAAAAAAATTATTGA
AGAATCCCATGTGCCTGATTATTTCTGTGTCCACCACACCTGGATGCAGGGCATTCGCCGTTACGTTGGTGCCCTCTAATCGTTTGGCCAACTCC
CTTGTGAAGAGTACATTGGCCAACTTGCTCTGGCTGTAGGCCTTGCCTTCATCGTAGGATTTGTCACTGTTCAGATCGCCAGTGTTTATTTCTCC
TCGAGTGTGTGCCAAACTGGATACATTTACAATCCGACTGGGTGAGGATTTCTAGGAATAAAATGGTTATTAATCAGATTTAAGATCTAGTAAAG
CTGTGTGGTACCTTGAGTAGATCCAACAGTAAATTGGTAAGCAGGAAATGACCCATGTGATTAACCCCCAGCTGAAGTTCGATGCCATCTGAGGT
GAGAGATCTGGGACAGCGCATAACACCGGCGTTGTTGATCAGTACGTGCAGGTGCTCCTGTTCCCTCTTGAAGCTGCGGAGATGGATTGCGGAAT
AAACACAACTTAGGCCTTAGGTAGACTTACGCGGCAACAAAGTGACGGATGGACTCCTGGGAAGCCAGGTCACATTGCCGGCAGTACACATATTT
GTTCTTCGTTTCCAGCACGATTTCCTCGCGAGCCTGCACGCGAGAAGTATTTAGTCGTGTTTTAGGAAATTATCTCAATAAAGATCGTACCTCCT
CACATTTCTTTAGGTTTCTGCATGCCATGTAGACGGTGCCACCTCGCTTCGCAATCTCTCTCACCGTCTCCTTGCCGATCCCCGTGTTGGCACCG
GTGACAATAAACACCTTGCCGGTCTCATTGGTTTCTTTGGTGAACTGACCGCCTTGCATAAGATCCCTGTGAGGCGGTATAAAATGTGTAGTCAA
AACAAGGGAATTCTGTGTGAGAAGCAGATCACTCACTTCACGAAGAAGGCCAGTCCCGTCGTCGTGCCGGTGAAGCTCAGCCAGAACGCAGTGCG
GCTCTTGAGAAACGCAAATAGTGACATTTTAGGAACTCAAAAAATATACAAATTAGCTAATAAACGAAAACAGCTGTGTTTACCCTGTTAAGGCT
AACAGCGCTCGTTAACAGAGTCCTATCGATATTTTCGGTCATCTGTGACGGAGCTTTCCCTTTGTTGTTGTTCGTGGGCTGCTGCTTAGAACAAA
CTTTACACGTAAATAATCTAATTGCGTTAATTAACTGGCTTGAGCTAAACAACGACGTGCGATTTGATCGAGGGAAGGAACGTAGTTGAGATCTG
GGCCAGGAAATCCCGACTAGGCAAGCAGGAAAACAATGCGTCGCAATGCGTAAGTCAGCGCCAACTCGACTGTTGCTTTTTCCAAGAGATCCGAA
TGTGATCGGAGTTCTCCCCTCATCTTCAGGCGCCAACAACAACACAATCAGGAAGAAATCGGCCCCGACGACGTGGAAGACATCTTTGCCCGTCC
CGCCTACGATGACGACGAGTTCGAAGATCTGCTCCCTCTGGCCAGGAGGCCCAATGGCCACGCCCGACTCGGCCGCTACGAGAACACTCTGGAGG
TAAAGGTCCAAGAGGGAGACACACTCCAGGCGCTGGCCCTGCGCTTTCACTCCTCTGTGGCGGACATCAAGCGCCTGAACAAGATCGACCGCGAA
AATGAAATCCACGCACATCGGGTTATTCGCATTCCGGTTACAGTGCACAACGTCCTGCTGGGCAACGGGGGCCTCGAAGCCCTTCCTGCGGTCCA
CCGCAGCGGGAACAACAGTCCTAGACACAATATTGAGCGGGAACCAGCTCCCGAACGCAATCCCCTCGAGGATGCGCGGCAAATGCTGGATGAGC
GACTCCTGGTGGCGGCGGTAAATGCTTCAGGCGCCGTGGATCACGAGAAACCATCGACGAGCAGAGCTGCTGGACAATTCTACGAGGGAGCCCAG
GGTGCGCCGAATGACGAAGGTGAGTACAGAAGATGCAGTTGGGAATGAAAGCCCACAGTTCGCCGCGGTTTTAAAAATTTCTGAAATACTTTCA
(SEQ ID NO: 1216)

Exon: 4034..3932
Exon: 3866..3701
Exon: 3643..3546
Exon: 3493..3337
Exon: 3281..3105
Exon: 2928..2782
Exon: 2012..1762
Exon: 1703..1001
Start ATG: 4017 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT40158
TTTTTTGAGTTCCTAAAATGTCACTATTTGCGTTTCTCAAGAGCCGCACTGCGTTCTGGCTGAGCTTCACCGGCACGACGACGGGACTGGCCTTC
TTCGTGAAGGATCTTATGCAAGGCGGTCAGTTCACCAAAGAAACCAATGAGACCGGCAAGGTGTTTATTGTCACCGGTGCCAACACGGGGATCGG
CAAGGAGACGGTGAGAGAGATTGCGAAGCGAGGTGGCACCGTCTACATGGCATGCAGAAACCTAAAGAAATGTGAGGAGGCTCGCGAGGAAATCG
TGCTGGAAACGAAGAACAAATATGTGTACTGCCGGCAATGTGACCTGGCTTCCCAGGAGTCCATCCGTCACTTTGTTGCCGCCTTCAAGAGGGAA
CAGGAGCACCTGCACGTACTGATCAACAACGCCGGTGTTATGCGCTGTCCCAGATCTCTCACCTCAGATGGCATCGAACTTCAGCTGGGGGTTAA
TCACATGGGTCATTTCCTGCTTACCAATTTACTGTTGGATCTACTCAAGAAATCCTCACCCAGTCGGATTGTAAATGTATCCAGTTTGGCACACA
CTCGAGGAGAAATAAACACTGGCGATCTGAACAGTGACAAATCCTACGATGAAGGCAAGGCCTACAGCCAGAGCAAGTTGGCCAATGTACTCTTC
ACAAGGGAGTTGGCCAAACGATTAGAGGGCACCAACACTCCGAGAAATGGTGCTCAGACCTCGTTGTATGTTGCTCTGGATCCCGAGCTAGAAAA
GGTGACAGGACAATACTTCAGCGACTGCAAACTGAAGGAAATGGCGCCGGCTGCCACCGACACCCAAACGGCAAAGTGGCTTTGGGCAGGCGGAA
AGTTTAGGAAGCAGACCGATGAGACGGGAAAAGTGGCCATCGTTACTGGCGGAAATACGGGTCTTGGCAAGGAGACCGTGATGGAGTTGGCCAGG
AGAGGAGCCACCGTTTACATGGCATGCCGCAACAAAGAAAAGGTGGAGAGAGCGCGCAGGGAAATCGTAAAGGAGACCGGAAACTCCAATGTCTT

CTCACGGGAGTGCGACTTGTCGTCCCTGGATTCCATTCGAAAGTTTGCAGAGAACTTCAAGAAAGAGCAGAGGGTGCTGCACATCCTCATCAACA
ATGCTGGTGTGTTTTGGGAACCGCATAGATTGACGAAAGAGGGATTCGAAATGCACCTGGGTGTAAACCACATCGGACACTTCCTGCTAACCAAC
CTACTGCTCGGCGTGCTGGAGAGGTCGGCTCCTAGTCGGGTGGTGGTGGTCGCCAGCAGGGCCCACGAACGGGGTCAGATTAAGGTGGATGACAT
CAACAGCTCTGATTTTTACGACGAGGGAGTAGCCTACTGCCAAAGTAAGCTGGCCAACATACTCTTCACCCGCGAACTGGCCAAGCGGTTGGAGG
GAACGGGCGTGACGGTCAACGCCCTTAATCCTGGAATAGCAGACACGGAGATAGCCAGGAACATGATCTTCTTCCAAACAAAGTTTGCTCAGTAT
GTGGTAGAGTGTGTCCTCTTTCAATTCTCTTTTTATACACTTACTAATTTTTGGTTTTCATTTAGAACCATTTTGAGGCCGCTCCTTTGGGCCGT
GATGAAGACGCCTAAGAACGGGGCCCAGACCACCTTGTATGCTGCCTTGGATCCTGATCTCGAAAGAGTGTCGGGTCAGTACTTCAGCGATTGCG
CTCTGGCTCCGGTAGCTCCCGCTGCCCTCGACGACCAGATGGCCCAGTGGTTGTGGGCGCAGTCCGAGAAGTGGGCGAAAATTGCGCTGTAA
(SEQ ID NO: 1217)

Start ATG: 18 (Reverse strand: CAT)

MSLFAFLKSRTAFWLSFTGTTTGLAFFVKDLMQGGQFTKETNETGKVFIVTGANTGIGKETVREIAKRGGTVYMACRNLKKCEEAREEIVLETKN
KYVYCRQCDLASQESIRHFVAAFKREQEHLHVLINNAGVMRCPRSLTSDGIELQLGVNHMGHFLLTNLLLDLLKKSSPSRIVNVSSLAHTRGEIN
TGDLNSDKSYDEGKAYSQSKLANVLFTRELAKRLEGTNTPRNGAQTSLYVALDPELEKVTGQYFSDCKLKEMAPAATDTQTAKWLWAGGKFRKQT
DETGKVAIVTGGNTGLGKETVMELARRGATVYMACRNKEKVERARREIVKETGNSNVFSRECDLSSLDSIRKFAENFKKEQRVLHILINNAGVFW
EPHRLTKEGFEMHLGVNHIGHFLLTNLLLGVLERSAPSRVVVVASRAHERGQIKVDDINSSDFYDEGVAYCQSKLANILFTRELAKRLEGTGVTV
NALNPGIADTEIARNMIFFQTKFAQYVVECVLFQFSFYTLTNFWFSFRTILRPLLWAVMKTPKNGAQTTLYAALDPDLERVSGQYFSDCALAPVA
PAALDDQMAQWLWAQSEKWAKIAL*
(SEQ ID NO: 1218)

Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384703
TTTGTTGTCTGCATTTACCTTAAATGAATTTATTAACTAAGGCGATATTGTGCCTCTCGCTCAATCTCGCAAAACGATGCTTTGTCTGCTGCTTC
TCTGTGCGTGTGTCCGTCTCTTTCCACGGCTTTTCGTCGAGACTCACATATACAAACGGCGACACACTGGATTGGAGCTGGACTCCGTTTTGGAT
GGCTTGGCTTTGGCTGCGTACCCAAAATAAATCGCGCTTGCAGTCCCAAATCATTTTAGTTCTTGACGCCTTTGTTCCACAAAAACTTCCAACCG
CCGTCCATGGCTCGTGCTTTCTCTTTCGCTCGCGAGACGCTCCAAAAGTCGCGAGTATGGGAAGAGAATGTATCCCTCGCTCTTTCACGCCTAGA
AGCGGCTGTAGCACACACAAGCACACGTAAACCCAGCCGTATGCATATACATATATTCCCTCTACTAGCGAGACGTGTGTACGTGCGTATGTATG
TATGCTTTTTTCACTTCTTTCTCCTCTGCGTTCTTTGCACCAAGTGTCGCTGTTGCTATTTGCTACCGCCGCTCCTCTTGACGAATAAGTCGGGA
CTTGTATCAGCTCTAATTCGGACTTAGTTTACAAAATGCGGCTGCTTTTTTTCCGCGATACTCGGATTAGTGATGTAAAAAGACGTTGATGCTTC
GACCACTGAAGTCAGTGCGATATGTATCGATAATTGAATGCCATCGATTGCTACGATTAAAACTGCCACCGCAGTTAGCGGAGACGCTCACCATT
CTCTATTCGCCATTTGAAAGTATCGGTGTAATTTGTTTTCAGAGAAATTAATTTCCGTTTACTGTGCAATTCGGTGTGAAAGTGTTCAGATTTAT
CAATGCGTATTCTGCTTTCGACTTCGCCACCAATCTGTGCTGCAAGTTACCATTACCAGGTCCACCTGGTTCCCGCCAGTTTTCTTTCATTGTGG
CTAGTTGTTGTTCGTGCCTTCGATAAAGACGTTTAGAGGTGTTTTTAGAGTTTCGCCATCTGGTCACTATAGCCGTTTCGTTTTTTTACGTGAGTA
TTGTGAATTTGGTGTGTTGATTTATATCTCAGTTGGAGCCTGCGTGGAAATAGTGTCAGTACGTTTAAAGGCATCATCGTAAGGTTAGTCGGAAA
ACAAATAAAAAGCCTACAAATAGCAAGCAAGAACGCTTTCGCAACCACAAGAAAAACGAACATACGCACGCATCCATCTGTGGTAGAGTCGGCTT
GTGTGGGGGTGAGTGGATGTGTGGGTGAGCATTTCTGGAAAGTGCCGTTCTCTATGTTTCGATTCTACTTATCCCTTCATCACCATTTCATCGTT
GAATCATCACGAAAGAAACATCGAAAGTGCACAATCGTTTGTTATCTTTGTACGAAAACAACGGTGATTTCCACACAGGCATAACCTGCAAGAGT
AATACGATACAAATTTTGATCTGATATGACCTCATTTTAGTCGGTTTGAATTTTAAAGAGAGCGACTCTGCAAACTGCAGGGATATGAACATACA
AAATTCACAAATGATTGTTTGCATCCTAGTTGCTTATATTCATTTACACGCATGCTTATATGCTTACATCTGTTATCAATAATTGACGACTTGGT
GCATGCGAAGCAAACGCATTGAAATGACTATTGGGATCCACACACTGTTAAAAAACACACTGATTGCACTGCCACACATTTCTCAACTAGAACCT
AATGTTTTATACTGAACTTAACTGCAGGAAAGCCCAAAATGCCCAGCATCAAGTTGCAATCTTCGGATGAGGAGATCTTTGACACGGATATCCAG
ATCGCCAAGTGCTCCGGCACTATCAAGACCATGCTGGAGGACTGCGGCATGGAGGACGATGAGAATGCCATTGTGCCGTTGCCCAATGTGAATTC
GACGATTCTTCGCAAGGTGCTTACCTGGGCTCACTACCACAAGGACGACCCCCAGCCAACGGAGGATGATGAGAGCAAGGAGAAGCGCACAGACG
ACATTATCTCATGGGATGCAGATTTCCTAAAAGTCGACCAGGGCACACTGTTTGAGCTGATATTGGCAGCGAACTATCTGGACATTAAGGGCCTT
CTGGAGCTCACCTGCAAGACTGTTGCAAACATGATTAAGGGAAAGACTCCCGAGGAAATACGCAAGACCTTCAACATTAAGAAGGACTTTTCGCC
CGCCGAGGAGGAGCAGGTGCGCAAGGAGAACGAGTGGTGCGAGGAGAAGTAAAGCGCGGCATTTCGCGGGACCAACATTAAGTTGAAACAGCTAG
GGGATTCGGGAACGAATTGGATTTGCAGCATTGCAACTTTACTTAGTTGCTACTTTCATTTACATTTTTTTTTATTTTTAACCCCAGCAGAGACT
CGATTTAAATTGTGTATAAATGATCTGTTGCTGATTTGATTCGCGGGGTTCATTTTTTGTCGTAAATATATCTCATATACATACATATGCGAGAT
TGTAACACTCTCTTTAACCTATTGGAGTAACACTTGATTTCACTTTAATAAATATAACTACCCAACACAAAGACACAGCCTATTTTGTGGGCTTC
CCGGAGGGGTTAGGGTCCAAGGACTTCTCAAATTAAGAAGTGCTCTTTATTCGTTATCTTGTGTTTAGAAACGTTTGCAAGCGTTTGAAATGGAT
ACGCATGCCATTTATGGTCCAGTCGGTAAAATTTTACGTGTTCCCAAGAAGGTACATATATATCTTAGATTATCTTATCTATAGAAACTACATTC
ATAAGATCACGCTTTCGGCGAATAGCGAGTAATACTGTAGCTGCCACTTTGCCACTTAGTGTGCAATTGAAATGCGCGCCAACGCATGTTCTCAT
ATGCGGAGCGTTTAGCAGCCCTTAAAAAGCTTTTCATGTTGCTTTTAAAAAGCTACGACGGGTGTGGAAATTAGATTTGTGACGCTTTATATATC
TTTTTTTTATATCGTCTGGGGTACAGCATGGTTTTAGGATTTTAGAAGAAAGCAGTAATTTTGTAAGAATCGAAGAACGGGGGGATATTTATAAT
TTTCATATTAACCTTGTCTTTGTTTGCTTTTGAAATTATGAATACTTCGAAAGATAATTATCTTGTGCGCATTCCATTCTGGCTTAGACTGGGTT
GAGCTAAAAATGATTTGAAATACAAATTTTTAGGTGTCCGCTGATATATAAACAGTATGATGTTTTTGCACTTTTTTCCCTGAAGTTTTCCTTGT
TGTCTCGCTTGCCAATGCTGAACAAAGTAGCCAAAGGACCTTTACTTGAAGCTTTGAGAGCGGAAAATATATTCGGGGACAATTGCTTTAAGTGT
GCACTAGGCTTGGCTAGATGCCCGTGCCAAACTTTCTTTGGAATTGATCGCTGGCCTTAGCCAAAAGTGGAAAAAAGAAAGGATAGGATAGTGCC
GCACGTATTAAGGGTCTTCTTACAAAAGGTAACTGATATTAATTCATTTGCATACTAAGCAAGCTAACTCATCTGTTTATTGCAAACAAGCGCCA
ATTGAAGTTTTATCGAAGCTCAG
(SEQ ID NO: 1219)

Exon: 1001..1128
Exon: 1738..2538
Start ATG: 1749

Transcript No. : CT40292

TTTCGCCATCTGGTCACTATAGCCGTTTCGTTTTTTACGTGAGTATTGTGAATTTGGTGTGTTGATTTATATCTCAGTTGGAGCCTGCGTGGAAA
TAGTGTCAGTACGTTTAAAGGCATCATCGTAAGGAAAGCCCAAAATGCCCAGCATCAAGTTGCAATCTTCGGATGAGGAGATCTTTGACACGGAT
ATCCAGATCGCCAAGTGCTCCGGCACTATCAAGACCATGCTGGAGGACTGCGGCATGGAGGACGATGAGAATGCCATTGTGCCGTTGCCCAATGT
GAATTCGACGATTCTTCGCAAGGTGCTTACCTGGGCTCACTACCACAAGGACGACCCCCAGCCAACGGAGGATGATGAGAGCAAGGAGAAGCGCA
CAGACGACATTATCTCATGGGATGCAGATTTCCTAAAAGTCGACCAGGGCACACTGTTTGAGCTGATATTGGCAGCGAACTATCTGGACATTAAG
GGCCTTCTGGAGCTCACCTGCAAGACTGTTGCAAACATGATTAAGGGAAAGACTCCCGAGGAAATACGCAAGACCTTCAACATTAAGAAGGACTT
TTCGCCCGCCGAGGAGGAGCAGGTGCGCAAGGAGAACGAGTGGTGCGAGGAGAAGTAAAGCGCGGCATTTCGCGGGACCAACATTAAGTTGAAAC
AGCTAGGGGATTCGGGAACGAATTGGATTTGCAGCATTGCAACTTTACTTAGTTGCTACTTTCATTTACATTTTTTTTTATTTTTAACCCCAGCA
GAGACTCGATTTAAATTGTGTATAAATGATCTGTTGCTGATTTGATTCGCGGGGTTCATTTTTTGTCGTAAATATATCTCATATACATACATATG
CGAGATTGTAACACTCTCTTTAACCTATTGGAGTAACACTTGATTTCACTTTAATAAATATAACTACCCAACAC
(SEQ ID NO: 1220)

Start ATG: 140

MPSIKLQSSDEEIFDTDIQIAKCSGTIKTMLEDCGMEDDENAIVPLPNVNSTILRKVLTWAHYHKDDPQPTEDDESKEKRTDDIISWDADFLKVD
QGTLFELILAANYLDIKGLLELTCKTVANMIKGKTPEEIRKTFNIKKDFSPAEEEQVRKENEWCEEK*
(SEQ ID NO: 1221)

Classification: cell_cycle_regulator
Gene Symbol: skpA
FlyBase ID: FBgn0025637

Celera Sequence No. : 142000013384703
GAAGAGAATGTATCCCTCGCTCTTTCACGCCTAGAAGCGGCTGTAGCACACACAAGCACACGTAAACCCAGCCGTATGCATATACATATATTCCC
TCTACTAGCGAGACGTGTGTACGTGCGTATGTATGTATGCTTTTTTCACTTCTTTCTCCTCTGCGTTCTTTGCACCAAGTGTCGCTGTTGCTATT
TGCTACCGCCGCTCCTCTTGACGAATAAGTCGGGACTTGTATCAGCTCTAATTCGGACTTAGTTTACAAAATGCGGCTGCTTTTTTTCCGCGATA
CTCGGATTAGTGATGTAAAAAGACGTTGATGCTTCGACCACTGAAGTCAGTGCGATATGTATCGATAATTGAATGCCATCGATTGCTACGATTAA
AACTGCCACCGCAGTTAGCGGAGACGCTCACCATTCTCTATTCGCCATTTGAAAGTATCGGTGTAATTTGTTTTCAGAGAAATTAATTTCCGTTT
ACTGTGCAATTCGGTGTGAAAGTGTTCAGATTTATCAATGCGTATTCTGCTTTCGACTTCGCCACCAATCTGTGCTGCAAGTTACCATTACCAGG
TCCACCTGGTTCCCGCCAGTTTTCTTTCATTGTGGCTAGTTGTTGTTCGTGCCTTCGATAAAGACGTTTAGAGGTGTTTTTAGAGTTTCGCCATC
TGGTCACTATAGCCGTTTCGTTTTTTACGTGAGTATTGTGAATTTGGTGTGTTGATTTATATCTCAGTTGGAGCCTGCGTGGAAATAGTGTCAGT
ACGTTTAAAGGCATCATCGTAAGGTTAGTCGGAAAACAAATAAAAAGCCTACAAATAGCAAGCAAGAACGCTTTCGCAACCACAAGAAAAACGAA
CATACGCACGCATCCATCTGTGGTAGAGTCGGCTTGTGTGGGGGTGAGTGGATGTGTGGGTGAGCATTTCTGGAAAGTGCCGTTCTCTATGTTTC
GATTCTACTTATCCCTTCATCACCATTTCATCGTTGAATCATCACGAAAGAAACATCGAAAGTGCACAATCGTTTGTTATCTTTGTACGAAAACA
ACGGTGATTTCCACACAGGCATAACCTGCAAGAGTAATACGATACAAATTTTGATCTGATATGACCTCATTTTAGTCGGTTTGAATTTTAAAGAG
AGCGACTCTGCAAACTGCAGGGATATGAACATACAAAATTCACAAATGATTGTTTGCATCCTAGTTGCTTATATTCATTTACACGCATGCTTATA
TGCTTACATCTGTTATCAATAATTGACGACTTGGTGCATGCGAAGCAAACGCATTGAAATGACTATTGGGATCCACACACTGTTAAAAAACACAC
TGATTGCACTGCCACACATTTCTCAACTAGAACCTAATGTTTTATACTGAACTTAACTGCAGGAAAGCCCAAAATGCCCAGCATCAAGTTGCAAT
CTTCGGATGAGGAGATCTTTGACACGGATATCCAGATCGCCAAGTGCTCCGGCACTATCAAGACCATGCTGGAGGACTGCGGCATGGAGGACGAT
GAGAATGCCATTGTGCCGTTGCCCAATGTGAATTCGACGATTCTTCGCAAGGTGCTTACCTGGGCTCACTACCACAAGGACGACCCCCAGCCAAC
GGAGGATGATGAGAGCAAGGAGAAGCGCACAGACGACATTATCTCATGGGATGCAGATTTCCTAAAAGTCGACCAGGGCACACTGTTTGAGCTGA
TATTGGCAGCGAACTATCTGGACATTAAGGGCCTTCTGGAGCTCACCTGCAAGACTGTTGCAAACATGATTAAGGGAAAGACTCCCGAGGAAATA
CGCAAGACCTTCAACATTAAGAAGGACTTTTCGCCCGCCGAGGAGGAGCAGGTGCGCAAGGAGAACGAGTGGTGCGAGGAGAAGTAAAGCGCGGC
ATTTCGCGGGACCAACATTAAGTTGAAACAGCTAGGGGATTCGGGAACGAATTGGATTTGCAGCATTGCAACTTTACTTAGTTGCTACTTTCATT
TACATTTTTTTTTATTTTTAACCCCAGCAGAGACTCGATTTAAATTGTGTATAAATGATCTGTTGCTGATTTGATTCGCGGGGTTCATTTTTTGT
CGTAAATATATCTCATATACATACATATGCGAGATTGTAACACTCTCTTTAACCTATTGGAGTAACACTTGATTTCACTTTAATAAATATAACTA
CCCAACACAAAGACACAGCCTATTTTGTGGGCTTCCCGGAGGGGTTAGGGTCCAAGGACTTCTCAAATTAAGAAGTGCTCTTTATTCGTTATCTT
GTGTTTAGAAACGTTTGCAAGCGTTTGAAATGGATACGCATGCCATTTATGGTCCAGTCGGTAAAATTTTACGTGTTCCCAAGAAGGTACATATA
TATCTTAGATTATCTTATCTATAGAAACTACATTCATAAGATCACGCTTTCGGCGAATAGCGAGTAATACTGTAGCTGCCACTTTGCCACTTAGT
GTGCAATTGAAATGCGCGCCAACGCATGTTCTCATATGCGGAGCGTTTAGCAGCCCTTAAAAAGCTTTTCATGTTGCTTTTAAAAAGCTACGACG
GGTGTGGAAATTAGATTTGTGACGCTTTATATATCTTTTTTTTATATCGTCTGGGGTACAGCATGGTTTTAGGATTTTAGAAGAAAGCAGTAATT
TTGTAAGAATCGAAGAACGGGGGGATATTTATAATTTTCATATTAACCTTGTCTTTGTTTGCTTTTGAAATTATGAATACTTCGAAAGATAATTA
TCTTGTGCGCATTCCATTCTGGCTTAGACTGGGTTGAGCTAAAAATGATTTGAAATACAAATTTTTAGGTGTCCGCTGATATATAAACAGTATGA
TGTTTTTGCACTTTTTTCCCTGAAGTTTTCCTTGTTGTCTCGCTTGCCAATGCTGAACAAAGTAGCCAAAGGACCTTTACTTGAAGCTTTGAGAG
CGGAAAATATATTCGGGGACAATTGCTTTAAGTGTGCACTAGGCTTGGCTAGATGCCCGTGCCAAACTTTCTTTGGAATTGATCGCTGGCCTTAG
CCAAAAGTGGAAAAAAGAAAGGATAGGATAGTGCCGCACGTATTAAGGGTCTTCTTACAAAAGGTAACTGATATTAATTCATTTGCATACTAAGC
AAGCTAACTCATCTGTTTATTGCAAACAAGCGCCAATTGAAGTTTTATCGAAGCTCAG
(SEQ ID NO: 1222)

Exon: 1001..1078
Exon: 1393..2193
Start ATG: 1404

Transcript No. : CT40294
AAACATCGAAAGTGCACAATCGTTTGTTATCTTTGTACGAAAACAACGGTGATTTCCACACAGGCATAACCTGCAAGAGAAAGCCCAAAATGCCC
AGCATCAAGTTGCAATCTTCGGATGAGGAGATCTTTGACACGGATATCCAGATCGCCAAGTGCTCCGGCACTATCAAGACCATGCTGGAGGACTG
CGGCATGGAGGACGATGAGAATGCCATTGTGCCGTTGCCCAATGTGAATTCGACGATTCTTCGCAAGGTGCTTACCTGGGCTCACTACCACAAGG
ACGACCCCCAGCCAACGGAGGATGATGAGAGCAAGGAGAAGCGCACAGACGACATTATCTCATGGGATGCAGATTTCCTAAAAGTCGACCAGGGC
ACACTGTTTGAGCTGATATTGGCAGCGAACTATCTGGACATTAAGGGCCTTCTGGAGCTCACCTGCAAGACTGTTGCAAACATGATTAAGGGAAA
GACTCCCGAGGAAATACGCAAGACCTTCAACATTAAGAAGGACTTTTCGCCCGCCGAGGAGGAGCAGGTGCGCAAGGAGAACGAGTGGTGCGAGG

AGAAGTAAAGCGCGGCATTTCGCGGGACCAACATTAAGTTGAAACAGCTAGGGGATTCGGGAACGAATTGGATTTGCAGCATTGCAACTTTACTT
AGTTGCTACTTTCATTTACATTTTTTTTTATTTTTAACCCCAGCAGAGACTCGATTTAAATTGTGTATAAATGATCTGTTGCTGATTTGATTCGC
GGGGTTCATTTTTTGTCGTAAATATATCTCATATACATACATATGCGAGATTGTAACACTCTCTTTAACCTATTGGAGTAACACTTGATTTCACT
TTAATAAATATAACTACCCAACAC
(SEQ ID NO: 1223)

Start ATG: 90

MPSIKLQSSDEEIFDTDIQIAKCSGTIKTMLEDCGMEDDENAIVPLPNVNSTILRKVLTWAHYHKDDPQPTEDDESKEKRTDDIISWDADFLKVD
QGTLFELILAANYLDIKGLLELTCKTVANMIKGKTPEEIRKTFNIKKDFSPAEEEQVRKENEWCEEK*
(SEQ ID NO: 1224)

Classification: cell_cycle_regulator
Gene Symbol: skpA
FlyBase ID: FBgn0025637

Celera Sequence No. : 142000013384566
TTGTAAGGCGTATCACTTGATTCCGCACTCTACTCAACTCTCCAAGGACCTCTGTAATCTGATAGGCTTACTGAACCAACAGAGAGTAGAAACAA
AGTTTTGCTTTATTGTGATTTTACGAAATAACCTACAACTTCACCATTCCCAAAAACACAATTTCTTTTTCCTTAAACATTCCAGTTTTAAACAC
CTTTTTTACAGTTTTTTCGTTGTAAGTTGGCCAAAATATGTCACAAGGCTGAAAAACGCACTTTTTTTAGTCAGCTGGGGTCCTCAGCTAAAGACC
CATATCAATATTTGCTTTAATTTGGAAAAATAATTTTTCGGCCAAATTTCGCATTTTTTGTAAGGGGTAACATCATAAAAAATCGAAAAAATTTT
CAAACCAAAAATTTCTCTAAATGAGTTACCCGTCGTTTAGGAATATTTTTACAAGTTCAACGAGGTATTCCACTCCACAATTGGACGTGTCTTTC
CCAAGATATAGCACTTTTTCTGTGAAATCCCCATCGAAAATTATCAACAAGAATAAAATCACCCTCGTTTTCCATCTGAAAAAACTCCCTCAAAA
ACAAACGCATATACAGTTTATTTCGTTACATATATATTGTTATTTATTTAAGAACTTGCTCGTCTAATTGACAGAAAAATATAAAGATATAGGAT
GTATTGAATGGGTTGTGCTGAGTGTCTTACTATGCGAATGAGCGATTCCACTTAAGCCTAGGCGAAATCTCGGCGATTGCATAATGTGGAGCCCC
CTCCCGAGGTGTACGGAAATCACAAGTGGTTGATAAGAAAGAACAGACGTGGAATTTTGCTGTGCTGGTTTGAGGATCGCAGTCGAACGGATAAT
TTATTGGCCAGTCGCCGACTTGGCTGGTGATGATTTAATAGCGGACCCTCGGGAAGGCTCTCTGGGCTGACAGATAACAGATAACTCGACTGGCT
GATAATTTTGATGCGTGACTGGGCGCTGCGCCTTCTCTATCTCCACCTCCTTACAGGGTCTTGTCGAACAGGAACTCGCCCAGTTCGCCGTTGGT
GTCCATCATCTTCTTGAGAGTGGTCAGCTTGCCGGCGAGCTCGCGCTGTCCGTGGAGCTGCTCCTCCAGATAGACACCGGTCAGGTAGTCCACCA
GGTGGTAGTGGTTGTAGGGCTTGTTCTCGCAGGTCTGGATCAGCTTGCGGATGGACTTGGTCACCTTGATCTCCAGGTCGAGGGCGTCGGACAGG
GCGGCGGCACCATCGGTCCACTCCTGCTTGGCCACAGTCTGTGGGGGATTCGCCAGGATTAGCTGGGCTTTTGGGTTTTCTAGGCGAGTCGTCGA
CTTACCGGCACATTGATCAGATCGCTGACTCCCTCGGTCAGTTGACCGCGCATGGACAGGTACTCCACCAGCTTGGATCCGTGCTCACGTTCCTC
CTTGGCGGCCTTGAAGAAGTGCTCGGCGAATCCAGGGCGGTTGACGGTGTCGCGGGAGAAGTAGGCGCCCATGGCCAAGTACTGGTAGGAGGCGT
TGATCTCCTCCTGGATCTGATTGCGCATGCCCTTTATGCAGGCATCCTTCATGTCCACCCAGTCCTTGGTAATCTCAGGAACAGCCAGGGAGCCT
GCAATGGGATAAGGTTGGGTTAAGTCGGGGGACCACGATAACAATATATGGCTAGTATTCAGCTTTAAAAAATTTATTTTTGTAATCAGAACTTA
GGTAAATTTTAATATTTTAAAAACCTTTGCACTCTTGGTCTTGACCTTCATGGCTTAGGTTTTGTTTTTCTTTTAGTTGATGCTCTTCTCGCTCC
CTTTGAAGCTCTCTCACGAAACTCTTGCTTTCTTGCTTGGCTGAGGGGTAGGGCGTTGTTGGTTATTGCATTTAAGAGGGCGTAATTGCATAAAC
CTTTGAAATTGCGCTTGAAATGCCGCTATTCTAGGGCACAAAAACCGTGTGCAAAACTGTAATGGCCTACTCTCCCACTCTCTCTCTCTGTTTTT
GTAACTGCATTGGTAACGTGCGCAGCTCTCGCCGCCATAGTAACGGCATTTGTTTTCGTGTAGTGCCGTGTGCAAAAAGCATGGTTCACCATGCT
AGCTCACTCGGCCCGTAAAAGCCGTGTGCAAAGAGCGCCTTGAAATGTAACAACAAAAAGTCAAGCTTATTTATACCGCAATATTCATGGAAATG
AAAGCGAAATTCGCATTATTTAATTATGAAAATTTATGTATAAAAACTGGTTATCATTTCCCCAAAGCGCAACGGAAGTATCAATAACTTTTAAA
TCAACTGGTTTGGTAACTTCACTTCATTGACGAAAGAGAGTGAAAGAGCGTCAAAGAGAAACGGCGCATGCTCTTTTCAACGCATTACAAATGTT
TTGCTTCTCTTTGCGTATTGCGTCGAAATTTATTGTTTTTTTTTCCGATGACCTGCCTTTGTTTTGTTTGAAATTCTGATGAATAAAACGTAACAT
TAGTACTTACACTTGAAATCTCCATAGGCCTGGGCCACCACGGCCAACAGGAGCAGGCTAGCAATTAGTTTCACCATCTTTGATCGTCGAACGTA
GTCTTTACACAAAATCACAGAACAAAAATTTGTTTTTCACTTTAGTTTGATTTGCTTGAAATGCACAAATGAGAATGAGGCGACTCGAGTTGAGC
TACAATGTTAAATAGGCGTTGAAATTGAAAATCTAGCTGCCTTTACACACACTGGCGCAGAAGGCGTCGCCTGCTTCAATTTGATGGGCTTGATT
GGGATTATTTTCGACTTCTCGAATGCTTTCCAGTACCTTCTGCTGACAGCTTTAATCTGATTTTTCAGTGGAGCTAAGGCCTTTCTACGTTGTGT
TTTAGCGAACTCGAAAGCGAACTGTCGCTCCGAACGGCGCACAAAACACTTTTAAGCGCGCGCGCTCTCGGTTTTTCTTCGTGTGTGTGTGAGTG
ATGGGAGAGTGTGCACTGTTATCTTTTCAACATGTCGCCCGTTCTTTGTTAACCGTTTAAATGGCTGATAATTGAATATTCCCGATAATTGCCGC
ACTCAATGTGATACACACGTCCTCAATATGGGTATACTTTGTATAAAGTCGGGTTTCCTAGTCAGATAATCCCCACTTACTAAGAAGTAAATTTA
TCAAATGCAATATGGCCGCTCTTTTGAGATGCGCATCAGCTGTTCTTTGTTTTTGTTTTGGCCGTGGGAGAGCACCACGTCATGTGTTGCCAGGC
GGTTTAATTATTGCTGACAATTTAATTCACATTTTGTCAAGTTGATTTGCACGTTCGAAGGGGGGATCAGTCACCCACTTTGATAACTGCTAATA
TGGCGACGGCTCTTTTTTACGTGTCGCTTGCAGAGCTCCAAGAATGACACTTGATAAGAAGGATACATGGTGGGAAAACTTACAAATTACATAAT
TTGTTTGTTGATTGGGGAAACCCTACATTATCTCCGAACCCAGCAATAATATGTATTGTAAATAGCAACAGTCTCAAGCTCGATGCTGCTGTGAA
TTACCAATATATCAAAACTTAAAACATTATCTTAGGAGGTAGATGGTTTATCTGCAGTTTATTTTCAATTCTCATCGTTAGCTGATAAAACTCTC
AGGAAACCACTTGAAATCCAAAGTGCAGCGTCCATATTTTGCACACGCTGACAACCCTGTCGTGAGTCACCTTCCAGCAGGCGCAGCAACAACAG
CACTGGCAGCGGCCATATTTGAATGACACCGAAATCCCGCACTGAGCGCAAAACAACACATGCCCATGCACGCTCTCCAAAACCACACACACACA
GCCATATCGATCGCATAGAAAGAGACGTACGCGACGCTATAAACAGCAGTTGATTTTCAGAGTTTCACCAAGAAGCACATAAAGCGATTGAATTA
TTAATAAAAGCACAGGCACTGGAAGTGAGTTTTAATATTACTAACTAACTACTTTGTGAGTGTTTAGTTACGAAAACTAGAAAATAATATTCTGG
AAACTGTGTTTTTAAACCGACCACCATATAAATTTAAAAACCAAAACATTCCATTGGTGGTGGTTTTGTTGTTAAAAAAGAGCACAGAAAATTCA
AGAAAACGCTACGACGCAAAACGAAAAAACTCGCCCAAAATGAAAACAAAAGTGTC
(SEQ ID NO: 1225)

Exon: 3141..2792
Exon: 2659..2481
Exon: 1613..1336
Exon: 1273..1001
Start ATG: 2547 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT40862

ATTTGATAAATTTACTTCTTAGTAAGTGGGGATTATCTGACTAGGAAACCCGACTTTATACAAAGTATACCCATATTGAGGACGTGTGTATCACA
TTGAGTGCGGCAATTATCGGGAATATTCAATTATCAGCCATTTAAACGGTTAACAAAGAACGGGCGACATGTTGAAAAGATAACAGTGCACACTC
TCCCATCACTCACACACACACGAAGAAAAACCGAGAGCGCGCGCGCTTAAAAGTGTTTTGTGCGCCGTTCGGAGCGACAGTTCGCTTTCGAGTTC
GCTAAAACACAACGTAGAAAGGCCTTAGCTCCACTGAAAAATCAGATTAAAGCTGTCAGCAGAAGCTCAACTCGAGTCGCCTCATTCTCATTTGT
GCATTTCAAGCAAATCAAACTAAAGTGAAAAACAAATTTTTGTTCTGTGATTTTGTGTAAAGACTACGTTCGACGATCAAAGATGGTGAAACTAA
TTGCTAGCCTGCTCCTGTTGGCCGTGGTGGCCCAGGCCTATGGAGATTTCAAGTGCTCCCTGGCTGTTCCTGAGATTACCAAGGACTGGGTGGAC
ATGAAGGATGCCTGCATAAAGGGCATGCGCAATCAGATCCAGGAGGAGATCAACGCCTCCTACCAGTACTTGGCCATGGGCGCCTACTTCTCCCG
CGACACCGTCAACCGCCCTGGATTCGCCGAGCACTTCTTCAAGGCCGCCAAGGAGGAACGTGAGCACGGATCCAAGCTGGTGGAGTACCTGTCCA
TGCGCGGTCAACTGACCGAGGGAGTCAGCGATCTGATCAATGTGCCGACTGTGGCCAAGCAGGAGTGGACCGATGGTGCCGCCGCCCTGTCCGAC
GCCCTCGACCTGGAGATCAAGGTGACCAAGTCCATCCGCAAGCTGATCCAGACCTGCGAGAACAAGCCCTACAACCACTACCACCTGGTGGACTA
CCTGACCGGTGTCTATCTGGAGGAGCAGCTCCACGGACAGCGCGAGCTCGCCGGCAAGCTGACCACTCTCAAGAAGATGATGGACACCAACGGCG
AACTGGGCGAGTTCCTGTTCGACAAGACCCTGTAA
(SEQ ID NO: 1226)

Start ATG: 463 (Reverse strand: CAT)

MVKLIASLLLLAVVAQAYGDFKCSLAVPEITKDWVDMKDACIKGMRNQIQEEINASYQYLAMGAYFSRDTVNRPGFAEHFFKAAKEEREHGSKLV
EYLSMRGQLTEGVSDLINVPTVAKQEWTDGAAALSDALDLEIKVTKSIRKLIQTCENKPYNHYHLVDYLTGVYLEEQLHGQRELAGKLTTLKKMM
DTNGELGEFLFDKTL*
(SEQ ID NO: 1227)

Name: FERRITIN RELATED PROTEIN
Classification: ligand_binding_or_carrier

Celera Sequence No. : 142000013384566
TTGTAAGGCGTATCACTTGATTCCGCACTCTACTCAACTCTCCAAGGACCTCTGTAATCTGATAGGCTTACTGAACCAACAGAGAGTAGAAACAA
AGTTTTGCTTTATTGTGATTTTACGAAATAACCTACAACTTCACCATTCCCAAAAACACAATTTCTTTTTCCTTAAACATTCCAGTTTTAAACAC
CTTTTTTACAGTTTTTTCGTTGTAAGTTGGCCAAAATATGTCACAAGGCTGAAAAACGCACTTTTTTAGTCAGCTGGGGTCCTCAGCTAAAGACC
CATATCAATATTTGCTTTAATTTGGAAAAATAATTTTTCGGCCAAATTTCGCATTTTTTGTAAGGGGTAACATCATAAAAAATCGAAAAAATTTT
CAAACCAAAAATTTCTCTAAATGAGTTACCCGTCGTTTAGGAATATTTTTACAAGTTCAACGAGGTATTCCACTCCACAATTGGACGTGTCTTTC
CCAAGATATAGCACTTTTTCTGTGAAATCCCCATCGAAAATTATCAACAAGAATAAAATCACCCTCGTTTTCCATCTGAAAAAACTCCCTCAAAA
ACAAACGCATATACAGTTTATTTCGTTACATATATATTGTTATTTATTTAAGAACTTGCTCGTCTAATTGACAGAAAAATATAAAGATATAGGAT
GTATTGAATGGGTTGTGCTGAGTGTCTTACTATGCGAATGAGCGATTCCACTTAAGCCTAGGCGAAATCTCGGCGATTGCATAATGTGGAGCCCC
CTCCCGAGGTGTACGGAAATCACAAGTGGTTGATAAGAAAGAACAGACGTGGAATTTTGCTGTGCTGGTTTGAGGATCGCAGTCGAACGGATAAT
TTATTGGCCAGTCGCCGACTTGGCTGGTGATGATTTAATAGCGGACCCTCGGGAAGGCTCTCTGGGCTGACAGATAACAGATAACTCGACTGGCT
GATAATTTTGATGCGTGACTGGGCGCTGCGCCTTCTCTATCTCCACCTCCTTACAGGGTCTTGTCGAACAGGAACTCGCCCAGTTCGCCGTTGGT
GTCCATCATCTTCTTGAGAGTGGTCAGCTTGCCGGCGAGCTCGCGCTGTCCGTGGAGCTGCTCCTCCAGATAGACACCGGTCAGGTAGTCCACCA
GGTGGTAGTGGTTGTAGGGCTTGTTCTCGCAGGTCTGGATCAGCTTGCGGATGGACTTGGTCACCTTGATCTCCAGGTCGAGGGCGTCGGACAGG
GCGGCGGCACCATCGGTCCACTCCTGCTTGGCCACAGTCTGTGGGGGATTCGCCAGGATTAGCTGGGCTTTTGGGTTTTCTAGGCGAGTCGTCGA
CTTACCGGCACATTGATCAGATCGCTGACTCCCTCGGTCAGTTGACCGCGCATGGACAGGTACTCCACCAGCTTGGATCCGTGCTCACGTTCCTC
CTTGGCGGCCTTGAAGAAGTGCTCGGCGAATCCAGGGCGGTTGACGGTGTCGCGGGAGAAGTAGGCGCCCATGGCCAAGTACTGGTAGGAGGCGT
TGATCTCCTCCTGGATCTGATTGCGCATGCCCTTTATGCAGGCATCCTTCATGTCCACCCAGTCCTTGGTAATCTCAGGAACAGCCAGGGAGCCT
GCAATGGGATAAGGTTGGGTTAAGTCGGGGGACCACGATAACAATATATGGCTAGTATTCAGCTTTAAAAAATTTATTTTTGTAATCAGAACTTA
GGTAAATTTTAATATTTTAAAAACCTTTGCACTCTTGGTCTTGACCTTCATGGCTTAGGTTTTGTTTTTCTTTTAGTTGATGCTCTTCTCGCTCC
CTTTGAAGCTCTCTCACGAAACTCTTGCTTTCTTGCTTGGCTGAGGGGTAGGGCGTTGTTGGTTATTGCATTTAAGAGGGCGTAATTGCATAAAC
CTTTGAAATTGCGCTTGAAATGCCGCTATTCTAGGGCACAAAAACCGTGTGCAAAACTGTAATGGCCTACTCTCCCACTCTCTCTCTCTGTTTTT
GTAACTGCATTGGTAACGTGCGCAGCTCTCGCCGCCATAGTAACGGCATTTGTTTTCGTGTAGTGCCGTGTGCAAAAAGCATGGTTCACCATGCT
AGCTCACTCGGCCCGTAAAAGCCGTGTGCAAAGAGCGCCTTGAAATGTAACAACAAAAAGTCAAGCTTATTTATACCGCAATATTCATGGAAATG
AAAGCGAAATTCGCATTATTTAATTATGAAAATTTATGTATAAAAACTGGTTATCATTTCCCCAAAGCGCAACGGAAGTATCAATAACTTTTAAA
TCAACTGGTTTGGTAACTTCACTTCATTGACGAAAGAGAGTGAAAGAGCGTCAAAGAGAAACGGCGCATGCTCTTTTCAACGCATTACAAATGTT
TTGCTTCTCTTTGCGTATTGCGTCGAAATTTATTGTTTTTTTTCCGATGACCTGCCTTTGTTTTGTTTGAAATTCTGATGAATAAAACGTAACAT
TAGTACTTACACTTGAAATCTCCATAGGCCTGGGCCACCACGGCCAACAGGAGCAGGCTAGCAATTAGTTTCACCATCTTTGATCGTCGAACGTA
GTCTTTACACAAAATCACAGAACAAAAATTTGTTTTTCACTTTAGTTTGATTTGCTTGAAATGCACAAATGAGAATGAGGCGACTCGAGTTGAGC
TACAATGTTAAATAGGCGTTGAAATTGAAAATCTAGCTGCCTTTACACACACTGGCGCAGAAGGCGTCGCCTGCTTCAATTTGATGGGCTTGATT
GGGATTATTTTCGACTTCTCGAATGCTTTCCAGTACCTTCTGCTGACAGCTTTAATCTGATTTTTCAGTGGAGCTAAGGCCTTTCTACGTTGTGT
TTTAGCGAACTCGAAAGCGAACTGTCGCTCCGAACGGCGCACAAAACACTTTTAAGCGCGCGCGCTCTCGGTTTTTCTTCGTGTGTGTGTGAGTG
ATGGGAGAGTGTGCACTGTTATCTTTCAACATGTCGCCCGTTCTTTGTTAACCGTTTAAATGGCTGATAATTGAATATTCCCGATAATTGCCGC
ACTCAATGTGATACACACGTCCTCAATATGGGTATACTTTGTATAAAGTCGGGTTTCCTAGTCAGATAATCCCCACTTACTAAGAAGTAAATTTA
TCAAATGCAATATGGCCGCTCTTTTGAGATGCGCATCAGCTGTTCTTTGTTTTTGTTTTGGCCGTGGGAGAGCACCACGTCATGTGTTGCCAGGC
GGTTTAATTATTGCTGACAATTTAATTCACATTTTGTCAAGTTGATTTGCACGTTCGAAGGGGGGATCAGTCACCCACTTTGATAACTGCTAATA
TGGCGACGGCTCTTTTTTACGTGTCGCTTGCAGAGCTCCAAGAATGACACTTGATAAGAAGGATACATGGTGGGAAAACTTACAAATTACATAAT
TTGTTTGTTGATTGGGGAAACCCTACATTATCTCCGAACCCAGCAATAATATGTATTGTAAATAGCAACAGTCTCAAGCTCGATGCTGCTGTGAA
TTACCAATATATCAAAACTTAAAACATTATCTTAGGAGGTAGATGGTTTATCTGCAGTTTATTTTCAATTCTCATCGTTAGCTGATAAAACTCTC
AGGAAACCACTTGAAATCCAAAGTGCAGCGTCCATATTTTGCACACGCTGACAACCCTGTCGTGAGTCACCTTCCAGCAGGCGCAGCAACAACAG
CACTGGCAGCGGCCATATTTGAATGACACCGAAATCCCGCACTGAGCGCAAAACAACACATGCCCATGCACGCTCTCCAAAACCACACACACACA
GCCATATCGATCGCATAGAAAGAGACGTACGCGACGCTATAAACAGCAGTTGATTTTCAGAGTTTCACCAAGAAGCACATAAAGCGATTGAATTA
TTAATAAAAGCACAGGCACTGGAAGTGAGTTTTAATATTACTAACTAACTACTTTGTGAGTGTTTAGTTACGAAAACTAGAAAATAATATTCTGG
AAACTGTGTTTTTAAACCGACCACCATATAAATTTAAAAACCAAAACATTCCATTGGTGGTGGTTTTGTTGTTAAAAAAGAGCACAGAAAATTCA
AGAAAACGCTACGACGCAAAACGAAAAAACTCGCCCAAAATGAAAACAAAAGTGTC
(SEQ ID NO: 1228)

Exon: 3141..2792
Exon: 2619..2481
Exon: 1613..1336
Exon: 1273..1001
Start ATG: 2547 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT40864
ATTTGATAAATTTACTTCTTAGTAAGTGGGGATTATCTGACTAGGAAACCCGACTTTATACAAAGTATACCCATATTGAGGACGTGTGTATCACA
TTGAGTGCGGCAATTATCGGGAATATTCAATTATCAGCCATTTAAACGGTTAACAAAGAACGGGCGACATGTTGAAAAGATAACAGTGCACACTC
TCCCATCACTCACACACACACGAAGAAAAACCGAGAGCGCGCGCGCTTAAAAGTGTTTTGTGCGCCGTTCGGAGCGACAGTTCGCTTTCGAGTTC
GCTAAAACACAACGTAGAAAGGCCTTAGCTCCACTGAAAAATCAGATTAAAGCTGTCAGCAGAAGCAAATCAAACTAAAGTGAAAAACAAATTTT
TGTTCTGTGATTTTGTGTAAAGACTACGTTCGACGATCAAAGATGGTGAAACTAATTGCTAGCCTGCTCCTGTTGGCCGTGGTGGCCCAGGCCTA
TGGAGATTTCAAGTGCTCCCTGGCTGTTCCTGAGATTACCAAGGACTGGGTGGACATGAAGGATGCCTGCATAAAGGGCATGCGCAATCAGATCC
AGGAGGAGATCAACGCCTCCTACCAGTACTTGGCCATGGGCGCCTACTTCTCCCGCGACACCGTCAACCGCCCTGGATTCGCCGAGCACTTCTTC
AAGGCCGCCAAGGAGGAACGTGAGCACGGATCCAAGCTGGTGGAGTACCTGTCCATGCGCGGTCAACTGACCGAGGGAGTCAGCGATCTGATCAA
TGTGCCGACTGTGGCCAAGCAGGAGTGGACCGATGGTGCCGCCGCCCTGTCCGACGCCCTCGACCTGGAGATCAAGGTGACCAAGTCCATCCGCA
AGCTGATCCAGACCTGCGAGAACAAGCCCTACAACCACTACCACCTGGTGGACTACCTGACCGGTGTCTATCTGGAGGAGCAGCTCCACGGACAG
CGCGAGCTCGCCGGCAAGCTGACCACTCTCAAGAAGATGATGGACACCAACGGCGAACTGGGCGAGTTCCTGTTCGACAAGACCCTGTAA
(SEQ ID NO: 1229)

Start ATG: 423 (Reverse strand: CAT)

MVKLIASLLLLAVVAQAYGDFKCSLAVPEITKDWVDMKDACIKGMRNQIQEEINASYQYLAMGAYFSRDTVNRPGFAEHFFKAAKEEREHGSKLV
EYLSMRGQLTEGVSDLINVPTVAKQEWTDGAAALSDALDLEIKVTKSIRKLIQTCENKPYNHYHLVDYLTGVYLEEQLHGQRELAGKLTTLKKMM
DTNGELGEFLFDKTL*
(SEQ ID NO: 1230)

Name: ferritin subunit 1
Classification: ligand_binding_or_carrier
Gene Symbol: Fer1HCH
FlyBase ID: FBgn0015222

Celera Sequence No. : 142000013384566
TTGTAAGGCGTATCACTTGATTCCGCACTCTACTCAACTCTCCAAGGACCTCTGTAATCTGATAGGCTTACTGAACCAACAGAGAGTAGAAACAA
AGTTTTGCTTTATTGTGATTTTACGAAATAACCTACAACTTCACCATTCCCAAAAACACAATTTCTTTTTCCTTAAACATTCCAGTTTTAAACAC
CTTTTTTACAGTTTTTTCGTTGTAAGTTGGCCAAAATATGTCACAAGGCTGAAAAACGCACTTTTTTAGTCAGCTGGGGTCCTCAGCTAAAGACC
CATATCAATATTTGCTTTAATTTGGAAAAATAATTTTTCGGCCAAATTTCGCATTTTTTGTAAGGGGTAACATCATAAAAAATCGAAAAAATTTT
CAAACCAAAAATTTCTCTAAATGAGTTACCCGTCGTTTAGGAATATTTTTACAAGTTCAACGAGGTATTCCACTCCACAATTGGACGTGTCTTTC
CCAAGATATAGCACTTTTTCTGTGAAATCCCCATCGAAAATTATCAACAAGAATAAAATCACCCTCGTTTTCCATCTGAAAAAACTCCCTCAAAA
ACAAACGCATATACAGTTTATTTCGTTACATATATATTGTTATTTATTTAAGAACTTGCTCGTCTAATTGACAGAAAAATATAAAGATATAGGAT
GTATTGAATGGGTTGTGCTGAGTGTCTTACTATGCGAATGAGCGATTCCACTTAAGCCTAGGCGAAATCTCGGCGATTGCATAATGTGGAGCCCC
CTCCCGAGGTGTACGGAAATCACAAGTGGTTGATAAGAAAGAACAGACGTGGAATTTTGCTGTGCTGGTTTGAGGATCGCAGTCGAACGGATAAT
TTATTGGCCAGTCGCCGACTTGGCTGGTGATGATTTAATAGCGGACCCTCGGGAAGGCTCTCTGGGCTGACAGATAACAGATAACTCGACTGGCT
GATAATTTTGATGCGTGACTGGGCGCTGCGCCTTCTCTATCTCCACCTCCTTACAGGGTCTTGTCGAACAGGAACTCGCCCAGTTCGCCGTTGGT
GTCCATCATCTTCTTGAGAGTGGTCAGCTTGCCGGCGAGCTCGCGCTGTCCGTGGAGCTGCTCCTCCAGATAGACACCGGTCAGGTAGTCCACCA
GGTGGTAGTGGTTGTAGGGCTTGTTCTCGCAGGTCTGGATCAGCTTGCGGATGGACTTGGTCACCTTGATCTCCAGGTCGAGGGCGTCGGACAGG
GCGGCGGCACCATCGGTCCACTCCTGCTTGGCCACAGTCTGTGGGGGATTCGCCAGGATTAGCTGGGCTTTTGGGTTTTCTAGGCGAGTCGTCGA
CTTACCGGCACATTGATCAGATCGCTGACTCCCTCGGTCAGTTGACCGCGCATGGACAGGTACTCCACCAGCTTGGATCCGTGCTCACGTTCCTC
CTTGGCGGCCTTGAAGAAGTGCTCGGCGAATCCAGGGCGGTTGACGGTGTCGCGGGAGAAGTAGGCGCCCATGGCCAAGTACTGGTAGGAGGCGT
TGATCTCCTCCTGGATCTGATTGCGCATGCCCTTTATGCAGGCATCCTTCATGTCCACCCAGTCCTTGGTAATCTCAGGAACAGCCAGGGAGCCT
GCAATGGGATAAGGTTGGGTTAAGTCGGGGGACCACGATAACAATATATGGCTAGTATTCAGCTTTAAAAAATTTATTTTTGTAATCAGAACTTA
GGTAAATTTTAATATTTTAAAAACCTTTGCACTCTTGGTCTTGACCTTCATGGCTTAGGTTTTGTTTTTCTTTTAGTTGATGCTCTTCTCGCTCC
CTTTGAAGCTCTCTCACGAAACTCTTGCTTTCTTGCTTGGCTGAGGGGTAGGGCGTTGTTGGTTATTGCATTTAAGAGGGCGTAATTGCATAAAC
CTTTGAAATTGCGCTTGAAATGCCGCTATTCTAGGGCACAAAAACCGTGTGCAAAACTGTAATGGCCTACTCTCCCACTCTCTCTCTCTGTTTTT
GTAACTGCATTGGTAACGTGCGCAGCTCTCGCCGCCATAGTAACGGCATTTGTTTTCGTGTAGTGCCGTGTGCAAAAAGCATGGTTCACCATGCT
AGCTCACTCGGCCCGTAAAAGCCGTGTGCAAAGAGCGCCTTGAAATGTAACAACAAAAAGTCAAGCTTATTTATACCGCAATATTCATGGAAATG
AAAGCGAAATTCGCATTATTTAATTATGAAAATTTATGTATAAAAACTGGTTATCATTTCCCCAAAGCGCAACGGAAGTATCAATAACTTTTAAA
TCAACTGGTTTGGTAACTTCACTTCATTGACGAAAGAGAGTGAAAGAGCGTCAAAGAGAAACGGCGCATGCTCTTTTCAACGCATTACAAATGTT
TTGCTTCTCTTTGCGTATTGCGTCGAAATTTATTGTTTTTTTTCCGATGACCTGCCTTTGTTTTGTTTGAAATTCTGATGAATAAAACGTAACAT
TAGTACTTACACTTGAAATCTCCATAGGCCTGGGCCACCACGGCCAACAGGAGCAGGCTAGCAATTAGTTTCACCATCTTTGATCGTCGAACGTA
GTCTTTACACAAAATCACAGAACAAAAATTTGTTTTTCACTTTAGTTTGATTTGCTTGAAATGCACAAATGAGAATGAGGCGACTCGAGTTGAGC
TACAATGTTAAATAGGCGTTGAAATTGAAAATCTAGCTGCCTTTACACACACTGGCGCAGAAGGCGTCGCCTGCTTCAATTTGATGGGCTTGATT
GGGATTATTTTCGACTTCTCGAATGCTTTCCAGTACCTTCTGCTGACAGCTTTAATCTGATTTTTCAGTGGAGCTAAGGCCTTTCTACGTTGTGT
TTTAGCGAACTCGAAAGCGAACTGTCGCTCCGAACGGCGCACAAAACACTTTTAAGCGCGCGCGCTCTCGGTTTTTCTTCGTGTGTGTGTGAGTG
ATGGGAGAGTGTGCACTGTTATCTTTTCAACATGTCGCCCGTTCTTTGTTAACCGTTTAAATGGCTGATAATTGAATATTCCCGATAATTGCCGC
ACTCAATGTGATACACACGTCCTCAATATGGGTATACTTTGTATAAAGTCGGGTTTCCTAGTCAGATAATCCCCACTTACTAAGAAGTAAATTTA
TCAAATGCAATATGGCCGCTCTTTTGAGATGCGCATCAGCTGTTCTTTGTTTTTGTTTTGGCCGTGGGAGAGCACCACGTCATGTGTTGCCAGGC
GGTTTAATTATTGCTGACAATTTAATTCACATTTTGTCAAGTTGATTTGCACGTTCGAAGGGGGGATCAGTCACCCACTTTGATAACTGCTAATA
TGGCGACGGCTCTTTTTTACGTGTCGCTTGCAGAGCTCCAAGAATGACACTTGATAAGAAGGATACATGGTGGGAAAACTTACAAATTACATAAT

TTGTTTGTTGATTGGGGAAACCCTACATTATCTCCGAACCCAGCAATAATATGTATTGTAAATAGCAACAGTCTCAAGCTCGATGCTGCTGTGAA
TTACCAATATATCAAAACTTAAAACATTATCTTAGGAGGTAGATGGTTTATCTGCAGTTTATTTTCAATTCTCATCGTTAGCTGATAAAACTCTC
AGGAAACCACTTGAAATCCAAAGTGCAGCGTCCATATTTTGCACACGCTGACAACCCTGTCGTGAGTCACCTTCCAGCAGGCGCAGCAACAACAG
CACTGGCAGCGGCCATATTTGAATGACACCGAAATCCCGCACTGAGCGCAAAACAACACATGCCCATGCACGCTCTCCAAAACCACACACACACA
GCCATATCGATCGCATAGAAAGAGACGTACGCGACGCTATAAACAGCAGTTGATTTTCAGAGTTTCACCAAGAAGCACATAAAGCGATTGAATTA
TTAATAAAAGCACAGGCACTGGAAGTGAGTTTTAATATTACTAACTAACTACTTTGTGAGTGTTTAGTTACGAAAACTAGAAAATAATATTCTGG
AAACTGTGTTTTTAAACCGACCACCATATAAATTTAAAAACCAAAACATTCCATTGGTGGTGGTTTTGTTGTTAAAAAAGAGCACAGAAAATTCA
AGAAAACGCTACGACGCAAAACGAAAAAACTCGCCCAAAATGAAAACAAAAGTGTC
(SEQ ID NO: 1231)

Exon: 3141..2792
Exon: 2567..2481
Exon: 1613..1336
Exon: 1273..1001
Start ATG: 2547 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT40866
ATTTGATAAATTTACTTCTTAGTAAGTGGGGATTATCTGACTAGGAAACCCGACTTTATACAAAGTATACCCATATTGAGGACGTGTGTATCACA
TTGAGTGCGGCAATTATCGGGAATATTCAATTATCAGCCATTTAAACGGTTAACAAAGAACGGGCGACATGTTGAAAAGATAACAGTGCACACTC
TCCCATCACTCACACACACACGAAGAAAAACCGAGAGCGCGCGCGCTTAAAAGTGTTTTGTGCGCCGTTCGGAGCGACAGTTCGCTTTCGAGTTC
GCTAAAACACAACGTAGAAAGGCCTTAGCTCCACTGAAAAATCAGATTAAAGCTGTCAGCAGAAGACTACGTTCGACGATCAAAGATGGTGAAAC
TAATTGCTAGCCTGCTCCTGTTGGCCGTGGTGGCCCAGGCCTATGGAGATTTCAAGTGCTCCCTGGCTGTTCCTGAGATTACCAAGGACTGGGTG
GACATGAAGGATGCCTGCATAAAGGGCATGCGCAATCAGATCCAGGAGGAGATCAACGCCTCCTACCAGTACTTGGCCATGGGCGCCTACTTCTC
CCGCGACACCGTCAACCGCCCTGGATTCGCCGAGCACTTCTTCAAGGCCGCCAAGGAGGAACGTGAGCACGGATCCAAGCTGGTGGAGTACCTGT
CCATGCGCGGTCAACTGACCGAGGGAGTCAGCGATCTGATCAATGTGCCGACTGTGGCCAAGCAGGAGTGGACCGATGGTGCCGCCGCCCTGTCC
GACGCCCTCGACCTGGAGATCAAGGTGACCAAGTCCATCCGCAAGCTGATCCAGACCTGCGAGAACAAGCCCTACAACCACTACCACCTGGTGGA
CTACCTGACCGGTGTCTATCTGGAGGAGCAGCTCCACGGACAGCGCGAGCTCGCCGGCAAGCTGACCACTCTCAAGAAGATGATGGACACCAACG
GCGAACTGGGCGAGTTCCTGTTCGACAAGACCCTGTAA
(SEQ ID NO: 1232)

Start ATG: 371 (Reverse strand: CAT)

MVKLIASLLLLAVVAQAYGDFKCSLAVPEITKDWVDMKDACIKGMRNQIQEEINASYQYLAMGAYFSRDTVNRPGFAEHFFKAAKEEREHGSKLV
EYLSMRGQLTEGVSDLINVPTVAKQEWTDGAAALSDALDLEIKVTKSIRKLIQTCENKPYNHYHLVDYLTGVYLEEQLHGQRELAGKLTTLKKMM
DTNGELGEFLFDKTL*
(SEQ ID NO: 1233)

Name: ferritin subunit 1
Classification: ligand_binding_or_carrier
Gene Symbol: Fer1HCH
FlyBase ID: FBgn0015222

Celera Sequence No. : 142000013383837
CGCGCATCCAGCGGGCCACCACACTCACCTCGTCCATGTCCCTGCCGGCGGAGTGCCTGGTTCTCTCCGTATCCATGCCCTCGCTCAACTCGGAG
CCCAAGCGTCCCAAGAGCGCGGGACCCAAGAAGAAGCCCGGCCAGGCCGTCCACTCGAAGCCATTCCGCCTATATTGAGCCTGTCGAGGAAGGAG
CTGCTCCACAAGTCGCACGTGACGTCACCCAATCGAAGCACTCAGAGATTTGTGCACAAGTTGATATCGAGGCACGCACTTCTAAAACATGCATA
TGCAGAATACATTTTATCAAACCGTTGATTGTTTAGAACCGAAATGGAAACGAAACTTGGCATTTACAACATAACAATAAACGACTAAATGAGAG
GCAAAGTTAAGCACAAAATACAGCTGTGGTTTGTTTGTTTGTTTCTTTATATAATTACAGTATATATTTTCGTAAGTATTAAATCTGTTTCACGG
CTACTACATCGCTGGAGCCAAACGGCCTTCGTTTACATTTCATTTACATAAGACTTGCGTTTGATTTTCTATATATAATTAGTACAAAAATTGTC
CTGGGATTTCGTTACGTCTCATTGCGTCTTTATCATCGTGCTCATTGTGTGTTTGGAAAACTGTGTGCTTTTCTTGGTTTCTTTAGGTTTTGTAT
TCGTTTTTGATTCTTGTTCCTTTCGATTATTCGAGTCGCGTCACATTTAAATGCATTTAGTTGCCTTTTTCCATTTACATCATCCTTTTGCTCTA
CTTAAGCCATAAAAGTTGTTTATACAATTCGTTTTTAAAGTTAGGGTAATAAATAGGTCATTATAAAATAATAAACAACAGTTGTTACATTTTCA
AAAGACATCGTCAAATGAGCTTCAAGTGATTATGATTATGATTCGAGGGTCGAGTTAGAATTAAAAAAATGCGCATGCTTGAATATCATAAAAAG
TGGCTTCTCTAAGAGCTCGTCGTCAAGTGAATTGGCCTGGTTTCAGATTTGGTTAGCTGCGGATTGGCTGCCTTAGCTCATGGCTATATATAACT
ATAATACATTTAATGGGAAACTAGGAAATGCATAGATGCTCGTGATATGCGAAACCAATGTTTGCTGCGGTTGTTATAATTTTCTCTTTCTGCCA
GATACTATTCGTACAATACATTCGATTCAATTGACTAGATTTCTACATATGTAGTGCATTAGATTTATGATTTATCTGTGGTACCGATTTTGTTA
ACAATGTTTTTTTTAGTTGTTGCGGGAGGGAATCGTGGTTTGCCAAATGTGTGACAGCAACGATCCGCAGAAAAAAACAGCCAAACAAAGAGAAA
TTTCATACGAATTTTGATGGCAGTACATTTCGATTCACAGAATTTCGTACAATATTTATCGTTTGTTTAGAGTTTCTTTCCGGGTTCGGTGCCTT
TTACGAGAGTACGGAGAATTTTATAAATAAATACATGTAATTGATTTGTCGATGAGGGCGCTGCGTGAGTGTCAATTTGTTGTGGCCATTGTGCC
GGTGTACGTGTCGCTTCCGAGGAATCTCTATACTTCGCCAAAGCCAATAACATTCTACCTTATTTACATTATTAAACACTTTCGCTGGCGTCGCT
TTAGCGGCTCTGGTCTGAGCACCGCGCGCACCGCTTCCTCGAACACCTGAATTTGCAATCGGAGTGGGAAGGGAAATTTAATGATGAATAAGGGG
TAGGTGGAGGGTGTGCCGGGCACCGATGACTTACCGGCTTGAGACCGCGCTGCGTCAAGGCGGAGCACTCCATGTATTTCACAGCGCGTATCTTG
TTTGCCAGCTTCTGGCCCTGCTCGCGCTTCAGCGGCGTCAGTCCCTGCTCTGCCAGGCCGCTGAGTGTCTCTCGATCTTCGCGCAAATCGATTTT
GGTGCCTGGAATACGCCCAAAGATATATGTATGATTCTCGTTTTCTGATTGCAGTTTTCATGTCGCTTGGCAACTTACCAACTAGAATGATGGGC
GCATCGGGACAGTGGTGCTTTATCTCCGGATACCATTTCGAGGTGACGTTCTCAAAGGACGAGGGACTCGCCACGCTGTAGCATATCAGGAAAAC
GTCTGTCTGCGGGTAGGATAGCGGTCTCAGGCGGTCGTAGTCCTCCTGACCCGCCGTATCCCACAGTCCCAGCGAGACCTGTATTGTGTCCACTT
GCATGGGCGCCGAGTAGTTGTCGAAGCTGTGAAAGATATCATAGTAAAAGTTAGATATCGATCTGCGGTTTGCGGCTATCGAGGCACAAACTTAC
ACTGTGGGCACATATTCGCCGGGAAAGCAGTCTGTCGTGTAGGAGATTAGCATGCAGGTCTTTCCGACGGTGCCGTCACCAACGACTACACACTT
TATGGGCCTTCCGGTTGACATCGTGAGTGTGCTGAGTGTGCCTGTGCCGATAGCTGTGTACTGTCTGTGTGCTGTGGGCAAAATAAGATGGAAGA
TGAATGTCTTCGCCAGCTTAATTCAATTAATTAAGTTCTATTCGAGGCAATAAACCCGCCAGTGCCAACTGACCGCAAATTATTTCACAGTCGTA

CTTCCTTAATAAAAATTCTTTAAAATAGAAACAAATGCTGTAGAAATACATATATGACACAATAAATTATCCTATTCGTTTTATTAGGTTTTTAT
AAATAAATTAACTACCACATCGTTTTTGGCGCGCAACTACATATATATAAGATAAACAATTGCTTAAATGGAATTTGGCAACTTTTAAAATTTGA
ATATCTAGACAAATTGAATCAGGATACTTGCTTCCTGAGTCGCAAACTATTTATATTGTATTAATGGAAGTTATACTTATTGGAGTATGCTACAT
CGTAAAGTGGGAATGTCCAAGCTGTGGAAGTACTACTGTACAGAGTATAATGGCGAAGGTCTACGGTATATCTCTGGGATGATCAAAGGCAGGGC
TCTCGAAAGGTGTGTCCCGGCCGCAAAAAGAAAGCAACCGCAGCGGCGGAGGCCCATAAAGCCTAATAAAACGAACGAGGGTCTCATTTCGGTTG
CGGTGGCACTTTGTTTTCGCAAATAAAATTTTCAAAAATAGATCATGATGGGCGACACAGACGGGGAAAAACAAAAAGCATAAATGGGAGCAGCG
GACCAAATGGCGACCGCCCCTCCAGTGGCGCCCCTTCGGCGGTGGGCGGGGTCGCCCGAGTGTTGTGGTGACGCGGAAGCCACCGGCAGACGCAC
CGCATCGAGAAAAAGAAACACAAAATGGGAAAATGAACCGCCCGAAAATAGACACAATTAAGTTCTCATAACCGATTCAATTAAAGTTCAACACA
CAGAGGCGGCACATATTGCGCCACATGCAACGGGGCTGGGCGTGGCCGCGGGGGCGGGTGCGGTAGCAATGAAAATCTTTTGTTGTGGCACAACA
CCGAATGGGAATACAATATTATTTTACCGTTTTCACCACCACCTATCCTTTTCCTTTGTCTGTCGGCAGGCGGCGACTGTTTTGTACTTGGCTTA
TATCACTGTGCGTTTTCCGGCTACCGATATGCGTTCGAGGCGATGGTCCATGCGGCGCATTTAAATAATTGATTCGCACTATTTCGCAGCGGCTT
TTACTTATAAATATCTGTTTGAGGGACAAAACGCAGCGTCCCCGAATAATTTTCGTGTTTTTCCTTTTTGTTTCCACTCCACACAAACACACACC
CACCTTTTTGACAGCGCAGCGACGCTCTCTCTCTCGCCGTTGACAGTGGTGCCAACTTAGGGCCAGAAAATAGCTGACGGTAAATATAAAAAAAT
CACTTAAATGTATGGTACCAATAACTAAACTTAATAAGCATATCATCCAGTATAAAGTCGTTTTTCTTTTTCCAAAACTAAAATAAACTTTTTTT
TACAATTGGCACTTAAAAATCAGCTAGACTTGGCGTGAAAAAAGAGAGCGGGTAGTCCAGCTCCGCTCTCTCGAAACTGACAAGCAGTGCTGCAA
AAGGTGCAGGGCTCAGGCGGATTTGGCATTATACAATACTAATAGGCATGGTTGTGGGAGAGGGGTTGCAACCAATTTTCACATTGTAAACAAAA
TTATTTATTTAATTCTATTTCGAGCAGAATATTGTAATAATTACCTGTTAATTAAAAAATTATCATTTTAAAATTATCTTATGTAAGTTCAATAC
CCTTTAATTGCTATCGACTACGCCCATGCTGCCTATGTCCACTGTTGTTGTTTCGAGCGTCGTAATGAGCAGATTTGTTTATAAACTTTTACAGA
GTGCAAACCAAACTAGTTCGGGCTGCAGACGCATTTCTTTGGCTACTGTAAGAAATGCGGAAAGCGAATCTCAAGAGGGTGCCCCTGCCCGCACA
GTTCTGGTGGAGAAGGACTCGCACATAACACTTATTGGCCTAAATCGCGAGCAGCAGCGTAATTCCATTGATGCCAACACCGCGGAGCAGCTGAC
CGAAGCCATTAGCCAATTCGAAGCGGATGATACTTCTCCAGTGGGTGTGCTCTACGGCATAGGTGGCTCCTTTTGTGCAGGCTATGATCTGGAGG
AGCTAGAGGCGGAGGCGCAACGCGGCAGCCTCAACTTTCTGTTGCGTCACGAGGGCTCCGTCGGACCAACTAGGCGGCATCTCCGCAAGCCACTT
GTTTGCGGCATCAGCGGTTTCTGTGTG
(SEQ ID NO: 1234)

Exon: 3682..3448
Exon: 2446..2281
Exon: 2211..1979
Exon: 1905..1745
Exon: 1661..1001
Start ATG: 2396 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT40870
AACAAAAAGGAAAAACACGAAAATTATTCGGGGACGCTGCGTTTTGTCCCTCAAACAGATATTTATAAGTAAAAGCCGCTGCGAAATAGTGCGAA
TCAATTATTTAAATGCGCCGCATGGACCATCGCCTCGAACGCATATCGGTAGCCGGAAAACGCACAGTGATATAAGCCAAGTACAAAACAGTCGC
CGCCTGCCGACAGACAAAGGAAAAGGATAGGTGGTGGTGAAAACGCACACAGACAGTACACAGCTATCGGCACAGGCACACTCAGCACACTCACG
ATGTCAACCGGAAGGCCCATAAAGTGTGTAGTCGTTGGTGACGGCACCGTCGGAAAGACCTGCATGCTAATCTCCTACACGACAGACTGCTTTCC
CGGCGAATATGTGCCCACAGTCTTCGACAACTACTCGGCGCCCATGCAAGTGGACACAATACAGGTCTCGCTGGGACTGTGGGATACGGCGGGTC
AGGAGGACTACGACCGCCTGAGACCGCTATCCTACCCGCAGACAGACGTTTTCCTGATATGCTACAGCGTGGCGAGTCCCTCGTCCTTTGAGAAC
GTCACCTCGAAATGGTATCCGGAGATAAAGCACCACTGTCCCGATGCGCCCATCATTCTAGTTGGCACCAAAATCGATTTGCGCGAAGATCGAGA
GACACTCAGCGGCCTGGCAGAGCAGGGACTGACGCCGCTGAAGCGCGAGCAGGGCCAGAAGCTGGCAAACAAGATACGCGCTGTGAAATACATGG
AGTGCTCCGCCTTGACGCAGCGCGGTCTCAAGCCGGTGTTCGAGGAAGCGGTGCGCGCGGTGCTCAGACCAGAGCCGCTAAAGCGACGCCAGCGA
AAGTGTTTAATAATGTAAATAAGGTAGAATGTTATTGGCTTTGGCGAAGTATAGAGATTCCTCGGAAGCGACACGTACACCGGCACAATGGCCAC
AACAAATTGACACTCACGCAGCGCCCTCATCGACAAATCAATTACATGTATTTATTTATAAAATTCTCCGTACTCTCGTAAAAGGCACCGAACCC
GGAAAGAAACTCTAAACAAACGATAAATATTGTACGAAATTCTGTGAATCGAAATGTACTGCCATCAAAATTCGTATGAAATTTCTCTTTGTTTG
GCTGTTTTTTTCTGCGGATCGTTGCTGTCACACATTTGGCAAACCACGATTCCCTCCCGCAACAACTAAAAAAAACATTGTTAACAAAATCGGTA
CCACAGATAAATCATAAATCTAATGCACTACATATGTAGAAATCTAGTCAATTGAATCGAATGTATTGTACGAATAGTATCTGGCAGAAAGAGAA
AATTATAACAACCGCAGCAAACATTGGTTTCGCATATCACGAGCATCTATGCATTTCCTAGTTTCCCATTAAATGTATTATAGTTATATATAGCC
ATGAGCTAAGGCAGCCAATCCGCAGCTAACC
(SEQ ID NO: 1235)

Start ATG: 286 (Reverse strand: CAT)

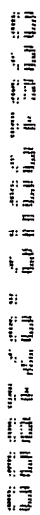
MSTGRPIKCVVVGDGTVGKTCMLISYTTDCFPGEYVPTVFDNYSAPMQVDTIQVSLGLWDTAGQEDYDRLRPLSYPQTDVFLICYSVASPSSFEN
VTSKWYPEIKHHCPDAPIILVGTKIDLREDRETLSGLAEQGLTPLKREQGQKLANKIRAVKYMECSALTQRGLKPVFEEAVRAVLRPEPLKRRQR
KCLIM*
(SEQ ID NO: 1236)

Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384543
CATTTCCAGTACTGCAGATGACCGCGCTTCTTGTTTCGGAAGAAGCGGAAGCCATTGATCACCAGCAACTTGCCGCCGTTCTTCTTGGAGTCCGC
GAAGTCAATGTGAAATGCTGTGAATGAAATAGAAAGTCTGGATTAGTTTGGGAATTCGTGAACAAGTGCTACGTCAAAAGCGTAGGTCTATTCTT
ATGGAAACAGATGTAGTTCGTCGTAAATTTCGTTTAAAATTAAAAGCAGTCATTTATTTAAAAGTGGATTGTTAGATGTCTTATGGTTTTGACAA
TGTGCACTTAAATGTAAGCCTATGACGCATCCAGAGATAGGGCCTTCTCCCTTTTTATGAGCACAGGCAGGTTTACGTTATTGCTAGGGAATTTC
CGGCTGTGATCATGCTCGTAGGTGCATTTGATGATTCGCTCCTGTGAGTTTTTGTCCACCGCGGTCACGACACGAGCCCTGCAGACCGTCACATC
CTGTTGGTGGGACAAAGGAATACGTCGTTACTTTAGTTTATAACAAGGAGTCTCTGTGCTTCTTGAAATTCTCTTTTTTTAGAAATCTATTAATTA
TAAACTCTTGTTTCTTTAACTATGCATATTAAACGTATACATATATTTAATTAAAAAATCAAGGAATATACTATAATATTCTTAGCACAACACGA
AAAATGATGAGCAGACTTTATCTTAATGATTTCTCTTATACAAAACCTGAATTCTATGATTTTCAGCAAAATCTTGTAGTTTAACTTACCTTTTT
CGAGCATATCCAATAAGTACGAGAGGCGGAACATCGGTTCTTAACGAACTTCTCGTTTTGGAAGAGCAGCACGGTTCTTCCCCGCTGTCCAGTGC

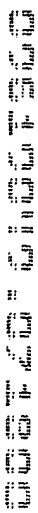


CGAAGACAGCCAGTTCTAAAAGGATTAAGCAGATAATTAGAATAACCATAAACTTGGGAGTGTCTTATCACTTGTGTATAACTACTAAACTAGGT
TTTAAACGAAGAATTGTAAGTTTATTGGTAATACAGCAATGTATACACGTCTACAAATGGTTGTGCACGCCTGAAATGGCTACATATGTGGGTTT
GTTTTTGTGGGTAATCATGTAGACGTTGCAGCTTAGTCGCTTTTTGGCACACCCCCAATATATGATATCGTTGTAGTTGGCTCGTCGATCATAAC
GATATCCGTCGTAGACCAGAACATCGCCGCTCCTGGTCCGATCATACCGGATGCGATCCCAGTCGTCCAGGGTGCGGACGCACTTCTGATCGGGC
GCCAGTCCACAGCGAACATTCTGTGGCCGTTTACCCTTGGTTTTGGGCAAGAAGCTCTCGTTACCAAAGTCAGCCAGGTTGCTAGGATTGAGTTC
ACCTAAATCTGAAAAATAAAACAAATTAGTGTGAATGCAAAATGTTATACATATTTAAAAAAATTAAAAGAAAAACAACACCGCATTGCGGAATA
AAGATTTATAAAAAAAATATATATTTAGGTACAGTAAAATAAAACAAGAGGTTGGTCTATTCATAAACATAAGTAAAGTTTTAAACAAGTCAATT
GCAACACACTCACCTTACCTTAATAAATACTATCTTCTGCAAAATAATCCTAAGCCTGTTTATATATCAAGCTTAAGATCTGACAAATTAAAAGG
TGTTATTGCGCAAAACTAGAAATGGATTTCGGTTCAATTTCGTTTACTACATCATTCTGTACAAAAAGCTGCCTAATCTATACAGCTATGTATGT
GTCCCGATTCAGACTTCTGAATGCTCTTTGATCTATGGATGATTATGCACGCCACTGACTGCGTAGCGGGATTGGCCATTCGGCAAGATGTGAGT
GATGACGCGGGAGCGGCATTGCTTGCGCCACTTGCTGCACTTCCAGTAGACCTTGTCCTTATAGGCGGCATTCCGCAGGTAACGATGCTCCCCAC
AGTGCAGAACGACATTCCCGGCCGGAGTGCGAACGTAGTGCACGCCCTCCATGGATTTGGACAAACGAACGCGCTTCATCAGCTGGTGTTGATCG
GGTTTTACGATGGGATCCGTTAACACATCAAATGTCACTAAAACATAGAAAAACAGGCAGAATTAGTTAAAGGCAACGCAATCATTCACACACAT
GCACATACAGTTAGTTTCTTTAAATCATATAGGACATTTCTGCTTAAATAAACAAGACAAAAGAGTTTATTTTAGATTCACATATAAATAGTCTAC
TTCTAGTTCGCAAGCTATGGCTAGATTTTGAGTCTCGATTCATTGCAGGTTGTTAAGGTCCTCGATGCTTAAGTTGAGCGTCCTTAGCTCCAGTG
TTAAATCCTCGTCACCCTCCTCCTTTATGAAGCCCGTGGATACAGACTTTTCCGACTTGCTTCGCGCTTTCCCCACAACGTTTGTTACTGAAAGC
CGCTTTTTTCGCTCCGTGTTCAGGCAGGTGTGATGGCACGATTCCAGTACTATTTTGTGCACACCTTCAACTACATTGGTGACCACCCGAGCATT
GCATTTCGTGCTTCCCTGGAAGAAAGATAGGAACTAGCTAATTTCTGTCTGAAACTGTCACAAGAGTCATAATTTCATAGGTCGCTTAGTTTTCT
TTGGGGTTAATTAAATTTTATCTCACCTTTTTGGAGCATATCCAGTAGGTCTTCAGGTTACTGCGACGGTTTCGCACGTAGTTGTGGCCATTAAA
GGCCAGCAGTTTGCAGCCGCGCTGTCCCCGAATAAAAGTGAGTAGGCTGTGCTTGATGGCGCCCTTCATGTCATCCAGATCATCGCATACTGTAA
GAAACAAATTAGCTTTGAGTTAGCTTAAGTGTAAAGTCTACTACTGCAAAAACTGTTAAAGTGTAAATTTTACAAAATACGGTTTTTCGATTTTC
AAGATTTGTATTCTACAATAAATAAGCTATAAATTGATTCTATACAATGATCCAAAGTCGGCCGGTTTTAATATGATTCTTTAGTAGGGCGGATG
GTTATGTTGTCCGCATTTGATAGTCACATCGTGGTCTTGCGCGGTGACTACACGGGCCTTGCATTTGTGAACACCCGCTCGAGCGCAAGACCAAT
AAGTTTTCAATCCCGAGGTCTTGTTTCGAGTGAAGGAGAACTCTCCGATCTTAAGTTTTCGGCTCCCTCGAAAACCGGTGATGTACGAGTAGTAC
GCAACAGAACCTGTGAATAGAAAATATACACACTTGGTTAGTACAAACTGGTGGAGGAGTGCGACGCAGATCTAAAGCTAGAGGTCAAAGAGACG
CATGAAGAGCGAGAAACTTAGCTAACTTGATTTTTATTAAGTCAGACGAGTGTTGAGGTGATGCAATATTTTACACTTGGACTTAAGACTAGTGC
GCTATGTCGTTGTTGCCGGCGCTGAAGTGGCGGCCGTTTCCAATGGGTCCTGACGACGCTCCGCCCGGGCTGCCGCCTCGGCTTCCGCCCGCTGT
CGCTTCAGGGAGCCGTACTTTCGCGCCTTAGTGATAACTTCATGGTTGTGCTCGCTGTTCAGGATGGTGAGTGTATCCAATTTGGTCTTGAGCCG
CGCACGACATCGCAACACTGCGAACTAAAAGTAGAACCACAATAAATACATTTTTGGTGTAGATTTGGCTTAAACTGTGAAAGGAATGCAATTAA
CTTTACGAAATAACTAACAATTAATTACAGCTGTCTTCAACTCAGAAAAGTAGGCTCTACTTATCTTGCTCTCGACTAAGATTAAGTAGTAACTA
GATTAGTTATATTTTCTCAATATTTTAAGGAGAATTTAAAACAAAAACGTTTTTTCGAATGTATAGTTTTATCCAATTACCTGGCTGCAGCGCCA
ATAGGTGACGTCGTCCCGGCAGATGTGACGATTGAAGGTGTGTTGCTTGAGCATGATCTGCTTGGTGCCGTACTTGCTGACGATGAAGAAGGGAG
AGTTGCTGTTGACCACTCCGGCGGACGAGGCGTTGGCCAGCTGCATAGTGGCCTCGCCCACATCCACGCTGATCTGGTAGTCGAATTTGGCTACA
ATAAGAAGAGTTTTCCTCGTTAGTTGTGCGTGATGATTGGATTAGGGGGAATTATTAGTTCAGAAAAGGAAATAAAACACTTGGGATTGCTTTAA
TGGTAAAATGGTATTCGGTATATTGTACATTGCGGATTCGGCCTATGACTACATACACATCCTACATCCTAATAGCACTGCAGACAGTGCTGGGC
GTGCTCATGATGCCTGGTGAGTCGAGGTCGTCGGCTCAGCTCCACGAGGACGTAGTAGGTCGGGCAGTTCCTGGTCAAGCAATGGAAGTAGGTGC
GGTACTGCATGGCGCGGGTTTTTTTGTAAGACTTCCCGTTGACCACCAGGAACTCGCCCTGAGCGGTGCGCTTCAAGAGGACGCCCTTGTTCTGG
TCTTTTGCTGAAGAGGATGAAGACGAAGATGAAGATGGTATGATGATGAAATGACTGCTGCCACATGAGTTTAATGAGCTTATGGTAGGTAATGC
ATGCAACTGGGTATAATCTTTTGGACAAATGACATTCTTTCGGGTTTATGTAATCTCATTTAATATTGCGGATAAAAAGCATCCTTGGGCATTAG
TTTAGCGGGCACCTTGCCACCCAAAAAGCGCGGCGGATGATTGTGGGCATTCTTCCCCAGCTTGATCCCTCCGTCGAACTTGGTGATGGCCCTCG
CGGAGCACTTGTTCTCGTTCAAACGCTTGCCATTTCCGTCGGAACAGATCCAATTGACCGTGGCCCGGAAACTGGCCTCCTTCTTGTACATGTAT
CCATTGAATACCAGGTTAAAACCCTGCTTCTGGTTTTTCAGGAAGAAGTACTCATGCTTATCAATCCACTGGCCACGCGGAATATCCCCGATGAA
CTGACCTGTAATGGAGGATCCAAGGAAACTGACTTTATTACCCGGGTGGTTTGAAAATAAAAGGTATAGCCCAGAGAAAAACACATGGAAGTTT
GAGGTGCTGAGTAAACTATTTATTGCAGGCAATTCCCGATACACTCTTACTATTTATAGCCGCTTATTTTTATCATTTGTAGAAGGCTGTAGCTA
GTTTGCCTTTAACTGGCTACAAGTCGATTGATAGTCTAATATTCTAGTGTTTGGCTAGACATCCCTTTTGTGGTCAAGAAGGGTTGATTGGTAGC
AAGGTGGACTCACCTGGGGCATAAAGCACTTTCCACATTAATTCAACAACTACCAGAGCAGAAAAATCACTAAATATCACTAAAAACACTAGTTC
ACATTAAATTCAAATAGAACATCATCCTTTTTGGTACTTTTTTGGAGGGATTCCTTTTTGAGACACCAACAACAACAAAGATGACAATCGGTGCA
CACACACAGACGCACATACATACGCGCAGGGCCACACGCACTTACTCGCTGCATTTTCGCAGGATAATTCACATATTGTAAACTTCGGACATTAA
TATGCATGCTGCAGTTAGCCACATTTAAGCCACAACACCTTTTGTTAACTATAGACTTGCAATTTGTTTGACAAAAAACAAAAACTCAGCGAACA
CAACACGGCGAAAAAATAACAACTACAACAAAAATGGCGTGCCAACAGCAGCACAAGCAGTGCTGTTAGCGAAGCTATCGGTTATCGGCTGTTAA
CTGTGTTTGAATCGTAACGTATTTTATTTTTACATATCTATATTTTACTGATATTCTTGCTATATTTTTTTTATTTTCAGAATTCGCATTGTCTT
ATATCTGAAAAATTCCATAAATGTAAGCTCATAGCTCAACAATCGATGGTGTATCAAGGCAAGAAGAAGCACTATTACTATGAGAACATGTATTC
TAATATTACAGAAGCGATCCCTTACACATTTTTTCCTGCTAATCCCTTCGACTGATAAATAAATATAAATGATTTTGCAAAATAACATATTTAGC
CAAATAGAAAAGCACTAATCGATAATGTTAGGTGCCAAACATCGATAACATAGTGAGTGCCAGCTCTAAAGTACAGTGCTCTTCTTCTTTAAACC
GTGTTTTTCGTGCATTAAATATTTTATTTTATATATTTGTACATTACTCCCTGCTTGTAAACCAATAAAATACACAAGAACCAGCAAAAGACCTT
CCACAGTTGTTTTATTTTAATTTTTTCGCCCGAAAGGCCCAATCTTACCCAGATGTTCTAACCTGTTGCGTTTGATTCTCCAATTGACAGCCGCC
ACATCCGCATCTGCAACTAAGATTCCACCACGTAAACGCGGCAGACCGAAAACAAAGGTTGAGGATCAGACGCCCAAGCCGAAGCTCCTGGAAAA
ACTACAGGCGGCTACCCTGAACGAGGAGGCCAGCGAGCCTGCGGTGTACGCCTCCACCACGAAGGGTGAGTCCGAATCCTGGCTAGAAGCCAAAA
TCCTGATCCATGATAACCAAGCTAATTCACGCTCCATTCGCAGGCGGTGTCAAGCTAATCTTCAATGGTCACCTGTTCAAGTTCTCGTTCCGCAA
GGCGGACTATTCCGTGTTTCAGTGCTGCTACCGTGAGCACGGCGAGGAGTGCAAGGTGCGGGTGGTATGCGACCAGAAAAGAGTCTTTCCTTACG
AGGGCGAGCACGTGCACTTCATGCAGGCCAGCGACAAAAGCTGCCTACCCTCTCAATTCATGCCTGGCGAATCGGGAGTCATATCCTCGCTGTCG
CCCAGCAAGGAGCTGCTGATGAAGAATACCACCAAGCTCGAGGAAGCCGACGACAAGGAGGATGAAGATTTCGAGGAGTTTGAGATTCAGGAGAT
CGACGAGATTGAATTGGACGAACCGGAGAAGACGCCCGCCAAGGAGGAAGAAGTGGACCCCAATGATTTCCGTGAAAAAATCAAGCGACGACTGC
AAAAAGCACTGCAGAACAAGAAGAAGTGACACGGAATATGCCTTAGATCTTCAAACTACACCTTTTACTATATAAACTTAACTAAGATCGAGAAG
GCTCAAGAAGGCCCAACAGTACAAGATCTGAGCTGCCTAAGGGCTTCACATTATACTTTCTATATCCATTTGGGTCTTAAATAGCCCTAATAATT
CTAAATAATTAAGTTTTTCGTAATAAAACGATGTCAATAAATCGGACCTTAAACCATTTCACTAGCTAGTAAGATCTAACTTAATACGTAGCTGT
ACTCAAAACCCCATTTAAATGATAAATAACATAAGCCCTTTCATGTCTTTCAGTGACCCAACACGTCCGCAACTGTGGTCCTCAGATGTTCCTGA
TCAGCCGCAAGGGCGGCACTCTGTTGACCATCAACAACTTTGTGTACCGCTCCAATCTTAAGTTCTTCGGCAAGAGCAATAATATCCTGTACTGG
GAGTGCGTCCAAAACCGATCGGTTAAGTGCCGCAGTCGCTTAAAGACCATCGGCGATGATCTCTATGTAACCAATGGTTCGTAAAGCGAAGTAAG
CAAATGCAAAGGCCATTTAATGGCTTCTTTCCATCTTCAGATGTGCACAATCACATGGGCGACAACAAGCGTATTGAGGCGGCCAAGGCGGCTGG
GATGCTGATCCACAAGAAGTTGAGTTCCCTCACAGCCGCCGACAAAATCCAGGGTTCCTGGAAAATGGACACCGAGGGCAACCCAGACCATCTGC



CCAAGATGTAGCCGCTTCCTATACATTCCCAACCCAAACGTTCGTGTTCTGTTAGGGCTAAGCTAATGTATTCTACTATTGTTCTTGAGCGTATA
TCATTGATTTAGACTGAGTGTCCCGAGCCTAGTTAGGATGGGTAAGTAGCCTGTTCATCTGGGATCTCAAAGTACCATTTTTGTAATTCTTAAAG
TCCCGGGTCATATTATTTATTCTGTTCTCATTGCTTAGACGCTTTTGGCCACGGCACTGACTTAAACAATGGCTTGTGTTACGTACAAAATATGA
ACTCTTAATAAAATCAGATGAACATCTAAACGAATTGGAATTATATGTATGATCTCATCATAATATAGAAGAGATTCTTTCATGCGTTCTAAATA
GTGTTTATTTTGTGCACTAAACGTATTTGCGTTAAGAGATCTTATCCCGTTTTTTGAAAGTTTTATGAATTAATCAATTCTCGTGGGTCCATATA
AATTTAAGTTTAGAGTTTAGCTATGCATGAGTATTTTGATATTTCACGTTGCGTTATTATGTTTCAGAAACTATCTGACTTTTTCAAGATATCCA
TATAAACTATATGCTAATTTTGGTGTACTTCTAAATAATCAATAATATTCTTGTTCTCTATATATCTCGTTCGCTGGTAAATATCTACGAACAAT
TAGAAGAAGCTGTGTCTATTACCTATGCAGTGCAGGGGTTGGAATGTACTTGACGATGAGAACAGGACCCTTTTTGGCCCTAGTCGGTAAAGACC
CAAGGCATCTTTAGGCTTTGTTGCTGACTCCTGACATTTTTGTGGTTGTGCGATGAGCACGTGCTGCGGTATTTCACCTCGGAGTCCACCATGAA
CGTAGTGGCTCGGGCCTTGCAGCCCTTGTGATGATACATGCAACGCCAGGATCCGATAAGGTTGTCCTTGCCCAAAATACGGTGGACGATAAAGT
GCTTGTTGGCAATGATTAGCCTCGGACGTCTATGAGCAGCAAGACTGAACTCCGCAGGCCCGTCGAAGTTCAGAAACTTTTTGAGTAGCGTTTG
CGATCTGAAAGAAACAAAAAGCATCAAGTCAGTAAATTGTCTTGGTAATGTCCACAAAACTATTGTGTAACTAGCGTATTTGACTTAAACAGGAT
GGCAGAGTAGATGTTTCCATTATCTTTATTTCGGTTTGTAAATTGCTTAAGCTAATCAGGACCTATACAATTTTGCACTTAGCTTAGGTTTAGGT
GGCTCGATTTGCAGCATGCAATCTTTGGAATATTTCAAGTACTTTGCAGTAGCTTCCAATTCCACCGTGATGTTATTTATACAAACATGATATAT
GCCTGTCCTTAAAATTCTGCAAAGACTCCGCTGCCCGCTAAAAATCGCTCACCTTAGGTACACTCTACATCGACATTAGTTCAACAGATAATAAA
AACCACAGATTTTGGTGAGCCCACAACCGACGGGGCTAGTAATCTTTGCTAATGAAGACGGCACCGTGCGCCTGGTGCTGCTGCATCAGCGCCAT
CATTTGCGGTGTTTGAACGTGTGGCAGGGAGATGGGCATCGCCAAAGACATGGAGACGGGCACAGGTACCGTCACCGGCATGCCGAGGTGGGTGG
GCCCTGTGGCGTACGCCGCGGTCGGAGGCATCTGCGCAACTTGGGTCATCATTTCCATCGCAGGAGTGGGAGTCGCCGAGGTGAGCACATGGTTC
GGGTTGGGTGGTGAACTTTTAACCGCTGGCACAGTGCCGTTGGCCTTGGCCTGGCAGTAAAGTTGACACAGGGGCAGCAGCTCCTTGTGCCGCCT
CTTGATATGGCTGAGAAAGTTCCCCGTGGACTTGGTGGTGCCGGAGATCAGTCCGTGGCATGTTGTGCAGGTGGCCTGGATAGCACCTGGCGTCT
TCTGGTTCGGCTGGATGTTCTTGTAGAACTTACCGTCCAGTAGCTTGGGCAGGGTAAAGGGTTTCCGGAACGATTCCTCGTCGCTTAAGTAGGTG
ACGGCAAGGGCGGCCACAGCAGCATCCGATGAGTGCCCAGGCGTCGGCGAAGGCTCCATTTTGATCTTGACTGCAAAATGAAAAGATTAACAGAT
TAGTTGGGATTTAAGAATGCTTAACAACTATATAGTAGGTACAGAACGAGAACACTGATTACGTATTATGTGCACATTTAATTTAATTTATTTAT
GTTAAGGTAGAGCTGAAATCGATGAGTATATTATATTAACTGCTGGTCCTCCGGAGCTTACTGCAGCTCCGGAAATTCGTCCAGCAGGTCAGTCG
TGAGATCCATCGAGCTGACCTCCGGAGCGTGGGTGTGCGGAGTGCCAGCGATGCGCAGGGTGACCTCCTGCACTTTGGAGGTCACCAAAGTGGCC
CGGCAGCTGTGTTTCACGTAGCGTGAGCACCGCCAGAAGACGTTCTTCAGGCTCTGACGATTCACGACATACCGATAACCCTCGTAGACCAGCAT
CACCCTGCCTCGTTGCGTCGTGGTGTACTGGATACTGGCACCGGTGGTTTTGCCCTCGAAGAGCGCCTTCAGCGACTGGATGACACCTGGAAAGG
GAGGTAGATGTGTTTTGACAGACATTAGTTGAGGTTATTTTGGGAGATCCAGGTGAGACCACTAACTAGTGCACAATAGGTTTAAAGGGAAGTTC
TAGTACAGGCATTTATTTCGGTTTACGAATGCAACAATCAATTTAAACTATTTCCCCTCCTTTATAGGCATAAGTTTAAGAGTAGACAGCTTGTG
GTCAATGAACTCCTGTACTGCGGACGGGGTCAGCTGGTTGCCGCGCAGGGCAAACACTTTACACACATGGGCTGAAAAGATGGAAGACACACAGG
TTAGAACGACTAATCGTGCAACGGGCGCAGCCTCCCTTATGTACTTATGATGTCCTGGATCAGGTCCTTGTCCGTGGTCTCCTCGTGCTGGGCGA
TGCGCACCAGCTTGTCTTTACCAATCACCAGATCCATCACACGGCACGTATATATCATCGGCATGGGGATATACGCCTTGGCCAGAGCCACCTTG
GACACAAAGACCCGGCTGCCATCGAACAAGGGGATAGCGTCAGCATCTCTAGGGGACTTCTGCACGCTATCAGTTACTGGTTTCCTTGGATGCTC
CGCGGGCTTCGGGATGGCAGTGTCCTTGCTTGGGCCATCTGGAACGGCACACGATGGCAAAAACGATTAAAACACTTTAGCTTAGGAGGTCAACG
GAAAACATAAACAAAATAAAACACGGTTATTGCGGTTTTCTTTTTTACAAAGTCTTTATTTCATTTCGATTAGGAAGCTTTCGCCTACACTTTTA
GCGCAATTCTGGCGTCAAAACAGTTTTCCCATTATTTTTCACACTCGTTGCCCAATTTGACATATTAGAACACAAATTATTTATTGAAGTAAGTC
CACGCGAGTCACAGTAGACAAGGAAATGGCAGCAACAATGCCAGGGCTGCACTCGATGCACAGCGAGTCCTCGGTAAAAGGGCGAGCAAAATGCT
ACGTTGTTTGATCTAAAGTTTTTTTAATTATGAAAATGACATACCTTCTTTAATATTACTATACTCAAGTAAACATATTACTAAATTATAGCAAA
ATATGCATATTGGTATTGGTACTAATAAATACGTCATGCAAACAGCTCGTTCCGTGTTAGAAAACGATTTACCGGTTTTAAGATGGTCTATAATT
TTTCAGTAGTTTTGCGCATACCTATAGCTACTGTACTCCCGAACATTGCAGCCCTGGGTGCAAGCGCTTGATCTGGCAACTCTGTTAAAATGTCG
CCCACAGTTGTGAAAAAATGAAGTGATTTCCGAAAATTGTTGCTAAATTACTAAACAAAAGGTGAAATTAAGATTTGTAATGGCCCCGAAAAGTG
AATAGTGTTGGTGGAGTCCTAGTTGTGCATGAAAGAACCGCCTTCCAAAGAAGGGAGCCCAATGGCGAGTAATGAAGATGAATAAATGCCAACGA
CGCCTGGAATTTCAATCAAATGTGTACAAATGTTAAAACGAAATTGCAAAGCGACGCCATGCGCGCAATGTTAATAAAGTACAGAAACTAGAGTG
AAGCAGGGATATATTACTTGGCGGATCCTCTTGGGCAATCAATCAGTCAGAGCGTTCTAATCAATACCCCTTCCTCCCACTTCAATTTGTGTCTT
GCAGAACAGGAGGATGACTTCAAGTTGCACCTGCCTCTCCTCGTGACAAGAAGAAAGAAGACGCCCGGTGGCTCCCGCAAGCAGAGTTTTGACCA
CCTGGAGGTGAGCTTCACCAGAAGCAATAGGGGTAACAACTTGCTGACCATCGATGGGAAGCCCTTCACCCTCAATCGTCGGATCAAGGATGTGT
GCTACTGGGAGTGCGTCAAGCTGCGCTGCAAGTACATCAAGTGCTCCGCCCGTGTGGTGACCAAATCCAATCGGATCTCGGCACTGAGCGGGCTC
CACAACCATCCCTAAGTTACGAACTACCTGTGCCATCTCATTAGTCTAATAAAGGTGTTTACGTTGAATCAGTTTATATCTTCCGCCTCTCCTAT
CGTTGTTGATTCTATAGTGTCCTTGCGCAACTCAGGACGCCCTCTGACTAATCTCTTTCAATTCTTGCAGCATGCTACCAACTGGTGCCCAATCG
CCGCGGTGGGAAGAACCTCATCTTCCAGGGGCACATGTACTCCGTGGAGCGCAAGTACCGAAACAGCATCAACTGGGTATGTTCCAAGAACAGCA
ACAGCGTGCTTCGCTGCCCGGCGAGGTGCGTCACAAATCCGGAGAGTGGCAATGGCATCAAGCTGAGCCACCGACGCCACAATCATCCGGCGGAT
GCCTTTAAGCCCCACAAGCGCTGTCGAAAGCGTCCCGGCGATCGAAAGTAACAAGTAACCATGTTTCAGGATGCAAAGCATGCAGGCTTCGGCAA
TTGTTAGTCACACTAAATATAAATGTTTCTCATCGTTGTCGAATTGTAACATTTTGGTGTAATGGAATCACTGTTCATTTGGTTTTGGGCTTTCA
CATATCCGAATTACTTTACTAATACTCACTCATCAGCACGTTTCCCATAAACTAATTATAGTTTTAAGCTGTAGTTAATTCCAAACGACTTATGA
CTTACTATGAAAATCTCCTAACAGATTTTCGCCACAGTTGTGTTTGCCGACGGAACGGAGTTACGATAATCGATGGCTACCGCTTCGTGATCGGT
ACTACAAATCTGCGTCGCACCTATCTGAAGTGCGCCAACTTTCGCAGCAACTGCCGGGCCCGGGCCATTCTTAATACGGATACGAACAAAGTGCG
GATGAGGCACGACCGCCATAATCACTCCCGTACGGATGCTGTGAGCGGACGTATCTCTAAGAAGTAGCAGGTACCGAGCTGTCTAGAGGAATAAA
CATGCTGTTTCCGTTTAAAAATGTTTAACTGCTTTTCACTACCAACGAAAAACCATAATAACCTTACATCCTCACCCATAATTTGAAAGACCTGT
CCTAATCTAACTAAATTCGCCAATCTCTTGCAGATAACTCGAAAATAGCGCAGTATGTGCGCTCCAACCGAGGAACCGATCTCGTTTACCACGAG
GGAAACACCTACACACCCAATGAAAAGCTGAGGGAGGGACAAAAGAGTCGAGACTGGAAGTGCTCAATGTACCATAAGGCCAAGTGCCGGGCCCG
CCTGGTTACTCGCATTACCGGTGGAGGGGATATTATACACGTGACCAGCAACCTGCACACACATCCCACAATGTACACCACGCAGAAAACGGACA
TTAGCGTGGTTGACCAGAAACTGTGCCTCGAAAGGAATCCACTCTGCGTTAACACTCGATCGATTAAAATGTAGATCAAGTAAAGACCACCGACT
GATTACTCGTTACGATTAGCATGATCTTCAGTATAAATAACGTTTTAGATTTAAAAAGTATTAAAAAATGCTCATATACATTCAATAATTTTTAA
GTAATTTCATTTATTTATAATAAGCATATTTTCTTAAGTTCTTTCACATTTGATTTGTTTACTACGACGAATTCCATTTTTAATTCAAAACCGTT
TTATTTACAGGACATCTTTCGACATTGCGCCATCTCCCAGTTGAGGCCATATTTGATGCGGACGGCAAACAGATGGACTTCATACCCAACATTCG
CGTCATCCGAAGTCAGCGGAAGACCATAAAGCTGATTGTTAAAAAATATGCCTACTCGAAGACCAACGAGCACGATACCACAACCTACTGGCACT
GCCGAAGTCGTCGCAATGGAAGGCCTGCGTGCAAGGCCCGGTTTTCCACCAAGAAGCTCAAGAACGGTAGCTACAAAGTATATCTGACCCAGCCG
GAGCACAATCATCCCCCAAAGAAGCGTCGCCTATAATCAGAATAACTATATTTTAAGAAGAATGATATATTAAAGAGCCATGTCTTGGCAAAATG
ACTTGCACCGACTCTGAATCTCTACTCTACTACTCTACTCTCAAATAGCCCAGCAAATGACCATTTACTAATTACAATGTGTTCCTTTCTCCTTC
CACAGAAAGCAGCGTGGCGATCTACTCGGCAACCTCCCGGGGACGAATGCAACTGATTTACGGCGGACAGCCATTCATCTTCGAGAAGACGCTGA
AACTGTCTTCGGGAGAGGAGAAGCGCTTCTGGCGCTGCAACCAATGGTGGAACCAAAAGTGTCGCTCGCGCGTCTTCACCATCAACGACGTTGTC

FIGURE SHEET 662



TGTCCGCTTAACCGATTCCACACGCACGAGGAGATCGTGCGGCGAAAGAAGCGAGTGCGCCGCGTGCCGCCGGTGGAGACGATTGCCAAGGTGGT
TGCCACAACACCCAGGCATCCGCAGCATCAACAGACAACCCAGCAGCAACAAGAGATTCAGCTGACCAGCGATGCAATTGCTGGAGCAATACTGG
ATGATGAATCCCCAGCTACAATCGATGTCAGCGAGCTGGGGATGCACCTGAAATACGAAGAAATCGTAGCGGATGTCACGGGCATTGTGGGCGGC
ACGCGAGTGGTCAGTCGCCGAAAGTGAAGATTGCTTTTTATTTTCTGACGTAAGATCGCAGATTCAGATTCCTTCTTTGTAAAAACTCATGCTTT
GAGTTTTCATTTTTGAACTTGCCACGTCGAAAACCAAGAGCCGAACAGTTTTGATGAATTTAAAAAGGCTAAGCACAACCACTAGCCAATAAATA
CAATTTTTATTATTATTTTAAGGACATATTTTTAAAACTCTTTTTATTAAGCGTAATATTCCAAGGTTTCCTCCCCCATTTGTAAAATTTGATAA
ATACCCCATGATTTCCTTTGACATTTTGGAGTTGTTTAGAATAAAATCTGTTCCTTCTGTTATGCCTTTGTTCAAACAAAATTGACCTAGCCTAC
TCCCATAATTATTAATACAAAACTGCGTTTAAGAAGGCGGACAAGCTAGCTATTATGATACAGCTTATAAACAATTTATTATGTGTACATTTAAT
AAACGTAAGACCCAAACAGTGCAATTGAATCGTTGTAGAACCTCCGAACTTTCTCCACAACCCACTTGAGATCCTTCCTTCAAGCGAATATCACC
GACTTACTAACGCACCGGGTCACATATCTATTCTCTTTTAAGGTGACGCCACCCAGTTCTTCTTCACCAAGGGTCAGCGCGAATCGGTCAAACTC
AACTACTGCGGTCATAGCTACGTCAAGTTCATGGAGAATGGACGCGGCACCAAGTGGATTTGTGCCACGCGCTCCACCACCAAGTGCCGTGCTCG
CATCCGTACCACCAAAAACAACTACCTGGAGGTACTGTATGCGTCCCACAATCACGGTTTTCCGCCGCAGAAGAAGGATCGGGGTCGAGCCAGCC
AAAGGATGTGATCCAAAATGTAACTGAGAGTGTGACTGTGACTAAAGCCAACTTCCCCTACAATACAATTTCAATAGTTTACAAAACACTTGAAG
CCTCCTCTAAAACAGCTTGACTTTGAAACTATATATTGAAAAAAAGGCTGAGACAGCGCCAATCAATTTCCCAGCCAACCCAATCCTAGTGGTCA
ATCTGTCTAATGGATGTAGCCATATTTCCTTCCATTAACCAAGCTCAAAGTTTGCCAGATGCTTAGATTGGCTAACACTATTTTCGTTTTCAATA
CAAAAGAACGCCTATATGATCTTCCTAACTCGAAATCTGCGAGCGAGAAATATACTTACATGAACAGACTTTAAAAAAAAACGAGTTCACCATAA
TGAGGGCCCAAAAAGTGTGCTAAAGAAACATTTTATTCTTCATGGTTAAATTCTCTTACATACTTAAAGTGAATATTGTTAAATAGGAAATGAAA
TTAAATTTTTCGAGAGGTTACGACACACCACGAAGTGCAGAAATCAAAATAATATAGATCTTTTCTAACTTGTGTCTTTGAATTTGAACTTATAC
CTTGATTAAGTCGACCACTTTTTTTTTTGGGTAATATCATCCTTTCCTCATCCACTCAAGAGTGGAGTTCCTCGAAGCAGGGCTCGCACATCCAGT
TGCTTCCAGGACATGTGTTGCACAGCGTATTGATCCTCCTCAGGCCCGTCCTGTTCTTTTTTAGGCAGTTCACGCACTTTCCCTTCATGCGAGGC
AATCCCACATACACAAAGTTGTGCTCGTTGGATGAGGTGCGGATGATGTTGTCCGGGTTCTTTAGGTTCAGCCTTCCAGCGGGCTCCAGTTTTAT
GATTGTGGCTAAAAATTTGTCATCCCGCACCTGCCGCACTTTTTGAATCGGTGCTATATGTCGTGCAGCCTTAAAAATCAAACCTGTAAGTTTAA
GAGGAGGAAAGATATATTATATGGTAATGATTTTCTTATGAATTTAAAGGGTATTAGAATAAAAATATACCATTAAATAGTTTAACTAAACTATC
GTTTGCTTGTTTCATTTAATAAATTATTACTCTTCGCTTATTTGTACACTGTTTTGTTCATTAATGCATTAAACTTTAATATTCAAGCCGTATGT
TTTCCCAATTGAGCGTCAGTCTTGCAAACGGTGTACAAATGTCACATTTAAATTTAAATATAAAAGATTTAGATTAGAGGAAAGTATCAAACTAA
TTTTATAGATTATAATGGTTCTTAAAATTTAATAATCCTCTTTATGAGGACGAGGTGGGCAATCGAGCACTCTGGGAACAAATGTCTTTAGTCGT
TCCGGCGGCTTGTGATTGTGAAATCCTCGGATTGATTTTATTGACTTTATGTGAGTGGTCAGCGCCGAAGTGCAGTGCATCTTTTTGTACATGGA
GCAGCGCCAGAAGGCCAGACATTTCCCGGGATTCCTGGAGTAACAGCTAAACGTGAATCCCTCGTGGACTAATTTTCCTCTATCGTCGTAGGTGA
GAACTGAAAGAGAAGTATTCAATTAGTCAATGGAGACAGGAACTAGGCCTACTCTTCGATACCTCGCCTCCTAATTGATCAGAACGAAGCTCGGT
TACTTTCATGAGTTCAGATCTTTATTTCACATGATCACATAGCCGTCAAGGGAATGGAACAATTGGATTTGCAAAGCATATGCGAACTTAAAAAA
ACCTTCATTGGTTAATCGAACTCAGGGGTCTTACAGCTATATTCACAATCTTATTCATTAAACTTCAAATTAAACTCGATTCGACACTTCAAAAT
GCATATTCGGGTAACTAGGATGAAAATATCGAAAATAAGTGTACATAGTCCATTTCCTAGATATGTACTTTTAATAGCTGTTACTTAGTAACTAC
ATTGCACTGCCAAGACCAGTTGGATAGCCAATCTATTCGTGCATGAGCATCATGGAGGCGTGCATCAGTTCTTGATCTGTCAACTGCAATGTGGC
CGCATCGCTAGTCAACTGGTGTTCATCGATGAACTCTTGCTTCTGCTCCTGAAGCTGCAGCTGTGTGAAGCTGTGCGTCCTGGAGAGCTTTCTTC
CTGTGCCGATCGCTGCCATTTTGTTACGCTGAATGATCTTGTCTATCTTCTCCGTGTGCGGCTGGTGGTTATGTAGTCCGCCTGTCACACTCTTA
AGGCGTCCGTTCTCCAGGACGCAGCGAGATCGACAGCGCATTTCATGCGCCTTTTTGGAGTAGTTGTGGCAGCGCCAATACTGTTTATTGCTCTT
GCGACTGTGGCAGTTGTACATGTAGCCATTTAACACTAGGCACGGCGTCGACCAGGGGCTCTCTATAAAAACCAGCTCGTCCTCTGAAAAGAAGA
AGTTTTTATCGTTAGTTCAGTTGTCTACACTTAAGATATTTGGTTAATAACAATTGGGTTACCCAGTCCACAATGAGCTCCATCTTTTGTTTTGG
TCTTAATTTATTAGGAGCTAAGTATGAAATACGTTTACAGAACTCAGACAAGTCGCTTAAAATCTACTTTCGAGTGGTCGGGTCGATTTCTTTGG
GCAAAATGGTCTTGAGCCTTGTGGAATTGTGAATTTTTGCATGACTTACTAACATATAAAGATGTATTACTATTAAAATAAATATGTATTAATTA
TTACAGAGCTGGAAAGTTTTAGGTTTTAAAAATAAGCCAAAATAATACCAGCTATGGCTTTCTTATCTTTATAAAGACTTTCCAACTGATTGACT
GTAGATTGGTTAAAAACTCCCAAGTGAAATCGACTCCTTCCGTGGTTCGAGATAAATAATTAGCTTAGGTGTTAGCTGATAACTCCTAGGGGTGC
TCGCTCTTCAGCAGGGATCGATGCTTGGCCTCTTCTGTCCGCCACCTGCCCACCCGTTGCCGATCCCGGATCCGCTCCTCTGCATGCCGCTCCTC
CTCATCTAACTCCTCCTCAGCGGCGTCCACAAGGGCCTGCATCTCGATCTCGGTAGCCTCGGCAGCGGGCAGGAACAACTTGCAGTCCTTGCCGT
CCTTGGCAGTCACAATGATGTTGCTACTGCCCAGATACTGTGATATCTTTGGGTTCGACGTGCAGATCTCGATGTACTCCTCCAGTTCCTGCTCC
ACCTTATACAGTTGTCGCTGGCCAATCCTCGAGGCGTGGGACTCGTGATTGTGCTGACGTCGTGCGTCGATGAAGTGTCCGTCGCGGGTGATGAC
CACCGCCTTGCAGCGCAGCTTGAGCACATCCGCACAGCGCCAGGTCGTCTGTCCATTGGCCTGGGTGAGCTTCTTGTTGTAGATGTAGTTGCGGA
ACACCAGCTGGGCGTTCTTCTTCTGGCTGCGAATGAAACTGATCTCCGTATCTGCGAGAGTCGAGGAAAACCGAAAGCATGGGGTTTAGTGGGCA
TAATATAATTGACAGATGATCTAGTTGCTATTCTAGTGAATGTACATATATGGCTTAAGCGTTAAGTTAGGATCGGCGAAATAAAACAACGTTTA
GTTTAGACTTTGGCTTTAAGCAGTTTATTCGCAATCAGTGAACCGGAGGACCCTTGGGTTTGGTGGTAGAAAACTTACCAAAATGCGGCGGGATG
GCATTTTACAACTTACGGTAGCATTTGCATCGCTTGGTTTTCAAATAAGCACTATCACAGATTATCAAAAGGGTGGAAATAGGGAGGCGTTGCCC
CCCTTACCAGCCCCATCACTTTAAATATTAAATAAACACCACACCAAACACACCGTCACAAGCTGGAAATAATTAATTGTGAACAAATAGGCCGT
GTAATTCGGATGCAATAAAATAACAAAACAAATTGGCTTGCATTTTTTTAATGAATTTGCACGGCGTTGCCACACAGCCGAAGCACCAGGGCTGC
ACATTCAATTAGGGTTTCCGGAAGTGGCAACACCGTCCTCAATTTCCACAAAATGGCAACTCCGCATTAATTCAAATTTTAATTCTTTATTTTTT
CATACTACAAATATATATATAATATATTCTGTGGATACTTTCTAAATATCCGGACCAGGCGCGCAAAATATAAATTACACGATTCAAACGTTAAT
ATAAATTTTCTCAAATACGCTTAACAATAAAAAAACGAAAATTACTACTACAAATAAAGGAAATATAAGTCGGAAATGCTTCAAGGCGGTCCAAC
CTTTTGTTCCAAGGTATATAAACTATCGCCTATATGAATTAAAACGGTTTATGATTATCTCTTACCAATTAGGTAAGAGGTCTAGTATATTCTGT
TTTTTTTGTTTAAGGTTACCGCGACATCCGTAAATATCGTGAAATTCTTCAGACACCCTTTAATTCGGAACCATATAAAAAAAACACGCAAAATG
TTCCATACAAAAAATTTGGAATGAAAAAACAAAATCAGCACGCAAAAAGTAAAACAGAATCGACGCTGCATGAAGAAATAAATTTCCTCTCCACT
GATAACGTTAAAAGAGTCTCCCTATACGTATTATTAAAATCTTTCCTTTTTTTTTTTACGTGACCACTAAAACGATTAGAAATGAACCTTTACTAT
AACACAGCGTTATAAATACAATTTTTTTTTTAAGACTCGGCAATCAATGCCGTTGCTGGATTTGCATCAGCAAGCTTTTACGTTGCTTAAACAAA
TCCAGACAACATCTTTAAGTACGAGTTTGAAAACATAAATAACAACAAACCTCAGTAGCCTTAGCATCACCAGAGGATCATTATTAAACAGAAAT
GCGCATGCCCAAATAATAACCCCCTGATCATGTAAGATTGAAAACTCCAATTACTCGCTTTGCTCAGTCAAATAAACAATTACAAATGCCTGCAA
ATTTTGGAAAAATATATGGATAGGTGTGGTTTTAAGAGTGCCGGTATTACCTTGAGTAGTTGCAGCTCTTCACGGGTTCGGCTTCACGTTGACAT
CAGATATCCATCGTAGCAGCTTCTTAAAATTTCATCACTCTACTTACCTTTTAACTGAATAAGTGTAAAACCGCGCGATCTCCGTCCAGCATTTA
ACAAATATGCATCGGACAGCAGATCTGCCTAGTGCTCTTTGTCGAAATAGAACACAGGCCCGTAAACTACTTATTAACTAATGGCCAGCG
AAGTATAGCTTAAGTTTGTTCAAAACAAAATTAAACGCACTTTGCCGAACTCTAAAAGGACATGATCCGCTTGCGACGCTAATAGATTTGGAAAG
TGTTCAAGTTTGGAATACATATGTGATCTTTTTTTTTAACGTGTTTGCATTTCGCAAGCGGACTTAATGTCCTTTAAATATTGCTTATATCTATTG
GCCTCTGGCCATGTATGCTTTGCAATTCAACCAACCTTGAGCCTCTGTGTTGCCCTGATCCCCGCTGGTGTCGACAAACGATGATTCACTGTAGT
TCTGGGACTGTTGCTTGACCACAGCCTTGGAAGTGGTCGCCGTCACTCCGCCACCGCTCGTATTTGCCGCAGTCTGGTTGCCAGCATCCTCGTTT
TCAGTGAAGTAGCTGTCGTCGTAGCGCATGTCTCCGTAAGTATCGTCCTCCACATAGGTGCCCTCGGCATCGCCGGCGGCGTCGCCATGGTCCTC

AGAGTAGTCAGGTTCAGATTTCGTGGGCAATTCCATGGGGAGATCAATGTACTCGGCTTCCTCCTGTCGAACCTGCTGCGGCGATTGCTGGTGGA
GCTTTGCTTCTGCCGCAGAGACCACAGAGGTTTGCACGGTGATCTGTTGCGGCACAAGTTGGGCGGTTGTCGTGGCTCCAGTTTCAGTGGTCGAG
TCGAGAGGGTCCATAACATTTGCGGAGGTGCTTGTCTTGGAGCGCTTTACGCCGGCGCTCGAGGAGGCGGGGGTCAGGGAGGAGCGCTGGGCAGA
GCGTTTGTTTGTCGACACCAGCGTCGCCGTCGTCGTGGTTCCCGTCTGCAGCTGCTGCGATTGGATCTGCTGCGCCGCCTGCTGCGGTTGCTGCT
GTTGTACAATGGTGGCTTGGGGTGCGGCCGTGGTCTGGATGACGATCTGGGTGGTGCTCTGTTTCTCGTCGCCCAGGCCGTCGTCCACGGTCTCG
ATCTTGTAGCGGGCGGAGGCGCGAGGCTGCTGGCGCTGCACCCGCTGAGCCGGTATTTGCTGTTGTTGTACATGAGGTGCTGCTGGCGGCGGGCT
GGATTCCTGCGGCGGCTGAGGCGCAGGATCGTTCTGAAAAAAAAATATTGGTTTTTTAATTATTAACATATATTTTAGGAATAAGTGAAAAGATA
TTTTGTATGTTCTAGCACCTCTTTAAAAATGAACCACGATCAAAACTTAATAAACTTTAAAAGTATCTGCATTTAATAAAATGGACGATTTCAAA
ACTATATGTTGAAAAGAATTATTCCGTTAGAATGGAATTTGCAAAGAAATAAGAAATCTGGCCATTAATTAGTAAAGTACGCCTTCCTTGAATTG
GGAAACAATAATACATTTTCTAGTTCCGATGCCTGTTTCTTTAGGTACAGCTGCACTAAATTTAATTTTGCAAATACGTTAATTTTAGTCGAAAA
CATTAAGAGATATTTCCCAATTTAAACATTAGTTTAAAAGCAAAAAATGTTTATGCTTTGGCATCGAATTCGCTGCGAGACAAAAACAACCACTC
CAATTTGCCGCTGCCGTGCGAGCCAGAGCGAGACAAACGCTTCGCGTATAGCCCCTGCAGTTGTCTCTCTCTGGCACGCGTGCCTTTTGGCATTT
GGTTTGCGAGAAATTTCTCGGTACAGTCAAACCATGCTCTTATACAGACGCCAGCCATCGCGTCTGTATGTATTGGGCGCGAAAGGTTGCGTTGT
AGTTGCTCGATTCGATATACCAGTATATCACGCACACAAATGTATACATATACTCACATCCGTTAGCCCCTTGATTTGCAGCGATTCCGCGGTGC
TAATAAACGCGGGCAGGGCGTCCTGCTTCACGTTGACCTCGCCGCAGTACATGAATTGGATGAGGTCCTTCAGCGCCGAGTGGCTGACGTTGTTC
AGGAATACTGCAAGATAGGCGAAGAGAGTATAAGGTAAAAAATCACGTAGAGCTACAGATCTGAGCTGAGGGGCACAAACTCACCGATAGCGTGG
GTGTTCGACGGCATCTGAGTGAACATCTTGCGGAAGAAGGGCGAGCAGACGGATAACACCAATCGGTGGGCCTTCACTATTTGGCCCTCGGCGGC
CAGCGAGACGTCCACCAGGTCGCCGCGGCATAGCGACTCGTGGAAGCCGGCCGACAAATTCGTGTTGAAGTTGTTCCAGCACAAGCTGAATTGCT
CGTCGTCCGCCATCTTGGACGAAAATCAATACTTTTCTGTATCTATGCGTTTGTTGGCTGCAGGCGAAAAAGTGCAATGCGCGTTTAAAACTCAA
TGCAGCGAGTGCTGAAAAATGGCAAAGGCACACACAAAATAGAATGCACTGCAGCCAAAAAAAACTGGGAAATTTTCACGCGTCTGTCTGTGTGT
GCGTGTGTGTAAATTACATTTATCTCGCTTAATGACCGCAACCTACTGTGTATATTCACTTGGGGCGCCATTACTCACCTCTTGACTAAATATTT
TTCCAATAAAATAACTAACTAAAGCCAGAGTTTTTTGCTAGCGCGGCCGACACGCAGAACGCGTCCGAGTTCTTTGACGTGAAAATTAGAAGTGT
TACCAGGCGACGAGATTGCTGGCGATGGCAAAACAAAAAGTGACAATATATCGATAGCTTAAAATATTTATATCGAAATACTTTTATGAATATTG
ATAGTTGATGTGCTTTGATATTTTTTTTTTAAATGTTAGTACGAAAATCACATAATTAAGTTCATAACTTTTTGAAAACTTTTACATACTTTAGT
TTACATATGCTGTAGGATTTTAGTTTGCGGGTGTGTTAAAAAAGGTTGTAGGACTAAGAAAATATCGGCCTAAGTATACGATGTATTTATGTTAT
GACGAAATTTCTTATTTCACAACAGTTTTGTTGTCTAGCTTAATGTTTAATTTATTTTAAATGAAATAAAACAAAATACAAATTAACGAGTTTAA
AGACTAGCAGTCAAACTAGCACAACTAGAATAAAATTCATAAGATAAACAGAAAAATTTTAACTTTTTTAAATTCTCCTATTTTTTAAACTGGGC
CTTCGATTTTTTACGAATGGAGGATTATTTTCTAGCGGAATTCATTATAACTCTGACAAACTCTTATGGAGCGCATCGTCACTACGTAAACCCTA
CACTCTGAATGCACAAGGGCACTATATTTTTAAAAAAAAAGTGACTTAATAGGATTATAAGAAAGGCAAATATTCGCTAAAAGTTCTTAAACATA
CCAAACAAAATATGTATGTACATAATATGTATATCTGTGTACTGTATGTACATATGCACTACATATGCAATTATATACATATGTGAACACGTTTT
TGGTGCAATGCCAAGATTCGAAATGAAGGTATTCATCCCATAAAGGCGAAATATTATTAAAAATGTTGCTCTATTTAGACAACTTCACATATCCA
TGTTATTCATCTCTATTAAATCATAACAGTTTCAAGTGAAATAAACAATAATATATGAGAGCGTAACGTTTAAACCAAACATATTCCCCACGATT
TATTTATTTGTTAGCTTAGTACACTCTTAAA
(SEQ ID NO: 1237)

Exon: 23161..23069
Exon: 22857..22600
Exon: 22522..22383
Exon: 21693..20841
Exon: 1338..1001
Start ATG: 22813 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT40910
CAAAGAACTCGGACGCGTTCTGCGTGTCGGCCGCGCTAGCAAAAAACTCTGGCTTTAGTTAGTTATTTTATTGGAAAAATATTTAGTCAAGAGCC
AACAAACGCATAGATACAGAAAAGTATTGATTTTCGTCCAAGATGGCGGACGACGAGCAATTCAGCTTGTGCTGGAACAACTTCAACACGAATTT
GTCGGCCGGCTTCCACGAGTCGCTATGCCGCGGCGACCTGGTGGACGTCTCGCTGGCCGCCGAGGGCCAAATAGTGAAGGCCCACCGATTGGTGT
TATCCGTCTGCTCGCCCTTCTTCCGCAAGATGTTCACTCAGATGCCGTCGAACACCCACGCTATCGTATTCCTGAACAACGTCAGCCACTCGGCG
CTGAAGGACCTCATCCAATTCATGTACTGCGGCGAGGTCAACGTGAAGCAGGACGCCCTGCCCGCGTTTATTAGCACCGCGGAATCGCTGCAAAT
CAAGGGGCTAACGGATAACGATCCTGCGCCTCAGCCGCCGCAGGAATCCAGCCCGCCGCCAGCAGCACCTCATGTACAACAACAGCAAATACCGG
CTCAGCGGGTGCAGCGCCAGCAGCCTCGCGCCTCCGCCCGCTACAAGATCGAGACCGTGGACGACGGCCTGGGCGACGAGAAACAGAGCACCACC
CAGATCGTCATCCAGACCACGGCCGCACCCCAAGCCACCATTGTACAACAGCAGCAACCGCAGCAGGCGGCGCAGCAGATCCAATCGCAGCAGCT
GCAGACGGGAACCACGACGACGGCGACGCTGGTGTCGACAAACAAACGCTCTGCCCAGCGCTCCTCCCTGACCCCCGCCTCCTCGAGCGCCGGCG
TAAAGCGCTCCAAGACAAGCACCTCCGCAAATGTTATGGACCCTCTCGACTCGACCACTGAAACTGGAGCCACGACAACCGCCCAACTTGTGCCG
CAACAGATCACCGTGCAAACCTCTGTGGTCTCTGCGGCAGAAGCAAAGCTCCACCAGCAATCGCCGCAGCAGGTTCGACAGGAGGAAGCCGAGTA
CATTGATCTCCCCATGGAATTGCCCACGAAATCTGAACCTGACTACTCTGAGGACCATGGCGACGCCGCCGGCGATGCCGAGGGCACCTATGTGG
AGGACGATACTTACGGAGACATGCGCTACGACGACAGCTACTTCACTGAAAACGAGGATGCTGGCAACCAGACTGCGGCAAATACGAGCGGTGGC
GGAGTGACGGCGACCACTTCCAAGGCTGTGGTCAAGCAACAGTCCCAGAACTACAGTGAATCATCGTTTGTCGACACCAGCGGGGATCAGGGCAA
CACAGAGGCTCAAGATTTAGGTGAACTCAATCCTAGCAACCTGGCTGACTTTGGTAACGAGAGCTTCTTGCCCAAAACCAAGGGTAAACGGCCAC
AGAATGTTCGCTGTGGACTGGCGCCCGATCAGAAGTGCGTCCGCACCCTGGACGACTGGGATCGCATCCGGTATGATCGGACCAGGAGCGGCGAT
GTTCTGGTCTACGACGGATATCGTTATGATCGACGAGCCAACTACAACGATATCATATATTGGGGGTGTGCCAAAAAGCGACTAAGCTGCAACGT
CTACATGATTACCCACAAAAACAAACCCACATATGTAGCCATTTCAGGCGTGCACAACCATTTGTAG
(SEQ ID NO: 1238)

Start ATG: 138 (Reverse strand: CAT)

MADDEQFSLCWNNFNTNLSAGFHESLCRGDLVDVSLAAEGQIVKAHRLVLSVCSPFFRKMFTQMPSNTHAIVFLNNVSHSALKDLIQFMYCGEVN
VKQDALPAFISTAESLQIKGLTDNDPAPQPPQESSPPPAAPHVQQQQIPAQRVQRQQPRASARYKIETVDDGLGDEKQSTTQIVIQTTAAPQATI
VQQQQPQQAAQQIQSQQLQTGTTTTATLVSTNKRSAQRSSLTPASSSAGVKRSKTSTSANVMDPLDSTTETGATTTAQLVPQQITVQTSVVSAAE
AKLHQQSPQQVRQEEAEYIDLPMELPTKSEPDYSEDHGDAAGDAEGTYVEDDTYGDMRYDDSYFTENEDAGNQTAANTSGGGVTATTSKAVVKQQ
SQNYSESSFVDTSGDQGNTEAQDLGELNPSNLADFGNESFLPKTKGKRPQNVRCGLAPDQKCVRTLDDWDRIRYDRTRSGDVLVYDGYRYDRRAN
YNDIIYWGCAKKRLSCNVYMITHKNKPTYVAISGVHNHL*

(SEQ ID NO: 1239)

Classification: transcription_factor

Celera Sequence No. : 142000013384688
ATTTATTTTTATTTACTTGCTTTCCACTACAACGAAATACATTCCATAGATGATTTTATTAAGCTTTAATGAAACAAACTAATGACGACAAACTA
CAAACATTCACAAGAACAGATCTAACTAAATCCATGCAGAAATGTGCGGCCAGTAAAACTGTGCAACAAAAAAAAGAAAAACAATTATTTTTAGA
GCTTTGATTAAAACTTTATTACAAACATAGAACCTGAATGGGAAGACGAAAAATCTCGAATGCTTACGTATAAAATAATTTCTTTAAGAAACTAA
AATTCTTAAACAAAAAAAACATTGGTTATATAATTGCGGTGTTGGGCTAATTTAGCGACTCTTTATACAATGAAGAATAAACGAAACAATTTCTA
AAATTTTAAAATCGAAACATTATGGCAAGAGTGGAAAATTCCAAATTTTCTAAAAAAACAATATTGTTGAACAATAGGAGAACATAAACCTTTATG
AATAGAGTATAATTTTTAATAAATAAAACACTTAATAAGACAACAAATACTCATTAAACAAACAGATTTAGCATACCATTATATATATAATATAT
ATATTTAATTTTTCTATGAATTGTTTGTAAAACTTTTTTGTAAATTGATGAAAAACCCCAAATTCAATGTGAAAAATATACAAATTCCATGTAAT
AAAACGCAAAAGAAACGAAAGTTGTTTGCAATAGTGAGTTGATAAATATTTTATTGATGTCTACGACTATAAGTTTTATTTTCTACACATACAGA
TATTATCATTTTATTTACTGCTTGTAAGTATTGATTTTAATTTTTTGTTATAATATTACACTATTTTTATTTCATTTTTGGAAACATTTTATTTC
GAAACACACAAATTATTGAAATATCAAAACTGGTTAGGCAATCATCGATTATAGGTACACATAAAAAAAATCTAATTTATAGTTTGAAACTTGCA
TTTAATATATGATAACTAATGAAAGCAACCCAATTACCTGACATTTTCAGATGAAGCTGGCCAGAACGAAGGTGGTGAGTCCAGGATTCGAGTCC
GTAATTGGCTAATGCTGGCTGACAAATCCATCATTGGAAAATCCTCAGACGAGCCCTCAGGTATTTTACACAACTACACTGACTACAGTTTTCTT
GTTTTATGCATAATTTGATTGATTTTGTCATTTACATATTATGGTTTTAACCTTTTTTTTGAACTTTCCAATAACTTTGTTTTCTTTTTACAGTC
TTACATATTGTTTTGTTGCTGAGCACACACAGACACATCATAAGTTTCTTACTCATTATCCAATCATTTATTGACAAGATTTACTAACTAAAACC
ATTCCCAATTTCTATTTCATGACTAACCAAACAAACAAAAAAAAAAAAAATACCGACAAACAACTAACCTTCAGACAAACTAACTCAGTCCAAAAA
ATCACTCATAAGCGATGCTAAAACCACTAACAAAACGTCGACGCCGATCCGACCAAAAGTTTCGACGACGACCACATCCACGTCCACGGCGGCGG
CTGCAGCAGCAGCAGCCACAATTGCAGCCAAGCAGGCGGCAGCTGCTATTGCCAGCAGCAACATCAACAACAATAACAGCAGTTTGACGCAAACG
GTCACTCAAACTGTGACTCGTATCGGGAGCATTGGACGCACAACCATTGCCTGCATCACGCCGGCGAACAATGGTAACAAGAGCTCGTCGAGCAA
CTGCAATGTGGATGCCGCATCGGCCGCTGCACTGGCGGCTGCCGGCGTGGAGCTGGACAGCATCGATGACACCATGACCGAGGTGATTGTAAAGA
TCGAGAATCCAGAGAGTATGCCGCTCAACGACGATGAAGACGATGCCGTTTGTAATGAGGCTATTGAGGATGAGAATACCTTCGACTATGACCTG
AAGCTGGGCAGTCCGTTGTCGTGGACCTACGATGCGGTGAAGATTGAGAATGAGGAGTTCGAGGATAGCTATCTGATGGATAACGACGATGATGA
TGATGATCTGCTGACCACAGCTGCGGCGACTCAAAAGCATGCCAAGCAATCGAATGAGAAGCAAATGGCCGGCTCTATGGTGGCTGGAGCTGGTA
GTGGAGGTGCCGTCAAGAAGATCGTGCTTAGTGCCCAGCAGCAACAGCAATTGCTCGAACAGCAGCAGCATCTGCAGCACTTGCAGCTACAGCCC
ACCAGTCAGTCGCTGCAGATTAAGTTGCCCGCCATACCAGCCACCATTACGACGATTTCGGCACCCAAGCAGATGATGTCAGGTGCGGGAACCAG
TGGCTCCCTAACCCCGAACAACAATTGCACGCTGATGAGCAACAAGCTGGGACTGCCCGTGAAGGGACAGAATCTCGATCTGCACTGGTCGCACT
CGGACGACAATCGTTATCGCGTCCTGGTCCAGAATAAGCGCACACGCAAGGAGTCGCTGGAGCACTCCGCCGATATGATCTACAATGCGGATATT
GAGAAGCCGTGGGTGTGCCGCAACTGCAATCGCACTTACAAGTGGAAGAACAGTCTTAAGTGTCATTTGAAGAACGAGTGCGGCTTGCCACCACG
CTACTTCTGCAGCAAGATGTGCGGCTATGCCACCAATGTCCACAGCAATCTGAAGCGTCACCTGAACACCAAGTGTCGTGATCGCGAGAAGGATG
CCGACGACGAGAAGAAACCCGGATCGGCCAGTGGCAACATGCCGGTGGTTGTGGGCGTTGGCAATGGGACCGCCGTTCCGGTCAGCAGCAGTAAT
AACAACAACAACGGCGGCGGCAGCAGCACCAGTAGCACCTACACCTTGGTGTTCCAGAACGATAGCGCTTAGGAGAGACTTGGACTTGTACAAAA
CGCAGGCAGCGGCTAAGATGGAAACGGCTTTGGAAACGAACATTCTGCTAGTGCAAATCTTGGTAAATCCATCGAGTTGAGTTTTATGGGCCATT
CGGAACTGTGGACCCTTCACAAATTCGTTATTTTCGTTGAACGAAGCCGGTGATGCCGTGGAAACTAGACGTAGTTTGCAATACATTGAACAAAA
AGACATGCAAAACAAATTATATTGTATTGCTTTAGCAAATTCTCACAACAAATTTAAACCTAATCTTTATAAATATGTGTAAATTTTTTTCCCAG
AAAAAAAGAAAGAAAAAAAAAAAAACGAAACCAAACCAAACAGAAAATATATAAAACTAGTCATCAGCTAAATTTGTTTTAGGTGTGCTACAAAC
ACTACAAGAAACAAAAATAATAAAAAAAAGATGGGAAAATTTTGTAATAATATTATAATTTAAATAAAAAAAACCTTTAAACTATATGCATGGCA
TGAAGATAAAGCAAATGCCCCTCCACAGATACTTAAAGATAACAAAAATAATGATAAACTTTTTGATTTCGTATTATGTTTGCATTCGCAATAAT
TTTTATAATTTGTTAGAAACATTTTTCTGGTCACTAAGTTATGCTTATATAATAATAATTATTAACTAAAAATGATTATCTAGTCAAAACGAAAC
GATAATGAGATATAATATTTTCAATTTTAGACAAAAATTAAACCTTATTGATAAAGACAATGTTTATAAACATTAATTCGAAATATCATCAGCGC
ATGTATGCTTTGAAAATTGTTAGATTTAGTGAAAAAAAAAAAAAACACGAACCACGACGAACGGCACTGAAACGCAGAAGTTGTACCATCAAATTA
CCTTACCTTACCAAATTGTAATGTAAACGAAAAAAAAATGACAAATACCTCTATGAAGTTGCAAGAGAGAATACCATTATATTGATTGAGTACGA
TTACCACTATGTATTTCCAATAAACTG
(SEQ ID NO: 1240)

Exon: 1001..1024
Exon: 1418..2827
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT41779
ATGAAGCTGGCCAGAACGAAGGTGTCCAAAAAATCACTCATAAGCGATGCTAAAACCACTAACAAAACGTCGACGCCGATCCGACCAAAAGTTTC
GACGACGACCACATCCACGTCCACGGCGGCGGCTGCAGCAGCAGCAGCCACAATTGCAGCCAAGCAGGCGGCAGCTGCTATTGCCAGCAGCAACA
TCAACAACAATAACAGCAGTTTGACGCAAACGGTCACTCAAACTGTGACTCGTATCGGGAGCATTGGACGCACAACCATTGCCTGCATCACGCCG
GCGAACAATGGTAACAAGAGCTCGTCGAGCAACTGCAATGTGGATGCCGCATCGGCCGCTGCACTGGCGGCTGCCGGCGTGGAGCTGGACAGCAT
CGATGACACCATGACCGAGGTGATTGTAAAGATCGAGAATCCAGAGAGTATGCCGCTCAACGACGATGAAGACGATGCCGTTTGTAATGAGGCTA
TTGAGGATGAGAATACCTTCGACTATGACCTGAAGCTGGGCAGTCCGTTGTCGTGGACCTACGATGCGGTGAAGATTGAGAATGAGGAGTTCGAG
GATAGCTATCTGATGGATAACGACGATGATGATGATGATCTGCTGACCACAGCTGCGGCGACTCAAAAGCATGCCAAGCAATCGAATGAGAAGCA
AATGGCCGGCTCTATGGTGGCTGGAGCTGGTAGTGGAGGTGCCGTCAAGAAGATCGTGCTTAGTGCCCAGCAGCAACAGCAATTGCTCGAACAGC
AGCAGCATCTGCAGCACTTGCAGCTACAGCCCACCAGTCAGTCGCTGCAGATTAAGTTGCCCGCCATACCAGCCACCATTACGACGATTTCGGCA
CCCAAGCAGATGATGTCAGGTGCGGGAACCAGTGGCTCCCTAACCCCGAACAACAATTGCACGCTGATGAGCAACAAGCTGGGACTGCCCGTGAA
GGGACAGAATCTCGATCTGCACTGGTCGCACTCGGACGACAATCGTTATCGCGTCCTGGTCCAGAATAAGCGCACACGCAAGGAGTCGCTGGAGC
ACTCCGCCGATATGATCTACAATGCGGATATTGAGAAGCCGTGGGTGTGCCGCAACTGCAATCGCACTTACAAGTGGAAGAACAGTCTTAAGTGT
CATTTGAAGAACGAGTGCGGCTTGCCACCACGCTACTTCTGCAGCAAGATGTGCGGCTATGCCACCAATGTCCACAGCAATCTGAAGCGTCACCT
GAACACCAAGTGTCGTGATCGCGAGAAGGATGCCGACGACGAGAAGAAACCCGGATCGGCCAGTGGCAACATGCCGGTGGTTGTGGGCGTTGGCA
ATGGGACCGCCGTTCCGGTCAGCAGCAGTAATAACAACAACAACGGCGGCGGCAGCAGCACCAGTAGCACCTACACCTTGGTGTTCCAGAACGAT
AGCGCTTAG
(SEQ ID NO: 1241)

Start ATG: 1

MKLARTKVSKKSLISDAKTTNKTSTPIRPKVSTTTTSTSTAAAAAAAATIAAKQAAAAIASSNINNNNSSLTQTVTQTVTRIGSIGRTTIACITP
ANNGNKSSSSNCNVDAASAAALAAAGVELDSIDDTMTEVIVKIENPESMPLNDDEDDAVCNEAIEDENTFDYDLKLGSPLSWTYDAVKIENEEFE
DSYLMDNDDDDDDLLTTAAATQKHAKQSNEKQMAGSMVAGAGSGGAVKKIVLSAQQQQQLLEQQQHLQHLQLQPTSQSLQIKLPAIPATITTISA
PKQMMSGAGTSGSLTPNNNCTLMSNKLGLPVKGQNLDLHWSHSDDNRYRVLVQNKRTRKESLEHSADMIYNADIEKPWVCRNCNRTYKWKNSLKC
HLKNECGLPPRYFCSKMCGYATNVHSNLKRHLNTKCRDREKDADDEKKPGSASGNMPVVVGVGNGTAVPVSSSNNNNNGGGSSTSSTYTLVFQND
SA*
(SEQ ID NO: 1242)

Celera Sequence No. : 142000013384534
ATGTGGCCGCTCTGTTGACTATGCTGTCCGCCAGTCTCTCCAGGTCGTCCAGGCTCTGCTCGTTGATTTTCCGCTCGAAGTCGGCCATAAACTCA
TTGGTCATACGCTCAGCTAGGGGCTCCGAATAGTGCTTGCGGAATCCCCGCAGGATGCTGTCCCTTAAACAGGGCTTTATCACCACCAGATTGAG
TTTGGTGCCCTCCTTGATGTTGGGATATGACGCAATTGTCTGTTCATTGTTAAGCGGTCGCCCCAACAGCAGTAGCTTTTGATTTGTAGCCGATA
TCTGCAGTTCCGCCTCGATCTGGTGTTTCACCTCCAGAATCGTCGATGTCGGCGCCACCTGTGTGAAATATTACCATATTAGCGACCTCACTTGA
TTTTGGCAAGGTTCATTCTTACCTCGATGGTGCAGTCCTTGCCCTTCAGCACCTTGATTGTTATCTGCATAGCAATTGCCGTAAAATTTATTAAA
AAATTAAAAGTCAAACTCGAGAAGTCGAGCGATATAAACAATCTGTCTTTGGCGTTGCCACCTGTATTGCCACCAAGTGTCATTAGGCCAAGCGG
CCCTGGTTTGTAAAACAAGTGCCGCAATATTTGCTAATATATAATTTACAAAAATATTTCCTTATATTAATATATAGTACATATATATGATTCTT
GTAAATTGCCAAATGTTATTTAAAATTATTAATATTTAATGCAGCTAGCACAAATTATGTACAAGCTATCGAAAACCACTCGAAGTTATTATTT
TACAAAATTAAAGAATAATGTGAGATCAACAATTAAATAACAGTTTGTAAACATTCGGTTTATTATAATTAATAATGATCTTTAAGTCTTTCGCA
TTTGGCAATAAGACAGTAGAGGAGAGTAAGGTATAAAGATAGTAAATATAAATAAGTAAATAGCATAAGCAAAAGCTCGTTTTAGCTTTTAAACG
GAGTCGGTAAAATCTTCCTAAAAGTAACTATCGAGGGTCGGCTGGGTCAGGCAACGCCGCCGCACGCCTGCAGCCCTGGTAACTCTATTTTCTAT
TGAGCACCGACAACGTTGCGTGTATAAGACAGTTTACATAAATTATTATTTACAATTGCACAGAGCGTTGATGTTGTGCGTTCTAAGCGAAAAGG
TGAACTTGACCCCGGTGCCGATAGACCGCCGAGCTATTGGGTGTGAAATTCGCGAGCGAGCCTTGTGGAATTCGCACGCGAAAATCGAAGCGAAT
CGCAGCGATCGAAGAAATTGCAGCGCAAATAATTCGTGTAGCCTCGACGACTGAATTTTAACGCGAGAGCGGGGTGTGCGTGTGTGTGTGCGC
TGTGCTGTGATTCTGTGTGCGTGTGCAAGCGTTTTTGTTAGAATTCGCATTTTACGCAAAGAACTAGCTTTTATCAGCAGTGAACTTGATGTTGG
CGAACCTATATCGCAGCAGGGCCAAATTGAACAAGTTCTTGCAGCTTCTGGCGGTAAATTGGCGAAATAAGACCCATTAAAAACCCCCCTCTGAA
AATATAACCCACAAATTAACCTCGCCCCTTGACATTCAAAGTTATATTTGTTTCCCCACTTATATATGTGCACATATATATATATAAATATATAT
ATATTTAATAATAATTGTGTGTTTGAGTCTTGGAAGTGCAACTACAACTATTAATCGTGCCTAGTACACATTTTACTTTTACGCTCTCGACTGTC
TCCGTCTCTCTCCCTCTCTGTTTCACCCCTTCCTTGCAACAACAAAACTTATGAGTACTTGCTGGGTGCCCCAACAATACTTGTGTTGATGATTG
CCCATCCTTGCACCTCCAAAAAGAAATGAAAAAAAAATTTGAAAAACACCAACACCACCCAAAAGCGCTCTTCCTTCCCCATTTCTATTGGCATG
TCTGGCAACCCTGGCAATTGGTCGACGGCCATTGCTTCTCAACTTGTTGCTCGTCTCGCTTGCTCTCCTCTCTCTCTCTACTCTCTTTTCAAGTA
CGCTCTCTCTGCGCCAGTGTTTTGGCATTTTTGTTACTTATTTCGTTTCGAGTATAGTTTTATGCGAAATGAACAATGCCAAACAATGAAACGC
CTGAAGACCTGCATAAAGTGTTGATGCTAACATTTAAATGGGAATCCGAAATTCCACATCACCGACAACACCTGTCCACTTGGAAGTTACAGCAC
TAATCGGAGGAACGCTGCATGAACGTGTTTTCGGTACCGTTTAGAACCGGATTTTCTATGCTAGAGAATGAGAATATGATCGCGGTTCTGTGGGG
ACATCTTGTGACAACTTAGGAACTCCGATACGAAGCGGTTTTCCGCCATTAAGGCATTTCCAATTGGAAAGCGCGCAGCGAGAGATTCTTAAAGG
TTGCTCCGTTTCCCATTGGTAATGTGTTGTTTACAGTTATGGTTAAGTTAATAGCAGCGTGTTTATGTAATATATAGATAATTCGAGTTATGCAC
GTTCCACTGTACAGTGATCAAAGGGAAAAGAAACAGTATTGGAATTTCCATGAAGTTGCATAACAAATGAGGAATAGTAGTGATGAGAAGATTCG
TGGTAGATTTCAGTAAACCCTTAATTTACGTTGAGCGCCCCTCGAATGCGAATGTTAATGCGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTCTGCTTGAGTGTGT
TGTTTTGTGGCTTAATTGCACGGTGTGTTGTGATGCTATTGTTATTTTTCCTTTAGTTATTGCTACGTTAATTTTTTTCTTTCGACCCTCCACAG
TGCAAATATAATTTTCAGATAGCAATCAACTGAGAGCGGTCCAGCCCGGCCTGTTGTATTTGTTTGTTTGTCCGGTTGTTTACGTTTTTTTCTCT
CGTTCTCGCTGCTTTTCATACGTATTTTATATTTTGTAAAAATAAAAAATCGTTATAAAAAACCAAAAACACACATAGAGGAGAGCACATCCAAA
GAGCCAAAAAGAGTCAGAACCGATTGCGTATTATGGATAACGAGGCGTTAGATCCAACAATAAAAAGCAGTACGTCGGCAGCGACGCCAACAGCA
GCAGCATCAGAAACGACAACAACAGCAGCATCTTCAGTTGTGGAAACCACAACAACAATCGCGGCGGCCACAGCCTCAGCGGCAGAATCAAAAAA
CGAAACAACGGCCACAAACAACAATAGCAACACAAGCGGCAGCATCAGCAGTAGTAGCAGCAACAATATAGTCATACCGGCATCGGCCACTAACG
GTATCAAAGAGAGTAACAGTAACTTAAGTACAACAACAACAGCAGCAGCAGTAGCGGCAGCAACAACTGTAGAAGGAGTAGCTCCAGCAATAACG
TCCACAATCGTGGTGACCGGCGGCACTCCTCCATTGAGCAGTTTGGTGAGTAGCTCTCCCCCAAAACACTAGCCCTCCCCACCACACTCCCTCAC
TCACTCTCTTTCTCTTGCTGTCTTTAAGCCACAGTCTCTCTCTGTTTCTGTTACGATCTCTCCCTGTCTTTCACTTGTCGCCCTATTTGCATGCC
TACCGTTATTTTGGCGTAACGTAAACCTCACTCGTAATGCTTACACGCACACTGTGCATTTGTGTGTGTGCCTAAGCCTTATCTTATCTAATCAG
TGCTAATGATGTGTGTTATTGTATCGCTGCTTCACCTTACCCCGCACGATTCAAGTTAGATTGACCAACACCAATTAGATTCACAATGTTGCCAA
TTGTTAAATGAGTGTATGTCGTTCGGATAACAAATCGAATCGTAATTGTATCGCAAGTGCTTGACAAACCGATATTCACTTTCCCCCTTTTCCTC
ATCTCCAATTTGACCAATTCGTTAGTCCTTAGAGAGATAAACTTATTAGATTTTAATTTTTTTAATTTTAAAAAATGATTTTTTAATTAATTTCA
TAAGTTTTTTTATACGAAATATGATGCATTTAATTATTTCTTTAAATAGAGGAAATACTCTTTATTTAACAAACGATATAAATAGCATTTAATGA
CCTTGTAAGTGGTAACAGTAATCTAGCAATCTTTATTGCTTTTCAATTTTGGTTTACAAATCGTTATCGTTTCAATTATATTACCTTGGGTTCTA
CTTTCTGATAAGACTTTTGCGATTGAATGAATAGATTGCCCTAAATCCTAGATTTTATACGATTTCCCGAAAGTTTTGTGTCAACAAAAGACGGA
GTTGATTATACAAATCTTTATACTCACATGCCTGTTATTAACTAGAAGAACTTTTAATGAAAATTTTTTACATTTTTGTCTCTCCAACGACAAAA
ATATTGAACATTTGCAATAAAACATAAAGTATAAGGCGAGCACTTTGCTTTTTGAAACTGCCAAAAAATTGCCCAATGAAATGCTTTAAAAAATA
CATAAATGTTAGTGCCTGGAAAATATATACATATATGCCACCACCTGATTCCCTGGTAGATGCCAGCAATATAATCCTATACGTGTATGGAGAGC
CTACGGAACTCCAGCTTCCTGATCCCAGAGCACATTTCAATGTTCGGCATTACTAAACTCAGACTAAAACACACCCACAGGCAGCTCAACTTAGG
CGTCAAGGATTCGCACAGTCCAAGGTAAAAGCGATGGCCGGCCAAAATGGCAGCGAGGGACCATCCCGAACTGAACTGCTTTGCTCTGATTTTGC
AAGTGCTACGTTTTGAGTATGCTTTTTATTTGACCGCATATTGCTTTGCATTCGTTGTTAAAATTATTTTCATTTACTAAGCATAAGCCAAACCG
TTGACATGGGAAAAGATAATCAGATAAGTGTCATTTATGCCCCTTTGCAGGCTAACAAACTCAAGGACAACACACCACCGTACGATGCACCGCCG
CCCACGCCGATCAGCAAGGTCCTGAACATCACCGGCACCCCGATCGTTCGCAAGGAGAAGCGCCAGACCAGCGCCCGGTACAATGCCTCCAAGAA
CTGCGAACTGACGGCCCTCATTCCGCTAAACGAGAGTGAGTAGCCTTGGAGTAGATCCTACTACTTAGTATATTACTTTATAATACATGTACTGC
CAGCTGTTCAGATCGATATCTCTTAAGCCTGCAGATCGGTTGCATGGGGTAGAACTTGGTCGTAGCCATGTCGTAGCATACATTTTAGGGCAGGG
TTCCGTTTAGGCGATATAAAATTACCTTTCTTACTGTCTACCAACATCGTCAATTAAGTTTTTATGCAACTATACACTCAAAACAGATTGTATAA
ATCGTAGTAATTCCCATTAACGATGCATAATTACATATATTATGTCAATTAACTCCGGTAAATTTCCATGATTATAAGTTCAGCTTTAACTTACA
AGAGGCATTCTCTGTAAAGTGTACCTACGACCTGCAAGCTTGTTGGGAATATTGATTGGCCGGCGCTTGATTAATTTCGCTCAGCTGTTGTAATT

TGTTTATTATTTGTTAAAGTTAAAGGTCAAGGGAGTGTCGTCTGATTAGGTGGGTGGCAACACTGACGCACGGCCACTCACACATGTGAACCAAG
CAGCCGCATCAATTCACACCTCTCTCCACCTCTCTCACTCACCGGAATTTCAACACATGCGCTCTCTCCGCAGCCTCTCATTACACTGGGAGAAA
GCATCGTTAGAGGATTTCTCAGACCGTCTTAAATTTCATATATACACCGGCATTTCTTTATGACACAAATGTATTCGATTGATTTAAACTTGTGT
ATACAAATAATTAGAAAAACTGTATCCTGCAGGGAATTAATTTAAAAAAAAGCAAATTCAATATTTTTGAAAATCATATATGTACATATCTGCGC
GTAATGATTATGAAATTGCTACACTTTTTTTTTCTGTGCAGCATGAATGTCATCGCATTGCGTTATTCACATACCTTTCTGCTAATTGCTTGGGC
GGTTTCGACTCACAAATCGAATAAACAAATTTCGCTTGTTCAATACTATTTTATTTTATTAGGTTTTATTGTTATTGTGGCTCGCTCGCCCAC
(SEQ ID NO: 1243)

Exon: 1001..1139
Exon: 2756..3370
Exon: 4801..4983
Start ATG: 2978

Transcript No. : CT42545
GCAACGCCGCCGCACGCCTGCAGCCCTGGTAACTCTATTTTCTATTGAGCACCGACAACGTTGCGTGTATAAGACAGTTTACATAAATTATTATT
TACAATTGCACAGAGCGTTGATGTTGTGCGTTCTAAGCGAAAAGTGCAAATATAATTTTCAGATAGCAATCAACTGAGAGCGGTCCAGCCCGGCC
TGTTGTATTTGTTTGTTTGTCCGGTTGTTTACGTTTTTTTCTCTCGTTCTCGCTGCTTTTCATACGTATTTTATATTTTGTAAAAATAAAAAATC
GTTATAAAAAACCAAAAACACACATAGAGGAGAGCACATCCAAAGAGCCAAAAAGAGTCAGAACCGATTGCGTATTATGGATAACGAGGCGTTAG
ATCCAACAATAAAAAGCAGTACGTCGGCAGCGACGCCAACAGCAGCAGCATCAGAAACGACAACAACAGCAGCATCTTCAGTTGTGGAAACCACA
ACAACAATCGCGGCGGCCACAGCCTCAGCGGCAGAATCAAAAAACGAAACAACGGCCACAAACAACAATAGCAACACAAGCGGCAGCATCAGCAG
TAGTAGCAGCAACAATATAGTCATACCGGCATCGGCCACTAACGGTATCAAAGAGAGTAACAGTAACTTAAGTACAACAACAACAGCAGCAGCAG
TAGCGGCAGCAACAACTGTAGAAGGAGTAGCTCCAGCAATAACGTCCACAATCGTGGTGACCGGCGGCACTCCTCCATTGAGCAGTTTGGCTAAC
AAACTCAAGGACAACACACCACCGTACGATGCACCGCCGCCCACGCCGATCAGCAAGGTCCTGAACATCACCGGCACCCCGATCGTTCGCAAGGA
GAAGCGCCAGACCAGCGCCCGGTACAATGCCTCCAAGAACTGCGAACTGACGGCCCTCATTCCGCTAAACGAGAGTGAGTAG
(SEQ ID NO: 1244)

Start ATG: 362

MDNEALDPTIKSSTSAATPTAAASETTTTAASSVVETTTTIAAATASAAESKNETTATNNNSNTSGSISSSSSNNIVIPASATNGIKESNSNLST
TTTAAAVAAATTVEGVAPAITSTIVVTGGTPPLSSLANKLKDNTPPYDAPPPTPISKVLNITGTPIVRKEKRQTSARYNASKNCELTALIPLNES
E*
(SEQ ID NO: 1245)

Name: ---

Celera Sequence No. : 142000013384684
ACCCAGGCCGGAGGCTCCACGCATCCCGCTGCCAGTGCCAATTGCCACGGTTACGGGAAGCCGGACGCTTATCCCACTTTCCGGATACGATTGCC
TAGCAGATCTGCCGTCCGTACATATTGAACAGACCTTTGAGCTTAACGATGGTAAGTACAAGCCCAAAAATTAGCTAAAATCGCTTCTAATAGTT
CGTCTTCCCTTTGCAGCCCTAACAGGCGTCTCCTCGGAGAATCGATATGTGGTGCGATCTCCACTGGGTGATGCCATTTTCGCGGCCAACGAGAG
TTCCACAGAAAAAAATCGACTACTTTGGGGAGCTGGTCGACCCTTTCAGATGCACCTGCTGGATAAAACGCACCAGGAAGCTCTGGTTTTTCGCA
AAAAACTAGCGATGGGATCCATGTGCTGCCAGGCAAAAAGTCTAGAAATTTGGATACCACCTGGTAATTTGCTGGGTAAAGTGGTGCAGTCGCCC
ACCTTCATGCAGCCGGAGTTCTTTATCGAAGACGAAAGCACAGGACAACTAACATTCTGTGTAGAGGGTCCTGTCGGTTTAGGATTCTGCTGCTT
CAGTTTGCCCAAAGATTGTTATTTTAAGGTTGGTAGTAGCTTTAACATTCGGAACAGAATATTCAATTATAGTGTTTTTGTTCCCTTACAGATCC
ATTCGGGAGGCAATATGAGGGCTTCCATAGACCACAAATGGCTCGCCAGCAAGTCTCAGTACACCACAAATATATACTTTAGTGACGCCAAGCTA
ACCGCCAAGGAGCGGGCTTTGATACTGGGATCAGCCTTTCTACTGGTACTGTGCTCCTAGTTTATATACATATATCATTTGCCACAATAATGTTT
TGTATTCGTTTTTCAGGAATATCTATTCTTCCAAACCCGCTTTTGACGTGATTAATCAATAAAAAAAAACATTGTATATTCACATTGATTTCTTT
ATTTTTTGTCATTTTTTTGTATAAGATTTTATGTTTGTTTGTGTTTTGTTTTTTTTTTTTCTCAGTTTTTTGATATATTTTACAATAATGTAATA
GATCACTTCATTTTCTTGTTGTTTAACCACATACACACATTCAAATATATAGATATATATCTATGTGTATATATAGATTTTGCTGCAGCGCTTGC
CATAGCAGTTTGTACAATATTTCATTTATATCTATCAACTTTGTGTAGTTTGTTTATCTAACCTACCGCTTAATGCATATATGACAACATATTGA
TTATTTACAGTTAGCGTTTTTTTTTCATCATTTCGTTTCTCTTCTGTCAAATACAAAATTAAAAGAAACAATTAAATGAGTCTCGTGGTCTCGTTG
TTTAAAGAATTAAAACAAAACTAGGGGCGCAAGTCATTTCTCATTCACCGTTAATAGTTGCGCTTCAAAACTTGGTGTGATAACAATTTGAAATA
AGGAAGAACTACGTGATTTTCAAAGGGCAAAACTTGGATTTGGACATAGAAAACCAATATACTTAGTGTGCGGGTGTGTTCTGGTTCGGTTTGGA
GGTTCATTTTCGGGGCTAGGCCTTAAAAATAACACACTTCTCTCGCTCTCGGATCTTTACATTTGTAGATAGACTCACAGCACTTCAGGAGTTTT
TGCATTTATGCATTTCGAAAACAAATTATGGTTAAGTGTATACAATATAGATAGATTTATAAGTGTGCTCGTTGGTTGGCTTATAACTAGGGCTA
GCTGATGACGATTCCTTAACCTAAATACTTAAGAGGCAGATCGAAACGATCTGTGTGGGGTGACTGCCTTTTAAAACCGTAAAAGGCTTTGTATA
TGATTATTTTAGCGCAATTCGCCTAGAGTGTTTACACTGGAATAGCTGACTCGCTTATCTGGCTCCCCTATCGTTTGATTACTACTCGCGATTAG
CCCAATACTAGTTGGGCCCATCATCGAAGAGAGGTGGGTCTTATAGGCTAGCTCTAGAGTAAGTTGTGTGTGTGCCCATATGCGATATGCTTAGA
CATTTGATATGCGCTCGTTGGAGGTGGTTTGGTCATGGCGGCCCTCGATCCTGGAATTGTAGATGCCGTACTGACTGCTGTCCAGGTGGTAGACC
GCGGGATACTGATAACCTCAGCTGGGCTGCAGCATGTACATGTACTGTCAGTTGCTTGCCGCTGCTGAAGCAGCCACGGGAACGGCCACGGGAAC
AGGCAGCTCCTGGCCAGAACGAGCCCGCTTCTCGCCACTGCTTTCCGGTGGATTATCGCTCTCCTCGCCCGTACTGCTGAAACTGCCCGGCAAAC
GACGCTTCAGGCTATGGTTTAGGCCATTGGCCACCGTTTCATCCTCGGACATCGAGCTGGCTCGCTTGGGTGTGTTGCCAGCACTGTCGTTGTCC
AGCGAAGCTATAGCCGAGGCAATTGCGGCACTAAAGCCATCCTCGGACGCACTATCCTGCGAGACGGGACCTGCTGCATCCTGGGCCAGCTGCAT
CATGCCAGAAGGTGTGGTATAGCTACTGAGCTTACCAGGATCCTTCTCCTGCAGTTTCTGGGCCAGCAACTTGAGTGATATCAGCGAATTTTCAC
AGTCGCTTGTATCGATTTCAGTGAGACTAATTCCGGCACGTTCAATTTCAGCATAGGTCCCGAAGGGCAACTTCTGCAGACACTCTAGCTTCTGA
ACATGCGTCTTGGAGCGCAAATGCTTGGCCAAATGCCCATGGATGCGGAAGGCGATCTTGCAGTCGGTGCACTCGAAGGGTCGCGGATTTGAGGT
GGTTGGAACACCAAAAGTCGACGTCATCATAACCTTGTTTTTGTGCGCTTCCGATCGCTCGTGCTTCTGCAGATGTCCTTGCGTGCGGAAGGATA
TGCTGCATGGCTCGCACTTAAACTTTCGCTCCATGTAATGAATATTCATGTGCAGGGTCAGCTGATGTTGCCGCTGAAACGTCTTGGAGCACATG
GTGCAGGTGGGACGTGCATCACCTGCAATGGGAGCTGGCGGCACTCCTCTGCCATACGATACATGCTGGAGATCGCCGCTCTTGCTAGTGGGAGT
AGAGCTTTTGAAGCCATCTTCACCCACAATCACAGTACGCTGCGCGGGCTGAGTTGAGTTGGCAGTGGATGAGGGTGCCACAGGTGCAGCTGTTG
TTGTGCTTACTGAAGTAGCAGTAACAGACGATGTTGGTGGTGCAGTCGGATTTCCAAGTACTCCAGTAAATTCATTGACATCCGGTTGCTGCACT

GCAGCAGGCAGATTGGCATTGTGTGGCTCTGCGATATTAGGCTCCTCGTTTTCTTCCTGGGCAATCTGAGCAAGAATAACCGGGGCCTGTTCAGG
TGCACTCCGAGGTGACTCAATGGCCTCTGGGGTCTTTACTTCGTGCACTTCGATGCTAGGTACCTCATTTACGCTCATAACGGGCCTGCTGTTGG
CGGTAAAGAGAGTGCTACTACTGCTCATTACAGGAGACGCCGCTGTGTATAATGTGTTGATCAGATAGCTGCGGCTAAACTGACTCTGCTTTATC
TTGGCTTGATGCAGCGCATGCTCCTTAATGTAGGTCTGTAGTTGAACATCCTCGCCCTCGGCCTCGTGCTTGGCCTGCTCTTCCATTTCGGCAGA
TATTCGCACTTTGTCCGAAACCGAGATTAGAGTCTTCATGAAACCGCTTTCGTTGCCGGAGGTTCCAAAGATAACATCGTGCATCTGTTGGGCCT
GCGATTTGGGAAGATCATGAGCGGGCACCGAAACAGGCGAGGGGGATATTAATAAGATGGAGCCGCGTGGCTTAGTGAGATCCATGGGAGCACTC
TCCTCGTTGGCCACACTCCGTTTCGGTTTGGACTCCTCCGGATTGGAGTAATACTGTTCCTGCTTTTGGTAGTCGAAAGGCGGCTTCGGCGATGT
AAAGGAGCACACTAATCTTTTAGGTTGCGAACCCGAAGAGCCAATGCTGTTTGCAGGACTGGCCGCTGGTAGGGGTGTATCCTGCAACTGCGGAT
AGGGCGATACGCTCTGCGGTATGGGCGGCGTCATTGATAACGAGAGTAGGCCTCTGGCTGCTTCGTGCTCTTTCTGTCGCGACTTGGACTCATCC
GTATCTGTGAAGAGATTATAATGAATCAGCTATTTGAACATATAAGTGTATATGATTGCTTTCTTACCACTACTTTCAGATTCATTATCACTGTA
GTCATCGGAATCCGATTCCCCAGCCATCGATGATGTGCGTCCTCCTGCCGAAGTGGATGACTGCTGGTCAAAGTCCATATCTACATCCAAGAACT
CGCTGTCTGGCGGCATTGGTCCCGGATTTATTCCCAGTTCAATGCACTTCTTAAAGTGAGTTTTCGATTGCATATGCTTGGTCAGATTTCCCTTG
GTCTTAAAACTGTGGAATGGAACAAAGTTTATAATAAGTTATCTCTTAAGTACGGAAAAAATGCAATGACTCACCTGAAGTTGCAATGGCTGCAT
GTGAATGGCCTCACGTCCGTGTGAGTGCGAATGTGCTTCTTGAGCATCGACGGCTTCTTGCAACGAATTCCGCACTCGGAGCAAACATATCTTCC
CCTTCCGCGGCCACGGATGTACGTGTAATCCTCATGAGACTCGTAGCCACCCACCAGGGGCTGCCCGGATGGACTTGTCTCCAACTTTTTGGCCT
GTGCCTCCTCATTCGCCTTGGCCGCCACATTTGCCTCACTGAGAGCGGCAATCGTGACAGTGGGTGGGGTCTTTAGGGGTCCTTGATAGAAAGCA
CTGCTAGTGGAGGACGTCGAGGGGGAGGATACGATTTGCTGGGAAGCGACTAAGTTGTAGCTAAGTTTTCCCGATCCAGCCATGGCGGTTGAGCT
GCCATTTCCTAACATCCTTTGACGTGAGTCGTAGAGTGCCATAACTTGCTTTAGTTTGAATCCAAGTGGATGTGGCTGGTTCTCCTCGCAAACCT
GCCACACACTATACATCGATAGTTTGTGCATTCCTGCCACATACGAAGGCTGTGGACAGTTCACCGTACAGTAAAACATCTTTGTGCTGCATTTG
AGGCCCAGATATGTGTAGGCGTGTCCATTGAGATACAGTTGCACACAGGATTTGGACGGCCTGGGGGTCTCCGGCGAGATCAGCGGCAATGTATT
GGCTGTCGGTGTAATGCCATGATGGCGTTTAGGAGTAAAAGTACCGGGTTTAAGTGGCAAACTAGTAGGCCGCAGAAACTTGGACTTCGCCGATG
CTGAGGCACTGGCTACGGGACTGGTCTCTTCTGGAGCGTTTCCGTTGGGAGTATCAACATGTAGCGGTGTTAGGGGCAACTCTTGCTGTTTCCCA
GAAATCACATTTTCCAAATTAAAGTGTCGAACTTCAGGTTCAGTGGTCTTCACATTATCAGCCATGCGTAGAAAGTTAAATGGTGCTTTCTTCGG
TGCCTCCTTGCTGTTCCACTGCAGCGCTTGCCGCTGGGCAGGAGTTGGTGGCTGTCGACTGAACTCGCTTGGCACATTCTGAACTCCACCGAATG
GCGATAGGGCCTTCAGTTCACCGGATCCTCCTCCCAACAGCAGCGGACTGGGTTGCTTTCGATTTGGACTGCGACCTCGACTAGAGGGAATGGGT
AGCTGCAGCTGTTGTGGCGGAGGCGGCAGTAGCGGCATTTGTGGTGTCAGACTACCGGGTCCTGGCATTCCAGGCACATGAGGTATTGGTGTTAC
TGGAGTGGTTTTATCTCCACCGCTCATCGGTGGCAGCGTTAGCGGATTGAAGGCAGTTATTGAGTTAATGGGCGGAAATTGAAAGTGCTGCGGAC
CTGAGCTAACGCCGAGAAGTCCACTGCCACTGACCAGTGCCATCAGCTTGCGCTCCTTACTGGATGATCCTGTTTCGTTGTTGACTTTGACCGAA
ACATCCTGGAAGCTTCCGCCGGACAGCAACGGTGTTCTAATCATCTTGGGGCTGTTGTCCAAGTCTGGGCACTCCGAAATGGGAATCATGCTGCC
TCCCGAAGAGGTGAATCTGCGCAGTCGCTCCTCCTTGGAGGACTGCAATTCCGGCACACTATTACTGCTATTCTGATTATTAAAGGAAAAGTTGA
AACTTGTCGGTTGCTGAGAGGAGGATGCTACAACCAAATCGCTAGTCTTGATGCGTTTGGCAGGCTGAGCTTCAATCACAAATTGCCGATCCTCG
TGCATTTTGGTTATGACCACAGAATCCTGGGCCTTGCGTGGTGTACTTTGCTGAGCATAGTCCACTAAGGGAGTTTTTCCCAACAATGGACCAGG
CGATGGTAGAGGCGCATCCACAAAGCGCAGTGCTTCAATCTGGGGGGCAGGTGCTGATGATGGAGCAGTGACCGTAGCAACAGCAGGAGCTGGGG
CAGAAGCGGTTACAGTGGGAGCTGTTACAGTTGATGTCCTTGCTGGCGTCTGTGCTGCACTTAGGCGACTTAATACCAAACTGCTCCTTTTGGTC
TTCAACTGCGACCAGGCCAACTTGGCCAGAGATAAGGGATTCTTCGAGTTGGCCATGTGGCTCTTCAGCTCCGGTAGACTCAGCGAGATCGAGTT
GGAGCGGAATGGCGAAGATGCTGGACTCATTGGGGCACTTGAGCTCGCATCCTGACAGTAAGTGCTGTTGTGCAGCTTCAAATCGTCCGCACTGC
GGAATTCGCTTGCACAGATAGGACACGAATAAACAGCATCATCGCCTTCGCCAATCGGCACGGCCAATCCTCGAGCATTAAGCAGTAGGTTCTTA
ATTATCGAGTTATTAACCTGAGCAGGTGGTGGAGCAGTTTTGGAGCTACTAGTCGGATTGGTAGAAGTCGTTGGAGTCGGTGCCAGAGAACTGGT
GGACAAGGAACTGACGGGCACAGTGACCAGAGTTGGTTTAGGCTTCGCTGATAGATTCAGAGGCATAACAGGCACTGCCGTCGTCGGTTGCTCAA
TTTTCGTCACTGGTGTTGCAGGATCCTGGCGATATTGCATTGTTTGCATGGGCAACGGGGACGGCGGTGGAGGAAGTTGCTGCTGTTGCTTCACC
GGCGTAGTCATCACTACTCCAGGCTTATAGGCATTCCTTTTAACCACCCCATTTGGTGGTTCGAGCTGTTGCTGTTGGCATTCCTGTTGCTGTTG
GATGTACGTATAGTAGTTCTGTTGCTCGAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGGGTTATCTGCTGCTGTTGCTGTTGCTGAAGCTGATGTTGCTGTTTCT
GGAAGATGGCCTGTGCCAAATTCACTTTAGTCTCGCGCTCCGGCATCTGTGCGTTGGTGTTGTTTTGACTATTGTTTGCATGCAATGCCGACGCG
TTGCTCCCGTGCTGCGAAGCATTATTGCTGTTGGCATTGTTGAAACTGCGGGAACGACTAAGCTGTTTGGGGTACTTCTTCTGCAACAATATCTC
CTTGTTTTCAACTATGGCTTCATTTTGAGAGATCAACTTGGAAATGTGTTCCTGCACTTTCGCCACATTCTGAAAAGGATAACACAAATTTTAGT
TTAGTTTTTCTGTAAAAATAAACTTTTAGTGCAACACTCACTACTTGCTTGCCACCACTTGAGCTGGCAAAAGTGCTGAGATTGGCGGCGGGCGT
GGGAGTGGCTGGTGCTGTTGCTACACTGGAAATCTGGCTATTGGCACGCACCAACTGTAAACAATAAAGGTATATAGATTATAATTAATCTCCTC
GTTCAAAAACAATCGTTCTTAACCAACCTGTTGCGGCGGGAGACTCGGAGGTTGTTGCATTGGTGGTGTCGCCTTGACCAACGGTGGGTGTTGCT
GCTGCTGTTGTTGCTGCTGCTGTGCCAGGTGGATTTGGAATTGCTGAATGGCTAACGCATGCTGGTGAATGGCAGCCGCTGTATCTTGGTTGTAG
TATGAAGGTTGCCCCAGGTAATACACCCCGCCAGGTGGCATGGCAGCTAGCAATGATTGCTGGGCCAAAAGGGATTGCTGCTGCTGCAATTGCAA
CTGGATCTGATGCGAGTTAATGTGGTGCTTCATCTTCATTTGCGTGCTTGGCGAAAGCGTGGGATGCGCCAGTGACGGCTGCTGAACCAGAGGAA
GCTGAATGGACAGCTTTTGCTGCGCCAATTGGTGTTGCTGTTGCTGTTGCTGTATCTGCAGTTGCTGCTGCTGCTGTTGCAGCTCCTTACTGCTA
CATGAGTACAACGAGGCATTGTGGAACTTGGGCTTATATGGCTTATAGTCGATCGACTGGCGATGCTGGGCAGTGGCCGAGTGGTGATTGTCCGC
TGTGGTGGGTGGCAATGTTCCTGCTGCCGGCGAGCCCAGAGGCAATTGCTGCATGTAAGTGGGCAGCGGAGGCTGTTGAATGTATGCGCTCTTGG
CCGCAGACAGTGTGGAAGGTGAGGGTGTGGGCGAATTGATTGGCTCCTCGTAAGGCGAACCAGCGCGACTCGGCTGCAAAAACGTAAGGAGTTAC
ACATGTTTGCGATAACAATCACAGTTATATTTGACTTACCAACTCTGAACTACTGTTGCTCAGCTCTGCATCCTGATCGGATAAACCATCGTCCG
CATCGGCTGGCACTTCCAGGCCCCGCGCTCTTGCCGCATGCGATCTCGAGCGGCAATGTTTGTACAAATTACTCTTCGTCTTAAACGCAATGCCG
CACGTGTCGCACGGATACGGCCGTTCGTTCGTGTGGGCCCGTATGTGCTTCTCCAGACCACGAGGGCTTGGCACAGATCAAGTTACAGTACTGACA
AACGTATCGTCCGGACTTCTCGCATGCAGGATTTGGCGCTGCTGCTCCGCCTGGAATACCAGGACTCACTGTTGTTGGCTGCGTCAATTGCTGAT
GCTGGGCAAATGAAGCCGGTGACAGTGTGGCATTTGCTGCATGGTTACTGTTGCTGTTGCTGGTGCTGTTCGTGTTACTGTTGCTGTTGGCTAGA
GGCGTTCGCGTTCTTCCCGCCGCTTTGTAGCCACTATTGCTGATGATGCTCTCCTCATGACCAATGGCATTGACATGATTGCTATTTACAAAATT
GGCACTGAATTCATGTATTGCTACTGAAGGCGGCGGCGTCTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCACTTGCTGGTGGCTTTGTTGTTGGGTCATCA
GATGGTGACCGTTGGCCAGCGGCGTTGTTGGTGGCGGTGAAAGCGAACTGTTTGAGGAGAGCGATGTGGTGCGAACGGCATCGCCACTTGCTTGC
AGTGCTCCGCCGCCATTCGTCGCACTCCAGCTGTCCACCTCGGTGGTGCTGGCCAAACGTTTGAACTTCTTGTGCAGATAGCGTGAAATATTTGA
CCGATCCCCCAACGGAGCCTCATCGGTGGCGGGTGTGGCATTTACGGTGGTCTGCTGGCTGTTGATGATGCTCGAGTTGCTCATCGTGTTGGCCA
CATTGGGAGCCACTGGCTCCTGGTTGCTGCTGACTGCCATCTGTTGTAGCGTCATTTTGCTATCACTTAGACTTGCTTTATCTCTACTCTTA
AATTCATAATTATTCTCACTAATACTATTATCACTGTGGTGGTTGTTGTTGTTATTATTACTTGTGTTGTTATTGTTATTATTATTGTTGTT
GCTGATGATGTGGTTGCTGTCAACAGTCGGCAGCGGCACCTCGCCTAGCTTATCTCGTGTGCTTGTGCTGGGTTTGCTGCTGCTGTTGCTGTTGC
CACTAGCAGCATCTGTTGTTGCTGCTGCTGTTGCTGCCGCTTTAGAAGCTGTTAATGTTGCATCTGTTGCTGTTGCTGTTGCAGATGCTGATGCT
GATGCTGTTGCCTCTGTTGCTGCTGCCAATGCAATTGCTGCAGCGATGTTGGCCTTGTTGGTTGATCTCTGAGTGACTATGGTTGCTGTTGCAGT
TTCCCGATATGTCCGCTTCTTGGTTGGCGTTGCTGCTGTTGTTACTGTTGTGGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCCGCTGCTGCTGTGGCAC

GTCGCGTATTGTTCACTTTATTGGTCTTGTACTGTTTGCCTGCGGTTTTGTAATGCTTGGCCGTTGTGGTGGTTGCATTTTCCATATTATTATCG
AATTTATTATCCTGTGACGTATTTGCAGTGGGCTCATCTATACCGAAACGAGAAGATAGAGGGAGAGGGAGAGAGAAAACCGAAATTAATTCAAT
GTGTTTCGCATAATTTAATTTAAATAGCAATGCTAATTGATACATTCATGATAAGCCCATTTATATACACTGATATCCCTGCTAGGTAATCCAGT
AGAAATCAACCACATCTGACTTTGTGGATTTGCAAATCTTCGGACGATTAAATATTTAATATTAGTTTCTAATACACCCTTGTCCCCTATAAGTC
CTCACATGATTAGTGAGAGGTTTGGTTTTATCTTTTATATGTTAATTGCGCTGTTATGTTACTGTTACTGCATTGTATTGATTCATCGCTTCTAA
ATAAATAAATATATAAAAAAAAAAAACCCTTGTCCCCTGGCCAATAAACATCTGCGGTTTGCATTTGGGTTTCCCAAGACGAGTTCCCTGCCCAT
ATAGTACACTTTTATTTCGAGCCCCATTATCAGCACTAATTCGGGCTCAATCTTATCAACGCGTAGCCGAGAATGCCAGATACGGAGCACGCTAA
TTCTCTCCATGGCGATCAATCCGTCAGGTGAATCACAAGCTGGCGAATTCCCGTGCTCTATTGAAAATCAATTTCCCACTCTGTGAACGTGTCAA
CATCGATAAAGCACAGTGGCGAAAATATACGAACACACACAAATGTATATTCGCCTTGTTTCTTTTTATCAACTTTCTATTTTGAATTCCCAACT
TAGCTGGGGTTCAGGCCCCACCTGCCGAAAACCAGACATGCGACCAAAAGATACAAAAATCCAAGAAAAGTGACAAGTGAAGTGTAATGACTGGT
GTCGCTGGCATTTCGTTTGTTGTTGGGGGCTTCCTTATCACCGCTCGTGCACACATGTGTGACAACAGTGCGTATCAGTACTGTAAAGCTGCTGG
CAGGTGTGTGATTAGCAATGGGATTATAAAGCGTTGCCAAATATGAAGAGTGAGTATTTGAGAACTCCATTTGCTCGCATTAATTAAGGCTTCAG
TTTGAAAAACAATTTAGGCAGTCTTTGGTAAATTCTTTGTTTTGTGCATGCCAAACGAAACGAAAAGCTGCAAAAATCTTTTAAAAATTTTTCAC
TTTTGCTGCTATTTATGTGAGCCCCACTGTCTGCATAGATGGTATTATATGACTCTTGGCCGGCTGGGCTGTCGGGCGATTAGTAAGCCGGGGCA
GTTCTCAAATCACAATCGCACACAGACTGAACACAAAAAACGCTCACTGGCAACCGAGCTGGGTCGCGTTAATTGACTCGACTGCGGCGACTGTT
TAGCATTCAGCGTTATTATTATACACATTATACGGCATTATGCGATCGCAGCGACTCTCGTCGCGTACCAATGTTTACTCAATTTGTTATCAGCA
CGGCTGGCTAATAAGGCTTTCAAACCGTGCGACCGCAAAAAAAAAAATAAATAAATAAAAAAAAAATGAAAAAAATTGCCCAAAAGTTCCATTGA
TAATGCCAAGCTCTACATGCACAGGCGGTAAGGTAAGTATTTTCGGTACGTGTGTTTGCCAGATTCATTATCAGTTATCAGTGGGGACTATCGTG
CGCGCCTGAGTCAGAAACAGAGCACCCGATAAGCGAGCCCCGTTGTAAGCCACCAAGTGATTGCCAATTTGCCGGAGTTCAGACGCGTTGACGTC
AGTTATCCGATACGTAGTACTATTCGTTCGCAATCGTAAGGGGCTATATCAGATTGTCAACTCATTGGGCAATTAAGTGGCATTCGCTGGCGATT
AGCTGTTCGAGGATACAAATCCTAATTACATAATCATGTGTAGTAAATATGTGTATGCACTCGACTTATTAATAAAACGAGTGAGTGGGTCAATT
ACAAGGCGCCAACTGCGCCACAATTGAAATGCATACATATGTGTGGCGATTACACGGAATGTGTTGTTTCTTGCTAGTGAAAACAAAAGCGGAGC
AGACAGTGTGTGTGAGCATTTTGACTAAATAAGTAGAATAAAGTTTAATAACACAACGCCCAGAATCTGTCTTTCGAAATAATATTTACATTTGT
GTTCATTCGCTGTGCGAGAAACTATTGAAGTTCAACTGTACATAATGACAAAGTGGGCTATACATTCATTATACAGCAGAAACTGGCGAAACTAA
TGCCATCATCTACAGTCACGACAGTATAATAAAGTCAAGCGGGAATAAAGAAGATAAGCTAATCAGAAGTAGGCGCTTATAAAAACGCCAGCAAT
TAAAACCAGAATACTCATATGCAAGATACCCCGCCACCCAATGTGCAAACAATTAGCGCAAAGTGCACAGTGACGTTTAAAGATCCCAAGTTCGT
TTATCCACCATTTAGTTTATTGTTAGCCACGTAAATCCAATTGTCAGAGTCATCAATATCAATACGACGTTTTCATTATCACGAACTTTTGTTTA
ACGATCGGGGGTCTTCTAATTACGCCTGTTTGCCAGCATTTTGAGGCGTGAAAACGGCAAGTGAACGCGAAACACATGGGAACGTATTTCAATAT
ATGTGAACAAACTGGAACTGCATTTGCATTGGCATTTTCATTTGCATGCACATTTTTATTGAGCCAAGCGAAATACAATTGCCCCTGTTCAAAGT
GCACATAAATAAAGCGCCACGGCAAATAATCGAATAGGGTTCGGTACACTCTTACAAATATCTAAAAATTGGTTGCAATTAGTAGTTCTTCTAAC
CAGTAAATAAACACACAATCTTAGATTTAAACACCAACTTCCGCGCCAAACTTCATGAATATCTAAGATACATAAATAAATCACTTCTTATTAA
ATCATATTTACATTTGTTCAGAGAGTTTGTTTTTCGAAGCATATGGAAATGCTGGCATTGTTTCTGTGTAGAAAAGCTTGATAAGTTTGCAGCTC
ATATTGAGCACACGCTATCTCGCCTACGTCACAAGTGCATTTCGCGTTTGACTGAGTGACTGCCTGAATTCGAAATTATAATAAAACCAAAAAAA
AAACGAGAATACATATAAAAACACCCACACCAGCGCAGCGAAATAATGAAAAATAAATAACAAAATCAACGAGGTGCGGCGGCAACGGCGCCACA
AAGTCCACACATCTGTCTGACGGTCAGTCTGTCAGTCCGTCACTCTGTCAATCGGTCATTCGCTCAATCCGCGCGATGACGACTACGTCATCGCA
GAGCAAAAAGCACTAAGCACTCGCCCACTTGGCAATTGTTTATAATTTATTAGTAAGAAGCGTTTTACAGCGGTTGAGCAGAACGAACGAAAAAT
GCATATGTAATAGTATAATACGTCAAAAAAAATTCGCGGAAAAGATTCCGAAATTCCAGCGAACGGCCAAAATGCGAAATGCCCGACAAAAATGA
CGAAAACGGCACAAACGGTAAAGAGAAACATACCCAAGTTTAATTGTGACCACACGCATTTTTCCGCCTGTACCGCTCATTTGCATAGTTGGTGT
TGTTGTTCGTTTGGTTTGAAGCGCAACAATTGGAAGTGCACGGCGAGAAAAATCTGGCGGCGCGAATAGCAAGAAATCGAAAAGGCGACAATCGA
CAATCGACGACAACCGACGCGCCTGAAACATTTAAGGCAACTAGACGAGGCGACCAGCGAAATTCATTCAGAGTGTGCTCAGCGTGTGTGCTTGT
GTGTGCATGTGTGTGGTGTGTGCGAAAAGAAAACGAAGAAGCGACCGAACGAAGCAAAAACAACAAGTAAGAAGCCCAAAGTCGCACTAGTCGAC
TACAATGTACCCTTGAGTGGCAGTAAAAGTTATTCTTACTACAAATTACGTATAATTAGTAGGAATAGGCTAAACGTTTTGGCATTCTGCGATTT
TGAGTTGAGCATAACGAAAATATCAGTTCAGAAAATAAGTATATATTAGGAAAGTTGAAGTCTTCATGCCCGAAAAGGTTTTATAGGGCAGTCTA
TATCCCAGAATATTCGGTAGTAGCTCCAATAGATCATAAGCTTATTAATTTTTCTCATATTGAAAATACATCTGTATTCAAATAAAGATAGGTGG
AAAGATTTCTTGCTATAGCGTTTTTTGGTAAATCTATTAATTGGTATAATATTAAGAAGTTGTTTTGTAATATCTTTACTTATTTTAAAAATGCC
ATATACCCATGTTTTCATTCAGTTACTGAGTGTTAAAGAGGCGCGACGTCAGCGCAGGCAGCAAAAAAAGTACAATAATCAAATAATTGCGGCAG
CTTCGTCGTCGCCCCCCGCACACTCACACACAAACACACACATGTGCTCTCAATCTCCTCTCCACTCATTCGCAATTGTCAATCAAATGTAAGCA
CAGGGTCGCCACTTCTTTTTGTTCAGCTTTTGATTTTGCGGCAGCCACTGAGAAATGATCAAATCAAGCAAAAATTAAGACTCAAAAAAAAGTAT
AAAAATTAAACAACAACAGGTGACGCGAAGTACGAAGCGAAATGAAACGAAACGATTCGAAATGAAAGACTGTCGCCAGCCAGTCAGACGTTGCT
GTTGTTGCTGCAGTTGTTGTTATTTCCCCCTATTGTTGATTACGTACCCCATACACACACACTCACACACAAGTGCGCTCCGTAAAACACGCGCA
CGCACACCAACAAACGACCCCATCGGCGACCACATTCCCCCGCACAAATATGCGAAATTTTGCTGACTAAGGAAGGTCTGGGGAGCACCAGGCAG
AAAAAAACAGCAAAAAGCAAAAAGAGGCTAAAAAGCACAACGCGATAACAACAAAAGCATTTAAAACGTAGAAGCACAAAACGAAGCAACGGAAA
AAGTGATAATAAAATAATAATTGCTACAGCGCACACCGATCGCGCGCTCGAGAGAGAGAGAGCAGGCCAGAGTTGCCATATTAGCTGCGAGAGAG
AAACCCCATCAGCAACCCCCACTCCATCCCCAATCTACTAATTCAGCACGATCTGCCCAACTGTGTATCACCTTAACTTGTTTATAGCTGACCTT
TTTTTTTTGTAAGTCAGTTAGGACTATCGTAAGAGATATAATTTAGAGCATATAATGTCATGCTTTAAGAAGGAAGTCTGGTTTTGTACAATTCG
AACGCTGAATATACACACATTAACAGTAAGCTTTTATTTACTAGACGGCATCGCTTTAATTATCTACAGGTATTCTTAGCTTTTTTTAGATCTGG
CTACTTTTCCATGGCTGCATCACTGTCTGCCATGTGGCGACGAAGCCCCACAGCCAGAGCCAGTGCTCCCCCGCTCCCCGCTCCATACCTCTAGC
GGTTCGCTCGCGAACATGACTAAGCCAAACAACTTGACAACACTGTCGGGAATTGTTGCTGCTTTTGAGTCAATTCATAAGAAACGAGGAAACCC
GCCGCCATATCGTTGTTGCTGCCGTATTTATTTACGTACATATGCCTGTGTATATATGCATGTGAGATTGTTGGTGTGCTGGCATGAGCATGAAT
CAAGTTAAAAATTTTAATAATTTTGCCCGATGTTGTGGTTGAAAACGAGTTTAGCTTGTTGAGCTTGAGTGTGTGTGTATGTATTTCAGTGCGGC
TACTTGTTTTCTTCAGTCCTCTTCTTCTTCTTCCTAGTCGTCGTCTTCTCTTCTTCTTGCTCCAGCTTGGACACTGCGATAATATTTTACACTCA
TGCACACATACATTTACACTACGACGAACAGAAGAGCTTGATAAGCGCTTTGTGCGCCATCTCCCTCTTTGGTAATTGAAAGGCAAGGGGAAAGG
GTAGGCGGCTGTGACGTACCCGTGTCTCACTGTTATTGTTGTTGCCCACTCAGCCGTGCTGAAGTGTTATAGGAAATCAAATTAAGGCGATTAAA
GAGCGAGTGCATGCGCTCTCGAACGAAAAAAAAGAGAGAGAGAGTGACGATCGCTCTTGACGGAAGATAGAAGATGACTACTTAAGTGGGGCATT
CGTGAAGATTGATACCCTACGATGATAATTACTGTTTGCCTACAAAAAGCTTTTTTACTTTGATGTCTTGTCAACTTTAACATACAGATGGAATA
GTTATGCTTTATCTTTTTGACCAAAACATACTTTGAAACAAAAAGGAAAGTTTATAAGATGTGTTTCTTTTTAAATTTTTTCCTTTTAAATTGCA
CACAAACGACGTACATATGAGAAGCAAATGTTTAATATTAAACTGTTTAATGAATTTAACTATTTATGACCCATAAATAGTCAACCCATAGTGTC
CAAGAACTGATAAGAACAAAGACATCTTGCCTTTGAGCAGAACTTTGCCATTTGCTGATAAGTTTGAAAGCGATGCGAGCCAAGTCGGTATACAG
TTTCATTTATTTATTATTTATTTAAAATGGGTTTCCAATGCAGAATATTGAAATAAACAAGCACAACGCCAAACGGTTGATATATTATGGGGAAT
TGCGAAAACAGTTCTCGAAAAGTGCTCTGACGTCGATCACTTGACTAATCTGGCGTTCTTTTCGAGAAATAAATTTCGATTACGGAGGCTTATCA
ATCGACGGGCCGTGGACTCTTTTGTGGAAAGTGAAAGGTCAAGGTACGCTTACGGAAATTGGTAAATAGATAAGACATTTCGATGGAATATTTGT

Filed on 2021-08-25 11:38:48 - Page 669 of 1000

FIGURE SHEET 669

TGGGTCTATAAGCCTCTTTGCAGGAGATCTATTTCGTTTATCTATCGTCGAATGAGTAAGCAATATATTAAGCGATTTGGCGTACACAACCAAAT
TCTCGGCACATTATACACTTTTCACATTAGCACGGAAATTCCCAAATTTTCTTTGACGTCAGCAGAGAAAATTTGTAAAATTTCTCGAGAGTAAA
AATCATGTTCTTTTCGTACTGAAATGTTTTCCGATTGCCAAGGTCTCTGGGTTTACATGTATGTAGGTGAAAATCTGTATAAACAAAATTGATTT
TTGGCACAGCAAAACAAAACAGTTTAAACAATATAATTTAGCACTTTTTAGACATTCCTCTATAGATTTATGGACTATTAAAATATATCTAATTT
AATAAAGGTGCCTAAAGGAAAAGCTTAAAAACTTAGCAAAAACGAATAAATTTTCCAGATTCATAATCATATATTTTCGAATATTATTATGATTA
TTGCTTGGGGGCACGATAATCGTAAATATGATATGAGTTCAAAGTAAATATCGAATTATTTCCTTCTCCGTATTGCGAAATTGGTAAGAGAACCC
CTTTAAATATAGGAATTCGTGGCCAAAAGTGTTAAATAATTGCCAGGCCAACAATTTTTTGTTTACACACAAAGCGAAGCGAAACACAGCAGAAG
ATCAAGAAAAGCAGACAGAAATCGTTCGATAATTTGTGTTTATTTTTATTTTCCCACTGTCTTTGACTTTTGACTTTGCTCTGCTGGCTGATAGA
ATGTGATTTTCTCCATTTTCTTGATTTTCTTGATTTTCAATTTTGTTTTGGTGCCGCCGCCTCGCTAGAAAAGTATTTTTAAATGCTCCAACTAC
GTAAGACGACATTCAAGTGTTTTATTTTAGACAGTAGACGGTATAGAGCCAACTAGTCGGCTATATATACACACATTGGCGTCTATATATCTGCA
TAAATATTTTTAGTTGCCTCTATTGGCCTTTTGCGTTAGCACATTTTTGTTAAATATTATCTATTTGTATTTGCCTTTATGACAGCAAAATGGAA
AACTCGAAACACTTCGATTACGCAATTTGGCGCAGCCCATAACGATCATAATTCAATTTCGCCCCCCCATAAAACGAATCTTGAAACATTCTCGA
TATTTCAAACTTTATGGCGCCGCAAAAGCAAAGGCTGGTGCTTTTTTTTTATCTAATGTCACGTTATTTCGTATATTTCTTATTTCGTGGTCTAA
TTAAATTAAACTGTTTATAAATACTTCTGCTCTATCAAAGGCCACCAAAGCAAACGATTAAAGAAAAGAATCTCCAAATCGTGCATTTGAGAGCA
AACCAAAAATGTTTCCCAGCGCCAAGCCATCAAAATAAAAATTTTCACAAATTGTGTGCGTTGTTCTTTCTTGAAATTTTTTTCTTTTCTTTTC
GTTTTTTTCTTTCTTCTTCTTTCTGCTTGTCTTGGCGTTTTGGCATTTGAAGGACGGAAATACGTTGGCGGCGTTGTGAATTTTTGCATATTAGC
AAAAAGTGAGAAAAAAGAAATAGCCATAAATACACAAAAATTTTGATAAATTCAAAGCGCTTACGTAGGCAAACTCATGGGGCTATGCGAATGAT
TCGCTTCGATTCAATTCGATTCGATTCGATTCGAATCGAGCCGATGAAATGTATGCACAGGCATGCGCATTGGCCGTGAAAAAAAATGGTAACAG
ATTTCCAGACGCGCACCGAAAGTATCTGTATCTGTATCGGTATCTGTGTCTGTGGCTGTGGCTGTGAGTGCGGAGTATCTGTTGCTCTGTAGCTC
TGTTGTCAAGGTCATGACTGCTCTTTAGGGGTTGCCCCGTCGATAAACATGTGTCGTCATTCCCCAGGCGGCAGGGCATTCCTCAAAACTCACAA
GCGGCACACAGGCAGCAAAGGCGGAACGTATTATAACTGTTGCATGTTTAATTGTTCGCAAAACACTTGAGAGCAGCAGTCTTAAGACCCTGAGA
TATGTACGTGTACAGTGAAACTCCGCCATGGGAAACATCAAGCTGAAGTACTGACAATCTGATTTTTTAAGTGATTGTATTTTTAATATATAGTT
TAAAAAGATCGATAAATGCTTAATTCGACTCCTAATTTTTTCACGCTACTTTATATCCTAGTTTTAGATACATCCCGCAGAATCTTTAGTTTCTA
AAGATTTCAAAGAGCAAATGTTTAAGTTCGGGTCGTAACTTGCAACAAATTGGTGTCATGCTAGAAGTTTCCACTGTGGCAGCAGGAACAGCAAC
AGCAACAGCGATTTCGGCTGAACGCCCCGTGGTGCAGTCTTAAGTGGATTTCCACCTTAAGTTGCATTAGTATCGATGTTGTTGCTGCTCACGTT
GCACATCGATGTGGTTGTTGTTGCTGCTGCTGCCGCCGCTGCTGGCGTGTCAATGACGTTGCAAGCCTTTTGTTTGTCTTTCTACCTAGCCAGGT
ATCCTGGCGCCGGCTTAATTTACGAAAAGGTAAAGGTAAACGGCAGGTAAAACGCCTCAAAGTAGTTCAAGTCCAATCAGCATGCTCTCCCGCTC
CCGCACGCACACCAACCAATGCACCTTTTTACCCACACCAATGCAGAGATTATCCATCCACTCACCCGCACACGTTGCTCTTCTTGTTGCTGTAG
AAACTAACACTAATACTAATCTGAGAGATATTGCGGCCCGGCCGCGCGGGGTTGCCCAGATTTAAGTGTTGTTTTTGTGTTCGTTCTCCTTCGGT
ATTGTATTCTCTTGTGAGTGGGACGGGGGGTTGGGGGGATCGCTCTTTCGACTTTTGTTTATTTCGAATTTTCACAGTTTTTCTTGGAATTCCTT
CCACACTCGCTTGCTCACTCGCACGCACTTACTCACTCGCTCTCTTTTCTATTTCCTTTACTTTTTAAGAGAGATACTTTGAAATTTGCACTTTG
ATTCCGTGCGTGTTTTCGTATACTATTTTTGCACCGTAGCTAATTAGCATATTATGACATTCATTTCGCTGTAACCTTTTCCTCTTCGTGGCTCT
TGCCGTGCACTCTTTTGCGCGCTATGATCTAATTTGATTAATACAAAACTTGTTGTGGCGGCTGCACTCGCACTTCTCGCCCACACACACTATTA
TACACAAACATGCATGCACACACAAGTATGCTGAGCAGAAACATACGCGCGATTGTTCCGTTCTTTTGTGGTTTCTTTTCTGCCTTTTGTTTATG
TTGTGCTGCGTTGTTGTTTATTCCGACTTGTTCGAATTAATTCATCGCACCGCCGAAAAATTAATTAATAGCCACGCCGCACCGAACAAGCGAAC
AACCGCACCGAACGACGAAAGATCGAAGAATGGCGCGCCTCGACTGTTTTTTTCGCCGTCGACGCTGGCAGCGACGCGGGCAGCGCAGCAGGCAG
CGACGCTTAACCCTTGTGTAGACTTTCGAAGAGCTGCAAAGTGCAGGTGCCAACTCTCAGTTGATCTTGATCATAAAGTTATAGATCTAACGCGG
TTATCATGATTTAGTTTATTTAATTTTCGTATCTATATACGCATTGCTTAAAAGTTTAGTTTTATTATTAAAATATGATATTTTTACATTCAGAT
GAGATGTTTTTCCAGTTTTATTATTGAAGCTAAGACGATATGTTATCAACACCATTTAAGACATTCCCTATTACCATTTATTTAATCTTTATGAC
ATTGCCAGGAGTGGAAATACTAATTATTATTTTATCCGTACCCTAACCCTGAACCAGTCGA
(SEQ ID NO: 1246)

Exon: 19486..19351
Exon: 10107..8495
Exon: 8433..7723
Exon: 7654..7547
Exon: 7479..4445
Exon: 4379..4153
Exon: 4089..1001
Start ATG: 10060 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT42591
GAGAATACAATACCGAAGGAGAAGCAACACAAAAACAACACTTAAATCTGGGCAACCCCGCGCGGCCGGGCCGCAATATCTCTCAGATTAGTATT
AGTGTTAGTTTCTACAGCAACAAGAAGAGCAACGTGTGCGGATGAGCCCACTGCAAATACGTCACAGGATAATAAATTCGATAATAATATGGAAA
ATGCAACCACCACAACGGCCAAGCATTACAAAACCGCAGGCAAACAGTACAAGACCAATAAAGTGAACAATACGCGACGTGCCACAGCAGCAGCG
GCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACCACAACAGTAACAACAGCAGCAACGCCAACCAAGAAGCGGACATATCGGGAAACTGCAACAGCAACCAT
AGTCACTCAGAGATCAACCAACAAGGCCAACATCGCTGCAGCAATTGCATTGGCAGCAGCAACAGAGGCAACAGCATCAGCATCAGCATCTGCAA
CAGCAACAGCAACAGATGCAACATTAACAGCTTCTAAAGCGGCAGCAACAGCAGCAACAACAGATGCTGCTAGTGGCAACAGCAACAGCAGC
AGCAAACCCAGCACAAGCACACGAGATAAGCTAGGCGAGGTGCCGCTGCCGACTGTTGACAGCAACCACATCATCAGCAACAACAATAATAATAA
TAACAATAACAACACAAGTAATAATAACAACAACAACCACCACAGTGATAATAGTATTAGTGAGAATAATTATGAATTTAAGAGTAGAGATAAAG
CAAGTCTAAGTGATAGCAAAATGACGCTACAACAGATGGCAGCAGTCAGCAGCAACCAGGAGCCAGTGGCTCCCAATGTGGCCAACACGATGAGC
AACTCGAGCATCATCAACAGCCAGCAGACCACCGTAAATGCCACACCCGCCACCGATGAGGCTCCGTTGGGGGATCGGTCAAATATTTCACGCTA
TCTGCACAAGAAGTTCAAACGTTTGGCCAGCACCACCGAGGTGGACAGCTGGAGTGCGACGAATGGCGGCGGAGCACTGCAAGCAAGTGGCGATG
CCGTTCGCACCACATCGCTCTCCTCAAACAGTTCGCTTTCACCGCCACCAACAACGCCGCTGGCCAACGGTCACCATCTGATGACCCAACAACAA
AGCCACCAGCAAGTGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAGACGCCGCCGCCTTCAGTAGCAATACATGAATTCAGTGCCAATTTTGTAAATAGCAA
TCATGTCAATGCCATTGGTCATGAGGAGAGCATCATCAGCAATAGTGGCTACAAAGCGGCGGGAAGAACGCGAACGCCTCTAGCCAACAGCAACA
GTAACACGAACAGCACCAGCAACAGCAACAGTAACCATGCAGCAAATGCCACACTGTCACCGGCTTCATTTGCCCAGCATCAGCAATTGACGCAG
CCAACAACAGTGAGTCCTGGTATTCCAGGCGGAGCAGCAGCGCCAAATCCTGCATGCGAGAAGTCCGGACGATACGTTTGTCAGTACTGTAACTT
GATCTGTGCCAAGCCCTCGGTGCTGGAGAAGCACATACGGGCCCACACGAACGAACGGCCGTATCCGTGCGACACGTGCGGCATTGCGTTTAAGA
CGAAGAGTAATTTGTACAAACATTGCCGCTCGAGATCGCATGCGGCAAGAGCGCGGGGCCTGGAAGTGCCAGCCGATGCGGACGATGGTTTATCC
GATCAGGATGCAGAGCTGAGCAACAGTAGTTCAGAGTTGCCGAGTCGCGCTGGTTCGCCTTACGAGGAGCCAATCAATTCGCCCACACCCTCACC

TTCCACACTGTCTGCGGCCAAGAGCGCATACATTCAACAGCCTCCGCTGCCCACTTACATGCAGCAATTGCCTCTGGGCTCGCCGGCAGCAGGAA
CATTGCCACCCACCACAGCGGACAATCACCACTCGGCCACTGCCCAGCATCGCCAGTCGATCGACTATAAGCCATATAAGCCCAAGTTCCACAAT
GCCTCGTTGTACTCATGTAGCAGTAAGGAGCTGCAACAGCAGCAGCAGCAACTGCAGATACAGCAACAGCAACAGCAACACCAATTGGCGCAGCA
AAAGCTGTCCATTCAGCTTCCTCTGGTTCAGCAGCCGTCACTGGCGCATCCCACGCTTTCGCCAAGCACGCAAATGAAGATGAAGCACCACATTA
ACTCGCATCAGATCCAGTTGCAATTGCAGCAGCAGCAATCCCTTTTGGCCCAGCAATCATTGCTAGCTGCCATGCCACCTGGCGGGGTGTATTAC
CTGGGGCAACCTTCATACTACAACCAAGATACAGCGGCTGCCATTCACCAGCATGCGTTAGCCATTCAGCAATTCCAAATCCACCTGGCACAGCA
GCAGCAACAACAGCAGCAGCAACACCCACCGTTGGTCAAGGCGACACCACCAATGCAACAACCTCCGAGTCTCCCGCCGCAACAGTTGGTGCGTG
CCAATAGCCAGATTTCCAGTGTAGCAACAGCACCAGCCACTCCCACGCCCGCCGCCAATCTCAGCACTTTTGCCAGCTCAAGTGGTGGCAAGCAA
GTAAATGTGGCGAAAGTGCAGGAACACATTTCCAAGTTGATCTCTCAAAATGAAGCCATAGTTGAAAACAAGGAGATATTGTTGCAGAAGAAGTA
CCCCAAACAGCTTAGTCGTTCCCGCAGTTTCAACAATGCCAACAGCAATAATGCTTCGCAGCACGGGAGCAACGCGTCGGCATTGCATGCAAACA
ATAGTCAAAACAACACCAACGCACAGATGCCGGAGCGCGAGACTAAAGTGAATTTGGCACAGGCCATCTTCCAGAAACAGCAACATCAGCTTCAG
CAACAGCAACAGCAGCAGATAACCCAGCAGCAGCAGCAGCAGCTCGAGCAACAGAACTACTATACGTACATCCAACAGCAACAGGAATGCCAACA
GCAACAGCTCGAACCACCAAATGGGGTGGTTAAAAGGAATGCCTATAAGCCTGGAGTAGTGATGACTACGCCGGTGAAGCAACAGCAGCAACTTC
CTCCACCGCCGTCCCCGTTGCCCATGCAAACAATGCAATATCGCCAGGATCCTGCAACACCAGTGACGAAAATTGAGCAACCGACGACGGCAGTG
CCTGTTATGCCTCTGAATCTATCAGCGAAGCCTAAACCAACTCTGGTCACTGTGCCCGTCAGTTCCTTGTCCACCAGTTCTCTGGCACCGACTCC
AACGACTTCTACCAATCCGACTAGTAGCTCCAAAACTGCTCCACCACCTGCTCAGGTTAATAACTCGATAATTAAGAACCTACTGCTTAATGCTC
GAGGATTGGCCGTGCCGATTGGCGAAGGCGATGATGCTGTTTATTCGTGTCCTATCTGTGCAAGCGAATTCCGCAGTGCGGACGATTTGAAGCTG
CACAACAGCACTTACTGTCAGGATGCGAGCTCAAGTGCCCCAATGAGTCCAGCATCTTCGCCATTCCGCTCCAACTCGATCTCGCTGAGTCTACC
GGAGCTGAAGAGCCACATGGCCAACTCGAAGAATCCCTTATCTCTGGCCAAGTTGGCCTGGTCGCAGTTGAAGACCAAAAGGAGCAGTTTGGTAT
TAAGTCGCCTAAGTGCAGCACAGACGCCAGCAAGGACATCAACTGTAACAGCTCCCACTGTAACCGCTTCTGCCCCAGCTCCTGCTGTTGCTACG
GTCACTGCTCCATCATCAGCACCTGCCCCCCAGATTGAAGCACTGCGCTTTGTGGATGCGCCTCTACCATCGCCTGGTCCATTGTTGGGAAAAAC
TCCCTTAGTGGACTATGCTCAGCAAAGTACACCACGCAAGGCCCAGGATTCTGTGGTCATAACCAAAATGCACGAGGATCGGCAATTTGTGATTG
AAGCTCAGCCTGCCAAACGCATCAAGACTAGCGATTTGGTTGTAGCATCCTCCTCTCAGCAACCGACAAGTTTCAACTTTTCCTTTAATAATCAG
AATAGCAGTAATAGTGTGCCGGAATTGCAGTCCTCCAAGGAGGAGCGACTGCGCAGATTCACCTCTTCGGGAGGCAGCATGATTCCCATTTCGGA
GTGCCCAGACTTGGACAACAGCCCCAAGATGATTAGAACACCGTTGCTGTCCGGCGGAAGCTTCCAGGATGTTTCGGTCAAAGTCAACAACGAAA
CAGGATCATCCAGTAAGGAGCGCAAGCTGATGGCACTGGTCAGTGGCAGTGGACTTCTCGGCGTTAGCTCAGGTCCGCAGCACTTTCAATTTCCG
CCCATTAACTCAATAACTGCCTTCAATCCGCTAACGCTGCCACCGATGAGCGGTGGAGATAAAACCACTCCAGTAACACCAATACCTCATGTGCC
TGGAATGCCAGGACCCGGTAGTCTGACACCACAAATGCCGCTACTGCCGCCTCCGCCACAACAGCTGCAGCTACCCATTCCCTCTAGTCGAGGTC
GCAGTCCAAATCGAAAGCAACCCAGTCCGCTGCTGTTGGGAGGAGGATCCGGTGAACTGAAGGCCCTATCGCCATTCGGTGGAGTTCAGAATGTG
CCAAGCGAGTTCAGTCGACAGCCACCAACTCCTGCCCAGCGGCAAGCGCTGCAGTGGAACAGCAAGGAGGCACCGAAGAAAGCACCATTTAACTT
TCTACGCATGGCTGATAATGTGAAGACCACTGAACCTGAAGTTCGACACTTTAATTTGGAAAATGTGATTTCTGGGAAACAGCAAGAGTTGCCCC
TAACACCGCTACATGTTGATACTCCCAACGGAAACGCTCCAGAAGAGACCAGTCCCGTAGCCAGTGCCTCAGCATCGGCGAAGTCCAAGTTTCTG
CGGCCTACTAGTTTGCCACTTAAACCCGGTACTTTTACTCCTAAACGCCATCATGGCATTACACCGACAGCCAATACATTGCCGCTGATCTCGCC
GGAGACCCCCAGGCCGTCCAAATCCTGTGTGCAACTGTATCTCAATGGACACGCCTACACATATCTGGGCCTCAAATGCAGCACAAAGATGTTTT
ACTGTACGGTGAACTGTCCACAGCCTTCGTATGTGGCAGGAATGCACAAACTATCGATGTATAGTGTGTGGCAGGTTTGCGAGGAGAACCAGCCA
CATCCACTTGGATTCAAACTAAAGCAAGTTATGGCACTCTACGACTCACGTCAAAGGATGTTAGGAAATGGCAGCTCAACCGCCATGGCTGGATC
GGGAAAACTTAGCTACAACTTAGTCGCTTCCCAGCAAATCGTATCCTCCCCCTCGACGTCCTCCACTAGCAGTGCTTTCTATCAAGGACCCCTAA
AGACCCCACCCACTGTCACGATTGCCGCTCTCAGTGAGGCAAATGTGGCGGCCAAGGCGAATGAGGAGGCACAGGCCAAAAAGTTGGAGACAAGT
CCATCCGGGCAGCCCCTGGTGGGTGGCTACGAGTCTCATGAGGATTACACGTACATCCGTGGCCGCGGAAGGGGAAGATATGTTTGCTCCGAGTG
CGGAATTCGTTGCAAGAAGCCGTCGATGCTCAAGAAGCACATTCGCACTCACACGGACGTGAGGCCATTCACATGCAGCCATTGCAACTTCAGTT
TTAAGACCAAGGGAAATCTGACCAAGCATATGCAATCGAAAACTCACTTTAAGAAGTGCATTGAACTGGGAATAAATCCGGGACCAATGCCGCCA
GACAGCGAGTTCTTGGATGTAGATATGGACTTTGACCAGCAGTCATCCACTTCGGCAGGAGGACGCACATCATCGATGGCTGGGGAATCGGATTC
CGATGACTACAGTGATAATGAATCTGAAAGTAGTGATACGGATGAGTCCAAGTCGCGACAGAAAGAGCACGAAGCAGCCAGAGGCCTACTCTCGT
TATCAATGACGCCGCCCATACCGCAGAGCGTATCGCCCTATCCGCAGTTGCAGGATACACCCCTACCAGCGGCCAGTCCTGCAAACAGCATTGGC
TCTTCGGGTTCGCAACCTAAAAGATTAGTGTGCTCCTTTACATCGCCGAAGCCGCCTTTCGACTACCAAAAGCAGGAACAGTATTACTCCAATCC
GGAGGAGTCCAAACCGAAACGGAGTGTGGCCAACGAGGAGAGTGCTCCCATGGATCTCACTAAGCCACGCGGCTCCATCTTATTAATATCCCCCT
CGCCTGTTTCGGTGCCCGCTCATGATCTTCCCAAATCGCAGGCCCAACAGATGCACGATGTTATCTTTGGAACCTCCGGCAACGAAAGCGGTTTC
ATGAAGACTCTAATCTCGGTTTCGGACAAAGTGCGAATATCTGCCGAAATGGAAGAGCAGGCCAAGCACGAGGCCGAGGGCGAGGATGTTCAACT
ACAGACCTACATTAAGGAGCATGCGCTGCATCAAGCCAAGATAAAGCAGAGTCAGTTTAGCCGCAGCTATCTGATCAACACATTATACACAGCGG
CGTCTCCTGTAATGAGCAGTAGTAGCACTCTCTTTACCGCCAACAGCAGGCCCGTTATGAGCGTAAATGAGGTACCTAGCATCGAAGTGCACGAA
GTAAAGACCCCAGAGGCCATTGAGTCACCTCGGAGTGCACCTGAACAGGCCCCGGTTATTCTTGCTCAGATTGCCCAGGAAGAAAACGAGGAGCC
TAATATCGCAGAGCCACACAATGCCAATCTGCCTGCTGCAGTGCAGCAACCGGATGTCAATGAATTTACTGGAGTACTTGGAAATCCGACTGCAC
CACCAACATCGTCTGTTACTGCTACTTCAGTAAGCACAACAACAGCTGCACCTGTGGCACCCTCATCCACTGCCAACTCAACTCAGCCCGCGCAG
CGTACTGTGATTGTGGGTGAAGATGGCTTCAAAAGCTCTACTCCCACTAGCAAGAGCGGCGATCTCCAGCATGTATCGTATGGCAGAGGAGTGCC
GCCAGCTCCCATTGCAGGTGATGCACGTCCCACCTGCACCATGTGCTCCAAGACGTTTCAGCGGCAACATCAGCTGACCCTGCACATGAATATTC
ATTACATGGAGCGAAAGTTTAAGTGCGAGCCATGCAGCATATCCTTCCGCACGCAAGGACATCTGCAGAAGCACGAGCGATCGGAAGCGCACAAA
AACAAGGTTATGATGACGTCGACTTTTGGTGTTCCAACCACCTCAAATCCGCGACCCTTCGAGTGCACCGACTGCAAGATCGCCTTCCGCATCCA
TGGGCATTTGGCCAAGCATTTGCGCTCCAAGACGCATGTTCAGAAGCTAGAGTGTCTGCAGAAGTTGCCCTTCGGGACCTATGCTGAAATTGAAC
GTGCCGGAATTAGTCTCACTGAAATCGATACAAGCGACTGTGAAAATTCGCTGATATCACTCAAGTTGCTGGCCCAGAAACTGCAGGAGAAGGAT
CCTGGTAAGCTCAGTAGCTATACCACACCTTCTGGCATGATGCAGCTGGCCCAGGATGCAGCAGGTCCCGTCTCGCAGGATAGTGCGTCCGAGGA
TGGCTTTAGTGCCGCAATTGCCTCGGCTATAGCTTCGCTGGACAACGACAGTGCTGGCAACACACCCAAGCGAGCCAGCTCGATGTCCGAGGATG
AAACGGTGGCCAATGGCCTAAACCATAGCCTGAAGCGTCGTTTGCCGGGCAGTTTCAGCAGTACGGGCGAGGAGAGCGATAATCCACCGGAAAGC
AGTGGCGAGAAGCGGGCTCGTTCTGGCCAGGAGCTGCCTGTTCCCGTGGCCGTTCCCGTGGCTGCTTCAGCAGCGGCAAGCAACTGACAGTACAT
GTACATGCTGCAGCCCAGCTGAGGTTATCAGTATCCCGCGGTCTACCACCTGGACAGCAGTCAGTACGGCATCTACAATTCCAGGATCGAGGGCC
GCCATGACCAAACCACCTCCAACGAGCGCATATCAAATGTCTAAGCATATCGCATATGGGCACACACACAACTTACTCTAGAGCTAGCCTATAAG
ACCCACCTCTCTTCGATGATGGGCCCAACTAGTATTGGGCTAATCGCGAGTAGTAATCAAACGATAGGGGAGCCAGATAAGCGAGTCAGCTATTC
CAGTGTAAACACTCTAGGCGAATTGCGCTAAAATAATCATATACAAAGCCTTTTACGGTTTTAAAAGGCAGTCACCCCACACAGATCGTTTCGAT
CTGCCTCTTAAGTATTTAGGTTAAGGAATCGTCATCAGCTAGCCCTAGTTATAAGCCAACCAACGAGCACACTTATAAATCTATCTATATTGTAT
ACACTTAACCATAATTTGTTTTCGAAATGCATAAATGCAAAAACTCCTGAAGTGCTGTGAGTCTATCTACAAATGTAAAGATCCGAGAGCGAGAG
AAGTGTGTTATTTTTAAGGCCTAGCCCCGAAAATGAACCTCCAAACCGAACCAGAACACACCCGCACACTAAGTATATTGGTTTTCTATGTCCAA
ATCCAAGTTTTGCCCCTTTGAAAATCACGTAGTTCTTCCTTATTTCAAATTGTTATCACACCAAGTTTTGAAGCGCAACTATTAACGGTGAATGAG

AAATGACTTGCGCCCCTAGTTTTGTTTTAATTCTTTAAACAACGAGACCACGAGACTCATTTAATTGTTTCTTTTAATTTTGTATTTGACAGAAG
AGAAACGAAATGATGAAAAAAAACGCTAACTGTAAATAATCAATATGTTGTCATATATGCATTAAGCGGTAGGTTAGATAAACAAACTACACAAA
GTTGATAGATATAAATGAAATATTGTACAAACTGCTATGGCAAGCGCTGCAGCAAAATCTATATATACACATAGATATATATCTATATATTTGAA
TGTGTGTATGTGGTTAAACAACAAGAAAATGAAGTGATCTATTACATTATTGTAAAATATATCAAAAAACTGAGAAAAAAAAAA
(SEQ ID NO: 1247)

Start ATG: 184 (Reverse strand: CAT)

MENATTTTAKHYKTAGKQYKTNKVNNTRRATAAAAAAAAAAATTTVTTAATPTKKRTYRETATATIVTQRSTNKANIAAAIALAAATEATASASA
SATATATDATLTASKAAATAAATTDAASGNSNSSSKPSTSTRDKLGEVPLPTVDSNHIISNNNNNNNNNNTSNNNNNNHHSDNSISENNYEFKSR
DKASLSDSKMTLQQMAAVSSNQEPVAPNVANTMSNSSIINSQQTTVNATPATDEAPLGDRSNISRYLHKKFKRLASTTEVDSWSATNGGGALQAS
GDAVRTTSLSSNSSLSPPPTTPLANGHHLMTQQQSHQQVQQQQQQQQTPPPSVAIHEFSANFVNSNHVNAIGHEESIISNSGYKAAGRTRTPLAN
SNSNTNSTSNSNSNHAANATLSPASFAQHQQLTQPTTVSPGIPGGAAAPNPACEKSGRYVCQYCNLICAKPSVLEKHIRAHTNERPYPCDTCGIA
FKTKSNLYKHCRSRSHAARARGLEVPADADDGLSDQDAELSNSSSELPSRAGSPYEEPINSPTPSPSTLSAAKSAYIQQPPLPTYMQQLPLGSPA
AGTLPPTTADNHHSATAQHRQSIDYKPYKPKFHNASLYSCSSKELQQQQQQLQIQQQQQQHQLAQQKLSIQLPLVQQPSLAHPTLSPSTQMKMKH
HINSHQIQLQLQQQQSLLAQQSLLAAMPPGGVYYLGQPSYYNQDTAAAIHQHALAIQQFQIHLAQQQQQQQQQHPPLVKATPPMQQPPSLPPQQL
VRANSQISSVATAPATPTPAANLSTFASSSGGKQVNVAKVQEHISKLISQNEAIVENKEILLQKKYPKQLSRSRSFNNANSNNASQHGSNASALH
ANNSQNNTNAQMPERETKVNLAQAIFQKQQHQLQQQQQQQITQQQQQQLEQQNYYTYIQQQQECQQQQLEPPNGVVKRNAYKPGVVMTTPVKQQQ
QLPPPPSPLPMQTMQYRQDPATPVTKIEQPTTAVPVMPLNLSAKPKPTLVTVPVSSLSTSSLAPTPTTSTNPTSSSKTAPPPAQVNNSIIKNLLL
NARGLAVPIGEGDDAVYSCPICASEFRSADDLKLHNSTYCQDASSSAPMSPASSPFRSNSISLSLPELKSHMANSKNPLSLAKLAWSQLKTKRSS
LVLSRLSAAQTPARTSTVTAPTVTASAPAPAVATVTAPSSAPAPQIEALRFVDAPLPSPGPLLGKTPLVDYAQQSTPRKAQDSVVITKMHEDRQF
VIEAQPAKRIKTSDLVVASSSQQPTSFNFSFNNQNSSNSVPELQSSKEERLRRFTSSGGSMIPISECPDLDNSPKMIRTPLLSGGSFQDVSVKVN
NETGSSSKERKLMALVSGSGLLGVSSGPQHFQFPPINSITAFNPLTLPPMSGGDKTTPVTPIPHVPGMPGPGSLTPQMPLLPPPPQQLQLPIPSS
RGRSPNRKQPSPLLLGGGSGELKALSPFGGVQNVPSEFSRQPPTPAQRQALQWNSKEAPKKAPFNFLRMADNVKTTEPEVRHFNLENVISGKQQE
LPLTPLHVDTPNGNAPEETSPVASASASAKSKFLRPTSLPLKPGTFTPKRHHGITPTANTLPLISPETPRPSKSCVQLYLNGHAYTYLGLKCSTK
MFYCTVNCPQPSYVAGMHKLSMYSVWQVCEENQPHPLGFKLKQVMALYDSRQRMLGNGSSTAMAGSGKLSYNLVASQQIVSSPSTSSTSSAFYQG
PLKTPPTVTIAALSEANVAAKANEEAQAKKLETSPSGQPLVGGYESHEDYTYIRGRGRGRYVCSECGIRCKKPSMLKKHIRTHTDVRPFTCSHCN
FSFKTKGNLTKHMQSKTHFKKCIELGINPGPMPPDSEFLDVDMDFDQQSSTSAGGRTSSMAGESDSDDYSDNESESSDTDESKSRQKEHEAARGL
LSLSMTPPIPQSVSPYPQLQDTPLPAASPANSIGSSGSQPKRLVCSFTSPKPPFDYQKQEQYYSNPEESKPKRSVANEESAPMDLTKPRGSILLI
SPSPVSVPAHDLPKSQAQQMHDVIFGTSGNESGFMKTLISVSDKVRISAEMEEQAKHEAEGEDVQLQTYIKEHALHQAKIKQSQFSRSYLINTLY
TAASPVMSSSSTLFTANSRPVMSVNEVPSIEVHEVKTPEAIESPRSAPEQAPVILAQIAQEENEEPNIAEPHNANLPAAVQQPDVNEFTGVLGNP
TAPPTSSVTATSVSTTTAAPVAPSSTANSTQPAQRTVIVGEDGFKSSTPTSKSGDLQHVSYGRGVPPAPIAGDARPTCTMCSKTFQRQHQLTLHM
NIHYMERKFKCEPCSISFRTQGHLQKHERSEAHKNKVMMTSTFGVPTTSNPRPFECTDCKIAFRIHGHLAKHLRSKTHVQKLECLQKLPFGTYAE
IERAGISLTEIDTSDCENSLISLKLLAQKLQEKDPGKLSSYTTPSGMMQLAQDAAGPVSQDSASEDGFSAAIASAIASLDNDSAGNTPKRASSMS
EDETVANGLNHSLKRRLPGSFSSTGEESDNPPESSGEKRARSGQELPVPVAVPVAASAAASN*
(SEQ ID NO: 1248)

Name: schnurri
Classification: transcription_factor
Gene Symbol: shn
FlyBase ID: FBgn0003396

Celera Sequence No. : 142000013384567
TTTACGTGTTCTCATAAGATATAGTTTATATTAATGTATATTCATATTTTTACCCATTCATTATCTCTTGGCGCATTTAGAATTTAAGTTTTTTT
TTTGCATTTTCCTTTTTTATTTTACGGTTTGGTATTACTTATAAACAAATTTCATATTATAGCTATAGTTTATTAGCTAGCGTTGTGTAACTTTC
CTCCGCAGGGCCATTACTTACATTGTTAAATCGAAACGTTAATGCAATTGTTTTGTTGTGTATGTCTAACGCAATTTATATGCTCTCTATCTTAG
TTACATGATTTTGTTGCGTAAACAAAGGGCTGCCCCAACTCCCAGCTCCCACATCTCGCATCCCATTTGCCCACCGCTCGGGAAATGCGCGCTTA
AGTGTTTAAAAATCGGAAAGATATATATGAACACAGGCAGCAAAGTGCAGACCACGAAAGTATATATATATATATATATATATATATATATAT
ATATATATATATATATATATATATATATATATATATAAATATATATATATAGATAGGGGAGTAGGCGGTACAGAAGGTTACATAATATAACATAG
GAGGGCCTTATAAGTCAGAGCGTTGCTTAAAGCTAGAGAACTGCACGTGGTAATCGCAATCATTTTACCATCAACTTAGGTTACAATGTGGGTGC
CTTGCTGTGTGGCATATGCTTTTGTATGGATTGGATTCGCTAGAGCTAGAGCCTATAGTCTAGGGTTAGGGACACTCGCTGAACGCGGTGTCCTT
TGTTTCTTTTACACAAATATTACACTTACAATCGAGTTATTATGTGTTCATGATCGGTTCTGCATGTTCTGCCTGATTTGGTCTGGGACTTCAAG
TTAACAAAGAAAAAGTTGAGCCGGCCAAGAGCAAATAGTCAAATGCAAAACAGAATTAAATGCCTGCGTGTCCTGCTAACCCTCCTCCCAAACCC
TTCCGCGGACCCCTAATCAACCGCCGATCTATTGGCCAATCTTCAGGCAGGGATCTCAAATCAATTGAACAGTGCGGTTTGTTGCAGTTTCTTGC
AGCCAGGTTGCAATCGTTTATGTTCTAATAGTATAAATTAAATTAATCATAGGCTAGTTAATTAATAATAAGCGCGCTCAACGTTCTAACATCTG
GGAGCAGAAACCAAAATGTCAAAAAACAAACGAAAATGTACACACAAAAAAAGAAAAGCGCTGCGCTTTGCTATGCTCTGCTCTTCTTCTCTCAC
TGCTCTTGTCCTCCGTTTCTGGCAGGGACCTGGTCATCCTGCCGCTTGGATACATTCAACGTGTTTTACCGCATATATAAAGCAAGTATTATATA
TATTAGGTATATATAACTATATATACTACATGTATAGTTTGTTGAGTTCTGTTGTTGTTTGTCTACTGTGTCGTGTCCAGCGTCGCAACCTAAAC
GATAAAATATTATTTGGCGTTCCCCACGCCACCGCCCCCTCCGCCGCTCGGCATACCGCCTACGCCCACTCCACCGCCGCCACCACCGCCTCCCT
GCCGCATCCGTATCGAAGGCCGACGCTCCGGCGTGTCGTACGGCGGTCTCGACGAGTTGGTGGCCGCCATCGAGTCGTCCATGTTGAGTCCGTTG
CCGCCGATCAGTTGGCTGCCGTTACCGCCTCCATTGCCGCCCAGCATCGCCAGCGTTTGGCCGCCCTGGAGTTGCTGTTGCGCTGCACTGCCTCC
TCCGCCACCCAGCGCCGCATTGACCTTGTGCTGCTGTTGTTGATGCGAGGAGGCGGCTGCCGCTGCTGCCACCGCCGCTGCTGCGGCCACCGCAT
CATGACCCGCCTGGCCGTCCGCTCCGTCCTGCGCCTGCTGAATCGCCTGGGGATTGCGAGGTCCGCCAAACTTAAGCAGGTTCCAGTCAAACACA
TAGTCGTAAGTGAAGCCCAAACGGTGGAACAAGTTGCGGAAGAGTTTGCGCAGGTGGCAGTAATCGGGACGCTGGTCGAAATGCATCTGGCGACA
GAAGTTCAGATAGTTGACGAACTCGCTGGGGAAGCCCTTGCACAGCACCACAATCGAGGTGGACAGCTTCTTCTCCGAGATCCTCTCGTACTTTT
GCCTCTTGTTGGCTGCCTTTAAGCCCTGCCAGGGCAAGGCGCCCAGATTGAAGTACATTAGGACGTAGCCCAGGGACTCCAGGTCGTCACGACGC
GATTGCTCAATGCCCAAATGTGTGTTGATGGAGGCATAGCGGGCAGTGCCCGTGAGGTTCTTGTTTTCCCGATAGGGAATGTGCTTCAGCGACCG
GGCATCGCGGAATTTCTTGGCCAGGCCAAAGTCAATGATGTACACCAGGTTGCCCTTTTTGCCAAGACCCATGAGGAAGTTATCCGGCTTGATGT
CGCGATGGATGAAGTCCCGCGAGTGTATGTAATCGATGCGGGAGATCATCTGGTCCGCCAGCAGCAGAACCGTCTTCAACGAAAAGCGGCGTGAA
CAAAAGTTGAAGAGGTCCTCCAGCGAGGGTCCGAGTAGCTCCATCACCATCACATTGTAGTCGCCCTCGCTGCCGCACCAGATTATGCGGGGTAT

GCCTATGCCACCCTGCATCGTCTTGTAGAACTTTGACTCGATGTGCAGCTGGGGGTGTTTGGTGCGGATGCACTCCAGCTTGATGGCCACCTCCT
CGCCAGTGTTGATCGTGGTGCCCAGGTAGATGTCGCCGAACGATCCCGATCCTATCTTGCGGCCCAGGCGATATTTGTTACCCACGCGCAGCTCC
ATTTTGTTACGTCTGTTTCTGTGGGTTTCTGTGTGGTAGAGTTCGGACTCCTCGGGTTCCTCGGATTTGCGTTGCCTTTCTGCGGGACCGGAGAA
TTGAAATTTAGTTTTAATTTTACAACACATTGCCTCGAAAAGAAGGCTGTACGCTTTTCTTACTCATAATACTACACGCTACACGAATTGATCGA
TCCCAGTTCAGATTAGCTGCGCTTAAAATATTATACAGATTTAAATATCTACGCCAAGGACTAAAACTTTTACTTTGTAATCGCGAAAGGATATT
GAAAGGTTGCTACGATGCAGGCAAATTGTTGAATTCGATCAGAATGTAAATATTCGTAGTATTCTTAGTTGCTTTGACTAATCATAGAAATAGCA
GCGGCGTCACAGGTTTTTACGAGTAAATATGAATCAAGTGACTTCGAAAATTCGGCTATTGACCACTAGCAACAATGTGTGATATTATTAGAAGA
GATTATTTGCAAGCAACAACACAATATCGAACGCCTTGTTAGCGATAGTGATAAAATATTCGTCGGATTTTGTTTGCTACAACTTTTGATTCTTC
TGACACTATATTGTGACACGTGATGACAACCCTGCTGTTTTGTACAGTTTGCTAAAAGTCTAATTTTGAGAGCTAACGGAGCTTCGTGAGTATTT
TCCAACACTTCTCCACTTTTCTCACCTGGCACTGTCCTTTCGTCTGAGCTCCTTTCTTCTTCTTGTTCCGATTTGTTCAAGGCAGTCGCTTATGG
CTTTGTATTCGAAGGGTTCTGTAATAGGAGGTACTAAGTTAATTTTTTTTTTAGATCCTCAACATGGTTAATCGAAATTCGACCCGTCTCGCGATC
ACTTATATATAGAGAGTAATCCCCTGTTTTTATCGCATCTGCAGCGTAAGCCCGAAAAACGTGCAGAATTCGCTTTTGTTTGTGGTGATAAGGAT
TGTGGCACACAGACATGAAAACAACGCACGGCAACAATCGATATCGAAAATAGAAAACCGTTAGCTAAGAATAAAACAAGAGAGAGAGAGCGGGA
GAGAAGTAAGCTTGGCTTACGTTGACAACACAAAAATAGCAGAGAAAAGCGTACCAAAAGCAATTCGAAATGCAAATGTCACAGTGGGCAAAAATG
ATAAGAACCCGAACCTCGCACAAAGTAAAAGTTTATCTCGTATATTTATATTTAAGAGTGAGTGCGTCATTGCATTCGGCTGTGTGTATTGATTA
CGAATGGGGAAAACAACAGATTTAATAAGTGATGAGTAACGATAATTTATATGCACAGAGCAAAATAGCACTACTTTTTGACATTCGTCACATTA
TTGTTTTAGTCATTTTAATATTATATTGTACTATTATAAAATAAAGCAAATGTGCCGTAGTGCTTTTACATCCTTGAATAGATATAATTCTTTTT
TTCAAGTGTATTTTTTACGTGACGACACCAGAAACATGGAGGTGAATCAGCAATCAGGAAAAGACAACGAAGAGATTAACAACAAATAGATAAAA
GAGACGTGTGTTTGTGTATGCGTGGAGTAAACAATCGGCGACAAAAGGGAGAGAAGTAAAATAAAACGCAGCGACTGTGAAAATGCCACTTAAAT
GACACTTTCAGTGGTGGAAAGCACAAACAAATAGCGAAGATAAAGCGCATGGAAGTCAGAAAACGAAGCAACAAGCCGAAAGTTTTCACTTGCCG
GTCAAATATCACAAAAATTTAGTTTAATTGTTTTCGGCGGCTCTCACTCACTAACCCCTTCCCACTCCTCTTTCCCACATTCTGTGCGCTTTCTT
TTACCGCTCACGCATTTCGATCGCTCTCTCTCTTTTCTCTCTCTCTCTCTCTCCTCCTTTTCCCGACTCTTTATCACTCACTCTGCGGTTCTAACC
TCAAAACCTGCCTGTGTTTGTTGTTGTTTTCGCCTTGGCTTTGATTTATTTAACCGAAATGTACCGTTTTTTATTTGTATCTCCCATGTTCTACA
CAGAAAGAAATCACTGTATAAGCACTGTAAGTCAAATTGAAATGTGGTATTAATTTTAGGAGCTTTAATTTGTTTACTGGAAGGCTAGCAGGGAA
AACGCGGTCTTTCCTATTGGTAACTAAATATTTCCCAGGGTATCCAGCAGTTGTTTCGGACCAGCGGGTAAACACGAATTGATTACAATTGCAAA
ACAGCTGCACGTTGCGTTGGCGGCTGCCGAAAAGCTTCCGCAAAAAAACGCACTGGAGAACAAAGAAGATACAAAAAACAGTTGTTCCAGCAGGC
GCCACAAAAGTAAAAAGCTTAAGTAAACAGGGAAGAGCAAATGGAAAAACCAAAAACCAGAGCAAAACCAACGGGGAAACCTCAGAAGGGGAAGG
AAACTTGCAATTAATTGTCAAACGCTAATGGCCTCCGAAAACTAACGGCACTCCACGAATGCACTGCGAATAACGGGGCTGATAAGGAGCAGCCG
ATAGCGGGTGGAGAAGGGAAACTTGAACGCACAGTGGAACAAATTCCGCACTTACCGTGGCTTGTTTTTCTTATATTCCTTGTTTCCTATTCCGC
TTTGCCCACTTCCTCTGCTGGCGACGCTGCTTTTCCTTCTTCTAATTCGACTGAAATCGAAATCGAATTTTTTAATTGGATTGATTCTGCCACAA
TAATTTTCATTTTCTTTGTTTTAGAGCCCAGACGTTGTTTTTGTTGTAGTTGCCACAGTCGCACACAAACACACGCACACAGTCGCACTTTTTGG
GGCCACACGCAAGCGCATTTTATGCAATAATTTTAATAATACTGCATTGCTGCCATATTTCAGTTATTTTTATCGTTTATCTTCGAGTCGGTTAT
GCTGTTCTTCTCTGATTTTATGGCCACATTGATTAGCATCTTGTTGCCAATCAACTCGAGAAAATTAAACGAAACCAAACGGAACTCGGACTCTT
ATTAAAAAAACCAAACTTATGCGAGTCGTTTGCCCTGGCAATAGATTCGTGCACACTAGTCGTCCCGCCCGCACTCGCACGGTTTCTACCGCGAG
CACGTTGCTATCCCTCCTGCTTCAGCATTTTCACACCAACACAAAGACGAGGGCACTCACTCACACACTCGCACTCTCAATGAGCACTGAAATGC
TGTTGGGAAATTCGAGTTTTCCTGCGCGTGGTAACCGCCGCTTTTTCGCTCGCAAACGGGTCTGTCGATCCGAAACGCTACTGACCACTTACGTT
TTGCATCAACGCTGCGCTTTCGTTTCAATTTTTCTGGCTATTTCACATAGATTTCGACGATTTTTTACAAATTTACGCCATCTTGATATTCGCAG
TGTGACCGCGCCGATAATGAAGAAAATTACCATCTGGTATTTACTCCTCAGCGAATGTCTAGAAGATATGTAATTGTGAAAAACTGTGATTCATA
TACTAAGTTAAGATAGTCCAAAGTTGGTTTCGAAGTACCACATTAAGAAAATAGCGCAAGAGTATTGGAAAATCAAAAGAAAAACGAAATTATAT
CCTTGCAGCTAGCCATAAGTTCAAAGTTCGAGTAACTGGAAAGCTGTGAAATAGCCAAGTTGACAACGCTGTTTTTGTTATATGGGCACACTAGT
TCTTACATAGACCCAGTGCTGCCAGATGGACGAAAAATATTTTTGAGCTGCGCCACCTAGCGGATGAGTTGGCGAAAGTGGTATCCAGGTGGCGC
CCGAAACAAAAGGTGGCGCCTTATTTCAGAAATGCAATTGAAAATATCTAAAGTTATTGAAAGTTTTTGAATTATGCATTCAAAGGCCCATCTGC
TTAATTTTATTTTCAAAGAGAATACAATAAACAATACAAAAAAAAAAAAATCATTCTGAAATGATATTTATACTAATATACAAATTTGATAAACTC
AATAATATGTAAATAAAATTTATGTCTTAATTTGCAATGTTCTTAAGAAAAGTTGTTAACTCTTTTTACAGGCTTGTGCTCCAAATTCTCGTGTA
AATAGAAATTGAAAATGGATTTCATTGGCATGTCTTGCAGTTATAGGTAGCATGCCAATTTTGATGTTACACAGATGTATCGAAATACCTGAAAC
GTATACTTTTATTGCAGCAATACGAATAAAGCAAAACACGTGTGAATTCCATTAGTCCGCCCAACCGCTTTCCCCATTTACCCTCACATCGTGCA
TTTTCCGGCTGTGTAACCCAAGAAACGATGACATAAAAAAAGGAAGCAGATCCAGTTATGTATGCATATATGAGAAAATGTGTTTTTTTTTTTTT
GGGAGTATGTGCCAAGGTGTGTTTCTTTTT
(SEQ ID NO: 1249)

Exon: 6060..5983
Exon: 3533..3446
Exon: 2834..1001
Start ATG: 2757 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT42623
TAAATTTGTAAAAAATCGTCGAAATCTATGTGAAATAGCCAGAAAAATTGAAACGAAAGCGCAGCGTTGATGCAAAACAACCCTTCGAATACAAA
GCCATAAGCGACTGCCTTGAACAAATCGGAACAAGAAGAAGAAAGGAGCTCAGACGAAAGGACAGTGCCAGAAAGGCAACGCAAATCCGAGGAAC
CCGAGGAGTCCGAACTCTACCACACAGAAACCCACAGAAACAGACGTAACAAAATGGAGCTGCGCGTGGGTAACAAATATCGCCTGGGCCGCAAG
ATAGGATCGGGATCGTTCGGCGACATCTACCTGGGCACCACGATCAACACTGGCGAGGAGGTGGCCATCAAGCTGGAGTGCATCCGCACCAAACA
CCCCCAGCTGCACATCGAGTCAAAGTTCTACAAGACGATGCAGGGTGGCATAGGCATACCCCGCATAATCTGGTGCGGCAGCGAGGGCGACTACA
ATGTGATGGTGATGGAGCTACTCGGACCCTCGCTGGAGGACCTCTTCAACTTTTGTTCACGCCGCTTTTCGTTGAAGACGGTTCTGCTGCTGGCG
GACCAGATGATCTCCCGCATCGATTACATACACTCGCGGGACTTCATCCATCGCGACATCAAGCCGGATAACTTCCTCATGGGTCTTGGCAAAAA
GGGCAACCTGGTGTACATCATTGACTTTGGCCTGGCCAAGAAATTCCGCGATGCCCGGTCGCTGAAGCACATTCCCTATCGGGAAAACAAGAACC
TCACGGGCACTGCCCGCTATGCCTCCATCAACACACATTTGGGCATTGAGCAATCGCGTCGTGACGACCTGGAGTCCCTGGGCTACGTCCTAATG
TACTTCAATCTGGGCGCCTTGCCCTGGCAGGGCTTAAAGGCAGCCAACAAGAGGCAAAAGTACGAGAGGATCTCGGAGAAGAAGCTGTCCACCTC
GATTGTGGTGCTGTGCAAGGGCTTCCCCAGCGAGTTCGTCAACTATCTGAACTTCTGTCGCCAGATGCATTTCGACCAGCGTCCCGATTACTGCC
ACCTGCGCAAACTCTTCCGCAACTTGTTCCACCGTTTGGGCTTCACTTACGACTATGTGTTTGACTGGAACCTGCTTAAGTTTGGCGGACCTCGC
AATCCCCAGGCGATTCAGCAGGCGCAGGACGGAGCGGACGGCCAGGCGGGTCATGATGCGGTGGCCGCAGCAGCGGCGGTGGCAGCAGCGGCAGC
CGCCTCCTCGCATCAACAACAGCAGCACAAGGTCAATGCGGCGCTGGGTGGCGGAGGAGGCAGTGCAGCGCAACAGCAACTCCAGGGCGGCCAAA
CGCTGGCGATGCTGGGCGGCAATGGAGGCGGTAACGGCAGCCAACTGATCGGCGGCAACGGACTCAACATGGACGACTCGATGGCGGCCACCAAC

TCGTCGAGACCGCCGTACGACACGCCGGAGCGTCGGCCTTCGATACGGATGCGGCAGGGAGGCGGTGGTGGCGGCGGTGGAGTGGGCGTAGGCGG
TATGCCGAGCGGCGGAGGGGGCGGTGGCGTGGGGAACGCCAAATAATATTTTATCGTTTAGGTTGCGACGCTGGACACGACACAGTAGACAAACA
ACAACAGAACTCAACAAACTATACATGTAGTATATATAGTTATATATACCTAATATATATAATACTTGCTTTATATATGCGGTAAAACACGTTGA
ATGTATCCAAGCGGCAGGATGACCAGGTCCCTGCCAGAAACGGAGGACAAGAGCAGTGAGAGAAGAAGAGCAGAGCATAGCAAAGCGCAGCGCTT
TTCTTTTTTTGTGTGTACATTTTCGTTTGTTTTTTGACATTTTGGTTTCTGCTCCCAGATGTTAGAACGTTGAGCGCGCTTATTATTAATTAACT
AGCCTATGATTAATTTAATTTATACTATTAGAACATAAACGATTGCAACCTGGCTGCAAGAAACTGCAACAAACCGCACTGTTCAATTGATTTGA
GATCC
(SEQ ID NO: 1250)

Start ATG: 244 (Reverse strand: CAT)

MELRVGNKYRLGRKIGSGSFGDIYLGTTINTGEEVAIKLECIRTKHPQLHIESKFYKTMQGGIGIPRIIWCGSEGDYNVMVMELLGPSLEDLFNF
CSRRFSLKTVLLLADQMISRIDYIHSRDFIHRDIKPDNFLMGLGKKGNLVYIIDFGLAKKFRDARSLKHIPYRENKNLTGTARYASINTHLGIEQ
SRRDDLESLGYVLMYFNLGALPWQGLKAANKRQKYERISEKKLSTSIVVLCKGFPSEFVNYLNFCRQMHFDQRPDYCHLRKLFRNLFHRLGFTYD
YVFDWNLLKFGGPRNPQAIQQAQDGADGQAGHDAVAAAAAVAAAAAASSHQQQQHKVNAALGGGGGSAAQQQLQGGQTLAMLGGNGGGNGSQLIG
GNGLNMDDSMAATNSSRPPYDTPERRPSIRMRQGGGGGGGGVGVGGMPSGGGGGGVGNAK*
(SEQ ID NO: 1251)

Name: DOUBLE-TIME PROTEIN KINASE (EC 2.7.1.-)
Classification: protein_kinase

Celera Sequence No. : 142000013384567
TTTACGTGTTCTCATAAGATATAGTTTATATTAATGTATATTCATATTTTTACCCATTCATTATCTCTTGGCGCATTTAGAATTTAAGTTTTTTT
TTTGCATTTTCCTTTTTTATTTTACGGTTTGGTATTACTTATAAACAAATTTCATATTATAGCTATAGTTTATTAGCTAGCGTTGTGTAACTTTC
CTCCGCAGGGCCATTACTTACATTGTTAAATCGAAACGTTAATGCAATTGTTTTGTTGTGTATGTCTAACGCAATTTATATGCTCTCTATCTTAG
TTACATGATTTTGTTGCGTAAACAAAGGGCTGCCCCAACTCCCAGCTCCCACATCTCGCATCCCATTTGCCCACCGCTCGGGAAATGCGCGCTTA
AGTGTTTAAAAATCGGAAAGATATATATGAACACAGGCAGCAAAGTGCAGACCACGAAAGTATATATATATATATATATATATATATATATAT
ATATATATATATATATATATATATATATATATATAAATATATATATAGATAGGGGAGTAGGCGGTACAGAAGGTTACATAATATAACATAG
GAGGGCCTTATAAGTCAGAGCGTTGCTTAAAGCTAGAGAACTGCACGTGGTAATCGCAATCATTTTACCATCAACTTAGGTTACAATGTGGGTGC
CTTGCTGTGTGGCATATGCTTTTGTATGGATTGGATTCGCTAGAGCTAGAGCCTATAGTCTAGGGTTAGGGACACTCGCTGAACGCGGTGTCCTT
TGTTTCTTTTACACAAATATTACACTTACAATCGAGTTATTATGTGTTCATGATCGGTTCTGCATGTTCTGCCTGATTTGGTCTGGGACTTCAAG
TTAACAAAGAAAAAGTTGAGCCGGCCAAGAGCAAATAGTCAAATGCAAAACAGAATTAAATGCCTGCGTGTCCTGCTAACCCTCCTCCCAAACCC
TTCCGCGGACCCCTAATCAACCGCCGATCTATTGGCCAATCTTCAGGCAGGGATCTCAAATCAATTGAACAGTGCGGTTTGTTGCAGTTTCTTGC
AGCCAGGTTGCAATCGTTTATGTTCTAATAGTATAAATTAAATTAATCATAGGCTAGTTAATTAATAATAAGCGCGCTCAACGTTCTAACATCTG
GGAGCAGAAACCAAAATGTCAAAAAACAAACGAAAATGTACACACAAAAAAAGAAAAGCGCTGCGCTTTGCTATGCTCTGCTCTTCTTCTCTCAC
TGCTCTTGTCCTCCGTTTCTGGCAGGGACCTGGTCATCCTGCCGCTTGGATACATTCAACGTGTTTTACCGCATATATAAAGCAAGTATTATATA
TATTAGGTATATATAACTATATATACTACATGTATAGTTTGTTGAGTTCTGTTGTTGTTTGTCTACTGTGTCGTGTCCAGCGTCGCAACCTAAAC
GATAAAATATTATTTGGCGTTCCCCACGCCACCGCCCCCTCCGCCGCTCGGCATACCGCCTACGCCCACTCCACCGCCGCCACCACCGCCTCCCT
GCCGCATCCGTATCGAAGGCCGACGCTCCGGCGTGTCGTACGGCGGTCTCGACGAGTTGGTGGCCGCCATCGAGTCGTCCATGTTGAGTCCGTTG
CCGCCGATCAGTTGGCTGCCGTTACCGCCTCCATTGCCGCCCAGCATCGCCAGCGTTTGGCCGCCCTGGAGTTGCTGTTGCGCTGCACTGCCTCC
TCCGCCACCCAGCGCCGCATTGACCTTGTGCTGCTGTTGTTGATGCGAGGAGGCGGCTGCCGCTGCTGCCACCGCCGCTGCTGCGGCCACCGCAT
CATGACCCGCCTGGCCGTCCGCTCCGTCCTGCGCCTGCTGAATCGCCTGGGGATTGCGAGGTCCGCCAAACTTAAGCAGGTTCCAGTCAAACACA
TAGTCGTAAGTGAAGCCCAAACGGTGGAACAAGTTGCGGAAGAGTTTGCGCAGGTGGCAGTAATCGGGACGCTGGTCGAAATGCATCTGGCGACA
GAAGTTCAGATAGTTGACGAACTCGCTGGGGAAGCCCTTGCACAGCACCACAATCGAGGTGGACAGCTTCTTCTCCGAGATCCTCTCGTACTTTT
GCCTCTTGTTGGCTGCCTTTAAGCCCTGCCAGGGCAAGGCGCCCAGATTGAAGTACATTAGGACGTAGCCCAGGGACTCCAGGTCGTCACGACGC
GATTGCTCAATGCCCAAATGTGTGTTGATGGAGGCATAGCGGGCAGTGCCCGTGAGGTTCTTGTTTTCCCGATAGGGAATGTGCTTCAGCGACCG
GGCATCGCGGAATTTCTTGGCCAGGCCAAAGTCAATGATGTACACCAGGTTGCCCTTTTTGCCAAGACCCATGAGGAAGTTATCCGGCTTGATGT
CGCGATGGATGAAGTCCCGCGAGTGTATGTAATCGATGCGGGAGATCATCTGGTCCGCCAGCAGCAGAACCGTCTTCAACGAAAAGCGGCGTGAA
CAAAAGTTGAAGAGGTCCTCCAGCGAGGGTCCGAGTAGCTCCATCACCATCACATTGTAGTCGCCCTCGCTGCCGCACCAGATTATGCGGGGTAT
GCCTATGCCACCCTGCATCGTCTTGTAGAACTTTGACTCGATGTGCAGCTGGGGGTGTTTGGTGCGGATGCACTCCAGCTTGATGGCCACCTCCT
CGCCAGTGTTGATCGTGGTGCCCAGGTAGATGTCGCCGAACGATCCCGATCCTATCTTGCGGCCCAGGCGATATTTGTTACCCACGCGCAGCTCC
ATTTTGTTACGTCTGTTTCTGTGGGTTTCTGTGTGGTAGAGTTCGGACTCCTCGGGTTCCTCGGATTTGCGTTGCCTTTCTGCGGGACCGGAGAA
TTGAAATTTAGTTTTAATTTTACAACACATTGCCTCGAAAAGAAGGCTGTACGCTTTTCTTACTCATAATACTACACGCTACACGAATTGATCGA
TCCCAGTTCAGATTAGCTGCGCTTAAAATATTATACAGATTTAAATATCTACGCCAAGGACTAAAACTTTTACTTTGTAATCGCGAAAGGATATT
GAAAGGTTGCTACGATGCAGGCAAATTGTTGAATTCGATCAGAATGTAAATATTCGTAGTATTCTTAGTTGCTTTGACTAATCATAGAAATAGCA
GCGGCGTCACAGGTTTTTACGAGTAAATATGAATCAAGTGACTTCGAAAATTCGGCTATTGACCACTAGCAACAATGTGTGATATTATTAGAAGA
GATTATTTGCAAGCAACAACACAATATCGAACGCCTTGTTAGCGATAGTGATAAAATATTCGTCGGATTTTGTTTGCTACAACTTTTGATTCTTC
TGACACTATATTGTGACACGTGATGACAACCCTGCTGTTTTGTACAGTTTGCTAAAAGTCTAATTTTGAGAGCTAACGGAGCTTCGTGAGTATTT
TCCAACACTTCTCCACTTTTCTCACCTGGCACTGTCCTTTCGTCTGAGCTCCTTTCTTCTTCTTGTTCCGATTTGTTCAAGGCAGTCGCTTATGG
CTTTGTATTCGAAGGGTTCTGTAATAGGAGGTACTAAGTTAATTTTTTTTTAGATCCTCAACATGGTTAATCGAAATTCGACCCGTCTCGCGATC
ACTTATATATAGAGAGTAATCCCCTGTTTTTATCGCATCTGCAGCGTAAGCCCGAAAAACGTGCAGAATTCGCTTTTGTTTGTGGTGATAAGGAT
TGTGGCACACAGACATGAAAACAACGCACGGCAACAATCGATATCGAAAATAGAAAACCGTTAGCTAAGAATAAAACAAGAGAGAGAGAGCGGGA
GAGAAGTAAGCTTGGCTTACGTTGACAACACAAAAATAGCAGAGAAAAGCGTACCAAAAGCAATTCGAAATGCAAATGCACAGTGGGCAAAAATG
ATAAGAACCCGAACCTCGCACAAAGTAAAAGTTTATCTCGTATATTTATATTTAAGAGTGAGTGCGTCATTGCATTCGGCTGTGTGTATTGATTA
CGAATGGGGAAAACAACAGATTTAATAAGTGATGAGTAACGATAATTTATATGCACAGAGCAAAATAGCACTACTTTTGACATTCGTCACATTA
TTGTTTTAGTCATTTTAATATTATATTGTACTATTATAAAATAAAGCAAATGTGCCGTAGTGCTTTTACATCCTTGAATAGATATAATTCTTTTT
TTCAAGTGTATTTTTTACGTGACGACACCAGAAACATGGAGGTGAATCAGCAATCAGGAAAAGACAACGAAGAGATTAACAACAAATAGATAAAA
GAGACGTGTGTTTGTGTATGCGTGGAGTAAACAATCGGCGACAAAAGGGAGAGAAGTAAAATAAAACGCAGCGACTGTGAAAATGCCACTTAAAT
GACACTTTCAGTGGTGGAAAGCACAAACAAATAGCGAAGATAAAGCGCATGGAAGTCAGAAAACGAAGCAACAAGCCGAAAGTTTTCACTTGCCG
GTCAAATATCACAAAAATTTAGTTTAATTGTTTTCGGCGGCTCTCACTCACTAACCCCTTCCCACTCCTCTTTCCCACATTCTGTGCGCTTTCTT

TTACCGCTCACGCATTTCGATCGCTCTCTCTCTTTCTCTCTCTCTCTCTCTCCTCCTTTTCCCGACTCTTTATCACTCACTCTGCGGTTCTAACC
TCAAAACCTGCCTGTGTTTGTTGTTGTTTTCGCCTTGGCTTTGATTTATTTAACCGAAATGTACCGTTTTTTATTTGTATCTCCCATGTTCTACA
CAGAAAGAAATCACTGTATAAGCACTGTAAGTCAAATTGAAATGTGGTATTAATTTTAGGAGCTTTAATTTGTTTACTGGAAGGCTAGCAGGGAA
AACGCGGTCTTTCCTATTGGTAACTAAATATTTCCCAGGGTATCCAGCAGTTGTTTCGGACCAGCGGGTAAACACGAATTGATTACAATTGCAAA
ACAGCTGCACGTTGCGTTGGCGGCTGCCGAAAAGCTTCCGCAAAAAAACGCACTGGAGAACAAAGAAGATACAAAAAACAGTTGTTCCAGCAGGC
GCCACAAAAGTAAAAAGCTTAAGTAAACAGGGAAGAGCAAATGGAAAAACCAAAAACCAGAGCAAAACCAACGGGGAAACCTCAGAAGGGGAAGG
AAACTTGCAATTAATTGTCAAACGCTAATGGCCTCCGAAAACTAACGGCACTCCACGAATGCACTGCGAATAACGGGGCTGATAAGGAGCAGCCG
ATAGCGGGTGGAGAAGGGAAACTTGAACGCACAGTGGAACAAATTCCGCACTTACCGTGGCTTGTTTTTCTTATATTCCTTGTTTCCTATTCCGC
TTTGCCCACTTCCTCTGCTGGCGACGCTGCTTTTCCTTCTTCTAATTCGACTGAAATCGAAATCGAATTTTTTAATTGGATTGATTCTGCCACAA
TAATTTTCATTTTCTTTGTTTTAGAGCCCAGACGTTGTTTTTGTTGTAGTTGCCACAGTCGCACACAAACACACGCACACAGTCGCACTTTTTGG
GGCCACACGCAAGCGCATTTTATGCAATAATTTTAATAATACTGCATTGCTGCCATATTTCAGTTATTTTTATCGTTTATCTTCGAGTCGGTTAT
GCTGTTCTTCTCTGATTTTATGGCCACATTGATTAGCATCTTGTTGCCAATCAACTCGAGAAAATTAAACGAAACCAAACGGAACTCGGACTCTT
ATTAAAAAAACCAAACTTATGCGAGTCGTTTGCCCTGGCAATAGATTCGTGCACACTAGTCGTCCCGCCCGCACTCGCACGGTTTCTACCGCGAG
CACGTTGCTATCCCTCCTGCTTCAGCATTTTCACACCAACACAAAGACGAGGGCACTCACTCACACACTCGCACTCTCAATGAGCACTGAAATGC
TGTTGGGAAATTCGAGTTTTCCTGCGCGTGGTAACCGCCGCTTTTTCGCTCGCAAACGGGTCTGTCGATCCGAAACGCTACTGACCACTTACGTT
TTGCATCAACGCTGCGCTTTCGTTTCAATTTTTCTGGCTATTTCACATAGATTTCGACGATTTTTTACAAATTTACGCCATCTTGATATTCGCAG
TGTGACCGCGCCGATAATGAAGAAAATTACCATCTGGTATTTACTCCTCAGCGAATGTCTAGAAGATATGTAATTGTGAAAAACTGTGATTCATA
TACTAAGTTAAGATAGTCCAAAGTTGGTTTCGAAGTACCACATTAAGAAAATAGCGCAAGAGTATTGGAAAATCAAAAGAAAAACGAAATTATAT
CCTTGCAGCTAGCCATAAGTTCAAAGTTCGAGTAACTGGAAAGCTGTGAAATAGCCAAGTTGACAACGCTGTTTTTGTTATATGGGCACACTAGT
TCTTACATAGACCCAGTGCTGCCAGATGGACGAAAAATATTTTTGAGCTGCGCCACCTAGCGGATGAGTTGGCGAAAGTGGTATCCAGGTGGCGC
CCGAAACAAAAGGTGGCGCCTTATTTCAGAAATGCAATTGAAAATATCTAAAGTTATTGAAAGTTTTTGAATTATGCATTCAAAGGCCCATCTGC
TTAATTTTATTTTCAAAGAGAATACAATAAACAATACAAAAAAAAAAAAAATCATTCTGAAATGATATTTATACTAATATACAAATTTGATAACTC
AATAATATGTAAATAAAATTTATGTCTTA
(SEQ ID NO: 1252)

Exon: 5679..5281
Exon: 3533..3446
Exon: 2834..1001
Start ATG: 2757 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT42625
TTTCGTTTAATTTTCTCGAGTTGATTGGCAACAAGATGCTAATCAATGTGGCCATAAAATCAGAGAAGAACAGCATAACCGACTCGAAGATAAAC
GATAAAAATAACTGAAATATGGCAGCAATGCAGTATTATTAAAATTATTGCATAAAATGCGCTTGCGTGTGGCCCCAAAAAGTGCGACTGTGTGC
GTGTGTTTGTGTGCGACTGTGGCAACTACAACAAAAACAACGTCTGGGCTCTAAAACAAAGAAAATGAAAATTATTGTGGCAGAATCAATCCAAT
TAAAAAATTCGATTTCGATTTCAGTCGAATTAGAAGAAGGAAAAGCAGCGTCGCCAGCAGAGGAAGTGGGCAAAGCGGAATAGGAAACAAGGAAT
ATAAGAAAAACAAGCCACGAACCCTTCGAATACAAAGCCATAAGCGACTGCCTTGAACAAATCGGAACAAGAAGAAGAAAGGAGCTCAGACGAAA
GGACAGTGCCAGAAAGGCAACGCAAATCCGAGGAACCCGAGGAGTCCGAACTCTACCACACAGAAACCCACAGAAACAGACGTAACAAAATGGAG
CTGCGCGTGGGTAACAAATATCGCCTGGGCCGCAAGATAGGATCGGGATCGTTCGGCGACATCTACCTGGGCACCACGATCAACACTGGCGAGGA
GGTGGCCATCAAGCTGGAGTGCATCCGCACCAAACACCCCCAGCTGCACATCGAGTCAAAGTTCTACAAGACGATGCAGGGTGGCATAGGCATAC
CCCGCATAATCTGGTGCGGCAGCGAGGGCGACTACAATGTGATGGTGATGGAGCTACTCGGACCCTCGCTGGAGGACCTCTTCAACTTTTGTTCA
CGCCGCTTTTCGTTGAAGACGGTTCTGCTGCTGGCGGACCAGATGATCTCCCGCATCGATTACATACACTCGCGGGACTTCATCCATCGCGACAT
CAAGCCGGATAACTTCCTCATGGGTCTTGGCAAAAAGGGCAACCTGGTGTACATCATTGACTTTGGCCTGGCCAAGAAATTCCGCGATGCCCGGT
CGCTGAAGCACATTCCCTATCGGGAAAACAAGAACCTCACGGGCACTGCCCGCTATGCCTCCATCAACACACATTTGGGCATTGAGCAATCGCGT
CGTGACGACCTGGAGTCCCTGGGCTACGTCCTAATGTACTTCAATCTGGGCGCCTTGCCCTGGCAGGGCTTAAAGGCAGCCAACAAGAGGCAAAA
GTACGAGAGGATCTCGGAGAAGAAGCTGTCCACCTCGATTGTGGTGCTGTGCAAGGGCTTCCCCAGCGAGTTCGTCAACTATCTGAACTTCTGTC
GCCAGATGCATTTCGACCAGCGTCCCGATTACTGCCACCTGCGCAAACTCTTCCGCAACTTGTTCCACCGTTTGGGCTTCACTTACGACTATGTG
TTTGACTGGAACCTGCTTAAGTTTGGCGGACCTCGCAATCCCCAGGCGATTCAGCAGGCGCAGGACGGAGCGGACGGCCAGGCGGGTCATGATGC
GGTGGCCGCAGCAGCGGCGGTGGCAGCAGCGGCAGCCGCCTCCTCGCATCAACAACAGCAGCACAAGGTCAATGCGGCGCTGGGTGGCGGAGGAG
GCAGTGCAGCGCAACAGCAACTCCAGGGCGGCCAAACGCTGGCGATGCTGGGCGGCAATGGAGGCGGTAACGGCAGCCAACTGATCGGCGGCAAC
GGACTCAACATGGACGACTCGATGGCGGCCACCAACTCGTCGAGACCGCCGTACGACACGCCGGAGCGTCGGCCTTCGATACGGATGCGGCAGGG
AGGCGGTGGTGGCGGCGGTGGAGTGGGCGTAGGCGGTATGCCGAGCGGCGGAGGGGGCGGTGGCGTGGGGAACGCCAAATAATATTTTATCGTTT
AGGTTGCGACGCTGGACACGACACAGTAGACAAACAACAACAGAACTCAACAAACTATACATGTAGTATATATAGTTATATATACCTAATATATA
TAATACTTGCTTTATATATGCGGTAAAACACGTTGAATGTATCCAAGCGGCAGGATGACCAGGTCCCTGCCAGAAACGGAGGACAAGAGCAGTGA
GAGAAGAAGAGCAGAGCATAGCAAAGCGCAGCGCTTTTCTTTTTTTGTGTGTACATTTTCGTTTGTTTTTTGACATTTTGGTTTCTGCTCCCAGA
TGTTAGAACGTTGAGCGCGCTTATTATTAATTAACTAGCCTATGATTAATTTAATTTATACTATTAGAACATAAACGATTGCAACCTGGCTGCAA
GAAACTGCAACAAACCGCACTGTTCAATTGATTTGAGATCC
(SEQ ID NO: 1253)

Start ATG: 565 (Reverse strand: CAT)

MELRVGNKYRLGRKIGSGSFGDIYLGTTINTGEEVAIKLECIRTKHPQLHIESKFYKTMQGGIGIPRIIWCGSEGDYNVMVMELLGPSLEDLFNF
CSRRFSLKTVLLLADQMISRIDYIHSRDFIHRDIKPDNFLMGLGKKGNLVYIIDFGLAKKFRDARSLKHIPYRENKNLTGTARYASINTHLGIEQ
SRRDDLESLGYVLMYFNLGALPWQGLKAANKRQKYERISEKKLSTSIVVLCKGFPSEFVNYLNFCRQMHFDQRPDYCHLRKLFRNLFHRLGFTYD
YVFDWNLLKFGGPRNPQAIQQAQDGADGQAGHDAVAAAAAVAAAAAASSHQQQQHKVNAALGGGGGSAAQQQLQGGQTLAMLGGNGGGNGSQLIG
GNGLNMDDSMAATNSSRPPYDTPERRPSIRMRQGGGGGGGGVGVGGMPSGGGGGGVGNAK*
(SEQ ID NO: 1254)

Name: DOUBLE-TIME PROTEIN KINASE (EC 2.7.1.-)
Classification: protein_kinase

FIGURE SHEET 675

Celera Sequence No. : 142000013384244

TGGACTAAACTCGCAGATTCCTGTAACTTGGAAGCACCACGAGTTTGCTTTAGAAGATGCCTTTCCGTTGAACTAAAACTAGACGAGTAAAGCGT
ATCTCAAACATTGTATCTTCCGAACCAAAATAGTGCTGCATACTTTTCGGGATATGTCTTATTCAATGTAAGTAATACAAAAAGAAAAAAGGTAA
CTTCTTAAAACTTGTAATATTTGTCACAAATGAATGACGACTAGATTTGGCCATGTCTGTAACAATAAACGTACAAAATATTCGAAGTTGCAGAA
ATGGGGATCCAGCATTCGGATTTGGTTTTTTGTCAAACTTTTAAATATAGAATCGGACCACATCTTTTTAAGACCTTAAAAAACTGATTTGAAGT
TAGACCCCTCATAATGCCAACTAAATTTGTTAAACAAAAATATGCCCCTATATGCCAATCAAATTTAAATACAATGCTTTCTCAGCGTTTCAGTT
AAATACTTTGGGTTGTTTAATGGTTTTATACGTATACATGTGCTAAGTCCATGTATCTTATATTTCGTAAATCCATAGATTTTGTTCGACGAAAC
TTTGCTAAATGATATTGATCTTTCAAATATAACTTGTTAATTTCCTTTCATCGCCGTGGCAAATCCTTCGAGAGTGAGTACTACTTGTTAAACGC
ATATATGAGGAAAATTTATTGATGAATAATGCGAACATGCAAACGGAACACATCCCCGAATTCACACAAAGCATCTCTGTGGTATCTCTTTTGGT
TTTTTATTTGTTGCATCAACTCCGCGGAACTCCAGCTACCTCACTGCAGGTCGTAGTAGTCGACGTTATTGGCGGTCAGATGTTCTCTATTAATT
TGGAGCGTGCTGCTGTTTCCACTTCAAACTTTTATTAACATATATAGTATGGGTTTGCCGGTATATTGCAAACGGGAACTAAGTGTAGATTCGTG
AATGATATCAGACTGGACTGCAAACGTTTAGTTTCTAGCATGTTTTTTTTACTCTCTCCTTTATTTGTTGGAATTTTTGAGTTTTATATAGGTGG
AGTTTTCAAAATGACATTAATTCATAGGGGTGAGTTTTATATATAGTTCGACTGGCTGTTGCAGGTGCTGGTTTCGAATTTTTGGATGGGGATGC
TAAAGGGCGGCTCCGTTTGTGTTCATCCTCATTTAGCCATCAACCAAGTTCTTACTCGCCATTCTTTTGTTCGTCCTCAGATTCGGATTCTGAAA
GAGAATAGAATACAAAATGTTAGTATGGGGGCTTCAATTGGTACAAACTGAAAAGATGTGCAGCTCCGGTTATGCTGTCCAAATGATTATTGGCC
AAATTTAACTATGGAAAGTTATCTGGACACCCAACCATTCAAATGCTTTGGCACAACTCCCCGCTTGGCTCAATCGAATGAAGCAACCATTCGGA
GCTTTTATGAGGGGATTGTGCATGCGGACTAGGACAAATGCAGCTGTCCAAACGATTATTGGCCAAATTAACCACGGCATTGGGTTATATGGGCA
CCCAATCATTCTTTCGCTTTTGCATACTGTACATGAACCCTTTAAAACTGGTTCCTAATAATGGGAACACTTTAAAAGCTTGGTAAGAAGCATGC
TCGGTGAAGTCAGCTATTTGTGTCCAAGTTTTCATTGGCCTTTGATGCTCGGATTTTGTGAGGCAACAAGGCAAGCAAAAACTCAAATGCTCTTG
CAATTTTGTACAATGAAAATGTCATCCAGGACAAGACCATTCTCAAAAAGTGCACTGTGTAAAGTTTCGAAGGAAGCAAAATTTGAATATTTATA
TTGTCCAGGTTTTCATTGGCCTACGTTGTTCAGTGAATGGAAATCAACGAGGCAAGCAAAAAACCCAAATTTCTCTTGCAATTACGTACCAGAAT
CAAGCTATTTAAGACAAGACCATTCTCAAAAATTGCACGCTGATAACATTTATCAAAACATACTAACCTTCTTCGGCTGACTGAAGCCATTCGAC
AAACTTTCGCATTTGTTCAAGGAAATGCATTTTGCCCTTGTTTGAGTGGCCCTCCTTGTACCAGCGCAAGATGATCTCCTCGGACAGGACCTCGG
TCTTGTAGAACAACAAAATGATTTTCTGGAAGGCCTTCATGAAGTTCATGTTCTCGTAGCAGAATTCCTGCACCTTCAAGATTAGGGCCAATTCC
GAACGGTCGGTCGAGGCGAAAGCCTGCAACAGTGGGCAGTAGTTCTTCAGATGACGAACAGCCTGATCGGTAACCAGCTCCTCCTTCTTGTTCCA
TTCGCCCAATGACATGATGGTGGACCAAATCTGGTAAAGATCATACATGAGATTTAGTAAGGAAATCATCCAGTTGGATTATTTACGCATCGACT
TACAATAACAATTATTTCATGATCGGGAATGTTGGTGCGCTGCGAGAAGTCCTTAATGTCTGAGGTTATCTCATTATATGGCTTCTCATCGTTGA
TATCATCGATGAGCGCCTGCTGCAACTCACGCTTCGCCTCCTGGCTAGCCTGAGCCTTATGTAGCTTGACGATCTCGTTAAGTTCTTTGTCAAGA
AAAACTTGTTTAAAATATTCCTCAGTACGTTTGTTCGGTGGGAAAAAGTCCATAAGTCTGGAAAAACGTGAAAAAGTGGAACCATTATTAATAAT
TTAAGTTAACGCATTCAATAATCAACCTTAAATGACGTATTGAGGTGTACGAAATTAAATCAGCACCCAAATGAAGCGAAAGGTCATTTGCGAAT
TGGGTAAAACTCCGTCGAACTTTCTTACTCTAGGAATATCAATTAAAGATGCACAACTGGATCATTGAGTCATCTTCCTGAGAACATTCCGGGGC
TAAAAACAAATCACAACTAAAAACTTACTTGCTTTCCAGTCCACCCTTCTTAAGCGCCTGAATCAGATATGCAATGCCCTTCTCTTGCTTGAACG
TCTGGAACAGCTCTAGTAGAAACTCCAATGCAATGCCATCCTTGATTAGGTGCTCGTTGTTTAGTACCAGTAAAACATTTGGCGGTACAGAACCG
TTGACTGTTGATCAAAAATAGGGTTAAATATAGGGTTAGTCAAATGTTTTCGCAAAACAAGTTTAGACGGCCGGCTAGCAATCCTGTCCTTGGGC
TCGTGGCCCTTAGATGTGGTTAGTTCATCCAAGAGTCAGTATACCAAGTGAAGGATTACTTTAGCCCCTCAGCTGCAAGTTGAACAAGTGTTTAT
CGAAACAACTAATTGAAAGACCGAATGGGCAGACGCAAGCAATGCACAGGAGGAACAGGAACATAAATGTTAAGACTTACCTAACCAGAGCGCTG
TCATACGCGCAAGCTTGATGCGTTCACTAGGAGTAAAGCCCTTTACGAATAATAGAACCTTTCCCATCTCCTCTTCGAACATTTTCTCAAGGTAC
TTGTACCGTCTGATGAGCTTGACAAATACCTGGAAAAGGTAAAGTGTGATTGCCCCTGTTAGCGGATGGTGAAATTTTACTGTGTTCTCACGCAG
GAGGCTTTTGTATTTGTTGTTGCAACATTAGAAATCTTTAGATTGCTGGCGGTAGTAATTTTACAAAATAAAGACAAGTAAAATGTGGCTTTTTA
TTTTGCATATTTTGACACCGATTGAGTTGTTGAGATGCATAACCGGTTCTAATAATATGCACTTTGATTCAATAGCGTGACCTTCGCAGTGGTTG
CATGCATATAGTATATATATATAGTGTTGAATAAAGAGTAGTTGTTGACACATAAGAAATCTTCAGAACGTTAGTGTTTAGGACAAACCAAAGAC
AAGTAAATGTGTTGATTGTTATTGCATATTCTTGACACCGATTACATTTTTGAAACTTTATAGTCAGCTCTAATGATATGCAGCCACTTCACGAA
TTTCATACTTTTAAGTGGATCCGAAGAAAATCATTTAGTAGTAAATAAACGTTTTAGCTTGGAAAACAACAAGAGCTCAACTTGTGTTGCAATCA
AACCAATTTTCGTTTACTCATAATCATAATTTAAGTATGACCTGCTAAAAGATTACAAACCTGCTCATGGTTGCGCATGCTCTCCATGCTCTCGG
GCGCATCGAAGATGCAGTAGCTTGTGCGCGGCTTTTCGCCATCCTGAGATATAGAACCACCAGGCACTGCAATTGAAACGAGGATGGAAAAGGGT
CAGTGAAGAGACTAAACACATTACTTGCAGCGGAAAACTTACCTAGTAGACCTCCTGCAATCAATATGTCAAAGAGAACTTCACCGTAGCGACGA
TAGTCGAGCTTGTTGCCCGCGCTGTCTAGATATTTAGAGATTTGTTCCAGGTCGCCTTCAGTTTTTTCGAGACCAGCAATGACCGCATCACGGAA
TCCCGTTGGGTCATATTTTTCTCTTTCATCTCTTTTTCTGGTCTTGATGCGTTGACCCGATAGCACTGGTCTTTCAGTTTTTTGACTCATACAAT
AAATTGCTGCAAAGGTAAATGTGGATCAGAGATGGAAGCGGTTTTGGTTTGCCCCTGTAAGTTTTTATTTCTGACCAGACTAAATTATCATGGCC
ACTAGATTCATTTTTAGATTTATCTTAATTTTAGTGTAAGATGACTAAGGTGGTCTCCAAGCGGTGGAAAACCGTTCCCTGTATATGTATTCTCG
TTGCGCTCATAATCAAACTACAACATTTTCACCTATGACCGGCGTTTAAGTGGAAACTCTAGTGAAAACTGAGCCTAAGAAAGCCTTAACCTAAA
AATGCCAGCGTACATGTGCTTTAAACACACACATTCAAGAGCGGAGAACGGGCACACTTCACATCTCTTTTTAATTATCTCTCTTTTTCACACAC
ACATACCCACTGTGCATTTTACAGTTTGATAATGTCGACAAAAGAAATAAAAAGAATTGAGAGGTGAGGCGACCAAGAAATCGACATAGAAACGC
AGAATAAAGTGAAATTTTGACGTGGTTACTTGTGTTAGGTAGCGCGCTGGGGAAATGAGGTCATTGTGCATGTAGTGCACATAAAAACGCGCCGA
TGACTGTGTGCTAGTTGGCCGGGAAAATTGTCATAGCAGCGAAAACGCAAAAATTAAATTATCTAGGCTATCAAGTACACATTGGTACATATAAG
GAACGGCAACTTACGCTTTCACCCAAGGATATTAAGTCTGGCCCTGTGTTTGCCGCTTCCGCGTGTCCTTGCAATCAATTGAAATCAGTCGTGTG
CGAGTGTAGTGTGTATGTGTGTGTGTGTGCCTGTTGCTTTTTCACAACTAACGAACGTGCGAGAATATGTAATTTAATTTAACCTCACGAAGC
GCTGGCTGGTTAATGCTTCTCACTCGAGTCGACGAAAAACAAAGAGACAGATGGCAGATCCCTTCTTTTCTTACCTCTCTTTTCTTATGAGCGAG
CTTTTGCACGGTAAAATTGACACGCACGCACACACACAACAACAAAGAAAAGGGGAGAGCAAATAGAAAATATAATTTTTTGTAACGGAATTTAC
TTTTATGCCTTCAAAATAAACGTTAACAATTTTGCTCAGACTACGTCCGGAATTCTATTTTTAACAGCTATCACAATCGGTTACTAGGTATATGT
GTTGTTTGCCTCGAATCCAGCGCCCCTCTGCTCGCACCACTTTGTTAAACGAAATTCGGAGAGCGAATGAGACGACACACGAGCGCACGAACGAA
GCGGACGAGCCGAGAACGAAGACATGTGGTTCGGCGCCATTTTGAAGCGATACACTGACATGGCGAAAGCGGAATGATGGGCACAGGGAAAACGA
AAATTAGGGGGAAACGGTGAGAAAAAATGTGGGATGGGGGTTCAAAGTGTGTATATTGCTGTCGCGCTTATTAAATAATGAGCAAGGTACAGTCG
AACAAAGGCCGACGGCCACCAAATGATTTTTTGCATGAATATATGACTGCCCGATGACTAATCTGGCCTTAGGTACGCACGCAGTTCGTACATAA
CCCCTTTTCCAACGAAAGCGCAGACAAAGGATTGGTCAAGGCCAGAGAAATGACCAGGACCGCGATTTTACTCGCCCTATTTGTCTTTCTGTGTA
CTTAGGTCTACTCTAGCGCTATTTTTCACTCCTATACTTACGATTAAAACAAAAAAATCTGTTTTGCTGCGAATAAAAGTAACTTTTTGCGTAGC
TGTTGGGCTGCTTCTTCTGGATGACTTGCGGTATGACCGTGGCCTGCTTCGTACGCAATGGTACAGAGCTCACTAAGGTGTCCAAAAGGTGGCAA
CATTTTGGTGAAGCTGTTGGCTGGCCCCACTAACCGGACCTGAAAATGGTGCAGCGCTGCCGGACATTTAACGGAATCAAAGATTCCACAAAAGT
CATGTTTGCATTAACAAAATTCATATTTAACCTTAACAAATTCAACAAATTAAGTTAAGTCCATTTTAGTAGCGTTGCGAGGAGTTTATTTTCGA
AAATACGCCTTTGTATATATTATATATTTTTCCTCCACTTTAAACAAAATCGAAAGGTGTCCATTTGTCAGCTATTTAAACAATATGGCATCGCC

Confidential - Do Not Distribute

GCCTTACTTGCTCAGTAAGAAAATTTAACTGTTTTTTTTTTGCGCACCTGAAAGCGGCGATAGACATTGTTTACTTTTAGTTTATATTTACATTA
TCCA
(SEQ ID NO: 1255)

Exon: 5654..5595
Exon: 5415..5145
Exon: 4471..4223
Exon: 4151..4051
Exon: 3449..3311
Exon: 3044..2879
Exon: 2622..2379
Exon: 2310..1968
Exon: 1229..1001
Start ATG: 4460 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT42831
TTTAACAAAGTGGTGCGAGCAGAGGGGCGCTGGATTCGAGGCAAACAACACATATACCTACTCGCTCATAAGAAAAGAGAGGTAAGAAAAGAAGG
GATCTGCCATCTGTCTCTTTGTTTTTCGTCGACTCGAGTGAGAAGCATTAACCAGCCAGCGCTTCGTGAGGTTAAATTAAATTACATATTCTCGC
ACGTTCGTTAGTTGTGAAAAAGCAACAGGCACACACACACACACATACACACTACACTCGCACACGACTGATTTCAATTGATTGCAAGGACACGC
GGAAGCGGCAAACACAGGGCCAGACTTAATATCCTTGGGTGAAAGCCAATTTATTGTATGAGTCAAAAAACTGAAAGACCAGTGCTATCGGGTCA
ACGCATCAAGACCAGAAAAAGAGATGAAAGAGAAAAATATGACCCAACGGGATTCCGTGATGCGGTCATTGCTGGTCTCGAAAAAACTGAAGGCG
ACCTGGAACAAATCTCTAAATATCTAGACAGCGCGGGCAACAAGCTCGACTATCGTCGCTACGGTGAAGTTCTCTTTGACATATTGATTGCAGGA
GGTCTACTAGTGCCTGGTGGTTCTATATCTCAGGATGGCGAAAAGCCGCGCACAAGCTACTGCATCTTCGATGCGCCCGAGAGCATGGAGAGCAT
GCGCAACCATGAGCAGGTATTTGTCAAGCTCATCAGACGGTACAAGTACCTTGAGAAAATGTTCGAAGAGGAGATGGGAAAGGTTCTATTATTCG
TAAAGGGCTTTACTCCTAGTGAACGCATCAAGCTTGCGCGTATGACAGCGCTCTGGTTAGTCAACGGTTCTGTACCGCCAAATGTTTTACTGGTA
CTAAACAACGAGCACCTAATCAAGGATGGCATTGCATTGGAGTTTCTACTAGAGCTGTTCCAGACGTTCAAGCAAGAGAAGGGCATTGCATATCT
GATTCAGGCGCTTAAGAAGGGTGGACTGGAAAGCAAACTTATGGACTTTTTCCCACCGAACAAACGTACTGAGGAATATTTTAAACAAGTTTTTC
TTGACAAAGAACTTAACGAGATCGTCAAGCTACATAAGGCTCAGGCTAGCCAGGAGGCGAAGCGTGAGTTGCAGCAGGCGCTCATCGATGATATC
AACGATGAGAAGCCATATAATGAGATAACCTCAGACATTAAGGACTTCTCGCAGCGCACCCAACATTCCCGATCATGAAATAATTGTTATTATTTG
GTCCACCATCATGTCATTGGGCGAATGGAACAAGAAGGAGGAGCTGGTTACCGATCAGGCTGTTCGTCATCTGAAGAACTACTGCCCACTGTTGC
AGGCTTTCGCCTCGACCGACCGTTCGGAATTGGCCCTAATCTTGAAGGTGCAGGAATTCTGCTACGAGAACATGAACTTCATGAAGGCCTTCCAG
AAAATCATTTTGTTGTTCTACAAGACCGAGGTCCTGTCCGAGGAGATCATCTTGCGCTGGTACAAGGAGGGCCACTCAAACAAGGGCAAAATGCA
TTTCCTTGAACAAATGCGAAAGTTTGTCGAATGGCTTCAGTCAGCCGAAGAAGAATCCGAATCTGAGGACGAACAAAAGAATGGCGAGTAAGAAC
TTGGTTGATGGCTAAATGAGGATGAACACAAACGGAGCCGCCCTTTAGCATCCCCATCCAAAAATTCGAAACCAGCACCTGCAACAGCCAGTCGA
ACTATATATAAAACTCACCCCTATGAATTAATGTCATTTTGAAAACTCCACCTATATAAAACTCAAAAATTCCAACAAATAAAGGAGAGAGT
(SEQ ID NO: 1256)

Start ATG: 343 (Reverse strand: CAT)

MSQKTERPVLSGQRIKTRKRDEREKYDPTGFRDAVIAGLEKTEGDLEQISKYLDSAGNKLDYRRYGEVLFDILIAGGLLVPGGSISQDGEKPRTS
YCIFDAPESMESMRNHEQVFVKLIRRYKYLEKMFEEEMGKVLLFVKGFTPSERIKLARMTALWLVNGSVPPNVLLVLNNEHLIKDGIALEFLLEL
FQTFKQEKGIAYLIQALKKGGLESKLMDFFPPNKRTEEYFKQVFLDKELNEIVKLHKAQASQEAKRELQQALIDDINDEKPYNEITSDIKDFSQR
TNIPDHEIIVIIWSTIMSLGEWNKKEELVTDQAVRHLKNYCPLLQAFASTDRSELALILKVQEFCYENMNFMKAFQKIILLFYKTEVLSEEIILR
WYKEGHSNKGKMHFLEQMRKFVEWLQSAEEESESEDEQKNGE*
(SEQ ID NO: 1257)

Celera Sequence No. : 142000013385192
TGCTTCGACGACCTCCTGGTTGACTACCAGACCAGGTACAAAATCGAAAAGATCAAGGTAATGGGTTGGACCTATATGGTGGCCTGTGGCCTCGA
AACGGACCACTACACGGACTTCTCCATCGACATTCCGGTCAAGCAACCGGAAGCTGATTCCGAAATTAGACGAGGATCCAGCGGTGACTATTTCC
CACGACTAGATTAGAGTACAATTGTAAAAGGTACATCTATTCAGTTCTGACTGTCCATTTTGGAAGTACCGAGGACGATGAGATGAGCGGCGATA
ATGTCAGCCAGCCCTACGCCCAAGTGCAAGATGTCGCCGTCCTGGTGATGACCGAGTTTGCCCTGGACTTACTTCGCATCATGCACGACATTCGG
TACAACTACGTGTTCTCGGAGTACGATACATTCTTAACGGGGAGCTTGAAGATAGGTGGGCTGCATTACCTTCACCGTTATCCTAATCCATCCAA
TGATATCTAAGGCATCTCCCATGGATCCGTGATGGCCGGCGTTGTTGGACTCTCGAAACCACACTATGATATCTGGGGTCATACCGTCAATATGG
CCTCCCGGATGTCCTCCACTGGATTGCTGGACAACATCCAAGTAACTCGGCACACGGCAAAGGTGCTGCGACAATTTAACATCCGCTGCAACTAC
CGAGGGCACACGGAGGTAAAGGGAGTGGGCAAGGTGCCCACCTACCTGGTGGTCGTAGACCCGGATCTCACATTCCAAGATCACGACCAAGTGAG
CATGAGTATGAAGGACTCAAAAAGCTGGGTCATCGACACTCTTTCACTGTCATTCACCCCGAGCTTCGTGCCCCCAAAGTCTTCCACTTCGGATG
AAGAGGAGGCTGAAGGAGAGCTCGAGGAAAATGTATCTGAAGGCGATGAACTGGAGGTCTCGATACATGAGCGCCAAAAGGGAGGCATCTTTCTG
GCCGGGAACCTTCATTAATTTAAATTTATTTTAATAGATATATATATATATATATATTTATTTAAGCATATATAACACACATATATAGATGTATT
CGTACAGTTCAAAGCAAATGTTTTTCTTGAGGTTAAATACGTTATGATTTGAGCACTCGCTGAAATCATTGCACAACTGGTGACCAAAGTATACG
TATGTTCATAATTCAGAGTCATACATAGTCGTTAGGTTATGTACATGCTACAGATAATACACTCATCTTGACGAATCTCCATCTCCATCACTAAG
AAAGCACCATCCGTGTGATCAGGTTCGGTTTCGTTTGGTTTTGTGCACAGTTTTTAGCTTAAGTAAGCATTGCAGTTGATTTGGGGCATGGGCAT
AGCCCTTACTCGTTGACAGAACTGGAGTTCAGCAGAGCCGTGTCCTCGGGAATGGGCTTCCGCTTGTAGGAGGGCTCAGTGGCTAGGTAGACAAC
CAGCGCCCCGAAGACCACGTACATTACTCCAATCACATTGGCCAACACACCAGCCGGTGGAAGAGTGGAGTAAGCCGGAGTTTTGCTAGAAATGT
CGTCATGGATTAGTCAAGTGATCGATCTAGAATGCATATACACCTACATGGCGAAGATGGCCTTCTCGGTTATGCCCATCAGGGCACTAGCAATA
GCCAGAACGAATCCAAAGAGTCCGAAGTAGATGTGCAGCGGCATCATGGCGATCCTGTAGTTCTCCCTCAACCCCGGCGCCAAAAAGGCCACAAA
TCCGGCCACATACTGCAGCGAGAAGACGATCACCGCGGAGAGCCCCAGCCAAGAGTGCAGGGAGTACATGTTGGGAATGGGCGGATTGGCCAAGT
TGTGGGAATCGAAGACCGTCTTCAGGGCAATCACCGTCAGAATGAATGCACCCATGTGGATGCCGGCGTGGGTAAGCTTCAGAGTCTTCTTGCGC
GTGGTGCGGAAACCACGATAGATCAGAATGGCTGTGGGATTGAATTGAGTTGGATTACCATTTCGAAGCTAGTCAATGGGAGTGGCGTGGCACCT
CTTCCGCTGCATTTACTCACAGTTGCCATACAGGTAAATGAAGCCAATGGTCATGAACAGCGGATGCCAGTTGAACTCCACGCCGGGATTTGAGG

TGCCGGCCAGACCGCCGAAGTGCTGGCCAATCCAGGTGGCCACCAGGACGATCATGGTCAGGCCGCACAGCTGGGTGAGCACATAGAGCACCTTA
AAGTTGATCAGCGCTGGATCCATGTTGGCCTTGCCGCTGCCTGAAAAATCCAATAAAAGCTGGGGATGAGCTAAAAATAGAGGCCATTTTACGCA
CAGCACGCATTGGCGATCTAATCGCATAACTCATTCAAGGGTAGAGATATCGGGGCATCGAAAGGGGAAGGGGATCTCAAGCACTCGTTTATATT
TTCCATACTTTTGGTTTATAGCCTCTGCTACGTAAACATGATTCAATTACATGTTCCACCTGCCCGCAGATTAAAATAACCCCCAAGCACTTGCT
GATAACATGCGACCAGAAGTTTAGGGAGCCAATAGGCTTCCCAAAAACCCACTTTAACAGTTGTACATCTGATCCGCTTCGATGGCAGCTGCACT
CGTTGGGTAAACAAACAGTTCCTTTGCCGCCAGCCATCCGATACTGCGATAAACAAGATCTCATCATATCGACTGGGCCCTGAGTTAATGGGAAC
GGCCTGTTCCCAGGCACTGGGACACACCCACGACCCCTTTCGCCGGCCACTCACCAGGCGTAATTTGGCTAATTCATGCGTAAACATTTGCGCTT
GTTTACCCAACATTAATTTTCAACGCCAGAGCGTTCTGCCCACTTTATCTGTCGCCTTATCAGTATGTTCTCCAGATAGTCCGAACATCTGATAT
TAAATCGCTTTAAATAGCATCGTACAAGTTCCTCGTGCTTGATGTTGCAGCATGATACATTAAATAAATTAAAGTTCGATTCATTTTACGGAACG
TACGGGTAGTGAAAGTAGCCGTGTTCATAGTTTGGTATAGTATAGATTGGACTTGACTAAGATAGTTTAAAAGGCTAGTAAACTTGTAGGTGCAG
ATGCACTCGATAAGGGCCGCTATCAGCCGCCCTAATTGGCGTTTGGTATGCAAATGGTGTTTTAATTTCGACTCGGGCGAATAATAAGCAAATGA
GCCAAACTGCCAAGTGTTGGCTTGTAAATTGGCTGATAAGTGCGCCGGAGACACTTGTAGCTGGCAATCGCAATTATAAATGCTGGTAACTGGCA
GCAGCCACGCGTCCCCGGTTACTCAATGGGCTCCAGTTGGAGTGCTCCATTTCGACGCAGCTCTGGGTTCCGAGTGAAATTAATTGGCACATTAG
CTGTGACTATGACTGTTAATTATTAGGGTTAAGTGGGCGTGCCAAAGACGCTGACCAGCAAAGCGTTGCAGCAGATCGTGCGCAAAATTTGAAAT
AAACAATCCACATAGGCGCACCAAAAGACCGAAAGTAAAACCCGGGCAGATGACTTTGGATGAATTTGGAAAAGCGTACAAGTCCGAAGACAGCG
GAGCAAAATAAATAAAGTCTGGAAAACCAAAGTGAAATTCAGCTGGTTACTGGTTACTGGTTACTAGTGGCTGCTTGCTGATCGCGGATCGTGAT
GCCGATGGTGATGGTGAAAACCGCGGCGGGGAAAGGGGACGGCTGCAGTCTGTCTTTCGGTGCGTTTTGCTTTAACTTTTACTATAACTAAACAC
TCGGCTTGTTGGTTTATTTTACTTGGCACTAATCAAACTTGCAGCCAAAATCCAATGCCATGCACAGTCTACCTGTTGGTGGTGAAGTTGCCGCC
GCCGTTGGAGTGGCCAACTCAATGCCAGCGATGGTTGTTGCAGGTTGCACTTGTTCTGCTGTCGCAGGTGTTGCAGTTGTTGCTGGTGTCGCTGC
CGCTGGCTTTTCCCCATTAGTCACCGCGATCACTGTGGTCGCCGTGGAGATGGTGGTCGGAACGGCGGCCTGTGGCTGCTCCGGAATCGCTGGCT
CCACCTGGACAACTCCGCTCTCCGGCTTGGTCGCCTGCTCCACGTCCGCGTCCTTCGACATGGTCTGTGCACTTTAAATCAATAATTCACCAATG
GTTCAACCACAAAAAGACATGCAACGTATAATGGACGGTGTTAATTGCCCTAAGACACAGCACAAAAACACTGGTAAATGCTAGTAACTAACTAC
TAGTAACTAATCCGCACGACACCCCGTTAATACAACCGAACACTTCGGCGTGCAATGCGCAACTGAATTTAAAGTTTTCCAGCCGCCGCCCGGCG
ATGGTTAGGAAAAGCTTTTTCCGCTCGCAAATCTCTCGCATGCGACATCGCACACACATATTGCTCATTTCGGTGTGGATAATTGTTTGGTTCTC
GATGCGGATAGGATTCCAGTGGGGTTGGGTTTGCTTTTGACTTTGCCTTTGGCTTTGGGTGCCAACGAATGCTGGTTAGTATGCCGGACCAGGTC
GATCGCTTCTGGTTGGGAAGGGGGTGCATTGATGATTATTTGCATTTCGCATTCCTCGGATCTATTCAAACCATTGTCACTGCGCGGCATTTCAA
TTGCGACTTTGACTTTGATGTTCTGTGCATAGTAATGGGATGGTGCAGTGGAACTGCTTCAATTGGAACTACTTTTTGCCAGAAGGAGTGGAATC
CAAAACGTAAAAGGGTTTACAAAAAGTTTTTGGGTAAAATTTGTTAGTAACAACTATTTCAATATTGTTCTTAGTTTCGAAAGTACATCTACAGT
AAAGTGAAACCTTTAAGGACAACAAGTAGCTTTCCCTCTTAAAGAGCTTAAGTTCATGCTGTGCAATAATGACTGTATGTGCACTTCAACTCACC
CAGTGAGAACAACATGGCGTATACTTGATTGATGCTTCACTCTGCTCAGATAATGCCTGTTTCAATACCGCCTGCTCTTATCTTTAGCAGCAATT
AGTGACTTTAAAGCGATGACGATGGGTTTTTCGCGATTACTTCTGATTTTCGTGGCTACTGCCACGCACTTTACTCTACTTGTTGAACAAACTGC
TTAAAATGCAGGAAGCTGGGCCTTCCATATGGAGGAAAAGCCGTGGAAATTCTGCACAGGCTGCGTGGGCGTGAAAGCCCTAAAGCCCCGCCCAC
TCTGCCGCACTTGGCCATTTCATTTGGCATTTCCACGAGCTTTTCGTTGGAAGCTCAGAACTGTAAACGCCGAAGCACACATGCAAACAAACTTT
CGGGCTCACACCACTGTAGAAAAACCACTTGTTGGATATTATATTAATGGAAAGCCACAACCAAATTATAACTGTTTGTAAACTACATTTAAAGA
CGTAGTTGAAATAGAAACAGGTAAACTTACAGATTTGAAATGAATCAGTAATCCAATAATGTGTTTTGTTTGGAATATTTCCAAAATGTCTTCAA
CGGAAGAGGCAAGAACACAAACAGAAACGGCACAAACACAAAGAGATAATTTGGCAGCATAAGAGAGCGGAATGCTGTGCGAATTTACTACGTCA
GCATTATTATTAACAAGTTAAACTTAAAGCGGCACATTCATTGATACTTAATTTAGTACAGCAAGTCAAGGACACGGTCAAACTTTCACTATCAA
AGGGTTTTAAACTGTAACTCGATCTGTTAACCGCTTCGATTTTCTGTTTACTCATTTGGAAAAAAGCGGGACAACCAGGGATGCGAGAATCATAC
TGTAGCTGCGTGTGCTGAAAAAATAGTGTGCATTTAATATACGTTCACATGATGATAGAAAGTACTGACTGTGTGAGTTTTAATTTTAAAAATTT
ACAAACTTTATATTCATATTTAACTAGAGCTTGGAAAACATTTACTTCGAGACCCTGGATTCCCTTATGCCGCCAGTGTGGCCCATTGAGCACGA
CTGAAACACGCTAACGCCTTTAGCTCGGCAGCACTGGCAGCTCCAACAAAAAGCTTCAATTTAAAATAATATTTAGGTAGTCCCACAATAAATGC
TAACAAAATGCT
(SEQ ID NO: 1258)

Exon: 4997..4845
Exon: 2225..2016
Exon: 1931..1568
Exon: 1510..1001
Start ATG: 4860 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT42934
AGCCACGAAAATCAGAAGTAATCGCGAAAAACCCATCGTCATCGCTTTAAAGTCACTAATTGCTGCTAAAGATAAGAGCAGGCGGTATTGAAACA
GGCATTATCTGAGCAGAGTGAAGCATCAATCAAGTATACGCCATGTTGTTCTCACTGGGCAGCGGCAAGGCCAACATGGATCCAGCGCTGATCAA
CTTTAAGGTGCTCTATGTGCTCACCCAGCTGTGCGGCCTGACCATGATCGTCCTGGTGGCCACCTGGATTGGCCAGCACTTCGGCGGTCTGGCCG
GCACCTCAAATCCCGGCGTGGAGTTCAACTGGCATCCGCTGTTCATGACCATTGGCTTCATTTACCTGTATGGCAACTCCATTCTGATCTATCGT
GGTTTCCGCACCACGCGCAAGAAGACTCTGAAGCTTACCCACGCCGGCATCCACATGGGTGCATTCATTCTGACGGTGATTGCCCTGAAGACGGT
CTTCGATTCCCACAACTTGGCCAATCCGCCCATTCCCAACATGTACTCCCTGCACTCTTGGCTGGGGCTCTCCGCGGTGATCGTCTTCTCGCTGC
AGTATGTGGCCGGATTTGTGGCCTTTTGGCGCCGGGGTTGAGGGAGAACTACAGGATCGCCATGATGCCGCTGCACATCTACTTCGGACTCTTT
GGATTCGTTCTGGCTATTGCTAGTGCCCTGATGGGCATAACCGAGAAGGCCATCTTCGCCATCAAAACTCCGGCTTACTCCACTCTTCCACCGGC
TGGTGTGTTGGCCAATGTGATTGGAGTAATGTACGTGGTCTTCGGGGCGCTGGTTGTCTACCTAGCCACTGAGCCCTCCTACAAGCGGAAGCCCA
TTCCCGAGGACACGGCTCTGCTGAACTCCAGTTCTGTCAACGAGTAAGGGCTATGCCCATGCCCCAAATCAACTGCAATGCTTACTTAAGCTAAA
AACTGTGCACAAAACCAAACGAAACCGAACCTGATCACACGGATGGTGCTTTCTTAGTGATGGAGATGGAGATTCGTCAAGATGAGTGTATTATC
TGTAGCATGTACATAACCTAACGACTATGTATGACTCTGAATTATGAACATACGTATACTTTGGTCACCAGTTGTGCAATGATTTCAGCGAGTGC
TCAAATCATAACGTATTTAACCTCAAGAAAAACATTTGCTTTGAACTGTACGAATACATCTATATATGTGTGTTATATATGCTTAAATAAATATA
TA
(SEQ ID NO: 1259)

Start ATG: 138 (Reverse strand: CAT)

MLFSLGSGKANMDPALINFKVLYVLTQLCGLTMIVLVATWIGQHFGGLAGTSNPGVEFNWHPLFMTIGFIYLYGNSILIYRGFRTTRKKTLKLTH
AGIHMGAFILTVIALKTVFDSHNLANPPIPNMYSLHSWLGLSAVIVFSLQYVAGFVAFLAPGLRENYRIAMMPLHIYFGLFGFVLAIASALMGIT
EKAIFAIKTPAYSTLPPAGVLANVIGVMYVVFGALVVYLATEPSYKRKPIPEDTALLNSSSVNE*
(SEQ ID NO: 1260)

Celera Sequence No. : 142000013384600
TCTTTTTAGTAGTACATTTAATGATCACCTAACAGGCAACAAAAATCCTAAAAGGCACTCACTAATAGATTCCCTTCTCGCCAACAGGGATGACC
GCCTTCGTACTGTGCATTCTGGCCATGTCCTCGGGACTGGCTGCACTTTTCTCCAGCCGCATCAAGAAGCTAATCACACCATTGCTGAACAAGAC
GTTCCACAACTTCCTGGGATTCGCGTGCTTTGTGATCGCACTGGTGACCCAGTACTATGGCTACCAGACGGGCTACTTTAAGAGCCGAAGTGAGA
CGGATTTCCAAATCCTGATGAAGTGCCTCACCCTCATATCGTTGGTCCTGTCGAGCTACGGACCGATGAAGGCACTCTATCAGAAATGCAAAAAT
ATATCGCAACAGTTTTAGATAGGATGAAAAGAATCACTCGAATGTATGTAGATAAATAAATGTAATTTTTTCTAAAACCCCATTTTATCGACCTA
TCCAACTATACCAACAACGATTCAAAATTTTATACCTGTTTATTGGTACAACGTGTGATCCATAAACATGACTAAGTATTTTTACAATGCCTCAT
TAGGGAAAACCCGGTTAACCAGCGGTCAGACTTTCATCGTCCGGTACTCCCCCCTGTAAAAGTTATATAACCACCCTTTTGATTGATTTGATTTG
ATAAGGTCTGAAAAAGTAATGAATTGACTATTAGATACACTGCAATTTGCATTTAAGTTTAACCGCTCACTCAAAAAGCCAGCATTTGAATTAAT
CAATCAAAATTATGATCATTTATAATTTAAGTTATACTATTATTCATTTTCCTATAACAGCATTGGGTAGCATGCATCATTTTAAAATCCAAAAC
ATGACCGGGTTTTTTATCTGATCGGTTTGTGACACTTGGAGGCCGCATAATTGATAGTAACTGTCCCAAATAAGTCCAAACTTTTGAAGCCCCGT
AAAAAGAAGATCTTGACTTCCGGCACCTTAAATTAAAAAACCGTGTATTTTGCATGGTGCAGTTTCGTATGTTTATTTAGAAAATCCATATCATT
TCTTCTTAAATCTCTCGCAATAAATAATACTTGGCGCGTGTGTCGCGTTGTGTGTGTGATACGTATATCAGTTAGCAGTAATAATAAATAGCTAG
CGTTAGGTATTAAAATTCATAGTCAATTGGGTAATACAAGGCTGTCTGGCTTTAAAACCCCCTTTCTGGGTAACTTTTGGTAAGAGAAAGTCAAG
ATCTCTATATAGAATCGGGTGAACAGATCTTTAGCATGCGGTAGGTAAATAGGAGTTATCAGCTATCGACTAAAGCCCAGTTAAGAATTGTGTGT
TGGGCAAGGCATATTCGAAATTCGACTTTCTATATCTTTTCATAGTTTCCATAGTTCGCTCCGCTCACAGCTTGTTGCTGCGTCGAATGGCGAAG
GACATTAGCGCGTGCTCCAGCCGCATGTGGTAGGGTAGCTTGCGCTCCAGAATGACTGGCTCCTGGCCATCTGGACAGCACCGGTTGCGGCAGCA
CTCGCACTGGCCGTCGTCATCGTCGTATTCCTGCTGCAGTTCCTGCTCCAGTTCGTAGGCCTTCTTGGCAGCCCGCTGCTCGAAGCGCAAATAGA
AGGCCAGGCAGACAAACAGCATAAATACCAGGGCACACATGGCTCCACTGGCAATGCTCGCCTTCTCCAACATCGGACGCGGCCTCTTGGGCAGG
TAAGTATTGTCGATCTCCTTGTATTCGCATCGCTGTCCCATAAAGCCAATCGCGCACTCGCAGCTGTAAACCGGTAGATCGGCTATCTTCACCGC
AAAGCAATGGGCATCGTTCAAACAGTACCAGGCATCGAAGGTTTCCGGACATTTGTATGTGGGGAATGTAATATTGGGCCTGGGCGTGGTCGTCG
TGGTGGTGCGCATTGTGGTGCTACTAGTGACTGGAGCCTGGGTCGGCGGCAATGCCGTGCCGGACATGGACGAGGAGATCGAAGAGCGCGGCTTG
GGCACCGTACGGCTGGAGCAGGCCTCGACGTGCCACGGATGTGCCAGACAGCCGATCAGTACCAGGGCAACCAGCCCATGTTGTACACTCATTGT
GGAATGCATTACAATTTGTAGCTTTTTAGCGTAGCGTATCGGCTTGTTCGTTTTTTGGCGTGCAACGTTTGGTTGTTTAAAAGCTTAAGAATATT
AAAACTAGTGACTATCACATAAATAAATTAGAATATTCGTTGTCCGCTGCTAGGGCGTCGTCAAATCTCTTTGGAATCGGGTTTCTCTACATAGG
TATGCTGCTGGTGGAACGTAAACGTTGAGTTAGGGGTGATGTGTGTATCTGTGGGGAAGATGGAAAGACATTAGTGGCCAGTAGTCTCCAAGCAC
CATCGATGGTTTTTAACTCTAAAACTGTGTACTCAACAGAAGGGGGAAAATCAAACTGCGTAAAATCATAATTATATATGTATGTATTTATAAAA
GTATAAACTATAATAGATCGCTTTGAATAGTAGTTATGTTACAATCAGCAAATTTTACTCCTTTCTTCACATCCAATTCACTTTCGGTTTAAAAT
TTCATTTACGTTGTCTCCCGTTGATTATCCTAGCTCATCAAAGCTGGCTGTGATATGCGTTGGGTATCCATATCACAACCACTTGATGAGGCTTA
GATAATCAACATCGTACAGGTAAGGAACAGTTTCCTTAACTTTATGAATTAGTAACATGGTTAGTAACAATATTGCACCGCATGTGTGTAAGTCA
GTTCGATAGGGCCCCCTAAGTCTGAGGTGCCAGTCCACCAGTTGAGCCATTTTTCGGTGCTGTGGCATGCATCTGTCCCCCGTTGTTCCGAATTC
AGATCTCTGTTAGCCGCGTTTATTTTCCGATTGCATTTCACTACAAATATTATACAGATTTGAGGCGGACATAGTGTGTTTTATTTATGATGGGC
GTGTGAATTATGTGGCGGGAGGTATTATTATGATTTGATGTACGATACATTACGCTAAGCTCATCAAAGCTGGCTGTGATATGCCGCGCAAAGCG
GAAATGCATTTCACAACCACTTTGAGAGCCCAGCATGAATGCGCCAATATAGTTTTATTGATTGAGGTTTCGGGATACTTGACTGCGGGAGTTCA
GAATTTTCAATTTTGGTTTTCATGCTCATGTAATGATATAAACAAAATCAGACACTTGTTACCGTTTTTATACTTTTTGTGTTCAATTATGCTTT
TTTTTTGGAATTTTCAAATTGTTTTTTGATTGATTTTTTTTTTGCCTTGAGCATCGCGTCGCTCCTCAAAGCTGGCTGTGATATGAATAGGCATA
AAAAGGCAAACATTTCACAACCACTTTGAAGAATGACACAATTCTCCTGTTTCGATTCGATGAGAGCCGAGGTGCAGATTCAGATTCAGATTCTT
CTAGGGGTCTTTTTGCAACGTTCTCACGGCCGTCGGCTTTGAGCCTTGTACTTTTTTGCAGCCACGGCACAATAAACAAATATGAAAAAAGTACG
TAAATAAATAAATGCGACGACGAGACTACAACACGATGATAATGACGATCATGACGACGACGACGATAATGATGATTATGATGATGAGACTACTG
GTACTGGTGATAGATAATACGCAAATGTTGATTGCAATGAATGGCGACAGAGCGAGCGCAAGTGAATGGGACAATTTCGTACATATCTACGCTAT
AGACTGGCCATTGTTTCAACAACAACAACAAAATTCAACAGACACAAACGCACACAACACCGAAGAACAACACTGAAAGAGGGCAAAAAGCAATG
CACCCCAAATAATTATAATAAAAATGTAAACATAATTTTGGCGCCAGCCTTTGGCAATTTGACGCCAAATTTGTTTTTAGATGATTTCTGAGTTC
AAGTTCGGGAATTCAAACTGATAAGAAATGCAAACGATGAATAACAAAACGGAAGAACCGAATTCAGTTGATCCTCCAGAAGATCATTTAAATAA
TCGATTTTATCGAAAAATTTTAAATGCATTACTGACGAAGTTCAATCACTTTAAAATGTGAGCAAAACAAAAACTTTTTATATGAAAAGACGAAT
GCTGTTCACCATTTCGAGCGCCCACTGTGGTGCAATGCAAAAACAGTTATACGTTGGGTGTGGAGACTTATTTATGTATTAGAATGCTTTTACGG
TTAACAATTGCTGCACTCTCTACCCTCTCTTTCTCGCTCACGCGCGGCAAGCGGGCAGCTTATTAAAATTTCCGTTATAAAAATTAAATCCACCG
CCGCTGCTTTTATGTTCATAAATACATGTGATACGTCGCATGCATGTACACATGCACAAATGTATGTATATACACATGTATGTGCGTTTGTGTGC
GAGAGGAAGTCGAAGTAAGGTAATGAGCGTAAAGTCAAGTTGAATAGCCATATAAAATGCGCTGAACTTGCGAGCGTGTAGGTCAAGATCAGCGG
CGGCCGTTTATAATATTTTGTTGGTTTTCGCAAATAGCAATTGACGAAAGTTCGATGATCTTGTAGTACATTTCAATAATGGGGGAATGAGCCAA
CTAGCACGATAGCAACAACAGCAATATATACAAGCATCACAATAATTACAACAGCAACAACAACAACGATCAACTATATTAGAGTGTGGACGGCA
AAAAGTGTGCATACATACATGACAACAAAAACACCCGCTAATAAAAAATACTGTTGTGGCTGCTTCTTCTTCTGCTCTTGCGTCTTTTACAACTT
CTTCGGCAAGCCAGTTGTTGTTGCTGTAATTTTCATGTTGCCTTGCTCTCTTTCATTCTTGGGCGTCGCTGCGAGTTCGTTGGCTCTTCTCGTTT
CTGTATGTGTGTGTGTTTAGAAAACTGTAAGGAAAGCAAAGTGTGTGAAAAATATGGTTAAGGTAAAAAATGCCAATACAGGAACAACAACACAG
CTCGCTCTCTTTTCTCTGCCTGCAGTTTCGAAAAAAAATTTACCGGTTTTTATGTTTTCGCAAAAAAGCTCAAGAAACAAGTCCTACAAGTTTTA
AATCGAGAGAGGAGAGAGCAGAAAAGGCGTGAGAGCCCAAAGAATGCGCATTTAGCAGAGACAACAACCTTTTGAGGTGTGTTGCGTATACGTGC
ATATTCGCACACACACACCACCAACGCTTCAGCTCTCGCTCTCTTTTTCTCGCTTCGCCATCTCACTCTTACTCCATGCCTTTCAGGGGATAAAT
TATGTATGTATATATGTACCATGCGTGTGTGTGTGCGCGGGAATGTTGTGAGGAATTCTAAGAATTTTGCACAAGCGACAAATGAAACGGGGCGC
GGACCACACATACATATATGTATATTCCAAAACCAAACAAAAGTTTTAATAGTTCAAAAAGAAAATTGATTATGCGTCGGTATGCGAGAAGCGCC
AACAGCCGAATGCGAAATATATCACACCAACACAAATACAGTGAAAGCAGAAAAGACGCAGAAGATGGGAAAATTCGAAGACACCGCGTGTAGGC
GTTAAAACCTATTTTTTTTGCCCAACACCAAGCTAAATGAAACACTGCTCACTAAAACACCAATTCACTATGCTTTATCTTCACAAATTACCAAC
TGTTTGCATTTAAACTTGGACAACATTAGGGGGCAGAACGCCGACAACGCACACCGCGCACACGAAAAAACACAACCGCACCGCCAAAGATTCGA
AAACCGAATGCCGAACAACAACAAAATTGGTTCTGAAGATGGAGGTGTTTTTCAGCAGAGCGAGATTCCCTGGCTCACGCTGAGCGGGAGAGAAC
GAGAGCGACAAAGTCTCTCCTCTAAAAATGCGGCATAATAACAACAAAGTGGCGAGCGGCTTTCGAGCTCATGCTGTATGTTGTTGTATACCCGT
TACTTGGAGAGTTAATTGGGTATACGGTGATGGGCTCTTAGGCAAAGAATTTTTCCAAAATACACTTTGCATAATTACTCAAATAAATTGCCTCA

GAAGCTACTTTACTCGTTTAAATCTTAAATTAATATTATTCCATTAATGTCAAGCCACACAATACAAAATTCAATAGGAATCACTCACCTATAGC
TGTCATTGCAAACAAATGATATTACCTATTGGACTAAAGGGTATATCTGAGTAGTTACGCTTCGTAAAAAGGGCTCTCTCTTGTTTTGGTTTTTG
TTTTGGTGTTGCCAGAAGATTTCGCACGATGTAGGATCAACATGTTATTGACACGACGTCGCCGACGCCGCCACTTTTAAGCTTGGCGGAGCAAA
AGGCACACAAACAAGAAGCGACGCAGAGCGGCGGTGCAAAAGCACAAAAAAAAAGAGGAAAAATGCGCTCGAGAGCGGAGGGCGTGGCGGTGCGC
AGGGGCGGGGCAGGTAGCCGGACAAACAGGACGAACAGGATGAAACCCAGACGAGTTCGGCCCCACTGCAGATTTCATGGAACTGGCCGAAGGTT
GAGGATGCGGATGCGATGCGCAGGCGCGCAAGTAAACAACATTCCATTCCTCGGGAAATTTCTTCTGGCCGCTCGAGAAGCGCGCCAAAAATAAA
GCTCCGACCGATGTCGTTGCCATAAATATTGCTATTTTGACTTTCCAGATTCTCGCGATTCAACGCCCCTTGAAATGGGAGCAACTTGCTGGAGA
TTCGCGTATCAGGGCTGGAAGAGGGTTTCTCCAATAACTGCAC
(SEQ ID NO: 1261)

Exon: 5693..5602
Exon: 2328..1001
Start ATG: 2087 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT43122
TTTGGCGGTGCGGTTGTGTTTTTTCGTGTGCGCGGTGTGCGTTGTCGGCGTTCTGCCCCCTAATGTTGTCCAAGTTTAAATGCAAACAGTTGATA
CACACATCACCCCTAACTCAACGTTTACGTTCCACCAGCAGCATACCTATGTAGAGAAACCCGATTCCAAAGAGATTTGACGACGCCCTAGCAGC
GGACAACGAATATTCTAATTTATTTATGTGATAGTCACTAGTTTTAATATTCTTAAGCTTTTAAACAACCAAACGTTGCACGCCAAAAAACGAAC
AAGCCGATACGCTACGCTAAAAAGCTACAAATTGTAATGCATTCCACAATGAGTGTACAACATGGGCTGGTTGCCCTGGTACTGATCGGCTGTCT
GGCACATCCGTGGCACGTCGAGGCCTGCTCCAGCCGTACGGTGCCCAAGCCGCGCTCTTCGATCTCCTCGTCCATGTCCGGCACGGCATTGCCGC
CGACCCAGGCTCCAGTCACTAGTAGCACCACAATGCGCACCACCACGACGACCACGCCCAGGCCCAATATTACATTCCCCACATACAAATGTCCG
GAAACCTTCGATGCCTGGTACTGTTTGAACGATGCCCATTGCTTTGCGGTGAAGATAGCCGATCTACCGGTTTACAGCTGCGAGTGCGCGATTGG
CTTTATGGGACAGCGATGCGAATACAAGGAGATCGACAATACTTACCTGCCCAAGAGGCCGCGTCCGATGTTGGAGAAGGCGAGCATTGCCAGTG
GAGCCATGTGTGCCCTGGTATTTATGCTGTTTGTCTGCCTGGCCTTCTATTTGCGCTTCGAGCAGCGGGCTGCCAAGAAGGCCTACGAACTGGAG
CAGGAACTGCAGCAGGAATACGACGATGACGACGGCCAGTGCGAGTGCTGCCGCAACCGGTGCTGTCCAGATGGCCAGGAGCCAGTCATTCTGGA
GCGCAAGCTACCCTACCACATGCGGCTGGAGCACGCGCTAATGTCCTTCGCCATTCGACGCAGCAACAAGCTGTGAGCGGAGCGAACTATGGAAA
CTATGAAAAGATATAGAAAGTCGAATTTCGAATATGCCTTGCCCAACACACAATTCTTAACTGGGCTTTAGTCGATAGCTGATAACTCCTATTTA
CCTACCGCATGCTAAAGATCTGTTCACCCGATTCTATATAGAGATCTTGACTTTCTCTTACCAAAAGTTACCCAGAAAGGGGGTTTTAAAGCCAG
ACAGCCTTGTATTACCCAATTGACTATGAATTTTAATACCTAACGCTAGCTATTTATTATTACTGCTAACTGATATACGTATCACACACACAACG
CGACACACGCGCCAAGTATTATTTATTGCGAGAGATTTAAGAAGAAATGATATGGATTTTCTAAATAAACATACGAAACTGCACCATGCA
(SEQ ID NO: 1262)

Start ATG: 334 (Reverse strand: CAT)

MSVQHGLVALVLIGCLAHPWHVEACSSRTVPKPRSSISSSMSGTALPPTQAPVTSSTTMRTTTTTTPRPNITFPTYKCPETFDAWYCLNDAHCFA
VKIADLPVYSCECAIGFMGQRCEYKEIDNTYLPKRPRPMLEKASIASGAMCALVFMLFVCLAFYLRFEQRAAKKAYELEQELQQEYDDDDGQCEC
CRNRCCPDGQEPVILERKLPYHMRLEHALMSFAIRRSNKL*
(SEQ ID NO: 1263)

Celera Sequence No. : 142000013384827
GTTACGGTGCTTTTTTGCTCGTTTCTTTTGTGCACTCCTTCTATGCGGTGCCAAATATGAGGAGGTACCTGAAGCTTGGTTGATTTTGTGAGTGT
CTTTTTCCACAGCATATTTTTGTGTATTGGCTACTTTAAAAATTCTATTATATCGTTGTGCTCGTAATGTTGTCCATTCCTTTTAAATATTTTCG
AATTAAATATACCATAGATGTTTCCCTATTACCATAATAGTTTAATAAATATACGTATATGAAATTTTTTTTATCCTATGTTAGTATAAACATGT
TATTCAACAAATAAAAGTAGGTCAGAGGTAATCGCCATCCAGCTCCAGAAAGAGGGGGGAGCTGATAAGATTGCGTTTATGTACCTAATGGGTTG
GGTAAGTGGCTTGGTTTCACAAACACCCTTATTTCAGGTACAAAATAAGTATGTCATAGACGGCGTAAAATTGATAAGATTTTAAAGTCAAAAGA
AAATGAGTTTATTCGCCTGTAACTGCGTTAGAAATCCAAATACACCCGCAATATTATATGTATAGAAAGAAAAAGTTTGATGCAACAACAAATTT
AAAGTTGTTTGGTATTTTGTAATGGAAAGTTTGTGTCACTAAATATGGTTTTACTTGAACGCAGATTGGACATGGTCACACTGCCCACAAAATCA
CGACATTGCGTTATAAATGAAGCACATCTAGTTTTGTGTTGAAAATGTGGTTCACAATTTATATAGCAGGTTATGGTAAAACATCGATCGTTCCG
AAAAATTCCGCTCGTTGGCACATTTCCTAAATTTTTCGTGCGACAGCGGTGATTAATTACAAAAATTATTATTATAATTATATAAAAGTTGGCGA
CCATATCAAAAAGGTTGCTATAAAAACAAATGACAATTTATAGCGGAGTTTCACTCCCAAAGCGATGTTCTCCACCCATTCCAGTCAGTCATGGA
AAATATACCTTCTAAAAAATATATGATTTTTTCGATAGAGATACACGGGCACACTAGACCCACCGATCGCGACTTTGTGTGTGTTAAAATGACGC
GCATATCGTTTTGGGCTAATAATATTGTTCACGTTTTATAAAACAGATACACGGTTAAGCTCTGACCGGTCGTATTATTATCTGTGTGTTCTTGG
TTGACACGTTTATTTCATTTATTCTCATTTAAAGCAACGATGTGAAGAACAGTGCGGGCGTTTCTCAACATAAGAATACATACAAACTTATGCGT
GATGGTGAGCAAATAAAATAGTTCAAAAAATTACTCGGCCACCGCCTTAACCGTACAAACGGAAATACATAAAGGTAAAGGGCTCAACAACAGTA
TTACTGATTAGGCAATTGATTTATATTTCAAACTTCTTAAATAAAGTGTCCACAAATATGTATGTTCTTAGCATAGAGGCGTAGTCGGTGAGTCA
GCCACGCCAACAGTTAACAGTCGTCATTTTGCTGTCTGTCTAACACGCAATTTGTGTGTGTATATGTGAATAAACAGATACCGGTATGCAATCGC
AAAGCTGGTCAACTGTAAAGATCGGTATGTACTCAAAATTAGGTCATCACCTTGTTATGCAGATACATTTGGGAAACAGTTGACTTACTTGGTAT
TGGTTATCAGCCGAAAAGCAAATGGTGATACGGTTTTGCACCTCAGCTTACTCACGGATACATACCTACGTACATAAATGTATGTATACGGTATA
CAGTCTTAGAAAAAATATTAGTACCGACCAGCTAGCGTTTGCCTAAAACGCTTTTACAAAAATAAACGTATATGTTTTAAGTTGTTTTTTGTCAT
AATTAATACATTTATTATTATTTATTTATGAATTTCAGAGCTTTAATAGTAACTAAATTGTTTAAACAAACTTAAAAAAAGATTTCCAAATAAAA
AAATATTTCGTGTGCGTGACGGAATTGCTAGTTCATTAAAGGGAGGTACATATGTACATACATACACATTGCAAAGAGTACAGATCGCTCATCTT
GCATCTCATTTTTCCTAATGTACATATACATATGTACAAACATGTTTATTAAACTGCCTACATGCAAATCTTTGAAGTTTTAAGAAAATAAGCAC
AACTAGTTTGGAAAATCTTGGGAGCCAAGATCTATCTGTCCACTGAATTTCCTATGACCAAGAATGTAAAACCCTTTTTGTTAAACAAATTTTGA
TTAAAGTATACCAGAATAATATTAAACGTATCGTCCGTATCTATAAAAGGTATTAATAGTATTACCTAAATTTAATTTCTCGGTTTTATTCATAA
GAGTGAAAAAATATACAAGTTCCTTTTTAATTTTTTACTTATTGAAAATGTGATTAATTTTTATTTATTATTTTCAGTTTAGAATAAATACGGCC
ACAATTAGTATACATATTTATTCATCGAAACCAACCCACCACAAGAGCATAACCAATTATGTTAAAGTTTATCAGAGGAAAAGGGCAGCAGCCCA
GTGCTGACAGACACCGCCTACAGAAGGACCTTTTTGCTTATCGTAAGGTACAACAAACAATTTTCTCTTTCCATTCTATTTTATTTTTTTTTTTT
CGTATATGTAGCCGATTGGTATATTTTGTGGGGTGTCATTTATTTTGATCCTGGGTGGTAAATACATTTTTATGGAAGTTAGAAGAAAGCTTATA
ATTTATTAAGAATAAATAAATACCTCCTTTTCAATCTTTTGTTATGTCTTCTCCTATGTGCATACTTTTGGGCATTAACATTTAGGTAAATTTTT



TCCACCGCAACTACAAGTAAACCGCATACACACACAGTATTTTGTAGACTCGCGCCACAAAGCACCGCATAAAAAAGGTTACGGTGCTTTTTTGC
TCGTTTCTTTTGTGCACTCCTTCTATGCGGTGCCAAATATGAGGAGGTACCTGAAGCTTTGTTGATTTTGTGAGTGTCTTTTTCCACCGCCTGTT
TTTGGCTACTTTAAAAATTCTATTATATCGTTGTGCTCGTAATGTTGTCCATTCCTTTTAAATATTTTCGAATTAAATATACCATAGATGTTTCC
CTATTACCATAATAGTTTAATAAATATACGTATATGAAATTTTATAAGAATTTTTTTTATCCCATGTTAGTATAAACATGTTATTAAACAAATAA
AAGTAGGTCAGAGGTAATCGCCATCCAGCTCCAGAAAGAGGGGGGAGCTGATAAGATTGCTTTTATGTGCTTAATGGGTTGGGTAAATGGCTTGG
TTTCACAAACACCCTTATTTCAGGCACAAAATAAGTATGTCATAGACGGCGTAAAATTGATAAGATTTTAAAGTCAAAAGAAAAAGAATTTATTC
GCCTGTAACTGCGTTAGAAATCCAAATACACCTGCAATATGAATCAAACAAAATCAACTCATAACGAGATCTGATAGCAACTTCTTAAAACTTTT
TTTGTATAAAAATACAATTTATACAATTAGATAAGATTTACCAAACCTTTTTTCGATCAATGTAAATATAGTATGATAGTAGGGACTGCTGTCTA
CAGTGATGTTTATAAGAGACATACTTAAGAGCAGCATTTAAAGCTTTGGGCGCTTTTTGAACTTAATTTAAATTCAAACCTCAATATTTATTGAG
GTTTTTATTCCCGTTAATTGTAAAGAAAAATGCTGTATTAGATTCGGTAAAAGTATGTAAATGGTTTAAGAAAGCGTTCCCGACTCTATAAAGTG
GCAAGTAATCTGACGATTTACCAGATCTTGGGAACTGAAAAAACTAGAATGTTTTGGAAAACCCTTTTACAATTAAGAAATGAACCAAACAATTT
TGAATTATTAAGAATCTGTAATTGCTTTTTGAAACTTTTTAATATTTTTTTCTTTTAGACGGCACAGCATGGCTTTCCTCATAAGCCTTCGGCTC
TTGCGTATGATCCAGTTTTGAAACTTATGGCAATAGGGACGCAAACAGGGGCTTTAAAAGTTTTCGGTCAACCCGGAGTTGAATTGTACGGTCAG
CATACTTTGTTAAACAATTCAGCATCGGAGCTTAATGTACAATTACTTGAATGGGTGTATGGAACTGGTCGCATACTTTCGTTGACGGCAGCGAA
TCAATTAATTCTATGGGAGCCAGTTGGAGCAACGTTGCTGCCAATCAAAACACTACCGTTTGACGGCAAACTTAAAAAAGTTTCATCGCTGTGCT
GTTCTCTCAGTAAGGATCTGCTATGGATTGGAACAGAAGGTGGAAACATCTATCAACTGGATTTACATACATTTACCATTAAGGAGCCTGTAATT
TACCATGACGTTGTGCTAGAGCAGGTGCCACCAGCCTACAAGCTAAATCCTGGTGCAATTGAGTCAATCCGCCAACTTCCAAACTCCCCTAGCAA
ACTTCTAGTTGCATACAATCGCGGCCTTTGTGTTTTGTGGGATTTTGAAAGCGCATCTGTCCAGCGAGCATACATAGCCCCTGGACATGGACAGA
GCGTTGGTCTTACAGTGAACTTCGAAGGATCTGAATTTACCTGGTACCACGCTGATGGTTCATACGCCACTTGGAGCATAGATAACCCAGAACCG
CCGTCGAATGTTAATTATGTGCCTTATGGACCTGATCCATGCAAAAGCATAAATCGACTGTACAAAGGCAAGCGAAGGTTAATATAACTTAAACA
CAAAGTTTTTTAGATGTGTACTAATTTCTCGTTCTTTTAGATCCAACGATGTAATTGTTTTTTCCGGCGGCATGCCACGGTCAGCATATGGTGAT
CACAATTGTGTGTCCGTTCACGCCAGCGATGGACACAAAGTGTGTCTTGACTTTACGTCTAAAGTGATTGACTTTTTTGTGACCTTTGAAAATAA
TAGAGATGTCGCTGAAGTTCTTGTTGTACTACTTGAAGAGGAACTCTGCGCTTACGATCTTACTGACCCTAATATTTGTGCTATCAAAGCGCCAT
ATCTTCACTCTGTCCATGCATCAGCTGTCACTTGCAATTACCTTGCTTCTGAAGTCGTACAGTCGGTATATGAAAGTATTTTAAGAGCTGGAGAT
GAACAAGACATTGACTATAGCAATATTAGCTGGCCTATCACTGGCGGTACTCTCCCGGATAACTTAGAAGAATCTGTAGAAGAGGACGCGACTAA
GCTTTATGAGATTTTGTTAACTGGTCACGAAGATGGTTCTGTTAAATTTTGGGACTGCACTGGAGTGTTGCTTAAACCAATTTATAATTTTAAAA
CTAGCAGCATTTTTGGAAGTGAGTCAGACTTCCGAGATGACGCAGCTGCAGATATGAGTGCGGAACAAGTCGATGAAGGAGAACCGCCATTTCGG
AAATCAGGACTTTTTGATCCTTATTCAGATGACCCTCGTTTAGCAGTGAAGAAAATAGCATTCTGCCCAAAAACCGGACAACTTATTGTTGGTGG
CACAGCGGGCCAAATAGTTATAGCCGACTTCATAGACTTACCCGAAAAAGTGTCTTTAAAATACATTTCAATGAATTTGGTCAGCGATCGTGATG
GATTTGTGTGGAAGGGTCACGATCAGTTAAACGTGCGATCGAACTTATTAGACGGAGAAGCAATTCCTACGACGGAACGTGGTGTAAATATATCG
GGAGTACTGCAAGTTTTGCCGCCAGCCAGCATAACATGCATGGCACTCGAAGCAAGCTGGGGCCTAGTATCTGGTGGGACTGCGCACGGCTTAGT
TCTCTTTGACTTCAAAAACTTTGTTCCAGTATTTCATCGCTGCACTTTAAACCCAAATGATCTTACTGGAGCAGGAGAGCAGCTGTCTCGTCGAA
AGTCTTTTAAGAAATCATTGAGGGAGTCATTTAGAAAGCTTCGCAAGGGTCGATCGACCAGGACCAACCAGAGCAATCAAGTACCAACAACGGTT
AGTAAGATAATATATACTCAACTAGTCTTTTATATTAAATTCACAATCCTACAGCTGGAAGCAAGACCCGTCGAGAGGCAAATAGAGGCTCGTTG
TGCAGATGACGGGCTAGGATCCATGGTGCGATGTTTACTATTTGCCAAAACTTATGTTACTAATGGTAATCAACATTTTGTACTGTTATTAGTTT
TGATGTAACGATAAAAAAAAAAAAAGGTAACGGAAATAGTCTCTGAACCACGGCCTCGCGAGAATTGAACCCAAAAGCTAAAAACATACAGTGCT
TTTCATTTTGGGACGCCCAGAGCTTTAATTATATTTTTGTGCAACAAATTTTTATGCATTGGATATATTGATCAAAGTTTTAAAGGTATATGTAT
TTATGATCAGTTTAAACAGCCGACTACATTTGACTATGTCCGTCCTTAGAAAGAAATTCAGTCATTACAATATTCCTTGCTAGTCTATCGATATG
CTATAAGTGTTAAAAGTGCTTTTGCATTTACTCTGGTTTGACAATATATTTTATTGATATTGATTTCGTTTCATTTACTAGTTGGAAAACAGTTC
TTAAACTAATTAAATCATAGTCTTTTTGTTTTCGCGATTTCGATCTATATGGCAAATTTTGTTTTTAAAATTTCACCTATCCTCCTACTATTTCT
GTAATGGGTAACTCGACTGTAGCGTCTATTCTTTTGGTGTTCTGTATATGTACATCTAATTTGTTGTATAATTTTTACATTTTCAGTCAACATAA
CGTCGCCAACTTTGTGGTCAGCAACAAATGCCAGTACAGTCTCGGTTTTCCTTCTGCATTTGCCACCAGCGCAGACCGCGGCAACTGCCGTCCCG
TCGGCAAGTGGCAATGCACCACCACACATGCCCCGCCGAATTTCTGCGCAGCTTGCTAAAGAAATACAATTAAAACATCGTGCTCCTGTGGTGGG
TATTTCTATTTTTGATCAGGCGGGTAGCCCTGTCGATCAGCTGAACGCCGGTGAAAACGGGAGTCCACCGCATCGTGTACTTATTGCTTCCGAGG
AACAGTTCAAGGTGTTTTCACTTCCGCAACTAAAGCCGATTAACAAATATAAGCTTACCGCTAACGAAGGTGCTCGGATTCGCCGCATCCATTTT
GGTTCGTTTAGTTGTCGCATATCCCCGGAAACACTGCAGAGTATGCACGGTTGTAGCCCAACTAAGTCCACGCGTTCACATGGCGATGGAGAGGC
GGATCCTAATATCAGTGGAAGCTTGGCTGTAAGTCGTGGAGATGTATATAACGAAACAGCATTGATATGTTTAACGAATATGGGCGATATCATGG
TTTTATCAGTACCTGAATTAAAAAGACAGCTGAATGCCGCAGCAGTGCGACGGGAAGACATTAAGTAAGTCACGCATAGTGCTATTATTTTAATT
TTTTGGACCTAATACTGTATTTTAACTTTTCAGTGGAGTTTCGTCACTTTGCTTTACAAACTCTGGAGAAGCACTGTATATGATGTCTTCTTCTG
AACTGCAGCGTATTGCTTTAGCCACGTCCAGAGTCGTGCAACCCACTGGCGTTGTTCCAGTAGAACCATTAGAAAATGAAGAGTCTGTGTTGGAA
GAAAATGATGCAGAGAATAATAAGGAAACCTACGCATGTGATGAAGTTGTGAATACATATGAAATTAAAAATCCATCAGGCATTTCAATATGCAC
AAGGCCTGCAGAGGAAAACGTTGGAAGAAATAGTGTTCAGCAAGTTAATGGAGTCAACATTTCAAATTCACCTAATCAAGCTAACGAGACTATCA
GCAGCTCTATTGGCGATATTACCGTTGACTCGGTGCGCGACCATTTAAATATGACGACCACCACTTTGTGTTCTATTAATACAGAGGAAACCATT
GGTGAGTAATCATTTATTTACTAACATTATTCCACCTATTTTAATTTGCTGTTTTGTACGTATCTACATTTAAATGTTTTCGTTTCGACATTAGT
TACTTTCGGCAACATAATTCTTATAAAAATTTACTTTTTAAAAACTTGATTTTAAGTATACGCACCAAACAACTTTAAATATATACTTTTATCTT
ATTTTAAAAGCACGGGCCCACATTATATCTGTACATAACTTTTTTTTTCTGTCATCTCTATGAAAATGTAGGTCGCCTATCTGTACTTAGCACGC
AAACCAACAAAGCCAGTACTACCGTAAACATGAGTGAAATTCCAAATATTAATATTTCTAATTTAGAGGACTTGGAATCGAAAAGGTGTGCTTCT
ACAAGAAACATTGACATAAGCTTTAACCTACTAATTTTTTTTTTTACCTAACAGAAATACGACGGAAACGAGTACTAGTTCTGTTGTAATTAAA
TCTATAATTACAAACATTTCTCATGAAAAAACGAACGGAGACAACAAAATAGGAACGCCAAAAACAGCGCCTGAAGAAAGCCAATTTTAACATTG
ACAGAAGCCGTAACCTACTAATTATTTTATACCTTTACAGAAATACGACGCAAACGAGTACTAGTCCTGATGTAATTTAATCTATAATTACAAAC
ATGTCTCACTAAAAATCGAACGGGGACAGCAAAATAGGAACGCAAAAAAATTAAATTAAATTAAACGCGATTTACATACAAACAGAAATGACAGA
ATGATAATATAAAATATTCATTTTTTATTTGGCTTAAGCGATGTTGTTGTTCCAAAACCATATAATTATTTATGATTTTATGTAATGTTTTCATG
TATTTTCGCGTAGTGACTTTATACCCTTTACCCGTATGATGAAACGAAACATGATATTTGTAGAAAGGTACAAAGGATAAAAGTTGACATTTAAG
GCCGATTGTAAAATATTAAAACGCAACCTGGATAACATGCCGATTAATTACTTCTGTTCGTCCGTATAAACACAAATACCGATAAATTGGTCCGT
CCCCATTTAATAAATTGTATATTAAAATGGTCTTTATTTTTGGATAAATAATTCAAATTATATAGGAACATTTGGGTTTAAGGGATAGAAACAGC
GCTGGTGTCTTTCATTTCCGTTCGTATGACCGTTCAAAGATTATAAAAAAAATTGTCGTGCCCACATTTTTTAAATTTCTTTTATTTTCGGTTAAA
ATATTGTGATACAAAAAAATGCCCTTACAAAATTAGGACAACAACAATTTGCTTTATTATGATGAACAAATTAGGAGTACAAAAAATAGCCTGAT
GCAAGGATGGGGAGAAAAAAGACCTTGAAGTTCAAAAGAATTTGTTGTATCAAATCCTCAATAAGAAAACTACTTAAAATTAAAAGCGTGTTTCA
AATTAATTGTAGAATATTTCGTAAAATGAAATTGCAAACTTTTTTAGCACGAAATTACATGTATTTAATTCTTTGGCTAATACGTCAGTTAAAAA
AGGCTACATTTTGATGATACTCACAAATGTAATTTTTGCATTCTACACAGGTGCAATTAAAAAATTATGGTTTTTATGAGTTTTAGAGGGAAGAA
AATATGTCAATATGAGAAGTAAGTTAATGAGCCTTCAAGTACTTTAGTACATAATGTAATTTAATTTTAGAAATCCTACGGCTTTATATTCAATT

FIGURE SHEET 681

GTAAAGTATTTTAAAATTCCTGACGATTTGTAGTAATTGTTTTGTTCTTAGCTTTTTTGCATTCTCCTCCGTTACTCCGTTACTCGTATAGTAAA
AGGTATAGTATATACAATAGTATTGTAGATTCGTTGAGAAGTATGTTACAGGCAGAAGGAAGCTTTTCCGACCATATAAAGTATATAATTGAGTA
TTTAGCTTAGGATTATTAATAAAACATGTATTTTATTTAACAAACTGGCTTTACAATATTTTGTGGAAGAACACCGATCTATTTAGTTGTAGGTC
TCAAACTGAAAACTCCTAATTTTGACTTATTTAAAGATCATACCTCGGTTTTGAGCCTTAGAGGTTTGTATGAGTGATTTTCTAGAATGATCTTT
GTACTTCGTTACAATAAATTGTTTTCTTCTACTCTAATATAGTTGGAATCGAGTAATCCCTAGATAAGAGTTAGGCTTAAAATAGTAAATTACAA
ATATTGAATTGGACATTACAATTGCATATTCTCAGCTTGCTGTATTGTAAAAATTAATTATTAACTCGAAGAGATTCGGCAATTAATACGTCCCT
ATTCGCATTGTTTTTACTTGGGGAAATTTTATTGAAAAACTAGATTCTCTGTTACAATCAGATATGAGAACAAGTTATTGCACCAGCACATCTCT
CGGCCAGCTCAATTCAATTAAATAGCTAAGCACTTGTTGCGAATTCATGCTTGGAGTGTTTACGTAAGATTTGTAAAAATAACTAAACTGGATTC
TCCACATTCTTGCGTAGCTGTGTGATTCTACTGTCACAACTCTCCGTCGACGATTTCTAGAGCCATCTTCTTGCGGAAGTACAACATTTCCGACT
GGGTAAAGGTAATTGGCACATCACACGTTATATACTCGGCGAACATGCAGCTGAAGATACCGCAATCGCTGCCATCTAACTGTCGTGGTATATTC
TGCACGCTCTCAATAACAAAATCGCTGGTATCAAACTGCTTTTTGGGCTTGAATATTGACTCTTCGCGTAGATATTTCTCTAGAGCGTCCAGCAC
TGGTCGGTTTGGCTTTCCCTTTGAGTCATAATACCGGATTGTCTTGTTCCGCAAGTGTATGATGGCCATGCACCAGTGGACGCCGTTGCAGTGCA
CTGGTACCGGGATTATGTCCTTGCTGAACAAGTCCACTTTGCGAGTCCAGCGCTTAATGCCTGCATGCCCAGCTTGCAGGAGGCGGGGCACGAA
(SEQ ID NO: 1264)

Exon: 1001..1309
Exon: 2358..2517
Exon: 3859..4637
Exon: 4696..5887
Exon: 5945..6050
Exon: 6642..7284
Exon: 7349..7791
Exon: 8052..8160
Exon: 8226..9734
Start ATG: 2434

Transcript No. : CT43225
ACACTAGACCCACCGATCGCGACTTTGTGTGTGTTAAAATGACGCGCATATCGTTTTGGGCTAATAATATTGTTCACGTTTTATAAAACAGATAC
ACGGTTAAGCTCTGACCGGTCGTATTATTATCTGTGTGTTCTTGGTTGACACGTTTATTTCATTTATTCTCATTTAAAGCAACGATGTGAAGAAC
AGTGCGGGCGTTTCTCAACATAAGAATACATACAAACTTATGCGTGATGGTGAGCAAATAAAATAGTTCAAAAAATTACTCGGCCACCGCCTTAA
CCGTACAAACGGAAATACATAAAGTTTAGAATAAATACGGCCACAATTAGTATACATATTTATTCATCGAAACCAACCCACCACAAGAGCATAAC
CAATTATGTTAAAGTTTATCAGAGGAAAAGGGCAGCAGCCCAGTGCTGACAGACACCGCCTACAGAAGGACCTTTTTGCTTATCGTAAGACGGCA
CAGCATGGCTTTCCTCATAAGCCTTCGGCTCTTGCGTATGATCCAGTTTTGAAACTTATGGCAATAGGGACGCAAACAGGGGCTTTAAAAGTTTT
CGGTCAACCCGGAGTTGAATTGTACGGTCAGCATACTTTGTTAAACAATTCAGCATCGGAGCTTAATGTACAATTACTTGAATGGGTGTATGGAA
CTGGTCGCATACTTTCGTTGACGGCAGCGAATCAATTAATTCTATGGGAGCCAGTTGGAGCAACGTTGCTGCCAATCAAAACACTACCGTTTGAC
GGCAAACTTAAAAAAGTTTCATCGCTGTGCTGTTCTCTCAGTAAGGATCTGCTATGGATTGGAACAGAAGGTGGAAACATCTATCAACTGGATTT
ACATACATTTACCATTAAGGAGCCTGTAATTTACCATGACGTTGTGCTAGAGCAGGTGCCACCAGCCTACAAGCTAAATCCTGGTGCAATTGAGT
CAATCCGCCAACTTCCAAACTCCCCTAGCAAACTTCTAGTTGCATACAATCGCGGCCTTTGTGTTTTGTGGGATTTTGAAAGCGCATCTGTCCAG
CGAGCATACATAGCCCCTGGACATGGACAGAGCGTTGGTCTTACAGTGAACTTCGAAGGATCTGAATTTACCTGGTACCACGCTGATGGTTCATA
CGCCACTTGGAGCATAGATAACCCAGAACCGCCGTCGAATGTTAATTATGTGCCTTATGGACCTGATCCATGCAAAAGCATAAATCGACTGTACA
AAGGCAAGCGAAGATCCAACGATGTAATTGTTTTTTCCGGCGGCATGCCACGGTCAGCATATGGTGATCACAATTGTGTGTCCGTTCACGCCAGC
GATGGACACAAAGTGTGTCTTGACTTTACGTCTAAAGTGATTGACTTTTTTGTGACCTTTGAAAATAATAGAGATGTCGCTGAAGTTCTTGTTGT
ACTACTTGAAGAGGAACTCTGCGCTTACGATCTTACTGACCCTAATATTTGTGCTATCAAAGCGCCATATCTTCACTCTGTCCATGCATCAGCTG
TCACTTGCAATTACCTTGCTTCTGAAGTCGTACAGTCGGTATATGAAAGTATTTTAAGAGCTGGAGATGAACAAGACATTGACTATAGCAATATT
AGCTGGCCTATCACTGGCGGTACTCTCCCGGATAACTTAGAAGAATCTGTAGAAGAGGACGCGACTAAGCTTTATGAGATTTTGTTAACTGGTCA
CGAAGATGGTTCTGTTAAATTTTGGGACTGCACTGGAGTGTTGCTTAAACCAATTTATAATTTTAAAACTAGCAGCATTTTTGGAAGTGAGTCAG
ACTTCCGAGATGACGCAGCTGCAGATATGAGTGCGGAACAAGTCGATGAAGGAGAACCGCCATTTCGGAAATCAGGACTTTTTGATCCTTATTCA
GATGACCCTCGTTTAGCAGTGAAGAAAATAGCATTCTGCCCAAAAACCGGACAACTTATTGTTGGTGGCACAGCGGGCCAAATAGTTATAGCCGA
CTTCATAGACTTACCCGAAAAAGTGTCTTTAAAATACATTTCAATGAATTTGGTCAGCGATCGTGATGGATTTGTGTGGAAGGGTCACGATCAGT
TAAACGTGCGATCGAACTTATTAGACGGAGAAGCAATTCCTACGACGGAACGTGGTGTAAATATATCGGGAGTACTGCAAGTTTTGCCGCCAGCC
AGCATAACATGCATGGCACTCGAAGCAAGCTGGGGCCTAGTATCTGGTGGGACTGCGCACGGCTTAGTTCTCTTTGACTTCAAAAACTTTGTTCC
AGTATTTCATCGCTGCACTTTAAACCCAAATGATCTTACTGGAGCAGGAGAGCAGCTGTCTCGTCGAAAGTCTTTTAAGAAATCATTGAGGGAGT
CATTTAGAAAGCTTCGCAAGGGTCGATCGACCAGGACCAACCAGAGCAATCAAGTACCAACAACGCTGGAAGCAAGACCCGTCGAGAGGCAAATA
GAGGCTCGTTGTGCAGATGACGGGCTAGGATCCATGGTGCGATGTTTACTATTTGCCAAAACTTATGTTACTAATGTCAACATAACGTCGCCAAC
TTTGTGGTCAGCAACAAATGCCAGTACAGTCTCGGTTTTCCTTCTGCATTTGCCACCAGCGCAGACCGCGGCAACTGCCGTCCCGTCGGCAAGTG
GCAATGCACCACCACACATGCCCCGCCGAATTTCTGCGCAGCTTGCTAAAGAAATACAATTAAAACATCGTGCTCCTGTGGTGGGTATTTCTATT
TTTGATCAGGCGGGTAGCCCTGTCGATCAGCTGAACGCCGGTGAAAACGGGAGTCCACCGCATCGTGTACTTATTGCTTCCGAGGAACAGTTCAA
GGTGTTTCACTTCCGCAACTAAAGCCGATTAACAAATATAAGCTTACCGCTAACGAAGGTGCTCGGATTCGCCGCATCCATTTTGGTTCGTTTA
GTTGTCGCATATCCCCGGAAACACTGCAGAGTATGCACGGTTGTAGCCCAACTAAGTCCACGCGTTCACATGGCGATGGAGAGGCGGATCCTAAT
ATCAGTGGAAGCTTGGCTGTAAGTCGTGGAGATGTATATAACGAAACAGCATTGATATGTTTAACGAATATGGGCGATATCATGGTTTTATCAGT
ACCTGAATTAAAAAGACAGCTGAATGCCGCAGCAGTGCGACGGGAAGACATTAATGGAGTTTCGTCACTTTGCTTTACAAACTCTGGAGAAGCAC
TGTATATGATGTCTTCTTCTGAACTGCAGCGTATTGCTTTAGCCACGTCCAGAGTCGTGCAACCCACTGGCGTTGTTCCAGTAGAACCATTAGAA
AATGAAGAGTCTGTGTTGGAAGAAAATGATGCAGAGAATAATAAGGAAACCTACGCATGTGATGAAGTTGTGAATACATATGAAATTAAAAATCC
ATCAGGCATTTCAATATGCACAAGGCCTGCAGAGGAAAACGTTGGAAGAAATAGTGTTCAGCAAGTTAATGGAGTCAACATTTCAAATTCACCTA
ATCAAGCTAACGAGACTATCAGCAGCTCTATTGGCGATATTACCGTTGACTCGGTGCGCGACCATTTAAATATGACGACCACCACTTTGTGTTCT
ATTAATACAGAGGAAACCATTGGTCGCCTATCTGTACTTAGCACGCAAACCAACAAAGCCAGTACTACCGTAAACATGAGTGAAATTCCAAATAT
TAATATTTCTAATTTAGAGGACTTGGAATCGAAAAGAAATACGACGGAAACGAGTACTAGTTCTGTTGTAATTAAATCTATAATTACAAACATTT
CTCATGAAAAAACGAACGGAGACAACAAAATAGGAACGCCAAAAACAGCGCCTGAAGAAAGCCAATTTTAACATTGACAGAAGCCGTAACCTACT
AATTATTTTATACCTTTACAGAAATACGACGCAAACGAGTACTAGTCCTGATGTAATTTAATCTATAATTACAAACATGTCTCACTAAAAATCGA
ACGGGGACAGCAAAATAGGAACGCAAAAAAATTAAATTAAATTAAACGCGATTTACATACAAACAGAAATGACAGAATGATAATATAAAATATTC
ATTTTTTATTTGGCTTAAGCGATGTTGTTGTTCCAAAACCATATAATTATTTATGATTTTATGTAATGTTTTCATGTATTTTCGCGTAGTGACTT

TATACCCTTTACCCGTATGATGAAACGAAACATGATATTTGTAGAAAGGTACAAAGGATAAAAGTTGACATTTAAGGCCGATTGTAAAATATTAA
AACGCAACCTGGATAACATGCCGATTAATTACTTCTGTTCGTCCGTATAAACACAAATACCGATAAATTGGTCCGTCCCCATTTAATAAATTGTA
TATTAAAATGGTCTTTATTTTGGATAAATAATTCAAATTATATAGGAACATTTGGGTTTTAAGGGATAGAAACAGCGCTGGTGTCTTTCATTTCC
GTTCGTATGACCGTTCAAAGATTATAAAAAAATTGTCGTGCCCACATTTTTTAAATTTCTTTTATTTTCGGTTAAAATATTGTGATACAAAAAAA
TGCCCTTACAAAATTAGGACAACAACAATTTGCTTTATTATGATGAACAAATTAGGAGTACAAAAAATAGCCTGATGCAAGGATGGGGAGAAAAA
AGACCTTGAAGTTCAAAAGAATTTGTTGTATCAAATCCTCAATAAGAAAACTACTTAAAATTAAAAGCGTGTTTCAAATTAATTGTAGAATATTT
CGTAAAATGAAATTGCAAACTTTTTTAGCACGAAATTACATGTATTTAATTCTTTGGCTAATACGTCAGTTAAAAAAGGCTACATTTTGATGATA
CTCACAAATGTAATTTTTGCATTCTACACAGGTGCAATTAAAAAATTATGGTTTTTATGAGTTTTAGAGGGAAGAAAATATGTCAATATGAGAAG
TAAGTTAATGAGCCTTCAAGTACTTTAGTACATAATGTAATTTAATTTTAGAAATCCTACGGCTTTATATTCAATTGTAAAGTATTTTAAAATTC
CTGACGATTTGTAGTAATTGTTTTGTTCTTAGCTTTTTTGCATTCTCCTCCGTTACTCCGTTACTCGTATAGTAAAAGGTATAGTATATACAATA
GTATTGTAGATTCGTTGAGAAGTATGTTACAGGCAGAAGGAAGCTTTTCCGACCATATAAAGTATATAATTGAGTATTTAGCTTAGGATTATTAA
TAAAACATGTATTTTATTTAACAAA
(SEQ ID NO: 1265)

Start ATG: 386

MLKFIRGKGQQPSADRHRLQKDLFAYRKTAQHGFPHKPSALAYDPVLKLMAIGTQTGALKVFGQPGVELYGQHTLLNNSASELNVQLLEWVYGTG
RILSLTAANQLILWEPVGATLLPIKTLPFDGKLKKVSSLCCSLSKDLLWIGTEGGNIYQLDLHTFTIKEPVIYHDVVLEQVPPAYKLNPGAIESI
RQLPNSPSKLLVAYNRGLCVLWDFESASVQRAYIAPGHGQSVGLTVNFEGSEFTWYHADGSYATWSIDNPEPPSNVNYVPYGPDPCKSINRLYKG
KRRSNDVIVFSGGMPRSAYGDHNCVSVHASDGHKVCLDFTSKVIDFFVTFENNRDVAEVLVVLLEEELCAYDLTDPNICAIKAPYLHSVHASAVT
CNYLASEVVQSVYESILRAGDEQDIDYSNISWPITGGTLPDNLEESVEEDATKLYEILLTGHEDGSVKFWDCTGVLLKPIYNFKTSSIFGSESDF
RDDAAADMSAEQVDEGEPPFRKSGLFDPYSDDPRLAVKKIAFCPKTGQLIVGGTAGQIVIADFIDLPEKVSLKYISMNLVSDRDGFVWKGHDQLN
VRSNLLDGEAIPTTERGVNISGVLQVLPPASITCMALEASWGLVSGGTAHGLVLFDFKNFVPVFHRCTLNPNDLTGAGEQLSRRKSFKKSLRESF
RKLRKGRSTRTNQSNQVPTTLEARPVERQIEARCADDGLGSMVRCLLFAKTYVTNVNITSPTLWSATNASTVSVFLLHLPPAQTAATAVPSASGN
APPHMPRRISAQLAKEIQLKHRAPVVGISIFDQAGSPVDQLNAGENGSPPHRVLIASEEQFKVFSLPQLKPINKYKLTANEGARIRRIHFGSFSC
RISPETLQSMHGCSPTKSTRSHGDGEADPNISGSLAVSRGDVYNETALICLTNMGDIMVLSVPELKRQLNAAAVRREDINGVSSLCFTNSGEALY
MMSSSELQRIALATSRVVQPTGVVPVEPLENEESVLEENDAENNKETYACDEVVNTYEIKNPSGISICTRPAEENVGRNSVQQVNGVNISNSPNQ
ANETISSSIGDITVDSVRDHLNMTTTTLCSINTEETIGRLSVLSTQTNKASTTVNMSEIPNINISNLEDLESKRNTTETSTSSVVIKSIITNISH
EKTNGDNKIGTPKTAPEESQF*
(SEQ ID NO: 1266)

Celera Sequence No. : 142000013384827
CGTTTCTTTTGTGCACTCCTTCTATGCGGTGCCAAATATGAGGAGGTACCTGAAGCTTGGTTGATTTTGTGAGTGTCTTTTTCCACAGCATATTT
TTGTGTATTGGCTACTTTAAAAATTCTATTATATCGTTGTGCTCGTAATGTTGTCCATTCCTTTTAAATATTTTCGAATTAAATATACCATAGAT
GTTTCCCTATTACCATAATAGTTTAATAAATATACGTATATGAAATTTTTTTTATCCTATGTTAGTATAAACATGTTATTCAACAAATAAAAGTA
GGTCAGAGGTAATCGCCATCCAGCTCCAGAAAGAGGGGGGAGCTGATAAGATTGCGTTTATGTACCTAATGGGTTGGGTAAGTGGCTTGGTTTCA
CAAACACCCTTATTTCAGGTACAAAATAAGTATGTCATAGACGGCGTAAAATTGATAAGATTTTAAAGTCAAAAGAAAATGAGTTTATTCGCCTG
TAACTGCGTTAGAAATCCAAATACACCCGCAATATTATATGTATAGAAAGAAAAAGTTTGATGCAACAACAAATTTAAAGTTGTTTGGTATTTTG
TAATGGAAAGTTTGTGTCACTAAATATGGTTTTACTTGAACGCAGATTGGACATGGTCACACTGCCCACAAAATCACGACATTGCGTTATAAATG
AAGCACATCTAGTTTTGTGTTGAAAATGTGGTTCACAATTTATATAGCAGGTTATGGTAAAACATCGATCGTTCCGAAAAATTCCGCTCGTTGGC
ACATTTCCTAAATTTTTCGTGCGACAGCGGTGATTAATTACAAAAATTATTATTATAATTATATAAAAGTTGGCGACCATATCAAAAAGGTTGCT
ATAAAAACAAATGACAATTTATAGCGGAGTTTCACTCCCAAAGCGATGTTCTCCACCCATTCCAGTCAGTCATGGAAAATATACCTTCTAAAAAA
TATATGATTTTTTCGATAGAGATACACGGGCACACTAGACCCACCGATCGCGACTTTGTGTGTGTTAAAATGACGCGCATATCGTTTTGGGCTAA
TAATATTGTTCACGTTTTATAAAACAGATACACGGTTAAGCTCTGACCGGTCGTATTATTATCTGTGTGTTCTTGGTTGACACGTTTATTTCATT
TATTCTCATTTAAAGCAACGATGTGAAGAACAGTGCGGGCGTTTCTCAACATAAGAATACATACAAACTTATGCGTGATGGTGAGCAAATAAAAT
AGTTCAAAAAATTACTCGGCCACCGCCTTAACCGTACAAACGGAAATACATAAAGGTAAAGGGCTCAACAACAGTATTACTGATTAGGCAATTGA
TTTATATTTCAAACTTCTTAAATAAAGTGTCCACAAATATGTATGTTCTTAGCATAGAGGCGTAGTCGGTGAGTCAGCCACGCCAACAGTTAACA
GTCGTCATTTTGCTGTCTGTCTAACACGCAATTTGTGTGTGTATATGTGAATAAACAGATACCGGTATGCAATCGCAAAGCTGGTCAACTGTAAA
GATCGGTATGTACTCAAAATTAGGTCATCACCTTGTTATGCAGATACATTTGGGAAACAGTTGACTTACTTGGTATTGGTTATCAGCCGAAAAGC
AAATGGTGATACGGTTTTGCACCTCAGCTTACTCACGGATACATACCTACGTACATAAATGTATGTATACGGTATACAGTCTTAGAAAAAATATT
AGTACCGACCAGCTAGCGTTTGCCTAAAACGCTTTTACAAAAATAAACGTATATGTTTTAAGTTGTTTTTTGTCATAATTAATACATTTATTATT
ATTTATTTATGAATTTCAGAGCTTTAATAGTAACTAAATTGTTTAAACAAACTTAAAAAAAGATTTCCAAATAAAAAAATATTTCGTGTGCGTGA
CGGAATTGCTAGTTCATTAAAGGGAGGTACATATGTACATACATACACATTGCAAAGAGTACAGATCGCTCATCTTGCATCTCATTTTTCCTAAT
GTACATATACATATGTACAAACATGTTTATTAAACTGCCTACATGCAAATCTTTGAAGTTTTAAGAAAATAAGCACAACTAGTTTGGAAAATCTT
GGGAGCCAAGATCTATCTGTCCACTGAATTTCCTATGACCAAGAATGTAAAACCCTTTTTGTTAAACAAATTTTGATTAAAGTATACCAGAATAA
TATTAAACGTATCGTCCGTATCTATAAAAGGTATTAATAGTATTACCTAAATTTAATTTCTCGGTTTTATTCATAAGAGTGAAAAAATATACAAG
TTCCTTTTTAATTTTTTACTTATTGAAAATGTGATTAATTTTTATTTATTATTTTCAGTTTAGAATAAATACGGCCACAATTAGTATACATATTT
ATTCATCGAAACCAACCCACCACAAGAGCATAACCAATTATGTTAAAGTTTATCAGAGGAAAAGGGCAGCAGCCCAGTGCTGACAGACACCGCCT
ACAGAAGGACCTTTTTGCTTATCGTAAGGTACAACAAACAATTTTCTCTTTCCATTCTATTTTATTTTTTTTTTTTCGTATATGTAGCCGATTGG
TATATTTTGTGGGGTGTCATTTATTTTGATCCTGGGTGGTAAATACATTTTTATGGAAGTTAGAAGAAAGCTTATAATTTATTAAGAATAAATAA
ATACCTCCTTTTCAATCTTTTGTTATGTCTTCTCCTATGTGCATACTTTTGGGCATTAACATTTAGGTAAATTTTTTCCACCGCAACTACAAGTA
AACCGCATACACACACAGTATTTTGTAGACTCGCGCCACAAAGCACCGCATAAAAAAGGTTACGGTGCTTTTTTGCTCGTTTCTTTTGTGCACTC
CTTCTATGCGGTGCCAAATATGAGGAGGTACCTGAAGCTTTGTTGATTTTGTGAGTGTCTTTTTCCACCGCCTGTTTTGGCTACTTTAAAAATT
CTATTATATCGTTGTGCTCGTAATGTTGTCCATTCCTTTTAAATATTTTCGAATTAAATATACCATAGATGTTTCCCTATTACCATAATAGTTTA
ATAAATATACGTATATGAAATTTTATAAGAATTTTTTTTATCCCATGTTAGTATAAACATGTTATTAAACAAATAAAAGTAGGTCAGAGGTAATC
GCCATCCAGCTCCAGAAAGAGGGGGGAGCTGATAAGATTGCTTTTATGTGCTTAATGGGTTGGGTAAATGGCTTGGTTTCACAAACACCCTTATT
TCAGGCACAAAATAAGTATGTCATAGACGGCGTAAAATTGATAAGATTTTAAAGTCAAAAGAAAAAGAATTTATTCGCCTGTAACTGCGTTAGAA
ATCCAAATACACCTGCAATATGAATCAAACAAAATCAACTCATAACGAGATCTGATAGCAACTTCTTAAAACTTTTTTTGTATAAAAATACAATT
TATACAATTAGATAAGATTTACCAAACCTTTTTTCGATCAATGTAAATATAGTATGATAGTAGGGACTGCTGTCTACAGTGATGTTTATAAGAGA

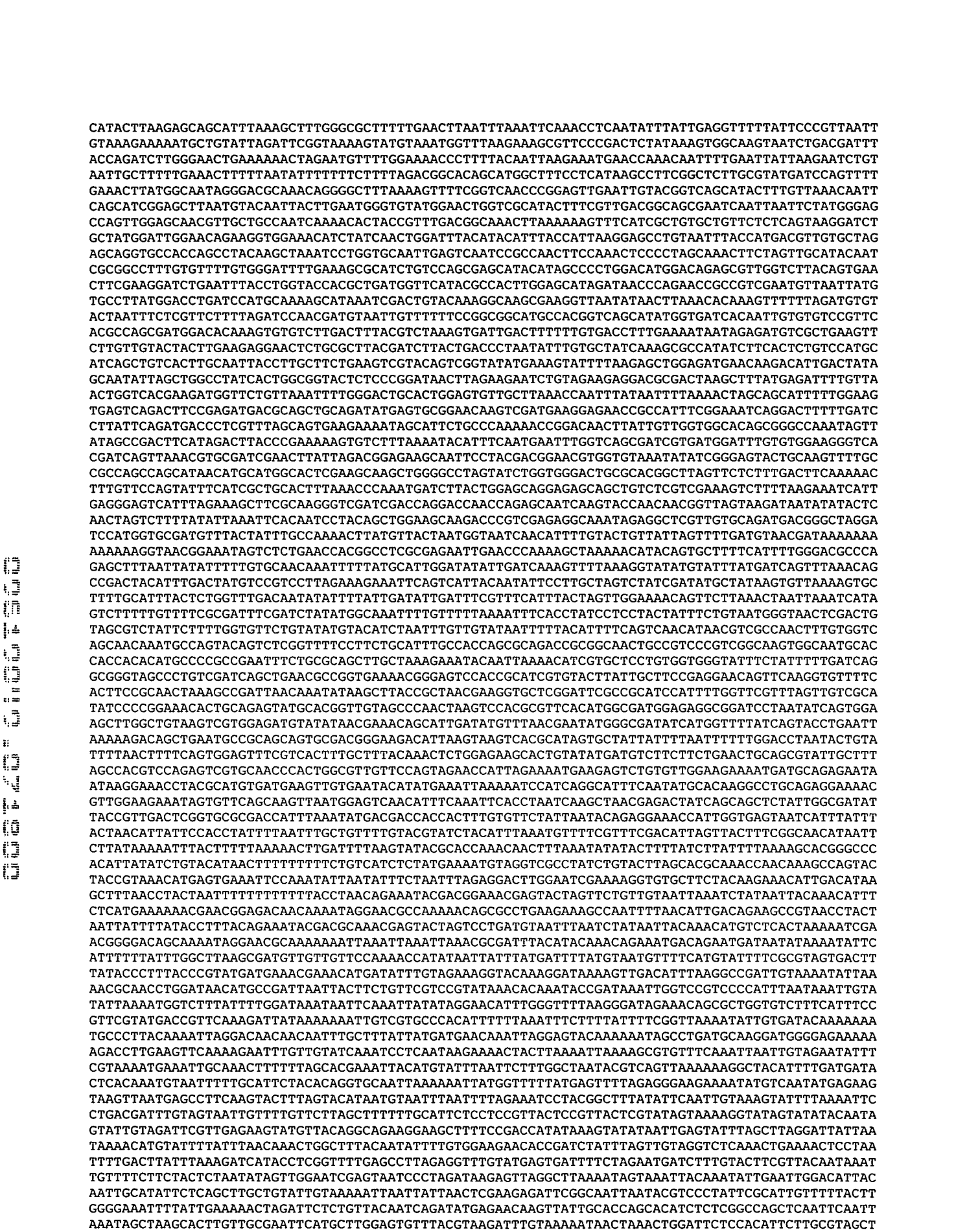


FIGURE SHEET 684

GTGTGATTCTACTGTCACAACTCTCCGTCGACGATTTCTAGAGCCATCTTCTTGCGGAAGTACAACATTTCCGACTGGGTAAAGGTAATTGGCAC
ATCACACGTTATATACTCGGCGAACATGCAGCTGAAGATACCGCAATCGCTGCCATCTAACTGTCGTGGTATATTCTGCACGCTCTCAATAACAA
AATCGCTGGTATCAAACTGCTTTTTGGGCTTGAATATTGACTCTTCGCGTAGATATTTCTCTAGAGCGTCCAGCACTGGTCGGTTTGGCTTTCCC
TTTGAGTCATAATACCGGATTGTCTTGTTCCGCAAGTGTATGATGGCCATGCACCAGTGGACGCCGTTGCAGTGCACTGGTACCGGGATTATGTC
CTTGCTGAACAAGTCCACTTTGCGAGTCCAGCGCTTAATGCCTGCATGCCCAGCTTGCAGGAGGCGGGGCACGAA
(SEQ ID NO: 1267)

Exon: 1001..1290
Exon: 1383..1525
Exon: 2339..2498
Exon: 3840..4618
Exon: 4677..5868
Exon: 5926..6031
Exon: 6623..7265
Exon: 7330..7772
Exon: 8033..8141
Exon: 8207..9715
Start ATG: 2415

Transcript No. : CT43227
CGACTTTGTGTGTGTTAAAATGACGCGCATATCGTTTTGGGCTAATAATATTGTTCACGTTTTATAAAACAGATACACGGTTAAGCTCTGACCGG
TCGTATTATTATCTGTGTGTTCTTGGTTGACACGTTTATTTCATTTATTCTCATTTAAAGCAACGATGTGAAGAACAGTGCGGGCGTTTCTCAAC
ATAAGAATACATACAAACTTATGCGTGATGGTGAGCAAATAAAATAGTTCAAAAAATTACTCGGCCACCGCCTTAACCGTACAAACGGAAATACA
TAAAGCATAGAGGCGTAGTCGGTGAGTCAGCCACGCCAACAGTTAACAGTCGTCATTTTGCTGTCTGTCTAACACGCAATTTGTGTGTGTATATG
TGAATAAACAGATACCGGTATGCAATCGCAAAGCTGGTCAACTGTAAAGATCGTTTAGAATAAATACGGCCACAATTAGTATACATATTTATTCA
TCGAAACCAACCCACCACAAGAGCATAACCAATTATGTTAAAGTTTATCAGAGGAAAAGGGCAGCAGCCCAGTGCTGACAGACACCGCCTACAGA
AGGACCTTTTTGCTTATCGTAAGACGGCACAGCATGGCTTTCCTCATAAGCCTTCGGCTCTTGCGTATGATCCAGTTTTGAAACTTATGGCAATA
GGGACGCAAACAGGGGCTTTAAAAGTTTTCGGTCAACCCGGAGTTGAATTGTACGGTCAGCATACTTTGTTAAACAATTCAGCATCGGAGCTTAA
TGTACAATTACTTGAATGGGTGTATGGAACTGGTCGCATACTTTCGTTGACGGCAGCGAATCAATTAATTCTATGGGAGCCAGTTGGAGCAACGT
TGCTGCCAATCAAAACACTACCGTTTGACGGCAAACTTAAAAAAGTTTCATCGCTGTGCTGTTCTCTCAGTAAGGATCTGCTATGGATTGGAACA
GAAGGTGGAAACATCTATCAACTGGATTTACATACATTTACCATTAAGGAGCCTGTAATTTACCATGACGTTGTGCTAGAGCAGGTGCCACCAGC
CTACAAGCTAAATCCTGGTGCAATTGAGTCAATCCGCCAACTTCCAAACTCCCCTAGCAAACTTCTAGTTGCATACAATCGCGGCCTTTGTGTTT
TGTGGGATTTTGAAAGCGCATCTGTCCAGCGAGCATACATAGCCCCTGGACATGGACAGAGCGTTGGTCTTACAGTGAACTTCGAAGGATCTGAA
TTTACCTGGTACCACGCTGATGGTTCATACGCCACTTGGAGCATAGATAACCCAGAACCGCCGTCGAATGTTAATTATGTGCCTTATGGACCTGA
TCCATGCAAAAGCATAAATCGACTGTACAAAGGCAAGCGAAGATCCAACGATGTAATTGTTTTTTCCGGCGGCATGCCACGGTCAGCATATGGTG
ATCACAATTGTGTGTCCGTTCACGCCAGCGATGGACACAAAGTGTGTCTTGACTTTACGTCTAAAGTGATTGACTTTTTTGTGACCTTTGAAAAT
AATAGAGATGTCGCTGAAGTTCTTGTTGTACTACTTGAAGAGGAACTCTGCGCTTACGATCTTACTGACCCTAATATTTGTGCTATCAAAGCGCC
ATATCTTCACTCTGTCCATGCATCAGCTGTCACTTGCAATTACCTTGCTTCTGAAGTCGTACAGTCGGTATATGAAAGTATTTTAAGAGCTGGAG
ATGAACAAGACATTGACTATAGCAATATTAGCTGGCCTATCACTGGCGGTACTCTCCCGGATAACTTAGAAGAATCTGTAGAAGAGGACGCGACT
AAGCTTTATGAGATTTTGTTAACTGGTCACGAAGATGGTTCTGTTAAATTTTGGGACTGCACTGGAGTGTTGCTTAAACCAATTTATAATTTTAA
AACTAGCAGCATTTTTGGAAGTGAGTCAGACTTCCGAGATGACGCAGCTGCAGATATGAGTGCGGAACAAGTCGATGAAGGAGAACCGCCATTTC
GGAAATCAGGACTTTTTGATCCTTATTCAGATGACCCTCGTTTAGCAGTGAAGAAAATAGCATTCTGCCCAAAAACCGGACAACTTATTGTTGGT
GGCACAGCGGGCCAAATAGTTATAGCCGACTTCATAGACTTACCCGAAAAAGTGTCTTTAAAATACATTTCAATGAATTTGGTCAGCGATCGTGA
TGGATTTGTGTGGAAGGGTCACGATCAGTTAAACGTGCGATCGAACTTATTAGACGGAGAAGCAATTCCTACGACGGAACGTGGTGTAAATATAT
CGGGAGTACTGCAAGTTTTGCCGCCAGCCAGCATAACATGCATGGCACTCGAAGCAAGCTGGGGCCTAGTATCTGGTGGGACTGCGCACGGCTTA
GTTCTCTTTGACTTCAAAAACTTTGTTCCAGTATTTCATCGCTGCACTTTAAACCCAAATGATCTTACTGGAGCAGGAGAGCAGCTGTCTCGTCG
AAAGTCTTTTAAGAAATCATTGAGGGAGTCATTTAGAAAGCTTCGCAAGGGTCGATCGACCAGGACCAACCAGAGCAATCAAGTACCAACAACGC
TGGAAGCAAGACCCGTCGAGAGGCAAATAGAGGCTCGTTGTGCAGATGACGGGCTAGGATCCATGGTGCGATGTTTACTATTTGCCAAAACTTAT
GTTACTAATGTCAACATAACGTCGCCAACTTTGTGGTCAGCAACAAATGCCAGTACAGTCTCGGTTTTCCTTCTGCATTTGCCACCAGCGCAGAC
CGCGGCAACTGCCGTCCCGTCGGCAAGTGGCAATGCACCACCACACATGCCCCGCCGAATTTCTGCGCAGCTTGCTAAAGAAATACAATTAAAAC
ATCGTGCTCCTGTGGTGGGTATTTCTATTTTTGATCAGGCGGGTAGCCCTGTCGATCAGCTGAACGCCGGTGAAAACGGGAGTCCACCGCATCGT
GTACTTATTGCTTCCGAGGAACAGTTCAAGGTGTTTTCACTTCCGCAACTAAAGCCGATTAACAAATATAAGCTTACCGCTAACGAAGGTGCTCG
GATTCGCCGCATCCATTTTGGTTCGTTTAGTTGTCGCATATCCCCGGAAACACTGCAGAGTATGCACGGTTGTAGCCCAACTAAGTCCACGCGTT
CACATGGCGATGGAGAGGCGGATCCTAATATCAGTGGAAGCTTGGCTGTAAGTCGTGGAGATGTATATAACGAAACAGCATTGATATGTTTAACG
AATATGGGCGATATCATGGTTTTATCAGTACCTGAATTAAAAAGACAGCTGAATGCCGCAGCAGTGCGACGGGAAGACATTAATGGAGTTTCGTC
ACTTTGCTTTACAAACTCTGGAGAAGCACTGTATATGATGTCTTCTTCTGAACTGCAGCGTATTGCTTTAGCCACGTCCAGAGTCGTGCAACCCA
CTGGCGTTGTTCCAGTAGAACCATTAGAAAATGAAGAGTCTGTGTTGGAAGAAAATGATGCAGAGAATAATAAGGAAACCTACGCATGTGATGAA
GTTGTGAATACATATGAAATTAAAAATCCATCAGGCATTTCAATATGCACAAGGCCTGCAGAGGAAAACGTTGGAAGAAATAGTGTTCAGCAAGT
TAATGGAGTCAACATTTCAAATTCACCTAATCAAGCTAACGAGACTATCAGCAGCTCTATTGGCGATATTACCGTTGACTCGGTGCGCGACCATT
TAAATATGACGACCACCACTTTGTGTTCTATTAATACAGAGGAAACCATTGGTCGCCTATCTGTACTTAGCACGCAAACCAACAAAGCCAGTACT
ACCGTAAACATGAGTGAAATTCCAAATATTAATATTTCTAATTTAGAGGACTTGGAATCGAAAAGAAATACGACGGAAACGAGTACTAGTTCTGT
TGTAATTAAATCTATAATTACAAACATTTCTCATGAAAAAACGAACGGAGACAACAAAATAGGAACGCCAAAAACAGCGCCTGAAGAAAGCCAAT
TTTAACATTGACAGAAGCCGTAACCTACTAATTATTTTATACCTTTACAGAAATACGACGCAAACGAGTACTAGTCCTGATGTAATTTAATCTAT
AATTACAAACATGTCTCACTAAAAATCGAACGGGGACAGCAAAATAGGAACGCAAAAAAATTAAATTAAATTAAACGCGATTTACATACAAACAG
AAATGACAGAATGATAATATAAAATATTCATTTTTTATTTGGCTTAAGCGATGTTGTTGTTCCAAAACCATATAATTATTTATGATTTTATGTAA
TGTTTTCATGTATTTTCGCGTAGTGACTTTATACCCTTTACCCGTATGATGAAACGAAACATGATATTTGTAGAAAGGTACAAAGGATAAAAGTT
GACATTTAAGGCCGATTGTAAAATATTAAAACGCAACCTGGATAACATGCCGATTAATTACTTCTGTTCGTCCGTATAAACACAAATACCGATAA
ATTGGTCCGTCCCCATTTAATAAATTGTATATTAAAATGGTCTTTATTTTGGATAAATAATTCAAATTATATAGGAACATTTGGGTTTTAAGGGA
TAGAAACAGCGCTGGTGTCTTTCATTTCCGTTCGTATGACCGTTCAAAGATTATAAAAAAATTGTCGTGCCCACATTTTTTAAATTTCTTTTATT
TTCGGTTAAAATATTGTGATACAAAAAAATGCCCTTACAAAATTAGGACAACAACAATTTGCTTTATTATGATGAACAAATTAGGAGTACAAAAA
ATAGCCTGATGCAAGGATGGGGAGAAAAAAGACCTTGAAGTTCAAAAGAATTTGTTGTATCAAATCCTCAATAAGAAAACTACTTAAAATTAAAA

GCGTGTTTCAAATTAATTGTAGAATATTTCGTAAAATGAAATTGCAAACTTTTTTAGCACGAAATTACATGTATTTAATTCTTTGGCTAATACGT
CAGTTAAAAAAGGCTACATTTTGATGATACTCACAAATGTAATTTTTGCATTCTACACAGGTGCAATTAAAAAATTATGGTTTTTATGAGTTTTA
GAGGGAAGAAAATATGTCAATATGAGAAGTAAGTTAATGAGCCTTCAAGTACTTTAGTACATAATGTAATTTAATTTTAGAAATCCTACGGCTTT
ATATTCAATTGTAAAGTATTTTAAAATTCCTGACGATTTGTAGTAATTGTTTTGTTCTTAGCTTTTTTGCATTCTCCTCCGTTACTCCGTTACTC
GTATAGTAAAAGGTATAGTATATACAATAGTATTGTAGATTCGTTGAGAAGTATGTTACAGGCAGAAGGAAGCTTTTCCGACCATATAAAGTATA
TAATTGAGTATTTAGCTTAGGATTATTAATAAAACATGTATTTTATTTAACAAA
(SEQ ID NO: 1268)

Start ATG: 510

MLKFIRGKGQQPSADRHRLQKDLFAYRKTAQHGFPHKPSALAYDPVLKLMAIGTQTGALKVFGQPGVELYGQHTLLNNSASELNVQLLEWVYGTG
RILSLTAANQLILWEPVGATLLPIKTLPFDGKLKKVSSLCCSLSKDLLWIGTEGGNIYQLDLHTFTIKEPVIYHDVVLEQVPPAYKLNPGAIESI
RQLPNSPSKLLVAYNRGLCVLWDFESASVQRAYIAPGHGQSVGLTVNFEGSEFTWYHADGSYATWSIDNPEPPSNVNYVPYGPDPCKSINRLYKG
KRRSNDVIVFSGGMPRSAYGDHNCVSVHASDGHKVCLDFTSKVIDFFVTFENNRDVAEVLVVLLEEELCAYDLTDPNICAIKAPYLHSVHASAVT
CNYLASEVVQSVYESILRAGDEQDIDYSNISWPITGGTLPDNLEESVEEDATKLYEILLTGHEDGSVKFWDCTGVLLKPIYNFKTSSIFGSESDF
RDDAAADMSAEQVDEGEPPFRKSGLFDPYSDDPRLAVKKIAFCPKTGQLIVGGTAGQIVIADFIDLPEKVSLKYISMNLVSDRDGFVWKGHDQLN
VRSNLLDGEAIPTTERGVNISGVLQVLPPASITCMALEASWGLVSGGTAHGLVLFDFKNFVPVFHRCTLNPNDLTGAGEQLSRRKSFKKSLRESF
RKLRKGRSTRTNQSNQVPTTLEARPVERQIEARCADDGLGSMVRCLLFAKTYVTNVNITSPTLWSATNASTVSVFLLHLPPAQTAATAVPSASGN
APPHMPRRISAQLAKEIQLKHRAPVVGISIFDQAGSPVDQLNAGENGSPPHRVLIASEEQFKVFSLPQLKPINKYKLTANEGARIRRIHFGSFSC
RISPETLQSMHGCSPTKSTRSHGDGEADPNISGSLAVSRGDVYNETALICLTNMGDIMVLSVPELKRQLNAAAVRREDINGVSSLCFTNSGEALY
MMSSSELQRIALATSRVVQPTGVVPVEPLENEESVLEENDAENNKETYACDEVVNTYEIKNPSGISICTRPAEENVGRNSVQQVNGVNISNSPNQ
ANETISSSIGDITVDSVRDHLNMTTTTLCSINTEETIGRLSVLSTQTNKASTTVNMSEIPNINISNLEDLESKRNTTETSTSSVVIKSIITNISH
EKTNGDNKIGTPKTAPEESQF*
(SEQ ID NO: 1269)

Celera Sequence No. : 142000013384703
TTAACTAAGGCGATATTGTGCCTCTCGCTCAATCTCGCAAAACGATGCTTTGTCTGCTGCTTCTCTGTGCGTGTGTCCGTCTCTTTCCACGGCTT
TTCGTCGAGACTCACATATACAAACGGCGACACACTGGATTGGAGCTGGACTCCGTTTTGGATGGCTTGGCTTTGGCTGCGTACCCAAAATAAAT
CGCGCTTGCAGTCCCAAATCATTTTAGTTCTTGACGCCTTTGTTCCACAAAAACTTCCAACCGCCGTCCATGGCTCGTGCTTTCTCTTTCGCTCG
CGAGACGCTCCAAAAGTCGCGAGTATGGGAAGAGAATGTATCCCTCGCTCTTTCACGCCTAGAAGCGGCTGTAGCACACACAAGCACACGTAAAC
CCAGCCGTATGCATATACATATATTCCCTCTACTAGCGAGACGTGTGTACGTGCGTATGTATGTATGCTTTTTTCACTTCTTTCTCCTCTGCGTT
CTTTGCACCAAGTGTCGCTGTTGCTATTTGCTACCGCCGCTCCTCTTGACGAATAAGTCGGGACTTGTATCAGCTCTAATTCGGACTTAGTTTAC
AAAATGCGGCTGCTTTTTTTCCGCGATACTCGGATTAGTGATGTAAAAAGACGTTGATGCTTCGACCACTGAAGTCAGTGCGATATGTATCGATA
ATTGAATGCCATCGATTGCTACGATTAAAACTGCCACCGCAGTTAGCGGAGACGCTCACCATTCTCTATTCGCCATTTGAAAGTATCGGTGTAAT
TTGTTTTCAGAGAAATTAATTTCCGTTTACTGTGCAATTCGGTGTGAAAGTGTTCAGATTTATCAATGCGTATTCTGCTTTCGACTTCGCCACCA
ATCTGTGCTGCAAGTTACCATTACCAGGTCCACCTGGTTCCCGCCAGTTTTCTTTCATTGTGGCTAGTTGTTGTTCGTGCCTTCGATAAAGACGT
TTAGAGGTGTTTTTAGAGTTTCGCCATCTGGTCACTATAGCCGTTTCGTTTTTTACGTGAGTATTGTGAATTTGGTGTGTTGATTTATATCTCAG
TTGGAGCCTGCGTGGAAATAGTGTCAGTACGTTTAAAGGCATCATCGTAAGGTTAGTCGGAAAACAAATAAAAAGCCTACAAATAGCAAGCAAGA
ACGCTTTCGCAACCACAAGAAAAACGAACATACGCACGCATCCATCTGTGGTAGAGTCGGCTTGTGTGGGGGTGAGTGGATGTGTGGGTGAGCAT
TTCTGGAAAGTGCCGTTCTCTATGTTTCGATTCTACTTATCCCTTCATCACCATTTCATCGTTGAATCATCACGAAAGAAACATCGAAAGTGCAC
AATCGTTTGTTATCTTTGTACGAAAACAACGGTGATTTCCACACAGGCATAACCTGCAAGAGTAATACGATACAAATTTTGATCTGATATGACCT
CATTTTAGTCGGTTTGAATTTTAAAGAGAGCGACTCTGCAAACTGCAGGGATATGAACATACAAAATTCACAAATGATTGTTTGCATCCTAGTTG
CTTATATTCATTTACACGCATGCTTATATGCTTACATCTGTTATCAATAATTGACGACTTGGTGCATGCGAAGCAAACGCATTGAAATGACTATT
GGGATCCACACACTGTTAAAAAACACACTGATTGCACTGCCACACATTTCTCAACTAGAACCTAATGTTTTATACTGAACTTAACTGCAGGAAAG
CCCAAAATGCCCAGCATCAAGTTGCAATCTTCGGATGAGGAGATCTTTGACACGGATATCCAGATCGCCAAGTGCTCCGGCACTATCAAGACCAT
GCTGGAGGACTGCGGCATGGAGGACGATGAGAATGCCATTGTGCCGTTGCCCAATGTGAATTCGACGATTCTTCGCAAGGTGCTTACCTGGGCTC
ACTACCACAAGGACGACCCCCAGCCAACGGAGGATGATGAGAGCAAGGAGAAGCGCACAGACGACATTATCTCATGGGATGCAGATTTCCTAAAA
GTCGACCAGGGCACACTGTTTGAGCTGATATTGGCAGCGAACTATCTGGACATTAAGGGCCTTCTGGAGCTCACCTGCAAGACTGTTGCAAACAT
GATTAAGGGAAAGACTCCCGAGGAAATACGCAAGACCTTCAACATTAAGAAGGACTTTTCGCCCGCCGAGGAGGAGCAGGTGCGCAAGGAGAACG
AGTGGTGCGAGGAGAAGTAAAGCGCGGCATTTCGCGGGACCAACATTAAGTTGAAACAGCTAGGGGATTCGGGAACGAATTGGATTTGCAGCATT
GCAACTTTACTTAGTTGCTACTTTCATTTACATTTTTTTTTATTTTTAACCCCAGCAGAGACTCGATTTAAATTGTGTATAAATGATCTGTTGCT
GATTTGATTCGCGGGGTTCATTTTTTGTCGTAAATATATCTCATATACATACATATGCGAGATTGTAACACTCTCTTTAACCTATTGGAGTAACA
CTTGATTTCACTTTAATAAATATAACTACCCAACACAAAGACACAGCCTATTTTGTGGGCTTCCCGGAGGGGTTAGGGTCCAAGGACTTCTCAAA
TTAAGAAGTGCTCTTTATTCGTTATCTTGTGTTTAGAAACGTTTGCAAGCGTTTGAAATGGATACGCATGCCATTTATGGTCCAGTCGGTAAAAT
TTTACGTGTTCCCAAGAAGGTACATATATATCTTAGATTATCTTATCTATAGAAACTACATTCATAAGATCACGCTTTCGGCGAATAGCGAGTAA
TACTGTAGCTGCCACTTTGCCACTTAGTGTGCAATTGAAATGCGCGCCAACGCATGTTCTCATATGCGGAGCGTTTAGCAGCCCTTAAAAAGCTT
TTCATGTTGCTTTTAAAAAGCTACGACGGGTGTGGAAATTAGATTTGTGACGCTTTATATATCTTTTTTTTATATCGTCTGGGGTACAGCATGGT
TTTAGGATTTTAGAAGAAAGCAGTAATTTTGTAAGAATCGAAGAACGGGGGGATATTTATAATTTTCATATTAACCTTGTCTTTGTTTGCTTTTG
AAATTATGAATACTTCGAAAGATAATTATCTTGTGCGCATTCCATTCTGGCTTAGACTGGGTTGAGCTAAAAATGATTTGAAATACAAATTTTTA
GGTGTCCGCTGATATATAAACAGTATGATGTTTTTGCACTTTTTTCCCTGAAGTTTTCCTTGTTGTCTCGCTTGCCAATGCTGAACAAAGTAGCC
AAAGGACCTTTACTTGAAGCTTTGAGAGCGGAAAATATATTCGGGGACAATTGCTTTAAGTGTGCACTAGGCTTGGCTAGATGCCCGTGCCAAAC
TTTCTTTGGAATTGATCGCTGGCCTTAGCCAAAAGTGGAAAAAAGAAAGGATAGGATAGTGCCGCACGTATTAAGGGTCTTCTTACAAAAGGTAA
CTGATATTAATTCATTTGCATACTAAGCAAGCTAACTCATCTGTTT
(SEQ ID NO: 1270)

Exon: 1001..2466
Start ATG: 1717

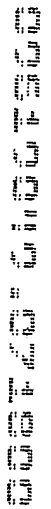
Transcript No. : CT43239

TTTTACGTGAGTATTGTGAATTTGGTGTGTTGATTTATATCTCAGTTGGAGCCTGCGTGGAAATAGTGTCAGTACGTTTAAAGGCATCATCGTAA
GGTTAGTCGGAAAACAAATAAAAAGCCTACAAATAGCAAGCAAGAACGCTTTCGCAACCACAAGAAAAACGAACATACGCACGCATCCATCTGTG
GTAGAGTCGGCTTGTGTGGGGGTGAGTGGATGTGTGGGTGAGCATTTCTGGAAAGTGCCGTTCTCTATGTTTCGATTCTACTTATCCCTTCATCA
CCATTTCATCGTTGAATCATCACGAAAGAAACATCGAAAGTGCACAATCGTTTGTTATCTTTGTACGAAAACAACGGTGATTTCCACACAGGCAT
AACCTGCAAGAGTAATACGATACAAATTTTGATCTGATATGACCTCATTTTAGTCGGTTTGAATTTTAAAGAGAGCGACTCTGCAAACTGCAGGG
ATATGAACATACAAAATTCACAAATGATTGTTTGCATCCTAGTTGCTTATATTCATTTACACGCATGCTTATATGCTTACATCTGTTATCAATAA
TTGACGACTTGGTGCATGCGAAGCAAACGCATTGAAATGACTATTGGGATCCACACACTGTTAAAAAACACACTGATTGCACTGCCACACATTTC
TCAACTAGAACCTAATGTTTTATACTGAACTTAACTGCAGGAAAGCCCAAAATGCCCAGCATCAAGTTGCAATCTTCGGATGAGGAGATCTTTGA
CACGGATATCCAGATCGCCAAGTGCTCCGGCACTATCAAGACCATGCTGGAGGACTGCGGCATGGAGGACGATGAGAATGCCATTGTGCCGTTGC
CCAATGTGAATTCGACGATTCTTCGCAAGGTGCTTACCTGGGCTCACTACCACAAGGACGACCCCCAGCCAACGGAGGATGATGAGAGCAAGGAG
AAGCGCACAGACGACATTATCTCATGGGATGCAGATTTCCTAAAAGTCGACCAGGGCACACTGTTTGAGCTGATATTGGCAGCGAACTATCTGGA
CATTAAGGGCCTTCTGGAGCTCACCTGCAAGACTGTTGCAAACATGATTAAGGGAAAGACTCCCGAGGAAATACGCAAGACCTTCAACATTAAGA
AGGACTTTTCGCCCGCCGAGGAGGAGCAGGTGCGCAAGGAGAACGAGTGGTGCGAGGAGAAGTAAAGCGCGGCATTTCGCGGGACCAACATTAAG
TTGAAACAGCTAGGGGATTCGGGAACGAATTGGATTTGCAGCATTGCAACTTTACTTAGTTGCTACTTTCATTTACATTTTTTTTTATTTTAAC
CCCAGCAGAGACTCGATTTAAATTGTGTATAAATGATCTGTTGCTGATTTGATTCGCGGGGTTCATTTTTTGTCGTAAATATATCTCATATACAT
ACATATGCGAGATTGTAACACTCTCTTTAACCTATTGGAGT
(SEQ ID NO: 1271)

Start ATG: 717

MPSIKLQSSDEEIFDTDIQIAKCSGTIKTMLEDCGMEDDENAIVPLPNVNSTILRKVLTWAHYHKDDPQPTEDDESKEKRTDDIISWDADFLKVD
QGTLFELILAANYLDIKGLLELTCKTVANMIKGKTPEEIRKTFNIKKDFSPAEEEQVRKENEWCEEK*
(SEQ ID NO: 1272)

Celera Sequence No. : 142000013384225
CATAGATCACCCTGCCCGAGTCGCAGGATACCACGAACAGGAAACCATCGGCCGCCTCCAGGATAAGATGCTTAAGCTCCTGGTCGGTCAGGAAG
GAGGGCTTGTAAGTGCCATCGCTGCTGGTATTTCCTGTGCCACGCAGTGCCTTCATGTGAGCCACTGCCATGCGGAGAATGGTGAGCTTGTCCGG
TTTGCGGGCCAGGGCACTGCAGGTGGGCACCATGTCCGAGAGTTCCGTGATGTAGGCCGTCATCTTGTTGCGGCGACGTCGTTCAATCTCGCAAT
GGTTCTCGCGGCTGGCGAACCGCTCCTTGTCCTGTATGTTCGCCTCGTCCATGCTTGGAATGCGTAATTAGAAAACGTTCGTCGTAATTTGGGTC
GCCTGTGCTCTGTGGAAAAAGGTTCGTGGAATTGAGAGAGGGGCGGGGTAGGGGTAGGGGTTAGTATTTTGTCTACGTCGTGCTTGTGTGTGTAC
ACTTGCTGGCTGGCCAGTAACCTTATTTCCCTCGCTTTTTTTACCCTTCTACTCACCAATGGGGGGTGTACAGAGGTACTTGGTTTATCCAGGCA
ATTTTATTCGGCTGGTCTTATGCGCTTTTACCATTAATTCTGTACTTTTCTTCTACACTACACGATAAAATCTCTGTTTACTGCGCGAAGTGTGA
CCGTAGTGTGGACTAACAAATATGCCGATGCAGTGTATAGCAAATCGATAACAATGCGCTAGGTGGCAACACAGGTGCGTTGAATCAAGACCAAG
TGGCATTACTATAAAACTAGAACGTTACATTTTAAAATTTTCATCCTAAAAAATAAACACAAATATACAATAAAATTTTAATTTAATATTGACTT
TTTTAAGGCCCAGCTATCTGTTGGCTAATTAAGTAAATCAATTTACCGCTTGTCGTGTGGTGAAAATGTTTTTATCTTTCAAAAACATACAAGAT
CGGCGTCCATTTAAAAAATCGCTTTTCCCAGAAAATAAATAAAACCATCATTGTTTCTGATATTGTTGTCAGTATTTAATGGTATTACAGCATTG
CGTTTTCTTACATATATCAAATATAATTTCATAAATACATTTAAATGTTTAGTCATAACTAGGCGCAGTATCGTAATTTTACGAACTATGATTCT
TTAAAAAATTAAAAGTTTATTATTAGTGGCAATAACATGTCTTCATTTACTCCTATCCGGATGCATTCTTATAACAAAATAGTAAGCTTGCGCTT
TATTCCATTTCGCATATTTCTTTGTGTTCTTTGCTTATTACATTTTTTCAGTTTTAATACAATCTTAGGTAAAGTTTTATCCGCTTTGCTTGTCC
TTCATGTTAAATCTGCTTGGTATTGTTAATTAATTATTGGCAATTTTCTAACTGCATGGTTTATTTAGATGGGCATTCCATTTTCCATATTTCAT
TCAAGCTGTTGGTACAACATACAAGTCTTTTGTTCTATGTTTATAGTTAAATATATTTAAGTCTCCATTAAAATACGTGCACTACTTAAGTGTAA
TTTAAAATGCGGCTTCATTAAAATAGCTTAGCGTGCTTAATACGTCTTTTTTGTGGTGTCTTTGTTGGATGAAGTCCGGTTTAGATTTAACTTCA
GCATAATTCGTTGACTAGAAATTAACTTAAGTACTTAGGGCTAGACTAATATTAACTTTAAACAAACACGCTCTTGCAGTTTTCTATTTTGGTTT
ACGTGCATAAGTGTTTTCTGATCAATCTTTGTTCATTAATTTGTGCTGCAAACTTATTTGAGTTGCGTCGATATCCATTTCCTTGCTGGAAAGTA
GTCAATATTTGCTTCTTGTGATTTCATATCAAATTAAGGTCATTCGTAGTTGCTGCAAGCTTAAACATAACTTTTCAAATCCGTTAACAATTTTA
TTTTGCCTTTCAAAACATTTAGCACCAAAATGATTAATCGCCAAATAAAGAATCCTTGTAGTTTGTGTTTGTTAATTTTGCACATCGTTTGGAAT
TTAGACATAGAGAAAAACTAAGTAAATTTGCAACAACTTTCAATTAATTCCAATTTAAATTCAAAATACTATAAACTCCTATACAATACTTTGGT
TTTTCAGTATACAACGCACAAATGGGCGATTCAAGGTTTGAAAAAAATTGAAAAAACGAAGATATCTTTGTTGGATTGAACAATACATAGTTTTG
GCTCTGGGGCGCACTTACTTATAACATCACAAAAAAATTAAACATACGTGTGATAAATTAGTTGATAGTTTCATACACTAATCTAGCTGCGTAAA
CTATCTAATCTTTAGTCTGCAAAAATAATGCCTATCTCTCCAATATAATATTCTTTGCGCTCAATTGCGTTTAAAATGCAACAACTTGTGTGTAT
GGTATAATGTGTAGCTTTAGTAGGTTTGATTGCGAGTAAATGTTGCTTGGCTAGGAAACGCCCGCGACCTTTCTACGTGGTGTAGGTGCGGATGA
CGTCCCGGATCACCGCCCGGCACAGTGGGCACTGGCCACCACCCACTCCGCGCCACTGCTCGATGGCGCAGTCGTAGCACATGCACATGTGTCCG
CACATGTACAGCACCGAGTCGATGGGATTCTCGTAGCAGATGGTGCATTCGGCACTCGAATCGGTGCTCTGCTGGTCGCTCAGGCTGTCCTTCCA
CTTGTTGGCCGCATTATTTGTGCTATTGGCAATGGGCTGCTGATAAAGTAGGCATTAGTATATGTCTAGGGAGTATTTCACAAAGCTTTGACACT
CACCTCGATGTACTGGCTGCTGGTGGTGCTGATAAGGGTGCCGCTGGAGCAGGCTCCGGCCAGAACACCGCTGGAGGTTACCGTGGCCGTTGGCC
TGGCCGCGAGTTGGCCGTTTATATCGTGCGAGCTGCTAGCAGGTGGCAGGTTGACCACCAGAACGGTGCCACCACCATTCGGCTGGATCTGGAGA
ATATCTCCGTTGGAGGGCATGCTGATCATGCGGCTGCCATTGACTCCGCCAGCTGAGGCCAAAGTGCTCGTACTCTGGGCTACGCTCAGCTGCGA
GGGATGATGCAACAGCTTGGCAGTGGCTCCGGCATTCAGACTGCTCATCGACTCGGTCATGGGCAGCATGCGGGACGTGGAGGCAGCGTTGCAGG
CGGACGAGCTGCTGGCATTCACATTGACCTGCGGCTGCGATGGATACGCAACCATGTTGGGTAACTGCTGGCGGAACATCCTCAGAGACTGCGTC
GAGCCGTAGACATCCAGGAAGGCCCACAGCTGGAGGGACTGGTCCACATGCATCACCACCACAGCTGGTCCGTTGTTCTTGCTGATGCTCACTTC
ACCGTTGGGCGCCACGAAGAAGGCAATCTCATCGCCGCGCTGAGGAGCAGCTGCAATATCCTTGCTCACCACCCAGTACTCGGGGCGATCGAGCA
GGAAATCCGAATCATTGGGCAAATCATTGGGCTGCAACATGGCCGGATTGCAGGAGGTCAGACCCAAAGCCAAGGCACCCACGTACATCTGTTCC
GTTTTCAGGACCTGCACAATCAGCTTCTCACCAATGCGAATGGGACGGGCAGTGAACACATATCCCTGGCAGAAGTCAGATTCCGTACGAGAAGC
CACAAAGCGATCCTGCGAGAGCCGCACATTCCGGCCCTTGGTGTTGTGGAAGGGCACTGGAATCAGTCGTCCGTTGGCATTGTAGCGCAGAGGAG
GCAGTCCATTGGCCAAATCATGAGCAATGGCCGCCTGTTCTACGCTAGCCACGCTTCCACCGTTTCCTGCCAAGTGCAGGGATTGCAGGGACGGC
ATCACATGGCGCTCCAGATCGTGCTCGATGGCCGCAGTGTGTCCTGGCAGGGATCTCCTCGACTGCTGATGCGGGTGATGGGAATTCAGGGCGGA
GGAGGCATTGGCAGCTGGCTGGGGCATTTGCTGTTGCTGGGCGGGCACAGTGGCCATTGGTATAGCCGCTGGCTGCTGCTGGTACATGTAAATGC
GAGAATCGAGAAACTCAATGCCCGTGCAGTTGCCATAGATATCGATCACCGTCCACAGCAGGCTTCTCGTATCGATGCCGGTCAGTATCACACCC
TTCTCCTCGTTGTTTATACCATAGATCACATCGCCAGCTCCATTGACATAGTAGTAAAGTATGTTGTCCTTCTCGCAGTACTGCTCGTGCAGAGC



CTTGGCCCAGAAGCCAGGCCTGTTGGTCAGATCCGGACAGGCGTACTTGGGCAGCGTTCCCTCCAGCGTTACAGGATCGTTGCTGGTGAATCCAA
AGCGAATTCCACCGTTCCAGTTGTTCGAGATCTCAGCAAACTTCACGCAGATCCTCTCGTTGATGCGAACCGGACGCGCTGAAAAGGTGATGGCC
CTGCAGAAGCTCTCAAAGCGACGGGCCAGGGTTCCGTCCCTTGAAATTCGGATGTTGTCGCCATGTACGGAGTGGAATTGCAGCGGAGGCAGGTT
GTTGGGGCCAGGACATGAAGAGGGTGAGCGGCGAACTGAAATGGTATATGTGAAAGTTGAGTTAGTTAGGATTTTTTTATATAGTATTATATTTC
ATTTAAATTTCTTGCAATACGAACATGATTTAAGCTGTTAGTTTTATCCCACAAATCATTTGGAAACCTTGAATATACTTTCGCATTCACGAAAT
GCTGCCTTCCCACAATCCATTTATCTATTAGTTACATCTTCTGCCACATTGTTTTAAAATCTTTTTCCCAACGCCAGTTCCCCGTATCAAATTAC
GCATCTTCAGAAAGATGTCTCCAGGTAGCCGAACATTCAACCATGTGCTAGCGATCGAATTACGCAGAAGCCCAAACTGATCTTCCTGGGTGAGT
CAATAACCCCCAACCCAAGACCCAAATTTAGTTGGTATTCAAGCACAGGGCACGTGACTGTATTGAAGACTATTGAACCATTGGGTTTTGGGGAT
TTGTTGCCTTGGGAAAAAACGCGGACTCAAAAGGATTTACCATGGTCATCGCCAGCTGCTGGCCCATTTTCTTGGAAAATCAAAGTCACATACGT
GTGAAGTACAAGAATTACTTGAGGAATAGATAAATATTGGTGTAGGTTAGGCTAGAGAATTCTTACAATTTTCAAGCGATTTCAAATTCCTAGAT
ATATATTTGAATTGTTATTTTTGTTACTAACTCGTTATACTGGATAGGCGTTTTTTTATTACCAATGAATAGCTTGTTGCTATCGGGCTTATGGT
AAATTCTTTGCAATTATATAGGGAAGCACTTCAATGGCAGAGGAATACTTTAGGAATCCCTTAAACATATTCCCGAAATTGACTTAATTATTGCA
CCTTGCAAATCTACGTATATCAGCAGCTGCTGACAATTACCACAAAAGACTAAGTCAGGGCAGAAAAACCTATAACCGATCCATATGGCCATACA
TATAAATAATTACTTGAGGACGAGGAGTCTTTGGATGGCGACAGGTTTCTGCTCAGGTCGCTGGAATATGCCCAACATCAGACGATTCCGGCGGC
ATGTCAACAGTTGCAGTAAAAAAATATATAAACTCAGTTTATAAGAAAGCCATGGCGAAGGACCTGAAGCAGATGAGGCTGATGTTGCTGGTGAT
TACCATGTTGATATGCGGCGCGTGGCACTGAAGATCAATGTGTTTGCTTTGGAGCGGCATGTGGCAGCTGTCCTTTTTCCCTTCTTCTCGATTCC
TTTTGCAGCCTTTGTTGTGCGGAGGAAGAAATAGGAAGGTCAGAAGAAAGCAGCTGTACGGTTGGAACAGGTAAAACAACCCCTATGGAGAGCGA
GAGTCTGTCCCCGTTTTTCGAGGGTAGTTTTCAACGTTTTCGATCGCTTAGGGGTTGCTGCAGTTTCACAGTCTGCAGCTGTTCAAATTTCGAAA
AAAAAATACTGCAAGACAGATACAAGATACAAATGCTTGGGTATCTGAAAGATTCCCCTGGCTTGGCAGTGTCTTTGGGGTTGAAATTTAATCCT
AAGCCAGGGCCAATGACTTGCACACGAAATCTGTACTGTCTGCTTCCCGAAAAAATCCAATCCTCAAGTGCTTCCGCTGCACGAAGTGGAAAGGG
AGCACCAGCTTCCGGTGGCTCCCATTCTAAAGGAAACATCGCGCCTTTGGAGATTCGCCATGGAGGAGGAGGAGAACCAAGGTGGAGTAGAAAGC
CGGCCCAAAGACTTCTACTACGAGTGCAATACCCCAACCATCCATATTTATGAAGTGACCGCGACGAGGAAGTAGGAAATCACGTACTACGCACA
TACGTGTACTGGATTGGGGCCTATTAGCTGCAGGATGTTGTCGTCTCACTAGCCTGGCCAACTGGCGACGCCTACTTTTTATCGGCCCAGACAGT
CGTCAGTCAATGGATGGAATTGCAGCGGCGATCACTAGCATTCGCTGGCATCAATGAATGAATGAATGAGTTAAATACGCGCCTCGCATTTTTCC
TTAAACTCGCAGTCCCAGAAACGGTGCTTCATAGACGCGTTGATACTTTCAATTAGCCAGGCCACAATTAATTAAGTGCAGCGAGGCTTTAATGA
TACCCTCCACCCCATGATAACTAATTGCATTAAATGTATAAACGATAGACTTGTCGGTTGGGCAGCAAACAGTGGCGGCTCGAAAGCGTTCAATA
CGCTTTCAGAGTAGGAAATTATTAAATGAATACCTTACGGTAGGGCTGGCTTTCCGGCACTCTTAACTATGATTAAGGATACATAAAGATAATAC
TTGTGAAACAAGCCAGTAGCGATGAAGACCAAGAAATTATCCATTTCCCAGGCCATCCAATCATCATCCAGTTTCGACACAATATTTGCCAAATA
ACAACAGAAGATGAAAAGTTCAAACTTTCGGTGGTGGTCATGGTGCGTTTGGAGTTTGCCGCTCTGCCGCAGCAAAGGTTCCCAAACGCCGATTC
CCGAACTGGCAAAACGAAGACCCTGGCACATCCGATCGACTGCAAACGATCTGGCGGTGGCTGCTGCAGTTGCAGGCAAATTTTCGTTGCTTTGC
CAAAATGGAAAACCTGATTTACCGTTCGGCGCGGATCGGGAACGTCTTTGGATTCGCCACCAGCAAGCGAAGCAAAACATTTCCCACGCTGAGCA
CTGGGCAAAAATCAAACACAAACTCCGTAGAGACAATTCCCACGACTCCAAATTTGTATATATAGGAGATATATAGTAAATTTGCGGCTGCCGAA
CATCGAAAACCTGTAACAAGCCGCGGTAATTGCGAGAAGAGAGTGCGCAGTTCGCAGTTCGGATCTTCCCGAATCTTTTGGCGAACTAGAGAAGA
AGCTGCAGCTGGGTGATCGAGCGGGTGGAAAATGTGAAAATCATGCAGGTGTCATAAAACAAAACCCCGCTTCAATGGAAAAAAAAGGAAACCAA
AACCAGTGAGGCAATTGTGCGGCCATCGTTAGGCGAAATCATTTTAACGATCTGATGAAGATCTCCAAACATTCAAAATCCCATTGAGCGCAGAC
ATCATTAGATTTCGATTGGCACTCGTGAGTCGAGTTTGGCGATCATTAAAGGCAGATTACGATGATGTCTGAATGAAGGCTAACAAGGGGATACG
ATGTGAAGCTAAGCATCAACTTATTGAAACGATCGGTTCTAGCAAATCGCATCAAAGTTAATTAGTTCGGTAGCATTCAGGCTGTGGGAAATCAT
TGGATCGCTTTAATATCAAAATCTTTACTATAAAATAAACTAATTTTCAAAGTATGGGTATACAAAGCATTATCTTGACATAAACAACCAACCAT
TGCTGACTGCAACATTGTTCCCGCTGCCACCCACTTGAACTCCCTACCCGTTTGCACCGATTGAGGTCACAGGTCACGTGCTGCCCCGCCCCCTG
CGCCGTGCCTGTTGTTGTCAGCCCACGTGCGTGTGTCAGAAGACGTGTGCGGACAATTAACACGCCCCAGGCCGTTTAATTGCACCGGAAGTGTC
CCATAAAAGCCGGGGCTTTCGTTCAAATGCCGGCTTGGCATGCCGAGGTGGAGCAATGGATCATTTATACAAATTGTATCAATTGGTCAAGCATT
TGGCATAAATTATCGGCATTTTGCAGCGCCGCAATCAGTCAGATCGAGTGGGTGAATGAGCCGGATTGAGTTGGACCTAAGCATTTTGACTTCCA
CGGGCTTGTCAATGGATCGACCCACGCCGATAAATAACTTATAAGCGTATCTATGGCCAGCCACTCCGCATAGTGTGCTTATTTTTCTACATTTT
CCTTTTCGACATATCAGTGAAATTAGTTGAGGAAACAGTGTGTGGGTCGTTTGTTAGTTAGTCAGAGACTTGATCTGTGGGCAGAAAAGCCAAGC
GTTGGTCGCAGCTTAAGAGCTGAACAATTGTCCATCGAATGGCTTGTAAAACAATTCTCACAGCAATAAAAGCAATGCTAAATTCTTGTCTTAAA
TATACGTAAATGAGCCTAATGAATGTTAATTAATCGCTCGCAAACAAACAATTTGCATGGGGCGGGAAAATATGAAAGTTTTCCTCACAACAGAT
GAAATTTTGTTTTGTTTTGTTTGTCGGCGTTTTTAAGTTTTCCTTTCTAACCACAAAATACCAAGCATTTCATCCCAATCAATTTTCCAGTTTGT
TTTTTTTTTTTTTTTTTGATTTGGTGCTAAATGCACTTAGCAAAGAAGTTCGACTGAATCGAAAAACCCAACCATTGAGTTGATGCGAAAACCAC
TTCCGTTCTGCTTGAGCCGCTGACCAGTACAGCGGAAATTGCACTGAGATCCACTCATTGCGAGCTGCTGGAGCGGGAAACTCTCTCTTGCGGTG
TGGATTCCCCCACCGGTTTGGCCCCTCCTGGCAGCGCATGTAACTCTAGAAGCTTAGCAAGAATGGACGCAACATAGACTCTCTGCAAATATAAT
AAAAATAATTACACAACGGAAAAGGGGCCGACTGGTGGCGGCGGCTGGCGGCGTTGACAGCAATGAAACCAGAGGTCAAACTATGCCAAGTTGCT
GCAACCAGTTGTTATTGTGTCTGAGCAGCTTTACTTCTTCCCAAGTACATTGCACTTTTCATGCGATTAAGCGAAATCTGATACTGCACGCCATG
TGAACTAAAAATCAAAGAAATCACAGCAGCAGCAACTCTAAGTATATCAACCATTTAGATAAAGACTCTTCAATGAAACTATCGATAATACAGAA
AAAAGTGACTAATCAATGAAAGTGCATCAGGAAATTTCCCACAGGAAGTTCGAAGTAATCAGGGAAGACCATAAAGATAATCGGTTATCTTACAT
GAAGAAATTAGTGTTCAAAATGCTTGGTTTTGCACTTGCTTAAGAAATCCACCTTACATATTGATCACACCTCTCTCAATGGGTTCAATGACTCC
CAATGACTTTTCTCCCCGTTCGGCATAAATTTTCCGACTTTCCACGCACATACACACAAATTAGTTATAAACACCCGGATGAGGAGGCGCAGCTC
CCCTTCTAATATAATTAGCCACCGAAAGGGAGAGATATAGAAAAGCATATATATAGAGAGAGAGAGACGGAGAAGCGCTGAAGGGTGGGTGGCCA
AATCAAATTTACATGTTTATTTTTACAAGCCTACAGAAAGCAACTCAGTGGAATGGGAGCACCTCTCTATCGATGCACATGATATATCCGCGTAT
ATGTATATAGTATAAATATCTATGGTTGTTTTTTTTTTATTTGGGCACTGAAGCATGCAGGAGGCCCCAGCCAAGAAGAACTCAACTTTTTCAGC
TCCGAATAGACATAAAACCGATCTAAATATACACGCGTAGATATAAGGAAGCAAAAGGGAACCATAAAACGCACAATAAACAACATTGTCTCTTA
AAGTGTTGACGGTTTCTGCAGAATAAATCGTATGGATGAAATATGAAATGAAATAGTTGGACTTCTCTTTAGTTGAAGCAACTTAATTATTAAGG
AAGCAATTAATACCGCGTTTCGTTGCAGTACTGTACTTTCGAGAGCTCAGATACGATAAGCCCGGCTTTCTTCCGCTACGTTTTGTTGCGCTTTG
TAGGCTTGCTGTTTATCGAAGCGTTGCAATTACTGCAAAGGGCCAGTGGTGGGGTCTACATAAATGTACAGAAAAACATATATACGAGTACAATA
TAGAAAAGTTGATAGTTACTACCATACAACTTGCATTTCCTCGCACTTGACTGCACAAGACACCCACCCCCGCGATTCTCTACAGTCTGCCAACT
CTTTGTGTAATTAAATCACTCGAGCGTTGAGGGGGAGCCCACAATAACAGCTTGAAGTTGCGCTGAGTGGAATGGACTCGAAGAGTCGTC
TTGTGATAGGAACACATCATTATTACATTATAACGCTGTTATTACAATGGCTGACACAGACAATTCAAGTGTTTTGGACTGCGGAATTCGATAGT
TTTTGATGCCACCGGTTGCATTGTTATCGGCCATCTCATTAAAACTTAGTGTTATAGCCAAACCATGCAAATTTCGAAGATTTTAACATATTAAA
TACCCCGAACAGATGCAAAGCTAAAACCAATCTAGTTTTGGTTCCTCCCAAAATAGGTGTACATATTAATTACATTAAAGTTCTGCCCGAATTTC
GGGCCACAAACGCTAAAGGCCAAAAACCAAAATCCAAAAAACTCGATCTGGCCAAGTTGCTAGCGATGGATAGCCGAACAGCTGCTGCTGCTGGA
CATAGAGGCAGGCATAGATTAAATACCCGTAGGTGTTCGAACCGAGTAGATATACCGACGGTGATTTATGCCTAGCAACCAGCACATCGCCCGCC
CTAACCCGTCTGGAAAACACGCCCTCCCGAAAGGCCTACAAAATTGACCCAAAGATGCCTTTGGATATCTTTTCGTCTCACTTTGCGTGAGTTAA

TTGCAGCTGATTTCTTGGCCAGGTATATACTATGTGCTATGTGGTATTGCTATATTATATGTTTCTACCTGTAGCTACCTGAACTCCACCTTTTG
TCTTGCGTCAGTTGCAACACCCTGCGGTGTAGCGTATCTACTTAGATTTTTTCTTTATCTATGGGGTGGTGTGCGTTTTTATCTTTCGGCACAGA
CAAAATGTTAACAATTTTGTACTACACATTTGGGTCGTGAGGAGAACTAAGGCGATACAGACAATGGTTATAATATACTTTTCATTTTCAATTTT
CATTTAGTTATACACTAGGTTAGAATTGTGAGATAAATCGAAAAGATTTGTTAACCGATGTTCACTGTACTCGTCTTCAAGCTACCAACTTAGTT
CAATAACTGATAAGCGAAAGATGTGGGAGGCACTAAATAGGTCACAAGATAGCTAGCTCTTTAGAAAAAAGCTAGCAAAGTTAGCACAAGCATCT
TTGTGTATATCCCCAATAGTTAACAACTGGTATTTATAGTTAATCAGTTGCAAAACGTTTACACTTGTAGAGATAACATTTCGCAGTGTCCGTTA
TCAAAGCGCGAAATTAAGCAGTGCTTCATATCAGCTATATGAACTATACTATACTACAATAACTATACGCAAACTTCAGAATGACACATCGAGAT
GATGACCTCATGAGGGGGAGAAAAATAAGTGAAAAAATAACGAAGGGGATGCATGAAAGTGGAAAAATATAGCAACAGATGTATGTAGCGAAAAT
GCTCAGCATACAACTGTGCTCAACAGAAAATGGCTTACTGGGAAATCAACAATAATATGTTAATATTGAAGCAATATTAGCAAAATGTCTCTTAA
ACATTATGTTTACAGAAATTTGTTTTTAAGCGGCGACTTACATATTTTGAACTTAATAGAATAACATTTTAGGTCTCAGAAGTTAATGTATGTAT
ATTTATGGTGACCAACATTGTACTTAGATATGTACTTATATGTACAAACTTCCTTGGGGGGTGCGTACCGTCATTAACAATTGACTATTTACTTT
TGGCCAACAATCGAAGGTCGGGCGACAATTTGTATTTGTGTGTCCCATAATCGGGGTCTCAAAGACGAGTTGGCAGTGCTCAGTTGCAAGCACAC
GCACGGCCAAGCAAACCATTTCGAAAAGTAAACCGTGAGAAGCTAAGTAAAAGCCAAGAGCAGATAAACTTTTTAGCCAAAGCAAACGTGGCATG
CCAACACACAATAATAATAACAACAACAAACAAGGTACGAAATGTAATAGAAAATGCAGGTACAAAAAAGCAAAAGCAGCTGACGCCGAGCAAAA
CAACAACAAAGCAATTTCATTGATTACCGATAGGCAACGCACGTTCAAAACAAACGGACTGGAGCCGCCGCATAAAACATAAACCATTGCGGGCT
TAAGCGCTCAGCAGAAAAATAAAAACTCCAAACACACTCAAGCTTCAAAGCCACGCCTCTTCCTCTTCTCATCCCGCTAGTCCATGGCTCTTCTC
TTCTTCTCCTGCCGTGGATCGTTTGCTTTTCTGTTGTTGCTACCTTTGTTTTTGCTTTTGCCGATGGCGGCAACGGCGCTTCGCGTACAATTCCC
CGAAAGGCAACAGCAACAACAACAAGCAATACTGAATGAGGCAGATGCAAAAACAGTGGTGGCGGGAAAAATGGAATCTCTTAAATACAGTACAA
TATTTTGCATAGCCACTTTTGACAAATAAAACTATTCCAGTGCTGAAGGACTAAATTAATAACTTTTTTTTATTATTCATATTGCGTCGTTCGTT
GATATTCGACTGCTAGTTGTGCGACCACAATTGTTCGTAGGAGGCCAGTAAAAATAAAAAAAAAAGGGGTAGAAGCTTAGCCTATGCGTCACTGG
CTTTGCTTTGCTTTTGCTTCGCCTGCTTTGGCCAAAAAAGAGAGCATTGAAGCCGAGAATGCAATTGAGCCAAAGTCAAAAAAAAAAGGTGATTT
GTTGTTTTTACTTCTTTTTTTTTGTCTTTCCTTAGCTCAGCTGCTTGCAACCAAAACAAAAACAGCGCAACAAATTCCCCAGCCCAGATAATCGT
TATGATAAACATAATCGCTCCTTGGGAAAATTGCTTTTGGTGGTATTTTCTTCAACTCAAGATCCCTCCGATCTGGTCTTCTCGATCAATTTGCG
GTTACTTGGGTGCGATTGAAAAATTCAGTTTTCGAGAACTGACATTTCCGGCGAAAAAGTCGGAGTGTCGATGTTAAATTCTGCCGAAAAAGCCT
TGAGAGAATTTCACATTTAAGATTTTTTCGCGCTTCTTTTGTGTCTATCTAGTCGGAAAAAAACAATTACTATTATAATCGCAAACTGGGCGTGT
TCTGGGTGAGCATTTATTCATTAGCTTTTTGTTTTAAACTAACTCAAACTTTTTCGGTTTTTGCTCTTATCTTTCGTTATTTGTTATTGTTCTTG
AGACGTAAAATGCTAATGTATGCATAAATGATTGCGGCTGGCTGTGTTTCTCGCTTATTTATCTTGCCGCTTTAATTAACCGAATGAATGAAAGA
GCGATAGGTCAGACCACATGCTAATATTATGTGGGAATATCGCTGGAGATAAAAATACGATTCCCAGATCGATGAATAATGTATTTAAGGCATTT
TCGCACGCGGTAATTACATTTGCTTCAAGACTTTAATGGTCAGATATCACGAAGGAAGTTTTATATTGTTAAAATGTACTACATCTACTTTAGAA
CCCAATCACACTGATTTTAAAAATTATTCCTGGATATTCCGAGAATTGTACGTCCTTTGAAAAACGACTTGGAAATTAACTGAATATTCTTGTTA
ATATATCCATCGATATCCTTAGCCCGATTCTTAGCCTGGTACTAATGCGACTACTAACCCAATCCAAAGCGCTTCTTGATCTTCTTGAGCAAGTG
CATTTTCTTCTTGCTAGAGAGCTTGTCCTTGGTGCTCATGAGCAGCTCGTTGGACTCCATGGCCAGGACCTGGGCGGCCTGCTGGGCGGGAGTGG
GCATGGCGTTGTGCAGCTGCTGCATCTGTTGCAGATGCTGCAAGTGCTGCTGATTCTGGTGGTGCTGCTGCTGCGGATGGAGAGTTAGGTGCGGA
TGGCTGCCCTGCATATAGTTGGCTGGTATATCCGATAGACCCATGGTAGTGGATTATTTCTTATTTCGTTATTTAAATTAAAACAGACGAACTAA
ACGAACACGCGTAATGCTAATGAAAATGCACAAGCTGCTTGCGTATTTTATTTGGCATTAAATTAAGCGATAGAGTTCTTCTTCGAATTTGAATG
TTTTCCGTTAAAACATTTTGAATTTGGTTGGTTGTTTGTCTGCGCGCAACGGGAACAAACGAAACGAAACGATACGAAACACAAAGACCGACGAC
GACAACTTCGAGACAACCTTTCGCTGAGTTTTTTTTCAACAAATAAACGGTGGTGCAGCCTTTTATAGCTTCGCACCAGCGCGACGTCGCTGACG
CAGCTCAGCTGGAGAGTAACGGATAGTACTGGCGCGCAGAAATTCTCCCGTCAGATTTGGCTTTTTTTAGTATATGTTTTCAAGATATTTAGAAG
TTTAGGTATGCCAGTAAGACATATTTGGAAATTTAAGTTTTTTATAATTACTATTAACGTTTAGTGACAATTTGGGCTGTAGATTTGAATAACAT
TTCCTGTTTTACAATTTAATTAAAATCAAGAAACGGTAACTAAATTACATTAAAAATGCTTCAATTTATTTAAACTTATAATTTGTAAGCAATCT
ATTCAAATAATTTAAAATTTATCCATTTTCTGGCTAAGGGCTGTCAGCCCTGAGCGTGGATGGAGCGAAAAAGAGAGCTCAAGAGAGAAAATTAT
GAGACGCCATCGCTCTCTTTCTCTCTCTGGCAGCTGTTTCTTATTTACTATGGTTTCGCTTTGTGCCTGCTATTCGCGTGTATAGAGCCTCCCTT
ATAATTTACCTTTATGCCTCTAACTCTGCACCTTGATCAGGGATTCCTCCACATCTTCTCCTGCTGTTGCTCTTCCTGCTTCTTGTTGTTGTTGC
TCTAGGCCTGCATTTGGGATTTTGGCCATAGTGCTCTGATCTTCACTAACAGTTATTCTCCTCACCTTAGTGTGTGTGTAGTTCAGCCAGGTTCA
AAGCAATTCTTTTTCTTTTTCGCAGGGTTTACAAGGTCTGGCTCATATAACTAGAAAACTATTTCAATTGCCCTAATGCTTTTGATCGTGAACTT
TGTGGGCCAAATATCACACGTACATACATATGTGTGTATGTATGTACTCAGTTGGAGTATGTATGGAGTAATTCCATGGGAATTAAAAAAAATTC
CCAAACGTTTCTTGATAATAATAATAAATTTCTTCTTTTCCCAATTGTTTTCGGCACATTTAATTGTCCAT
(SEQ ID NO: 1273)

Exon: 14366..13834
Exon: 4500..2759
Exon: 2699..1001
Start ATG: 14104 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT32118
AAAGGTTGTCTCGAAGTTGTCGTCGTCGGTCTTTGTGTTTCGTATCGTTTCGTTTCGTTTGTTCCCGTTGCGCGCAGACAAACAACCAACCAAAT
TCAAAATGTTTTAACGGAAAACATTCAAATTCGAAGAAGAACTCTATCGCTTAATTTAATGCCAAATAAAATACGCAAGCAGCTTGTGCATTTTC
ATTAGCATTACGCGTGTTCGTTTAGTTCGTCTGTTTTAATTTAAATAACGAAATAAGAAATAATCCACTACCATGGGTCTATCGGATATACCAGC
CAACTATATGCAGGGCAGCCATCCGCACCTAACTCTCCATCCGCAGCAGCAGCACCACCAGAATCAGCAGCACTTGCAGCATCTGCAACAGATGC
AGCAGCTGCACAACGCCATGCCCACTCCCGCCCAGCAGGCCGCCCAGGTCCTGGCCATGGAGTCCAACGAGCTGCTCATGAGCACCAAGGACAAG
CTCTCTAGCAAGAAGAAAATGCACTTGCTCAAGAAGATCAAGAAGCGCTTTGGATTGGTTCGCCGCTCACCCTCTTCATGTCCTGGCCCCAACAA
CCTGCCTCCGCTGCAATTCCACTCCGTACATGGCGACAACATCCGAATTTCAAGGGACGGAACCCTGGCCCGTCGCTTTGAGAGCTTCTGCAGGG
CCATCACCTTTTCAGCGCGTCCGGTTCGCATCAACGAGAGGATCTGCGTGAAGTTTGCTGAGATCTCGAACAACTGGAACGGTGGAATTCGCTTT
GGATTCACCAGCAACGATCCTGTAACGCTGGAGGGAACGCTGCCCAAGTACGCCTGTCCGGATCTGACCAACAGGCCTGGCTTCTGGGCCAAGGC
TCTGCACGAGCAGTACTGCGAGAAGGACAACATACTTTACTACTATGTCAATGGAGCTGGCGATGTGATCTATGGTATAAACAACGAGGAGAAGG
GTGTGATACTGACCGGCATCGATACGAGAAGCCTGCTGTGGACGGTGATCGATATCTATGGCAACTGCACGGGCATTGAGTTTCTCGATTCTCGC
ATTTACATGTACCAGCAGCAGCCAGCGGCTATACCAATGGCCACTGTGCCCGCCCAGCAACAGCAAATGCCCCAGCCAGCTGCCAATGCCTCCTC
CGCCCTGAATTCCCATCACCCGCATCAGCAGTCGAGGAGATCCCTGCCAGGACACACTGCGGCCATCGAGCACGATCTGGAGCGCCATGTGATGC
CGTCCCTGCAATCCCTGCACTTGGCAGGAAACGGTGGAAGCGTGGCTAGCGTAGAACAGGCGGCCATTGCTCATGATTTGGCCAATGGACTGCCT
CCTCTGCGCTACAATGCCAACGGACGACTGATTCCAGTGCCCTTCCACAACACCAAGGGCCGGAATGTGCGGCTCTCGCAGGATCGCTTTGTGGC
TTCTCGTACGGAATCTGACTTCTGCCAGGGATATGTGTTCACTGCCCGTCCCATTCGCATTGGTGAGAAGCTGATTGTGCAGGTCCTGAAAACGG

AACAGATGTACGTGGGTGCCTTGGCTTTGGGTCTGACCTCCTGCAATCCGGCCATGTTGCAGCCCAATGATTTGCCCAATGATTCGGATTTCCTG
CTCGATCGCCCCGAGTACTGGGTGGTGAGCAAGGATATTGCAGCTGCTCCTCAGCGCGGCGATGAGATTGCCTTCTTCGTGGCGCCCAACGGTGA
AGTGAGCATCAGCAAGAACAACGGACCAGCTGTGGTGGTGATGCATGTGGACCAGTCCCTCCAGCTGTGGGCCTTCCTGGATGTCTACGGCTCGA
CGCAGTCTCTGAGGATGTTCCGCCAGCAGTTACCCAACATGGTTGCGTATCCATCGCAGCCGCAGGTCAATGTGAATGCCAGCAGCTCGTCCGCC
TGCAACGCTGCCTCCACGTCCCGCATGCTGCCCATGACCGAGTCGATGAGCAGTCTGAATGCCGGAGCCACTGCCAAGCTGTTGCATCATCCCTC
GCAGCTGAGCGTAGCCCAGAGTACGAGCACTTTGGCCTCAGCTGGCGGAGTCAATGGCAGCCGCATGATCAGCATGCCCTCCAACGGAGATATTC
TCCAGATCCAGCCGAATGGTGGTGGCACCGTTCTGGTGGTCAACCTGCCACCTGCTAGCAGCTCGCACGATATAAACGGCCAACTCGCGGCCAGG
CCAACGGCCACGGTAACCTCCAGCGGTGTTCTGGCCGGAGCCTGCTCCAGCGGCACCCTTATCAGCACCACCAGCAGCCAGTACATCGAGCAGCC
CATTGCCAATAGCACAAATAATGCGGCCAACAAGTGGAAGGACAGCCTGAGCGACCAGCAGAGCACCGATTCGAGTGCCGAATGCACCATCTGCT
ACGAGAATCCCATCGACTCGGTGCTGTACATGTGCGGACACATGTGCATGTGCTACGACTGCGCCATCGAGCAGTGGCGCGGAGTGGGTGGTGGC
CAGTGCCCACTGTGCCGGGCGGTGATCCGGGACGTCATCCGCACCTACACCACGTAGAAAGGTCGCGGGCGTTTCCTAGCCAAGCAACATTTACT
CGCAATCAAACCTACTAAAGCTACACATTATACCATACACACAAGTTGTTGCATTTTAAACGCAATTGAGCGCAAAGAATATTATATTGGAGAGA
TAGGCATTATTTTTGCAGACTAAAGATTAGATAGTTTACGCAGCTAGATTAGTGTATGAAACTATCAACTAATTTATCACACGTATGTTTAATTT
TTTTGTGATGTTATAAGTAAGTGCGCCCCAGAGCCAAAACTATGTATTGTTCAATCCAACAAAGATATCTTCGTTTTTTCAATTTTTTTCAAACC
TTGAATCGCCCATTTGTGCGTTGTATACTGAAAAACCAAAGTATTGTATAGGAGTTTATAGTATTTTGAATTTAAATTGGAATTAATTGAAAGTT
GTTGCAAATTTACTTAGTTTTTCTCTATGTCTAAATTCCAAACGATGTGCAAAATTAACAAACACAAACTACAAGGATTCTTTATTTGGCGATTA
ATCATTTTGGTGCTAAATGTTTTGAAAGGCAAAATAAAATTGTTAACGGATTTGAAAAGTTATGTTTAAGCTTGCAGCAACTACGAATGACCTTA
ATTTGATATGAAATCACAAGAAGCAAATATTGACTACTTTCCAGCAAGGAAATGGATATCGACGCAACTCAAATAAGTTTGCAGCACAAATTAAT
GAACAAAGATTGATCAGAAAACACTTATGCACGTAAACCAAAATAGAAAACTGCAAGAGCGTGTTTGTTTAAAGTTAATATTAGTCTAGCCCTAA
GTACTTAAGTTAATTTCTAGTCAACGAATTATGCTGAAGTTAAATCTAAACCGGACTTCATCCAACAAAGACACCACAAAAAAGACGTATTAAGC
ACGCTAAGCTATTTTAATGAAGCCGCATTTTAAATTACACTTAAGTAGTGCACGTATTTTAATGGAGACTTAAATATATTTAACTATAAACATAG
AACAAAAGACTTGTATGTTGTACCAACAGCTTGAATGAAATATGGAAAATGGAATGCCCATCTAAATAAACCATGCAGTTAGAAAATTGCCAATA
ATTAATTAACAATACCAAGCAGATTTAACATGAAGGACAAGCAAAGCGGATAAAACTTTACCTAAGATTGTATTAAAACTGAAAAAATGTAATAA
GCAAAGAACACAAAGAAATATGCGAAATGGAATAAAGCGCAAGCTTACTATTTTGTTATAAGAATGCATCCGGATAGGAGTAAATGAAGACATGT
TATTGCCACTAATAATAAACTTTTAATTTTTTAAAGAATCATAGTTCGTAAAATTACGATACTGCGCCTAGTTATGACTAAACATTTAAATGTAT
TTATGAAATTATATTTGATATATGTAAGAAAACGCAATGCTGTAATACCATTAAATACTGACAACAATATCAGAAACAA
(SEQ ID NO: 1274)

Start ATG: 263 (Reverse strand: CAT)

MGLSDIPANYMQGSHPHLTLHPQQQHHQNQQHLQHLQQMQQLHNAMPTPAQQAAQVLAMESNELLMSTKDKLSSKKKMHLLKKIKKRFGLVRRSP
SSCPGPNNLPPLQFHSVHGDNIRISRDGTLARRFESFCRAITFSARPVRINERICVKFAEISNNWNGGIRFGFTSNDPVTLEGTLPKYACPDLTN
RPGFWAKALHEQYCEKDNILYYYVNGAGDVIYGINNEEKGVILTGIDTRSLLWTVIDIYGNCTGIEFLDSRIYMYQQQPAAIPMATVPAQQQQMP
QPAANASSALNSHHPHQQSRRSLPGHTAAIEHDLERHVMPSLQSLHLAGNGGSVASVEQAAIAHDLANGLPPLRYNANGRLIPVPFHNTKGRNVR
LSQDRFVASRTESDFCQGYVFTARPIRIGEKLIVQVLKTEQMYVGALALGLTSCNPAMLQPNDLPNDSDFLLDRPEYWVVSKDIAAAPQRGDEIA
FFVAPNGEVSISKNNGPAVVVMHVDQSLQLWAFLDVYGSTQSLRMFRQQLPNMVAYPSQPQVNVNASSSSACNAASTSRMLPMTESMSSLNAGAT
AKLLHHPSQLSVAQSTSTLASAGGVNGSRMISMPSNGDILQIQPNGGGTVLVVNLPPASSSHDINGQLAARPTATVTSSGVLAGACSSGTLISTT
SSQYIEQPIANSTNNAANKWKDSLSDQQSTDSSAECTICYENPIDSVLYMCGHMCMCYDCAIEQWRGVGGGQCPLCRAVIRDVIRTYTT*
(SEQ ID NO: 1275)

Name: neuralized
Classification: DNA_binding
Gene Symbol: neur
FlyBase ID: FBgn0002932

Celera Sequence No. : 142000013384626
CAAGAATCAGGCCGTACACAGAAAAAAAATAAGCGTTCACCTAAATAATATTTCTGTTTTTAGGAAATTTTAAAACCGCGTTATCACTTGCAACT
TCTTTATATTAATCTATAATTACCCAATAGCCATTATTATTCTCAAAATATTAAAAACTACGAAGGTACTACACTTCTTTGCGCTTGCTAAGTTA
TGTTCTTTTCAGTGTATCTGGCATATTCTTTGCTTGGCCGACGTGTGTCTGGAATGACTAATTGAATAGTGCATGGGCTCGTATATCTCGCAGAT
ACGTATCCGCCAGATACGTTAGGGAAGGCGTGTGCCCGGCCTAATGGCTTAGCTTAGCAACATGTTGCAATTAGCGATCTTCGTTTGGCAACATT
CGCTGCCAAAAGCTGGCAACATGCACAGAGAAACATAAACACACCAAGATTTTTTCACAAAGAGAGTGCTTCATAATTTTCTCTTTATCGAACTG
CGCTCGCCGGTTGCGAAGACGATCACAATTGGAATCGCGCGGCTCGCAACATGTTGCCTTCAAACCGGTCTGGCCATGAACTTGGTGAAAGAAGC
TACCATGGCGAAGCTCCAGTTGGGAGAAAAGTCTGCGCCGCGTTTTCCGCTTGGAAATTTTTAAAAGACGCTGCCATCCAGCGGCCTGGAACATT
TGTAATCCGACGTTAGAAGTCTGCGGATCGTGGCCAAAAATCGGAGTGTCCCAGCCAGCTGTCATTCTGACTCCTCCTGACTCTGCTCTGAACTT
CGCGTGTGTGTCTGTCTGAGTGTCCGAAGATTTGGAGTTACTGTTAGTTGACACTAATACGAGAGCGAGTGAAATACGAGAAATACAAGAAAAAA
CCGAACGTGAATCGCGCGAGTGCAAAAAGTAAAGAAAATAGAAAGAAGAAGAAAACCCCAAACAAACAAACAAACAAAAAAAAATAGTGCGAAAA
ATCGATATAAGAAAACCTGAAGAAAACGAAACTCGGCAATCGTGGTCAAAATGGTGCGGTTAAGTGCAGCCTGGAGCTGCTGTTTTTTGGCCCTG
ATTGCGTTGGTATCCACTGTCGCCTCCTCCGCTGCGGATTATCCGGGTGTCATCGAACTGGTGGGTTATAGCAATCGCCGCGCACGGACTTACTT
CCAAGAGCAACCCCGCTCCAATCCCAATCCCAAGCCGGGTTTGACTTCGGCCAAAACCCGGGCGGATATTGAGACCGTGAAGCGGAATATCCGTA
AATACGATCGTTTGCTAGAGTTGGATACGAAAAATCTGCCAGAGCAGCAAAAGGATATGCTCGCCAGGATTGTGGAGCGAGTGGCCAGGCTCAAG
GAATCCCTGGACATTGAGGAGCAGCAATTTAACCAGCAGGAAGCTACCTCCTCCAGGAGCAGTAGTAGTACCACCACTAGTGCATCCAGTACTCA
AGAATCGCAAACAGAAGCGGAAACGGAGCTGGATCAGGAGCCGATCGAGCAGAGCACACAGCTGCCCACTGGAGCCACCGAAGCTGAAACGGATC
CCACCCTAATCCTAGACGAAACTACGCTGCTGGAGCTGCAGAACACGATGAACGAGCAGGCTGCCATGAGCACCATAATGAAGGAAATGCCCACG
ACCACGGATATGAGTCAGCAGGAAGCGGAATCGGAGGTCCCCGACGAGGAGGGAGAGACCACCTCACCAAATCTGACCACCCAATCGGAGGCAGC
GACGACCAGTGATGAATCCCTCACCGATTCCACTGATCCCGATGATCAATTCGTAGCTGCCAGATCGAATAACAATATAGCGGCCATAACGGCAG
CGGATGATGCCGATGGCACCACCACAACCACCGCCAATACGGGCAGTCAGCAGCGCACGTTGACCACCATGGGAAAACTTAAGAATCGGGCCACC
AAGCGACCCTTCGCCCACAAGGTCACCGCCGCCCTGAAACGAGGAGGTCAGCGTCCGAGTAGCGTGAGTGCGGCAGCTGCGAGTGCGGCAGCGGC
CTCAAAACCCAGTAGCAGCACCACCACCGCCGCCGCCGCCAGCAGCACCACCCAGAAACAGAAATTGGCCACCAACAGTTTCCAGCAGAAGCAGC
AGCAAGCGAAGCCCCTGCAAAAGGTCACACCTTCGATTGGCGGTGGTGGATCATCCAACCCGTCCTCGGCATCCATTCCCTCGGCTACCACGAAT
TCCGCAGCTCCCTCCTTGCCTATCGAGCAATTGTATACCCGTACTCCCCAGGCCAATATCCCATTGGCAGCAGCAGCAGCAGCAACCTCATC

CGCCTCAGCAGCGGCAGCAGCAGGATCAGCAGGATCGGGAGCCACACCAGCCACCTACAGCAGCCAGCATGACAGCATGGTATACGATGGACATG
TCAATGCGTCGGCCTTGATCGACAGCCTGAACACAAACGCTCGGGAGGAATACTACCAGCAGAAACTAGGAGCAGGCAACAAGGATAACAAGGTA
AGGCATTTACCACTTACCTATACTTTTGGAAACTTATCTTTTTACTATTCGCTAAAAGCTAAAAGACCATTTAAACGCTAGTGAGATATATTATT
TAAAATTTCTAATAAAGAGAGATCTTTCAAATAAGACCATAATTAAGGTAAAATTTTTGTGCACTATAAATATTTATAATATTAAACCCTTATTG
AAAGGGTTAATTTGTCATCGTTTGCAAAACTAGGCAGCCATATTGATAGTAACAATACATTCTTTTTACTATAAACTGAAAATCATCCAATAAAT
AGCTCAATAACAGGGCCCAAGGTAGCTGACATATTGACTCCTTTCCAAAATACTGTCCCATCTTTGGCTTAATTAGCAATGACCACCAAAAAGTA
ACAAAGCTCGAAGGTTAAATGTAGAAAGGGGAAAGGCGGCGAACGCCTGTCAAGCTAGATACATATTTCCCAAGACAATGGGCTAAGTCGCCGGG
ACAGAGACATCTCTGGACAAAAAAAAAAAGACGGAAACCGTTTCGGGCTATGTAAACAAAAACTGGAAGAACCGAAGTAAACCCCGTTGAATGTC
AAATGCAGAATTATTGGAACAACTTGACTCTCAAACTATAACAACAAAGCAACAAGCGATGACAACGACCATGACAACACCAACAACACGAAGCT
ATCGAAGGCTTAGTAGGAGCCACAAAAAGTTCAAAGCCAAACAGAGAGAAAAATTGTGCTTACTAGAAAATATATGAAAGTGTTATAAATTAGTT
ACAAGCTAATTTTTATCTTCTTCGTCATTTTATGCTTTTGTATTCAAATTATTCCAATTGGAAATATCGATCGGCAATTGAATTTTATTTGAAGC
ACCTCTCTCTGCGCTTCTCAAAGTATGTAGTGTGTTGCTCGGCTTATCTTCTTTAGCTTTTGATCTTATATAACACAACTAAAACATATGTTTCT
AATCTATGGATCTGAAAGCCACTAGATTTAGATATTTAGTGTCGTTCTTTGGCTGGTTACAAGATAACATTTTTTGTAACTGTAAGGGGGTACTG
TCTTGGATAGTTGGCCAAAGCTGGCCACTTGTTATA
(SEQ ID NO: 1276)

Exon: 1001..2551
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT32253
ATGGTGCGGTTAAGTGCAGCCTGGAGCTGCTGTTTTTTGGCCCTGATTGCGTTGGTATCCACTGTCGCCTCCTCCGCTGCGGATTATCCGGGTGT
CATCGAACTGGTGGGTTATAGCAATCGCCGCGCACGGACTTACTTCCAAGAGCAACCCCGCTCCAATCCCAATCCCAAGCCGGGTTTGACTTCGG
CCAAAACCCGGGCGGATATTGAGACCGTGAAGCGGAATATCCGTAAATACGATCGTTTGCTAGAGTTGGATACGAAAAATCTGCCAGAGCAGCAA
AAGGATATGCTCGCCAGGATTGTGGAGCGAGTGGCCAGGCTCAAGGAATCCCTGGACATTGAGGAGCAGCAATTTAACCAGCAGGAAGCTACCTC
CTCCAGGAGCAGTAGTAGTACCACCACTAGTGCATCCAGTACTCAAGAATCGCAAACAGAAGCGGAAACGGAGCTGGATCAGGAGCCGATCGAGC
AGAGCACACAGCTGCCCACTGGAGCCACCGAAGCTGAAACGGATCCCACCCTAATCCTAGACGAAACTACGCTGCTGGAGCTGCAGAACACGATG
AACGAGCAGGCTGCCATGAGCACCATAATGAAGGAAATGCCCACGACCACGGATATGAGTCAGCAGGAAGCGGAATCGGAGGTCCCCGACGAGGA
GGGAGAGACCACCTCACCAAATCTGACCACCCAATCGGAGGCAGCGACGACCAGTGATGAATCCCTCACCGATTCCACTGATCCCGATGATCAAT
TCGTAGCTGCCAGATCGAATAACAATATAGCGGCCATAACGGCAGCGGATGATGCCGATGGCACCACCACAACCACCGCCAATACGGGCAGTCAG
CAGCGCACGTTGACCACCATGGGAAAACTTAAGAATCGGGCCACCAAGCGACCCTTCGCCCACAAGGTCACCGCCGCCCTGAAACGAGGAGGTCA
GCGTCCGAGTAGCGTGAGTGCGGCAGCTGCGAGTGCGGCAGCGGCCTCAAAACCCAGTAGCAGCACCACCACCGCCGCCGCCGCCAGCAGCACCA
CCCAGAAACAGAAATTGGCCACCAACAGTTTCCAGCAGAAGCAGCAGCAAGCGAAGCCCCTGCAAAAGGTCACACCTTCGATTGGCGGTGGTGGA
TCATCCAACCCGTCCTCGGCATCCATTCCCTCGGCTACCACGAATTCCGCAGCTCCCTCCTTGCCTATCGAGCAATTGTATACCCGTACTCCCCA
GGCCAATATCCCATTGGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACCTCATCCGCCTCAGCAGCGGCAGCAGCAGGATCAGCAGGATCGGGAGCCACACCAG
CCACCTACAGCAGCCAGCATGACAGCATGGTATACGATGGACATGTCAATGCGTCGGCCTTGATCGACAGCCTGAACACAAACGCTCGGGAGGAA
TACTACCAGCAGAAACTAGGAGCAGGCAACAAGGATAACAAGGTAAGGCATTTACCACTTACCTATACTTTTGGAAACTTATCTTTTTACTATTC
GCTAAAAGCTAAAAGACCATTTAAACGCTAG
(SEQ ID NO: 1277)

Start ATG: 1

MVRLSAAWSCCFLALIALVSTVASSAADYPGVIELVGYSNRRARTYFQEQPRSNPNPKPGLTSAKTRADIETVKRNIRKYDRLLELDTKNLPEQQ
KDMLARIVERVARLKESLDIEEQQFNQQEATSSRSSSSTTTSASSTQESQTEAETELDQEPIEQSTQLPTGATEAETDPTLILDETTLLELQNTM
NEQAAMSTIMKEMPTTTDMSQQEAESEVPDEEGETTSPNLTTQSEAATTSDESLTDSTDPDDQFVAARSNNNIAAITAADDADGTTTTTANTGSQ
QRTLTTMGKLKNRATKRPFAHKVTAALKRGGQRPSSVSAAAASAAAASKPSSSTTTAAAASSTTQKQKLATNSFQQKQQQAKPLQKVTPSIGGGG
SSNPSSASIPSATTNSAAPSLPIEQLYTRTPQANIPLAAAAAAATSSASAAAAAGSAGSGATPATYSSQHDSMVYDGHVNASALIDSLNTNAREE
YYQQKLGAGNKDNKVRHLPLTYTFGNLSFYYSLKAKRPFKR*
(SEQ ID NO: 1278)

Celera Sequence No. : 142000013383859
TGCCTATGGACTTTAATTTGATTTTCCCAATAGAATTATTAGATTTTCTTGACTTTTGCTGCGGGGACGGCACTCGTTGCTCTGCGGATTCTGTA
AACGAGCAGATTGGAGATTTGTCTATCAATTTGGGTCACTAACTTGGCCTTTCGCGTTTGCTGTTTGGATCTTCCACAAAGTGCTCTTTAAAAGT
TGGCTGACTTCATTAACTTAAACTTCGAATAAAATAGAAAAAATAAAGTATATAAAAAAAATTTAAGTATAACAGAATTTATATAAAGATCGGTG
GTAGCTGTTAAGTTTATTGCAAATATATGTGAGTGTAAAAATTGATACAAAAGATATAAGCACTCACCGCGGTCTTAAGCTACTAAGTCATCAAT
ATACCTAAAGCATATGTTGATAACGATTTGAACTAATGGTAAAGTATACCTTAGAAATAAATTTACGACTATGGTTGCGTATCAGCCAACTTCAC
ATATTAAATTCACTTTGTGAAGGCTCCCAGCAATCGCTCCAGGCTGATTGAACATTTCACTTAACATATATTGCTTGCTTTTTTGTGATTGCAAT
GTTTCGCAGGTCTAACTATTACTTTTTGAAATTAATTACGTATTTCAATTCTTTAGGTAGTTAAGTACAGTTTATGTTCGATGTTCGACTTAGCT
GTTGTTTGTACAATAGTTCGTGAGTTTAACAATTTATACAGAATACTTATTGGCTGAGTCGTTAGCTGATTGTTTTTTTTTTTTACAAAATTTGA
ATTTTTGGTATATGGTAGGTATGTGCATTGCGGATATTTTCAATTCAATTGCTCCTTTGCGTTAATTTGCTTTCTGAGTGATATGCGAACATTTT
TCGATACATTGTCGGCTGTTTAGCAAATAAAGAGAGACGCGTCGCTCGGTGAACTGTTGCATGTGTTTCTTGTGCGCTTTTCTCAGCTACAGTAC
ATGTTTTGGGTTATATATGTACATTTTGAGTTTTGTGTGAACGAGGGCCCCTAAATCATGTGCGACATCATGCAACGACTCACATCACGGTTGGC
GCGATGCAAATGACCTTGATAATGCTGATGAATGCGCTGATATTGATGTGGCTGCTGTGGATGTTGCTGTTGCTCTTGATGTTGCTGCTGCTGCG
CTGGAAAACTCGTCTCCGATTCCATCATCATCATGCCGCCGGTGGCCTGCATCTCGTAATCCATCAAAGAGGCCTGCGTTCCAATTATTTGTGTG
GCAGGCAAGGAAAAGAAATCTGCAAGGCAATAAACCGATCATTAAGTTACATTAACTTATATAAAATAATTTACAATTTATTATAATTGTATGTA
CAAACTGAAGTCTATTCCGATTTTTCTCAGTGCAACGGCAATGCAACGCAACACGTTGACACTATCGATGCTTGGCCCAATTACCGATCGTTTAT
TTATAACCAATTCGGAGCAGAGCAGTGTGTTGTCATTTCTTATCTACGAGTTAGTTTCTTTTTTTCTGCTTTTTGTTTGTGCTGATAACCTTATC
AACGCAATCGGAAACTATAAGGTAACGAAGGCAAAACGGAGTGCACAGATTAACAACAACTAATTAAGTGTAGTCATAGTTGCAAAAATACATAT
GTATATTTATTCCAATAGAAAACATTTAAAATTGTATTTCTATTATTTTGTACCCCTTTTAAAAATATTAATATAGATCAAAAAAATTGAGATAT
ATATTTAAGTAAATCGTGGACAAAACTAAATGAAATATTCGTACATATCATTGAAATCACTTAAAAACATTTAAGAAGCGTTTATACCCTCAGAA

AGAGTATAGATTATTGATTCACTCCCGCAGATATACACATTTCTTTTACCGGCTGTATATATTTACGCCCACACTGCCTTCCCCCTTTGTTTTCT
TCTATTGTTGGAACACTTTTGCGAATGCAGATTGATTAAACTGGCGGTGTAAGAAGAATCGTAACACTCTGTTGACCCAGTGTACATAGTCATCT
CCGCAGTACCTCCAGTTAATCCCCACTACTTGTGTGTTTTGTTTAGTAGGCCAAACACACCGATATACATATATGCATATGTATGTCTATAAAGA
CTGAGTCAAGCCGGTTTTTCTTTGCTAAATTTAAGCGGCTGTCAAGTGCTATCGTTTCGAGTCCGGTACCCTCTGTATGCCACAGATAGTCCGGA
TCCCACCGAATAACTGAAC
(SEQ ID NO: 1279)

Exon: 1204..1001
Start ATG: 1204 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT32502
ATGGATTACGAGATGCAGGCCACCGGCGGCATGATGATGATGGAATCGGAGACGAGTTTTCCAGCGCAGCAGCAGCAACATCAAGAGCAACAGCA
ACATCCACAGCAGCCACATCAATATCAGCGCATTCATCAGCATTATCAAGGTCATTTGCATCGCGCCAACCGTGATGTGAGTCGTTGCATGATGT
CGCACATGATTTAG
(SEQ ID NO: 1280)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MDYEMQATGGMMMMESETSFPAQQQQHQEQQQHPQQPHQYQRIHQHYQGHLHRANRDVSRCMMSHMI*
(SEQ ID NO: 1281)

Celera Sequence No. : 142000013384334
AAGTAAAGCCATCTACTTTTAGAACTTTTTAAAGGTAAGCCATTAAAAATTATTTAACATATTTTCGTGTCTTAAAATATGGGTTGAGTATGCAT
GCCTAAACTTTCTATATGACTGTGAATAAATAGTGACATTTTTGCAAATCACAATCACAACTTAGAAGTGCGGATATGAGAATATTGTAAGTATA
CATATGTATACCAAACCGAAAAAGCACGCTTTAGTCGAGTTCTTCGACTATCACATACCCATTACATGGCTAGCAATGGAAAAACAAAAACAAAT
TTGTGAAGAAATTAATTCAAAATTGTGGACATGAAAGCTTTTTGCAGTTTGTTGCCGATACCAGTGGACGTGACCAAAATGTTCTCGTTTTGAGA
AGTTCGATTTTAAAATCTAGCCAAGATCTAATCATTCTCAGCATACTCAAATCGAGATCAAACCATTCTCAGATTGCAAATGATTTTGCTTTCAT
TTGTCTTCCTCTCTTTTTTCAGACTCTTCGACAATCTTACACCCAATACTTCTTCCGAAAAATAAAAAATATAAACGTTGAGATCATTTTCGTCT
CGAAACCAAGAAGGTTTATTTATTCACTGAGTACGCTGAGCGCAACCGACCTCTATTTTTTTGTTCTCAATTTTTCCGAGTGCAGGAAATGCTTA
CCTCCCCGCCCGTTTCGTACTTTTTATCTAGCCGATAATACTCTTTTAGTCTACAAGAAAAGGGTATAAATATATAAATACAAATCTCGCACTAT
TTGTCTGTATTAAATTATAAATTATAAAAATGTTTGGATATATTTCATACATATCGTTCGAGGGATAGCTTTTTATTATTGACTCATTTTATCTA
ATGAGTCATATCCCTTTAGGTTTGCAATATATTTTTTTTAGCATGCATAGTGATAGGCTTTTAAAACTTTGTTGCTTAAATTGCGTTATTTATTA
AAGTAATAATTTGTAAATTATTGTGGAAATAAAGCCCGCTTGTTGTTTTTTTAACTTAATATCTTTAGATTAGACTCACCGGCCATAAGTTCGCT
GTTTTGCTGATCCTGCAGCATTGGGATCACCGGCTCGCCGCCAGGTGGCGCATCTGGCATATCATCGGCCGTATGATCGTGACCGTGGGCGGTGG
GGGCGTGGCCCTGGGTGGGCGGTGGCTCGGCAAAGAGCATCTCGAAGCGCAGCCGGGTCTTGATTGGACAGACCCTCAGCTGCTGTTGCTGTTGC
ACTTGTTCGAGCGGGCCACCGATCTCCAGGTGACGATATAGAGCATAAATTTCGGTTTTATGCTCGAAATGGCTCCAAGTGCCGTTATGGGCGGC
GTATTTACCGTTGGCGTGATGGCAGCCTGCTTCTCTGACGTCACAGCAGCCGGCTGATTCAACAGCGACAATTTCGCTTTCGACGGCACCAAACT
GGCGTAAATAATCTAAAAATAAGACGAGGTTTTTTTTCCTCTGTACACGGGGAGGCTGATGCCGCTTCTTCTTCTTGTTATTTGCCCTTTGCTTC
TGCTGAAGCTGCTGCTTCTTCTTGCTATGTTCCCTTTCCTCTTGCTTTTTCTTCTTATCCTCCTCGCCTGCTAGATTCTCCTTCTTCTTACTACT
CTTATCCTTTACCCCTTGCTTGTGACAGAGCTCCTCCTCTTTCCGTTCCGCGTGCAGTTGTTGTTGTTGTTGCTGCTGCTGCTTGTTTGACCTTT
TCTTTTGGCCAAACTTTCTGCCCCCGTCGACGTCACAGCTGATCGATTTGCTGCACTCGCTCGGCGATTTATCCGCCTCCTGGCTTTGCCTGCTT
TTTCGATTTTCCCAATTCACATTCGTCGTCGGCCGTGGGAATTCTGCTATCATAAATTTGTATGCCACTTATGCCATAATTATCACACTCACTCTC
ACTCACACGCACAAAAACGCGAAAAGAGAGGCGGGCGCGCGCTTGTGTTGTTGTTGATATATTCTTTTTTCACCGCTTAACCAAGCTGAAAAGTT
GAAAATCTTTACACACACCAAAAACACACACACACACAGACTCAGAAAACTTGGGAAATCGAATTTTCCGTACTATGATTTTCCGGCCATAAATC
TGCACGGGCGTAAGTTTCGGAGGAAACTGCTGCAGAAAAGCTCCTGGTCGCAAAGGAAGAAAAATCGGACGGGCGAAGCGTTGCCAGACGATGAC
AGCGATTTCATTTGTTTTGATTTAGTTGCCGGAGCGATGTCACCTCAATAAGATACCGAAAAATACCAAAGGTATTTCGAGCTGCCAATCTTTTT
TCCGACATCAAACTTTTCTAGCCATTTGACTTTTTTTTTCAAAAGTATTTATAAATTTTTTTATATTTAAATGCACGAAATAAATACATATATCAA
TGTCTATATAATATTTGGAAATATAAGTTTCCTTCGTTGTCATTGGGTCTTTCGACTTCTCTTTATTGACGCATCGCCTTAAACAATTCCAACTA
AAAATTTCCAATCAACACAGACAGCTACTTCGCTCCGCTTAGGCAAACAGACGCAGTTCATCGCGCGCCTCGATGCACTTGGGCGGCGAGGGAGT
CTCGAACTCGCCCAGCTCGGCGTCGTAGTAGAGGGCGGCGCGGTAGGGACGCAGCTCCCATGGCACCTGCTGCTCCATTGTGGTCAGCGTGACGC
CCAAATCCTCAAGCGTGGGGACACCAGTCAGAACCTTGTCGGTGACAGCCTCGCGTTCGATGCGAGCGGGATGCAGACCGCCAATCGGGGTGCCG
GGGCAGATGAAGCTGTTCAGCTTGGCTTTCAGCAGGAAGGTGGGGTCCCAGCGCATGTCGTAGCGCATGTAGCCCCAGCGCTTCTGGTCCTTGCG
CATCAGGCGGTGGAACCAGTCGACCAGCTCGCTCAACTGATAGCGTTTAGGTCTGCAGAGAATAAAGGAAATTAAGAAAATGTACATGGTACAAA
TACTTGGACTCGGAGATTGACTTACCCCACAGCCTGGTAGATGCGGCCAGCGCTGTCCGGATCCTTGGCGGCGTTGATGATGGCCTGGGCCACGT
CCGAAACGTAGACGGGCTGCTTGACGGTCTTCTCTCCCTTGTGCCACAGCGGCATCGAGCGGAACTGACGGCGCCAGATGTGGGCGTAGTAGCGC
AAGAAGCGATCCTCGGATCCGTAG
(SEQ ID NO: 1282)

Exon: 2159..1001
Start ATG: 1858 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT32503
TCCGATTTTTCTTCCTTTGCGACCAGGAGCTTTTCTGCAGCAGTTTCCTCCGAAACTTACGCCCGTGCAGATTTATGGCCGGAAAATCATAGTAC
GGAAAATTCGATTTCCCAAGTTTTCTGAGTCTGTGTGTGTGTGTTTTTGGTGTGTGTAAAGATTTTCAACTTTTCAGCTTGGTTAAGCGGTGA
AAAAAGAATATATCAACAACAACACAAGCGCGCGCCCGCCTCTCTTTTCGCGTTTTTGTGCGTGTGAGTGAGAGTGAGTGTGATAATTATGGCAT
AAGTGGCATACAAATTATGATAGCAGAATTCCCACGGCCGACGACGAATGTGAATTGGGAAAATCGAAAAAGCAGGCAAAGCCAGGAGGCGGATA
AATCGCCGAGCGAGTGCAGCAAATCGATCAGCTGTGACGTCGACGGGGGCAGAAAGTTTGGCCAAAAGAAAAGGTCAAACAAGCAGCAGCAGCAA
CAACAACAACAACTGCACGCGGAACGGAAAGAGGAGGAGCTCTGTCACAAGCAAGGGGTAAAGGATAAGAGTAGTAAGAAGAAGGAGAATCTAGC
AGGCGAGGAGGATAAGAAGAAAAAGCAAGAGGAAAGGGAACATAGCAAGAAGAAGCAGCAGCTTCAGCAGAAGCAAAGGGCAAATAACAAGAAGA

AGAAGCGGCATCAGCCTCCCCGTGTACAGAGGAAAAAAAACCTCGTCTTATTTTTAGATTATTTACGCCAGTTTGGTGCCGTCGAAAGCGAAATT
GTCGCTGTTGAATCAGCCGGCTGCTGTGACGTCAGAGAAGCAGGCTGCCATCACGCCAACGGTAAATACGCCGCCCATAACGGCACTTGGAGCCA
TTTCGAGCATAAAACCGAAATTTATGCTCTATATCGTCACCTGGAGATCGGTGGCCCGCTCGAACAAGTGCAACAGCAACAGCAGCTGAGGGTCT
GTCCAATCAAGACCCGGCTGCGCTTCGAGATGCTCTTTGCCGAGCCACCGCCCACCCAGGGCCACGCCCCCACCGCCCACGGTCACGATCATACG
GCCGATGATATGCCAGATGCGCCACCTGGCGGCGAGCCGGTGATCCCAATGCTGCAGGATCAGCAAAACAGCGAACTTATGGCCGGTGAGTCTAA
TCTAAAGATATTAAGTTAA
(SEQ ID NO: 1283)

Start ATG: 302 (Reverse strand: CAT)

MIAEFPRPTTNVNWENRKSRQSQEADKSPSECSKSISCDVDGGRKFGQKKRSNKQQQQQQQQLHAERKEEELCHKQGVKDKSSKKKENLAGEEDK
KKKQEEREHSKKKQQLQQKQRANNKKKKRHQPPRVQRKKNLVLFLDYLRQFGAVESEIVAVESAGCCDVREAGCHHANGKYAAHNGTWSHFEHKT
EIYALYRHLEIGGPLEQVQQQQQLRVCPIKTRLRFEMLFAEPPPTQGHAPTAHGHDHTADDMPDAPPGGEPVIPMLQDQQNSELMAGESNLKILS
*
(SEQ ID NO: 1284)

Celera Sequence No. : 142000013384885
GCACTTTACAAAACAACAACCAAGTTAACGTGATATTAAAGAAATCACTGGAGGGACCCCAGGACATCGAGTTGGAGTTAAGTATGACAGTGTAC
ACAAACGGAATGCCTCGTGGAAAAAGTGTAGCAAAATTATTTCTGTTTGTTTCTCAACATACATTTTAAAAATTATAATATTTCATTTGCTGCGA
ACATGTATACCTTTAGATTCCCTACAAACCTATACAGTAGACACAAATAAAAATTATGCAGAAAAAGTACACACATACCTGCTCTGCTGATAAAT
TTTACATTTTTAAATCATTTTAAATAAATAAAATCATCATAAATAATAGCTTATGTTCAAAGTTGTTGAATTGTTGAGTAACAAGTTTGTGATTA
ATTTATTTTTCAAGATACACTTAAGTAAAAGTATTTTAATGTCCAAAAAACTCACGGGATTTGTACTGCTTGTGAGGACTTGGCCGCAGAACACA
CTTCACCTCGTATATTCCATGTGCATGGATTATATAAATGCATGTGATATTCACACATTCATGCGGTTAAAAAAACTTACTCTGCCTCCTCACCG
ACACTATTGGTAATAAAAAATAACGTAAGTTATTTTAACATTTAATAAAGATTTTAACACTAAAAACAAGAGAGAATTCTTTTTTGCTAGTTCTT
CGGCTATATATACCCGATATTGAAGACTACTAAAGATTACAAGGCCAATTGAAAGTAGAACAAAAAATCTAAAAAAATTTTAAACATGTGGGCGT
TACAGCTTTTGGCGGATTGAGTTTGCGTGGTAACGTGTCGAGCATTTTTATACCCGTTAAAGGGTATACTAGATTTGTTGAAAAGTATGTAACAG
GCAAAAACGCTTCCGACCTCAAAAAGTATATATATTCTTGATCAGGATCAATAGCCGAGTCGATCTGACTATGTCTGTCTGTCCGTATGAACACC
TCGAATTCTGGACTATTAAAGCTAAAATGTTGAGATGAAGCATACAGATTCTAGGAACATAGACAGCACAAGTTTGTTGACCCATGTTGCCATTC
CTGATCAGGATCAATAGCCGAGACGATCTGGTCATGTCCGTCTGTCCGTATGAACGTCACGATTACAGGAACTATAAAAGCTAGAAGGATGAGAT
TCAGCATACAGAATCTAGAAAAGACGCAGCGCAGCGTTGACCCATGTTGCCACGCCCACTCTAACGCCTACAAACCGCGCAAAACTGCCACGCCC
GCACTTTTGAAAAAGTGTGTTGATATTCTTTAAATATTTTGATTAGTCTTGTAATTTTCTATCGATTTCCCAAAAAACTTTTTGCCACGGCCACT
CTAACGCCCTTCAGCCGCCCAAAAATGCTTTGTCGCCCGTTATCAACGTGGTAGCTAGTGGTTTGCTTAGGACCTCTCGTGTTTAGAAGCATTCT
CGGCAGAGAACCAGTAGTAGCGCTGGCCTTTTTGTGGGCGTACTCTAGGTGCTCTCGGAACGTGGTATCAGGAGAAGCACTAACTAACTATTGAT
CTAAAGATACACATTATTTTAACGTTCCAGGAAGATAGGTCTTGCGTGATAATCCACACGAACGACATGAATGAAATCATATGATGCTGCAAAGT
ATATGTCATAGTTTTAATACTGCGTTGGTGATGCGTCGGTGATTAAGGATTCGACGTCAAATTAGTTTGGGCAGCTTGTAGAGTTGGTGCCTTAG
AGGTAGGTTCTGTTAGCCTCGAATTATGGACGTTTGGAAATATCAAATTTTGGAAGGTGGTCGAAGGGCCAAATAAGGACCTCTTTGCGGGTGAT
AAAAAAACTTCTGGCGTTCTGGCGTTACTCGGAGATGTATCCGGCTTTTGGGGTCTTTGTATATTGAACAGCCTTTATATGGTCAGAAGCGCTTT
CTTCCACCTGTTACATACTTTTCAACGAACCTATTGTAGTATTCCCTTTTACTCTACGAGTAACGGGTATAAAAAATATAAGGCCCAAAGGGTTT
TCTGTAGCACCTACCGTTTAGTTACACAATTCATAAAAAAAACCAAATCGATTTTCAAATTCATAATTTTTTTGTATAAGAATCATACGAAAAAA
CGGTAAAAATTTTATTATGTCCTTCGTACCCGTTTATTTTTATTTTACTTAATAAGA
(SEQ ID NO: 1285)

Exon: 1147..1001
Start ATG: 1147 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT32593
ATGCTGAATCTCATCCTTCTAGCTTTTATAGTTCCTGTAATCGTGACGTTCATACGGACAGACGGACATGACCAGATCGTCTCGGCTATTGATCC
TGATCAGGAATGGCAACATGGGTCAACAAACTTGTGCTGTCTATGTTCCTAG
(SEQ ID NO: 1286)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MLNLILLAFIVPVIVTFIRTDGHDQIVSAIDPDQEWQHGSTNLCCLCS*
(SEQ ID NO: 1287)

Celera Sequence No. : 142000013384703
CGGGTGTTTACAATAAATTTCGCTGGGTGGATGTAGCTTTGTAATTTGAGTTCGCCAATTTTTTTTGTTGTTAACAGCATTTCGAAGCGGTTGCC
AACCCTAGACGCTGGCTGGTTGCATGGTAACGAAAAATGGCGGCGCCTGTTACACACACTCACACACACATGCACGCACAGTCTGCTGTGTTTAT
GCACTTCATGCTGTTCCGATTTTTTTTTTGCACTTTTTCGATTTGTTGTCTGCATTTACCTTAAATGAATTTATTAACTAAGGCGATATTGTGCC
TCTCGCTCAATCTCGCAAAACGATGCTTTGTCTGCTGCTTCTCTGTGCGTGTGTCCGTCTCTTTCCACGGCTTTTCGTCGAGACTCACATATACA
AACGGCGACACACTGGATTGGAGCTGGACTCCGTTTTGGATGGCTTGGCTTTGGCTGCGTACCCAAAATAAATCGCGCTTGCAGTCCCAAATCAT
TTTAGTTCTTGACGCCTTTGTTCCACAAAAACTTCCAACCGCCGTCCATGGCTCGTGCTTTCTCTTTCGCTCGCGAGACGCTCCAAAAGTCGCGA
GTATGGGAAGAGAATGTATCCCTCGCTCTTTCACGCCTAGAAGCGGCTGTAGCACACACAAGCACACGTAAACCCAGCCGTATGCATATACATAT
ATTCCCTCTACTAGCGAGACGTGTGTACGTGCGTATGTATGTATGCTTTTTTCACTTCTTTCTCCTCTGCGTTCTTTGCACCAAGTGTCGCTGTT
GCTATTTGCTACCGCCGCTCCTCTTGACGAATAAGTCGGGACTTGTATCAGCTCTAATTCGGACTTAGTTTACAAAATGCGGCTGCTTTTTTTCC
GCGATACTCGGATTAGTGATGTAAAAAGACGTTGATGCTTCGACCACTGAAGTCAGTGCGATATGTATCGATAATTGAATGCCATCGATTGCTAC
GATTAAAACTGCCACCGCAGTTAGCGGAGACGCTCACCATTCTCTATTCGCCATTTGAAAGTATCGGTGTAATTTGTTTTCAGAGAAATTAATTT

CCGTTTACTGTGCAATTCGGTGTGAAAGTGTTCAGATTTATCAATGCGTATTCTGCTTTCGACTTCGCCACCAATCTGTGCTGCAAGTTACCATT
ACCAGGTCCACCTGGTTCCCGCCAGTTTTCTTTCATTGTGGCTAGTTGTTGTTCGTGCCTTCGATAAAGACGTTTAGAGGTGTTTTTAGAGTTTC
GCCATCTGGTCACTATAGCCGTTTCGTTTTTTACGTGAGTATTGTGAATTTGGTGTGTTGATTTATATCTCAGTTGGAGCCTGCGTGGAAATAGT
GTCAGTACGTTTAAAGGCATCATCGTAAGGTTAGTCGGAAAACAAATAAAAAGCCTACAAATAGCAAGCAAGAACGCTTTCGCAACCACAAGAAA
AACGAACATACGCACGCATCCATCTGTGGTAGAGTCGGCTTGTGTGGGGGTGAGTGGATGTGTGGGTGAGCATTTCTGGAAAGTGCCGTTCTCTA
TGTTTCGATTCTACTTATCCCTTCATCACCATTTCATCGTTGAATCATCACGAAAGAAACATCGAAAGTGCACAATCGTTTGTTATCTTTGTACG
AAAACAACGGTGATTTCCACACAGGCATAACCTGCAAGAGTAATACGATACAAATTTTGATCTGATATGACCTCATTTTAGTCGGTTTGAATTTT
AAAGAGAGCGACTCTGCAAACTGCAGGGATATGAACATACAAAATTCACAAATGATTGTTTGCATCCTAGTTGCTTATATTCATTTACACGCATG
CTTATATGCTTACATCTGTTATCAATAATTGACGACTTGGTGCATGCGAAGCAAACGCATTGAAATGACTATTGGGATCCACACACTGTTAAAAA
ACACACTGATTGCACTGCCACACATTTCTCAACTAGAACCTAATGTTTTATACTGAACTTAACTGCAGGAAAGCCCAAAATGCCCAGCATCAAGT
TGCAATCTTCGGATGAGGAGATCTTTGACACGGATATCCAGATCGCCAAGTGCTCCGGCACTATCAAGACCATGCTGGAGGACTGCGGCATGGAG
GACGATGAGAATGCCATTGTGCCGTTGCCCAATGTGAATTCGACGATTCTTCGCAAGGTGCTTACCTGGGCTCACTACCACAAGGACGACCCCCA
GCCAACGGAGGATGATGAGAGCAAGGAGAAGCGCACAGACGACATTATCTCATGGGATGCAGATTTCCTAAAAGTCGACCAGGGCACACTGTTTG
AGCTGATATTGGCAGCGAACTATCTGGACATTAAGGGCCTTCTGGAGCTCACCTGCAAGACTGTTGCAAACATGATTAAGGGAAAGACTCCCGAG
GAAATACGCAAGACCTTCAACATTAAGAAGGACTTTTCGCCCGCCGAGGAGGAGCAGGTGCGCAAGGAGAACGAGTGGTGCGAGGAGAAGTAAAG
CGCGGCATTTCGCGGGACCAACATTAAGTTGAAACAGCTAGGGGATTCGGGAACGAATTGGATTTGCAGCATTGCAACTTTACTTAGTTGCTACT
TTCATTTACATTTTTTTTTATTTTTAACCCCAGCAGAGACTCGATTTAAATTGTGTATAAATGATCTGTTGCTGATTTGATTCGCGGGGTTCATT
TTTTGTCGTAAATATATCTCATATACATACATATGCGAGATTGTAACACTCTCTTTAACCTATTGGAGTAACACTTGATTTCACTTTAATAAATA
TAACTACCCAACACAAAGACACAGCCTATTTTGTGGGCTTCCCGGAGGGGTTAGGGTCCAAGGACTTCTCAAATTAAGAAGTGCTCTTTATTCGT
TATCTTGTGTTTAGAAACGTTTGCAAGCGTTTGAAATGGATACGCATGCCATTTATGGTCCAGTCGGTAAAATTTTACGTGTTCCCAAGAAGGTA
CATATATATCTTAGATTATCTTATCTATAGAAACTACATTCATAAGATCACGCTTTCGGCGAATAGCGAGTAATACTGTAGCTGCCACTTTGCCA
CTTAGTGTGCAATTGAAATGCGCGCCAACGCATGTTCTCATATGCGGAGCGTTTAGCAGCCCTTAAAAAGCTTTTCATGTTGCTTTTAAAAAGCT
ACGACGGGTGTGGAAATTAGATTTGTGACGCTTTATATATCTTTTTTTTATATCGTCTGGGGTACAGCATGGTTTTAGGATTTTAGAAGAAAGCA
GTAATTTTGTAAGAATCGAAGAACGGGGGGATATTTATAATTTTCATATTAACCTTGTCTTTGTTTGCTTTTGAAATTATGAATACTTCGAAAGA
TAATTATCTTGTGCGCATTCCATTCTGGCTTAGACTGGGTTGAGCTAAAAATGATTTGAAATACAAATTTTTAGGTGTCCGCTGATATATAAACA
GTATGATGTTTTTGCACTTTTTTCCCTGAAGTTTTCCTTGTTGTCTCGCTTGCCAATGCTGAACAAAGTAGCCAAAGGACCTTTACTTGAAGCTT
TGAGAGCGGAAAATATATTCGGGGACAATTGCTTTAAGTGTGCACTAGGCTTGGCTAGATGCCCGTGCCAAACTTTCTTTGGAATTGATCGCTGG
CCTTAGCCAAAAGTGGAAAAAAGAAAGGATAGGATAGTGCCGCACGTATTAAGGGTCTTCTTACAAAAGGTAACTGATATTAATTCATTTGCATA
CTAAGCAAGCTAACTCATCTGTTTATTGCAAACAAGCGCCAATTGAAGTTTTATCGAAGCTCAG
(SEQ ID NO: 1288)

Exon: 1001..1269
Exon: 1980..2769
Start ATG: 1980

Transcript No. : CT32694
CCATTTGAAAGTATCGGTGTAATTTGTTTTCAGAGAAATTAATTTCCGTTTACTGTGCAATTCGGTGTGAAAGTGTTCAGATTTATCAATGCGTA
TTCTGCTTTCGACTTCGCCACCAATCTGTGCTGCAAGTTACCATTACCAGGTCCACCTGGTTCCCGCCAGTTTTCTTTCATTGTGGCTAGTTGTT
GTTCGTGCCTTCGATAAAGACGTTTAGAGGTGTTTTTAGAGTTTCGCCATCTGGTCACTATAGCCGTTTCGTTTTTTTACATGCCCAGCATCAAGT
TGCAATCTTCGGATGAGGAGATCTTTGACACGGATATCCAGATCGCCAAGTGCTCCGGCACTATCAAGACCATGCTGGAGGACTGCGGCATGGAG
GACGATGAGAATGCCATTGTGCCGTTGCCCAATGTGAATTCGACGATTCTTCGCAAGGTGCTTACCTGGGCTCACTACCACAAGGACGACCCCCA
GCCAACGGAGGATGATGAGAGCAAGGAGAAGCGCACAGACGACATTATCTCATGGGATGCAGATTTCCTAAAAGTCGACCAGGGCACACTGTTTG
AGCTGATATTGGCAGCGAACTATCTGGACATTAAGGGCCTTCTGGAGCTCACCTGCAAGACTGTTGCAAACATGATTAAGGGAAAGACTCCCGAG
GAAATACGCAAGACCTTCAACATTAAGAAGGACTTTTCGCCCGCCGAGGAGGAGCAGGTGCGCAAGGAGAACGAGTGGTGCGAGGAGAAGTAAAG
CGCGGCATTTCGCGGGACCAACATTAAGTTGAAACAGCTAGGGGATTCGGGAACGAATTGGATTTGCAGCATTGCAACTTTACTTAGTTGCTACT
TTCATTTACATTTTTTTTTATTTTTAACCCCAGCAGAGACTCGATTTAAATTGTGTATAAATGATCTGTTGCTGATTTGATTCGCGGGGTTCATT
TTTTGTCGTAAATATATCTCATATACATACATATGCGAGATTGTAACACTCTCTTTAACCTATTGGAGTAACACTTGATTTCACTTTAATAAATA
TAACTACCCAACAC
(SEQ ID NO: 1289)

Start ATG: 270

MPSIKLQSSDEEIFDTDIQIAKCSGTIKTMLEDCGMEDDENAIVPLPNVNSTILRKVLTWAHYHKDDPQPTEDDESKEKRTDDIISWDADFLKVD
QGTLFELILAANYLDIKGLLELTCKTVANMIKGKTPEEIRKTFNIKKDFSPAEEEQVRKENEWCEEK*
(SEQ ID NO: 1290)

Classification: cell_cycle_regulator
Gene Symbol: skpA
FlyBase ID: FBgn0025637

Celera Sequence No. : 142000013384583
CTTTTACAGCAAGTCGAACTGGGAGCTGAAGTCTACCAGCAATTACTTGCTATTTACCTCTATCAAAACAAACTGTAAGTGATTGATATAAAAGA
AATACATATTTTAATCTTGTGCTACAGGGCTGATGCCAAGTTGTTGTGGATGAGAGTTCCAGCTAACCTAAGGGATGACAAGGAACTGATCCAGC
TGAACCTGCTCAATATTGCCCTGCAGAACAATAACTATGCCGATTTCTTCAAACACATCAAGTATGAGTGGTCGGAAAGAGTAAAGTCACCTGTG
GAGGATCTTCTAAGTATGGCTATGCCTAAAAGCTTACTAATTGGATATAAAAACTTATAATGTATCTACTTAGATAAGCAACGCGAAGAGCTGTT
CAAACTAATGGGCAGCGCATATATGTCCATTTACCAGCACAATCTACTGGAATTGTCACTAATGTCGGAGGACGAACTGAAACACGCCTGTGCGG
CCTTAAATTGGACTGAGGAACTGGACGGTGACCGGGTAATCCTGAAGCCCAAGGTTCAGGAAGCACCGCCAGCTCGTGGAAACGATGACCAGTTG
CTTAAGTTGACCGAGTTTGTAACCTTCCTAGAGAATTAAGCCTCAATAAATTTCAATACATTTAATTGGATTTTTGTATACATTTGAAGAAAAGT
TATGGTCACACAGCCTGTGTCAATCTAAAAAACACTCGATTAATATCGTTATTAGACATATTTATAAATATTAGCTAAATCACCGAATTGGCGCC
ATTGGGTTTTGTACGAATTAGCTTTTGGAAGTATACCTAAAAATTAGGAACTAGAAACTAAGGCTACAGAATTATAATTTTCCATGTAATCTATG

TAGATATATAATCATATTCTTGGCCTAATTTAATAAGTGTGATTTTAATATTCTTCAGAATTCAGTTAAATAAAATATATTTCAGAAAATCTATC
GACGCGCGGAAACGCCGATAGTATCGAATGATAACCGATATGCGTTCCACCTCTACCGTTGTGTCACTTGAAGAAAAAAAATATTAATTTGCACC
AACGACGTACGTTTTTCGTTCGAAAAGAACAGCAATCAGCGGATAATTGTATGGATTCTTAGAAAATTTGCAGCGACGAAATATAGTACCTTGCG
AAATTATTTTGTAACCTTGAAGAAGTAAACTGCGAATCGCCAGAGGGCCAAATAGAAATCTCGTCGTTTGCCTGCAGAATAGAAGACCCGATTTT
CAGTGCGCTTGTGTTTGTGTGTGAGCAGCAGAAACAGCAGAAAAAATGGCAGCAAGCGACAAATCGGTCGACGATTCACTATATCCCATTGCGGT
TCTAATCGATGAACTGAAAAACGAGGACGTTCAGGTTTGTCATGTCCTAAAACCTGAAATCCAATTGTATCTCGCGAAGAATGTGCAGAAATATT
CTAGTGATTAAATTTTGGGGTAGCGTGCCCACACTCCCTGCTTTATCTGCGATTGTATTTGTGCAAAAATGCGTCACGGTGTGTGTGCGTGTG
TGCATGGGCATTTGTGTTGGTGCGAGTGTGTGCATCGAAATTATACCGAATTTCGATATACACAAGATTAGCGTTTTGCGAAAAAAATTACTATT
ATCAATTAATTGCAATTATGGGTATACGTCTTTATCCGCTTTTTATTTGTAGATTTTGTTATCCTTCATTTATGTATGTATAAGTATAAGTTTTT
ACGCATTTGCTATTTGCAAAAACAATTTACAACTGCGCGTGTTAAAAATAGATCAACTTCAATCAATAGTAATACCATAACTGATTTTAAAATGA
GATAGTAAGATGAAATATTTTCGTTACATCGAATAATCTAATCACTTATCTTATCTAAAAAAGATATCTTAAGTAAATATATATGCTACGTTTTT
TTTTGAAAATAAAATGTAGGGTACAGGTTGACCACCGCTTTTGTAAAAAAAAACCAATAGCCCTATCAATAATAACCTCAAAATCGTAGAATTAG
TTACCACTTATCCTAAATTTGAATACCCTATTAAAATAATCATCTTTAATATTTTCCCTTACCAAAACAGCTTCGGTTGAACTCCATCAAGAAAC
TGTCCACCATTGCACTCGCTTTGGGCGAGGAGCGCACACGGTCCGAGTTGATTCCCTTCCTCACCGAGACCATATACGATGAGGACGAGGTACTG
CTGGCCCTGGCCGACCAACTGGGCAACTTTACTAGTGAGCAAAGATATAATTTCTAATGAAAACATTTCCAACCATGTTCCGCCGTTACTTTCCA
GGTCTCGTTGGTGGGCCAGAGTTTGCCATGTACTTGATTCCGCCCCTCGAGAGTTTGGCCACCGTAGAGGAAACCGTGGTGCGAGACAAGGCTGT
GGAATCTCTACGCACCGTGGCCGCTGAGCACAGCGCCCAGGATTTGGAGATCCATGTGGTGCCGACACTGCAGCGATTGGTTTCCGGTGACTGGT
TCACCTCACGCACCTCTGCCTGCGGCCTCTTCTCGGTCTGCTATCCACGCGTCACACAGCCAGTGAAGGCCGAGCTGCGCGCCAACTTCCGAAAG
CTCTGCCAGGATGAGACACCCATGGTGCGCCGTGCAGCGGCCAACAAGCTGGGCGAGTTTGCCAAGGTCGTTGAGACGGAGTATCTGAAGTCCGA
TTTGATTCCCAACTTTGTCCAGCTGGCACAGGATGATCAGGTAAGCACCTGATTAAGACCAATTTAACAACACTCCAAAATATCAATCCTTATCC
TTAATTTCCAGGACTCTGTCCGTCTGCTGGCTGTAGAGGCATGCGTAAGCATTGCCCAGCTGCTGCCTCAGGATGATGTAGAGCACGTAAGTTGA
TCAGCGCTGAAATTGTTAATACCTGTTGGCTTACAAAAAATATTCCATAGCTGGTTCTGCCCACGCTGCGCCAGTGCGCCAGCGACTCTTCCTGG
AGGGTGCGTTACATGGTGGCCGAGAAGTTTGTTGATCTGCAAAAGGCTGTGGGCCCAGAGATTACTAGGGTGGACTTGGTGCCTGCCTTCCAGTA
CTTGCTCAAGGATGCCGAGGCCGAGGTTCGCGCTGCAGTGGCCACCAAGGTGAAGGACTTCTGCGCCAATCTGGACAAGGTCAACCAGGTGCAAA
TCATCCTTAGTTCCATTTTGCCCTATGTCCGCGATCTTGTCTCGGACCCCAATCCTCATGTGAAGTCAGCTCTGGCCTCAGTGATCATGGGCTTG
AGTCCCATGCTGGGCGCCTATCAGACTGTGGAGCAATTGCTCCCCCTGTTCCTTATTCAACTCAAGGATGAGTGCCCAGAAGTGCGCCTAAACAT
CATCTCAAACCTGGATTGCGTTAACGACGTCATCGGTATCCAGCAACTGTCACAGTCGCTTCTGCCCGCCATCGTCGAGCTGGCCGAGGACTCCA
AGTGGCGTGTGCGTCTAGCCATCATCGAGTACATGCCTGCTCTGGCCGGTCAGTTGGGTCAGGAATTCTTTGACCAAAAACTGCGCGGTCTCTGC
ATGGGATGGCTCAACGATCACGTGTACGCCATTCGTGAGGCAGCCACCCTCAACATGAAGAAGCTCGTCGAGCAGTTCGGAGCTCCCTGGGCCGA
ACAGGCCATAATTCCAATGATTCTGGTTATGTCGCGCAACAAGAACTATTTGCACAGTAAGTTATCGAATTGAAATTGTAATGATCAATATATGC
TTATGGTTCTTATGATTTTTAGGAATGACTTGCTTGTTCTGCCTGAATGTTTTGGCAGAGGTCTGCGGCACAGATATCACCACCAAGTTGCTGCT
GCCCACAGTTCTCCTGCTTGCCGCTGATCCCGTTGCCAATGTTCGTTTCAACGTGGCAAAGACCCTGCAGAAGATCTCGCCCTTCCTGGAGGCCA
GCGTCATTGATGCCCAAGTAAAGCCCACACTCGACAAACTGAACACAGACACAGATGTGGATGTCAAGCATTTTGCTGCACAGGCCATTGCCGGC
ATAGCTGCAGGTAAGCAATAAACAGTCTAATATAAACAAGGTTAGCGTTTGACAGGGATAGAAAGGGTCTAACTTATAGAACAATATATAACATT
ATTCATTATCACAAGTTTTAAGGCATGCAGGGAATCTGAGAGTTACACAAATTCATAAATTGTCAGTTAGTAGTAAGACTTTAATTTTAATTAAA
ATCCTGCCATAGAAATGGAACTGAATGTGTTTAGAACGGCAATACCGCCGTGCATGGGCGCCAAAATTGAGGCGGCAATGGACTCAAAGCTGATA
GTGGAACCGCCCCGACAGCCGGAGGCAGCTGACAATGACATTTTGCAGGAGATGAATGGCAAGGCAGCGGAGCCGCCCACGCTTGACTCGGAATG
TTAGAGGATGAGTAGCCAACCACATGACGTGTGATGTGCCTCCCGCTGTCTCCAGCCAGTTCCACAAGCCAATGTGTTTAATCCTCCCCGTCATA
ATCGTATTCACATTTGATTGTTTGTTTGTTCAAGATAACCAGGCTAGATGTCCGATCTGATTAAAGTGCGAGTGCAGTGGATCAAATATTTAACC
GATACTAATGTTGTGCCATATTTTTTTGTCTCTTTCCCGGTATCATCGCCATCACCACGTGGTTATCTCACCATTCCCCACTCTGTGTTCGTCTG
CAATAATGTGTTTTGTATATTTGTTTATAGCGTAATCAACCTTCTTGCATCTTTTTTTATTCTATTTTTAAAACTGTATGTATTTAACGCCGGCA
ACAAAACATATTATGTAGCAACAACACTTAAGAACGGAAAATTGTAGTGGATCCCGGAAGGTGTTAAACGCTGCAGCCGATGCTGGATGAGGGAT
GAATGGAGCCAGGAGTCAGAGGAAGGAGAGAATCGGAGAATCAGCATGGGAGGAGACCCACTAAACGCGACACACAACTAAACATTACTACTTAC
ATACTTATATTATATATAAATTACCATAGGCATAACGATCATTATTAAAAACATTTGTAGAGTTTGGAACATTTGATCGCATCTGAATGCAAAAA
TAAAATTGTAGTGAAACAATATCACACGATCTATTGAAAAGTTTAATGTGGAGCAAAATTGAATATTTAACTCCCAAAATTGTATACCAATTTCT
AGGTTTCAGTTGTCAGTTCAAAGTTTGGAAATGTAATATTTTCCTTTTTATAGTTTCGTTCAAATTAAGCTTTATATACATTCTGATTATTTGGC
AGGTGCATTGATTATTTATAATTTGTGAGAGGTATGGCTATGAAAAGCATAGATTATACAAACAAAATACTTGTATTTTTACATTTTAAAAATAC
TGTTAATTTATTTTGAAATCCTAAAATCATTCCAGCAGTAAACGATTTTGATAGCAAGCTAGACTGATATCGATAGGCGCCAAACAGACACCTGG
CGATAGTTGGGGCTTCTTTTTGGTTTTTTAATTGGATGATGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGCGAGCAGTTTCTAGCGAGAGATCAGTTGGACT
TTTGCGACGAAGCGATACGCTTGTTTGTTTTGCCGTTCCGCTGCGCGTTGGCCAATGTTTGCCTAACTCTCGAATCGAATTCCGAAACCGAGTGT
GGACGCGTAAGTGCCATTGAATTATTCCGTCTGACGCTCGAGCGCCATCGAATCGGATGCGGCGTGGAATGTGGTGGAGTCAATGGGGGGATCAG
ATGCAAATTTGATTGGGCAAATGGGTGGAACCAATCAATTGTGTGTATACAATAAAACGAGGTGTTTGTGTGTGCCCAACCAAACACAGCCAAAT
GCGGAACATTATCAGTTTACCCACGGCTGTCGCAATCTCCGCGTCCGTTTACCGTCCACTGACCTACGATCCACCTGCCCCCGTGGACGCAACAA
GTGTCCGAATATTTATAGTCTATGGGCTCTATGCATTAATTACTCGCATATGTCAAAAACGCTGAGCTGTTATTACAATTAGTGCTTCATTATTT
AGCCCGATTTCCCCAAGTGGCGCGTTTCGCTAAGCGTTATTATTTTTACCTTCCGCTAAACACTTGGCGC
(SEQ ID NO: 1291)

Exon: 1001..1364
Exon: 2066..2219
Exon: 2282..2700
Exon: 2767..2841
Exon: 2901..3666
Exon: 3728..4000
Exon: 4686..5055
Start ATG: 1281

Transcript No. : CT32725
CTCTACCGTTGTGTCACTTGAAGAAAAAAAAATATTAATTTGCACCAACGACGTACGTTTTTCGTTCGAAAAGAACAGCAATCAGCGGATAATTGT
ATGGATTCTTAGAAAATTTGCAGCGACGAAATATAGTACCTTGCGAAATTATTTTGTAACCTTGAAGAAGTAAACTGCGAATCGCCAGAGGGCCA
AATAGAAATCTCGTCGTTTGCCTGCAGAATAGAAGACCCGATTTTCAGTGCGCTTGTGTTTGTGTGTGAGCAGCAGAAACAGCAGAAAAAATGGC
AGCAAGCGACAAATCGGTCGACGATTCACTATATCCCATTGCGGTTCTAATCGATGAACTGAAAAACGAGGACGTTCAGCTTCGGTTGAACTCCA

TCAAGAAACTGTCCACCATTGCACTCGCTTTGGGCGAGGAGCGCACACGGTCCGAGTTGATTCCCTTCCTCACCGAGACCATATACGATGAGGAC
GAGGTACTGCTGGCCCTGGCCGACCAACTGGGCAACTTTACTAGTCTCGTTGGTGGGCCAGAGTTTGCCATGTACTTGATTCCGCCCCTCGAGAG
TTTGGCCACCGTAGAGGAAACCGTGGTGCGAGACAAGGCTGTGGAATCTCTACGCACCGTGGCCGCTGAGCACAGCGCCCAGGATTTGGAGATCC
ATGTGGTGCCGACACTGCAGCGATTGGTTTCCGGTGACTGGTTCACCTCACGCACCTCTGCCTGCGGCCTCTTCTCGGTCTGCTATCCACGCGTC
ACACAGCCAGTGAAGGCCGAGCTGCGCGCCAACTTCCGAAAGCTCTGCCAGGATGAGACACCCATGGTGCGCCGTGCAGCGGCCAACAAGCTGGG
CGAGTTTGCCAAGGTCGTTGAGACGGAGTATCTGAAGTCCGATTTGATTCCCAACTTTGTCCAGCTGGCACAGGATGATCAGGACTCTGTCCGTC
TGCTGGCTGTAGAGGCATGCGTAAGCATTGCCCAGCTGCTGCCTCAGGATGATGTAGAGCACCTGGTTCTGCCCACGCTGCGCCAGTGCGCCAGC
GACTCTTCCTGGAGGGTGCGTTACATGGTGGCCGAGAAGTTTGTTGATCTGCAAAAGGCTGTGGGCCCAGAGATTACTAGGGTGGACTTGGTGCC
TGCCTTCCAGTACTTGCTCAAGGATGCCGAGGCCGAGGTTCGCGCTGCAGTGGCCACCAAGGTGAAGGACTTCTGCGCCAATCTGGACAAGGTCA
ACCAGGTGCAAATCATCCTTAGTTCCATTTTGCCCTATGTCCGCGATCTTGTCTCGGACCCCAATCCTCATGTGAAGTCAGCTCTGGCCTCAGTG
ATCATGGGCTTGAGTCCCATGCTGGGCGCCTATCAGACTGTGGAGCAATTGCTCCCCCTGTTCCTTATTCAACTCAAGGATGAGTGCCCAGAAGT
GCGCCTAAACATCATCTCAAACCTGGATTGCGTTAACGACGTCATCGGTATCCAGCAACTGTCACAGTCGCTTCTGCCCGCCATCGTCGAGCTGG
CCGAGGACTCCAAGTGGCGTGTGCGTCTAGCCATCATCGAGTACATGCCTGCTCTGGCCGGTCAGTTGGGTCAGGAATTCTTTGACCAAAAACTG
CGCGGTCTCTGCATGGGATGGCTCAACGATCACGTGTACGCCATTCGTGAGGCAGCCACCCTCAACATGAAGAAGCTCGTCGGAGCAGTTCGGAGC
TCCCTGGGCCGAACAGGCCATAATTCCAATGATTCTGGTTATGTCGCGCAACAAGAACTATTTGCACAGAATGACTTGCTTGTTCTGCCTGAATG
TTTTGGCAGAGGTCTGCGGCACAGATATCACCACCAAGTTGCTGCTGCCCACAGTTCTCCTGCTTGCCGCTGATCCCGTTGCCAATGTTCGTTTC
AACGTGGCAAAGACCCTGCAGAAGATCTCGCCCTTCCTGGAGGCCAGCGTCATTGATGCCCAAGTAAAGCCCACACTCGACAAACTGAACACAGA
CACAGATGTGGATGTCAAGCATTTTGCTGCACAGGCCATTGCCGGCATAGCTGCAGCGTAATCAACCTTCTTGCATCTTTTTTTATTCTATTTTT
AAAACTGTATGTATTTAACGCCGGCAACAAAACATATTATGTAGCAACAACACTTAAGAACGGAAAATTGTAGTGGATCCCGGAAGGTGTTAAAC
GCTGCAGCCGATGCTGGATGAGGGATGAATGGAGCCAGGAGTCAGAGGAAGGAGAGAATCGGAGAATCAGCATGGGAGGAGACCCACTAAACGCG
ACACACAACTAAACATTACTACTTACATACTTATATTATATATAAATTACCATAGGCATAACGATCATTATTAAAAACATTTGTAGAGTTTGGAA
CATTTGATCGCATCTGAATGCAAAAATAAAATTGTAGTGAAACAAT
(SEQ ID NO: 1292)

Start ATG: 281

MAASDKSVDDSLYPIAVLIDELKNEDVQLRLNSIKKLSTIALALGEERTRSELIPFLTETIYDEDEVLLALADQLGNFTSLVGGPEFAMYLIPPL
ESLATVEETVVRDKAVESLRTVAAEHSAQDLEIHVVPTLQRLVSGDWFTSRTSACGLFSVCYPRVTQPVKAELRANFRKLCQDETPMVRRAAANK
LGEFAKVVETEYLKSDLIPNFVQLAQDDQDSVRLLAVEACVSIAQLLPQDDVEHLVLPTLRQCASDSSWRVRYMVAEKFVDLQKAVGPEITRVDL
VPAFQYLLKDAEAEVRAAVATKVKDFCANLDKVNQVQIILSSILPYVRDLVSDPNPHVKSALASVIMGLSPMLGAYQTVEQLLPLFLIQLKDECP
EVRLNIISNLDCVNDVIGIQQLSQSLLPAIVELAEDSKWRVRLAIIEYMPALAGQLGQEFFDQKLRGLCMGWLNDHVYAIREAATLNMKKLVEQF
GAPWAEQAIIPMILVMSRNKNYLHRMTCLFCLNVLAEVCGTDITTKLLLPTVLLLAADPVANVRFNVAKTLQKISPFLEASVIDAQVKPTLDKLN
TDTDVDVKHFAAQAIAGIAAA*
(SEQ ID NO: 1293)

Name: Protein Phosphatase 2A
Classification: protein_phosphatase
FlyBase ID: FBgn0005776

Celera Sequence No. : 142000013384583
TTTTTTATATTTAAAATTAAGTCCACTTGCTTAATTTACATTAATTGCACTCTAGAACCCTCCAGATATATGTAAAAAATCACAAATTTTAAAAA
ATGCATTTAGAATAAGCTCTTAAATGCGCCTCTATTTGAGCTAGTTAACAATGTGTAACAATTAAAAGTCCATTCGCTGTGGCAAGTGTTCCTCC
TCCACCTGGTGCTCGATCTCCCTCATGCGTAACATAAGTTTAAAGTTCTGCTTGTCCTCCTGGCCAGTAAGGAACATGGTTAGCAGGGCCTGCAG
GCCGATTAAGGTTCCTAAGGCTGGGACAATGGGGCGTGTAAATTTCCGCCACAACAGAAACACTTCTCTGGGATTTTCCGTAATCGAGGGAATAC
GGTACGTGTAGCAGCGGGTTGCGAACAGAAATGCGGCGAATGGGGCCAGAATTGTGGGATATACGATGCCCAGACTTGTCTGAAAGGCAGCACTG
CGCATCTGGATGCACACCGGGCACTCGCCCAGCGGATTTAGTAGGATGGGCCGCTGAATAAAGAACTTGTGCGCCAGCATGGTAAATATGGCGGG
AACGGCGACAATCGGGAGGTAAGTGGACAATCGACCATGTCCTCCAAGTCGCAGCTTGGTGCGATAATGATTATTTATGTAGGCGCCCGTTCCCG
CAGCCAAAGCACTCAGAATTCCGGGCGTGTAGCGCAACGACCATCTACAAGGCAATATTTTGATCGCTTGTTAGGTAAGCGGCAACTTTAGAAGG
CTTCATGCACTCACACTTCGCCTATTTTGTCCCAGGAAGTTATAATCTTCCATTGGTATTTGAGGGCCTGATCCTCTGTTATGACCACCGCGTCC
CTGGGCAGTTCGTCGGGCTTGGCGCGTGATAATGCCATTTTTCATTAATTTATCAAAATATTTGGTTCTCAGAAAACAGCTGCTTATGGGTCAGT
GTTGTATAAGTCCCGAACCGGTGTGAGAATGTTGAATACAGTGGGTATCGGAAAAAGGTCTCGGAAAGTAACGCGAAATTTACAGATGATGACAT
ATCAGTGCTGTTAAATGGTCAAATCAGTGTTGCGTGCTGTTTTATATCAGAGGCGAATTGAAGTGTACTACCATAATTCTTGCGAGTCTGCTTAA
AATGCCTCACAAACGTAGGAACCGAGTACATGCGAACCAAAGGAATTTCACAGCGCGACGCGTTTCTGTGGCCAAACTGTCGTCTGCACCGCCGA
ATGTGCTCGTCGAATCCTGCAACGGTTCTCATGCGGATAACAGTTCGCCGGACAGTCCGAAAGCCAAAGAAGGTGCAATGACCAACGGGAAAAAC
CCGGAGATCAAGTTAGCCGTGCCCAAATGCAACACCACCGTGCGCAAGCAGAACGAGGCCCATATCATATCCAACATTAAGCTGGATATGAACCT
TAATAAGGATTCTAACTTTATCGCCCCACAGGTTAATTAAGGTTTTCAATTATGTATACTGTTTTATAATAACATATTCTGTAACTACCCCAAAG
ATCACCAAAAAGATGAACTTCGCTCCGAATCGTGTTGTATTCGGGGTCCTGGTGCCTCTCAATGTCAACGATTCTGTGCTGGTGCCGCACAATAG
AAAACCGGATGCCTTAAAGCACACATCGAAAGAATCGGAATCATGCAAGGCCATAAGCGAGCCCCAGCTAGCCGACTATGCGGAGAAAGTAGATC
CCATGATCATGGCTGTTAAGGAACCAGTACTCCACTTGGATTGGGAACCAGGACCCTTCGATTTTTTCGGCGCATATAGGAGAACATACAATTAG
AGTTACATTTTATTTATAAATATATCCGAGAATATCAGAATGTTTGTAGCTTTGTTAACCGATGAAGTTCATGACCACCAGATGAAGGATCACAT
GAGCGAAGATGAAGTCGGCGAAACCGCGTTCCGGCGAAATGCCGGCAAACACGCTCTTGTTCTGGGGATTGGCCTGCAGGCGTAGGCACACTGCC
AGGACGAAACAGCTGACGGTGCTGATGAAACCAGATAGGAAGGAGTTGAACGGGAAGGTTCCAACCAGGCAGCAGTAAACAAACTGGATGATGCC
GGTGAGCAGAATGTAGCCGAGGTAGATGTCCACCAGCTTCAGTTTCTTGGGCGTATTCTGCACGTAGTCGTTGTAGAACTTGGAAATGACGCTCG
ACAGCTCCACCATTTTGCTATTTTATGTGATATTTGTCCGGATATTTAAGGATAAAGGCGCTTTTTAACAAATTAATCGCAGACACGTCACAAAT
TGGGAGAGAACTCAAAAGTAGGACCGTTCGTCTAGTTTGAAAATAATACTGATAGCTTTATCGATGAAGGCGCAAGTACAGTGGGCACTCAATAC
CTTGAAGTTTAATAAAGAATAGGTTTATATATTAAAAAATTTTTGTGTTTTAGTTAAAACTAAAACATAACAAATCTTATAGATTAATGACCGCT
ATCGATTCTTTTTTAATGTTGCATATGTTTGAGAGGTAATGTTATAATTTAATTTATATAAAAAGAAACACAAATTCTTTTTCTAACCCGTTAAT
AAAGTTTTCTATCCGATTTTCACTGTACCGCCAAATCAGCGAATTAATCGATAGATACGGAAAGTCATCCTCGATTGTTGTGTCTTGCTTTGCTT
CTTCAGTGCTTGTTTTGGGGTGAGAGGCAATTGTTATTGCGAGTTGAGTTCGAAGAAATTAGTAACGTATGTATTTAAAACACCACAAAAGGGTA
TGATGTGCGTTGCAACGTTACAATAAACATTTGCTATCCAATGTGCAACA

(SEQ ID NO: 1294)

Exon: 1001..1456
Exon: 1521..1805
Start ATG: 1142

Transcript No. : CT32729
GAAAAAGGTCTCGGAAAGTAACGCGAAATTTACAGATGATGACATATCAGTGCTGTTAAATGGTCAAATCAGTGTTGCGTGCTGTTTTATATCAG
AGGCGAATTGAAGTGTACTACCATAATTCTTGCGAGTCTGCTTAAAATGCCTCACAAACGTAGGAACCGAGTACATGCGAACCAAAGGAATTTCA
CAGCGCGACGCGTTTCTGTGGCCAAACTGTCGTCTGCACCGCCGAATGTGCTCGTCGAATCCTGCAACGGTTCTCATGCGGATAACAGTTCGCCG
GACAGTCCGAAAGCCAAAGAAGGTGCAATGACCAACGGGAAAAACCCGGAGATCAAGTTAGCCGTGCCCAAATGCAACACCACCGTGCGCAAGCA
GAACGAGGCCCATATCATATCCAACATTAAGCTGGATATGAACCTTAATAAGGATTCTAACTTTATCGCCCCACAGATCACCAAAAAGATGAACT
TCGCTCCGAATCGTGTTGTATTCGGGGTCCTGGTGCCTCTCAATGTCAACGATTCTGTGCTGGTGCCGCACAATAGAAAACCGGATGCCTTAAAG
CACACATCGAAAGAATCGGAATCATGCAAGGCCATAAGCGAGCCCCAGCTAGCCGACTATGCGGAGAAAGTAGATCCCATGATCATGGCTGTTAA
GGAACCAGTACTCCACTTGGATTGGGAACCAGGACCCTTCGATTTTTTCGGCGCATATAGGAGAACATACAATTAG
(SEQ ID NO: 1295)

Start ATG: 142

MPHKRRNRVHANQRNFTARRVSVAKLSSAPPNVLVESCNGSHADNSSPDSPKAKEGAMTNGKNPEIKLAVPKCNTTVRKQNEAHIISNIKLDMNL
NKDSNFIAPQITKKMNFAPNRVVFGVLVPLNVNDSVLVPHNRKPDALKHTSKESESCKAISEPQLADYAEKVDPMIMAVKEPVLHLDWEPGPFDF
FGAYRRTYN*
(SEQ ID NO: 1296)

Celera Sequence No. : 142000013384301
ATGGTAGTTGAAATGCATATAGCTCAAGAAATGAATACCAATAAAATCTCCAGCAACAGATTTATGGAAATCCTAGCGCTTTGAATCAAATAAAA
AATGTGCAACTGCGTACAAACTTCTTAGATTGTAAATACCCTTCGCAAGAAAGTAACATGTTAATAATAATAAATTCTTGTAATCCGCCACACGA
TCTGAATACTAATGTTTACCAAGTAATTGGTAATAACATTCTGAATAAGGAAATCACTGGCATTTACTTGTCTACCATTAATTTATGGTATTGTC
GAACGCTTATGTTTGGTGAAAATATATTAAAATGCCCGCTTAGAATTTATGGCCAGTGTAATGGTTTCCACAGAAGCACTAATAAAATGTCGAAA
TTTATTCATTTTCACGATGTTGCCAAATTTATAGTGACTCCTATGAAATTTTCTTGCCGTGGATTCCTAGAAGTGAGTGGATACATTCTTAAATT
TAATTTTAATTTAATTTAGACATTGCCAAGAATAAAAACTTTTCTGATTTGCTCAAATATTAAAAATTGATTCAAGTATTTTTTTAATTCATTTA
AATGATCTGAATAAAAAGTAAAGTGATTTACAGTGCTAAGCTAGCACCATGTTTTATCAATAAATTCCAGAATGACTAATTCATTCGCTATTCGA
ATTATTATTTAGGGAATTTAAAAAAGTCTCTCAAACAAAAGGTTTGTTTGTGAATTTTCTTATCAATGGAATTCCGTTCTTGCTGAATCAGTGAA
GAGCCCATTTCAGATTTACGCTATTCATAATTAGAAATTTCATATATTTTATATGTATCCTTTTCTTTTCTTCAAAATCAATTTTGATTCGTAAA
GATAAAGTTTTCTGTATGCTAACATAAAAAACATTAATGCATAAAATAGGCCCTAACGAAATATACATTTTTCTGTAGCTGTTGCTAACTTCGCG
ACCCCCATAGTGTTGGGTGGCCCCAGCGGCAGGCCCCACCTTCTTGCCACTCACCTGTGCAGTCGCTCCGTTTGCTCGGCTTCGTTTTGCAGATC
ATTGATGGCGAACAGCTCCATCTCGCCGCTGCGCCCGAATATCCCATTGGGGATCTTGCGCAGGAACTTCTTGAGCACGCTGGCGATGGTGAACA
CCGAATAGTTGTCCACGTTGACGAGCCGACCGGCCTGCAGGAAGTGGATGAGCTTCTTCATTGCGCCCTGGTGGCCGGGTGCGCGGAATACATCG
CGGCGGTTCGGTGACTCCTTGTTCAGTTTGAGGATCAGGACGAGCAGGGGCCCGGGAATGTTGTTGTTGTGCTTGCACACCTCCTCCAGCGGCAC
ACCGAATTTGACCTTTTCGAGGCGGTACGGGTAGGCGGGAGCGGTGGCTGGGTGGCCGCAGGAGGTCACCACGTTGCCCAAATCCGCGGCGCGCC
TATGGACGCGTTCTGCCCAGCTGGACATGGTTTTTCACGCGATTTTCCTGCCTCCCTGCCTTCCTGCCTGTGTTTGTGTGCTTTTGCGTGCGCGT
GTGTGCGTGTATGTATGTGCTGGCGAGTTTTTCAGCGAGCAGAGGAAAATGTGCTCGGCAGATTTTATGGTTTTATGCTGGCCACAAACATGTTC
ACTTGACTGGAATGTTAATTTGTTCGCCTGCCCAATATGCGGAAAATATCTTTCAGATTTTCACTATTTATTATTTTTTATTATTTTTTACTTTA
TTTTCGACACCTACTCTCGCGTCGCAGCCCCAGATTTTAGCCCAAAATGAGCAGCTTTGAAAAGCCAGCTTTGATTAAAAAATCGCCACCACTCC
TGCTGTATGCATTTTTCTCTTCTCTTCTTCGCGTCTCTCTTTTACACTGCGTTTCTCCGTTTCTTTTGCGCTTTTCTTCTTTTTGGCCAACGCCT
CGGAGCTGCTATGCCTTTTGCGCCCCTTCGCTTACTGAATTAAACGCTCGCCTATCGCATTTCGCTTGGATTTGTTGAGAACGCGGCGTTCGGCG
TCACTTTCGGTTAGTTTAGCACTAGTTTAGTTGTGTTATTTCGGGGAGTGTTTAATTATTTTGCTGCGCTCGCCCGCACGCTCGACTTTTTTCGC
TGTATATTGAAAACGGAGTGTGGACATCAAGCGGTAGCTGCAGAATGCCTGAGGCTCAGCGCTTCGCTGCGAAATACCAACGGAATATACCAAGA
AATTATACTGCACAAGTACTGTGATAGTAGGGGTGTTCCAGCATTCGTTAAGTTTCAAAATGCCAAAGCCAAAGATAAAAAGATATAAAAAAAAT
TAACGCACTTATGCAATACCAAAAACGAATAAATACATAATGTTACTACTTTTATCAGGGAACTTGGCTTAACAAAGTTTATACAAATGCACAAT
GAAATTAAATCTACTTAACTGCTAACTGTTATTATTAGTTATTTCATACGATATGCAGGAGGCAGAAAGTTGCTTATTAAACATATATTTTCATA
AATATTTCACGAAAGTATGAGAAAATTTCAAAATCGTTTGATAATATACTAATACGCTATTTAGCCACATATATAAGTCTCTAATGTATTTCTTA
AATAAATCATTTGTAAAGCTATAAACTAAATTCTTTTATAAAATCTACTCCCAAAAAAAACAGCAGCATCAAACCTTAGCGTCTTAATATTAATT
CAAATGAACACTCATCGCTTGCCGATTCAAAATCGTAAGGTTTTCTTTTAAATTCAAAACTCGCTGGAATGCCGAGACTTGTGACGTCACACGCC
ATCTTCATGCTGCGCGGCGAGAAACATGCGCAAACGTCACCTTCTCAGCGGCAGACTCAGGTTGTCCATCCCTGGTTCAAGTAATGTCACCCTGG
TTTTTGTTTTGTAAAGTGAAATTGTTGCAAGTCAAACAACAATAATAAAAATCATTAAAAGCGCGTACAAGAAGTCAAAAAGAATTGCCCACACA
AGTACGTATTGACGGGCTGTCAGCTTTGCTATATGGAAATCAATTTTCCACTCAACTTTTACTTGGAAATCGGTATTTAATTTTGTGTTGTCTGC
TGTGAAAGTAACAACAACAAAATCAAGAGTAACGTCAAGAGCAAAAATAGTTTTCCCCATTTTCAAAATTGACAAATATAG
(SEQ ID NO: 1297)

Exon: 2121..1001
Start ATG: 1453 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT32814
CTTGATGTCCACACTCCGTTTTCAATATACAGCGAAAAAAGTCGAGCGTGCGGGCGAGCGCAGCAAAATAATTAAACACTCCCCGAAATAACACA
ACTAAACTAGTGCTAAACTAACCGAAAGTGACGCCGAACGCCGCGTTCTCAACAAATCCAAGCGAAATGCGATAGGCGAGCGTTTAATTCAGTAA
GCGAAGGGGCGCAAAAGGCATAGCAGCTCCGAGGCGTTGGCCAAAAAGAAGAAAAGCGCAAAAGAAACGGAGAAACGCAGTGTAAAAGAGAGACG
CGAAGAAGAGAAGAGAAAAATGCATACAGCAGGAGTGGTGGCGATTTTTTAATCAAAGCTGGCTTTTCAAAGCTGCTCATTTTGGGCTAAAATCT
GGGGCTGCGACGCGAGAGTAGGTGTCGAAAATAAAGTAAAAAATAATAAAAAATAATAAATAGTGAAAATCTGAAAGATATTTTCCGCATATTGG

GCAGGCGAACAAATTAACATTCCAGTCAAGTGAACATGTTTGTGGCCAGCATAAAACCATAAAATCTGCCGAGCACATTTTCCTCTGCTCGCTGA
AAAACTCGCCAGCACATACATACACGCACACACGCGCACGCAAAAGCACACAAACACAGGCAGGAAGGCAGGGAGGCAGGAAAATCGCGTGAAAA
ACCATGTCCAGCTGGGCAGAACGCGTCCATAGGCGCGCCGCGGATTTGGGCAACGTGGTGACCTCCTGCGGCCACCCAGCCACCGCTCCCGCCTA
CCCGTACCGCCTCGAAAAGGTCAAATTCGGTGTGCCGCTGGAGGAGGTGTGCAAGCACAACAACAACATTCCCGGGCCCCTGCTCGTCCTGATCC
TCAAACTGAACAAGGAGTCACCGAACCGCCGCGATGTATTCCGCGCACCCGGCCACCAGGGCGCAATGAAGAAGCTCATCCACTTCCTGCAGGCC
GGTCGGCTCGTCAACGTGGACAACTATTCGGTGTTCACCATCGCCAGCGTGCTCAAGAAGTTCCTGCGCAAGATCCCCAATGGGATATTCGGGCG
CAGCGGCGAGATGGAGCTGTTCGCCATCAATGATCTGCAAAACGAAGCCGAGCAAACGGAGCGACTGCACAGGTGA
(SEQ ID NO: 1298)

Start ATG: 669 (Reverse strand: CAT)

MSSWAERVHRRAADLGNVVTSCGHPATAPAYPYRLEKVKFGVPLEEVCKHNNNIPGPLLVLILKLNKESPNRRDVFRAPGHQGAMKKLIHFLQAG
RLVNVDNYSVFTIASVLKKFLRKIPNGIFGRSGEMELFAINDLQNEAEQTERLHR*
(SEQ ID NO: 1299)

Celera Sequence No. : 142000013384429
AACCCTTATTTTAGCTTTAAAGTCAAAAATTCAACTTATTTCACAGTGTGTAAACAGTTTCTTGACAAACTGTATGTACATAACCTTAAATGTAA
AGATATATTGATGTCAAATGTTCAATTTCGCTTCATCTTTCAGATTTTTAATAAGTTTATAATTGAGTTAAAATGTCGGATCTGGTATAAATTAA
GATTAAGATTTACAGATTTGAGCAGATTTTAATTCTTAATTGTTTGATGCTTCTGCCTAAAGCACAACTGTTACATTTCATAGCAAAATTCATTT
TTTTAAATATAAAGGAATTTTAATTTAGTTATGTTAAGGGGAAATTCAATAACTGTTATATACAGTAGAATTCACCTTTAAGTATAATACACACA
TACATAGGTTCTATACAACCATGGCAGTTGAATTTCATCATGGCTGCCACGAATTCGGGAATTCCCAGGCATTTCGAAAGTTTATGGAGCATTTG
ATTGCAAATGGTAAATCCATATGTACAAAACATATGTATGTACATGCATGCATACATCTATTTTTTGCCTACGCCGATATATCGCACTTTGCACT
TACTTTGTTGTTGTTGCTGATGCGGTTGTTGTTGTTGCTGCTGCTGTGGTTGTTGCAGCTGCTGTGGTTGTTGCAGCTGCTGTGGTTGTTGCAGC
TGCTGTGGTTGTTGCTGCCGTTGTTGTTGTTGCTTTTGCTGCTGCTGGGGCTGTGGTGCTGCAGCGCTATCCTGTCCTCCTTTCTTGTTCTCTGG
GGTGGTAATTGGAAAGTGCATATATTTGAATAGCTGTATGGTCCTGCAGGTGGGACAACTCACTATCTTTTTTTCCCATGATTTACTTTTGAGGG
TTTCGAGTTAACTGACGACTTTTAATAGACGATTTTTTAATGCGTCACAGTCTTTTTTAGTGATGGGAGGCCTTAGGGGTGGGCGATAAGTTATT
GAGCGGCACAGCTAAAGTGTTTTCTGTTATCGATTATTGATAGGAACATACGGACTAGGCGGGCCATTCAAGTGGGGACTCTATTTATATTTGTA
TATTTTTATACATGTTTTGTATACATGTTGCTTGTTGAGTCAAATGTATGCTATATTCGTTGAAAAGCATGTATCCGGCAAAAGAAACCGATTTC
GACCTAATAAATTATATATATTATAATATATTATATATATTATATATATAAGGACCAATAGCCGAGTCGATCTAGCCATGTCCGTCTTTCCGTCC
ATCTGTCAGTCCGTACGAACGTCGAGATCTCAGGATGAATAAGAAGCTAGAAAATTGAGATTACGGAAAGCCCCCAAAACTTCCCACGCACATTT
TCAAAATGTTTTGACATTTTTCATATTTTTATTAGTCTTGTAAATTTCCATCGATCTGCCAAAAAACTTTAAATTGCCACGCCCACAGTTATGCA
AAATGTGATATTTTTCATATTTTGATTAGTCTTGTAAATTTCTATTGATCTGCCAAACTACTATTACTCCCACAAACCGCCGAAAAGCCACGCTT
ACAATTTTTAACAATTTTAATTTTTTTTCTTATTTTATTCACCAATATCTAATTTGCGTTCGCATTTCCAATAGTTGAGTAACTGGCATCTGATT
ATCGGGGAAGTTTAAAATAGGAAAAAAATTTTAATTTACTAGTTTTTTTTTTTAAATTTTATTTTGGAAGAAGACATCAGTAAGAATCAATAAAT
TTAATCACCACTGCTAGAAAGCATTATTTTTATTTTTCCGCCTTTAAGTGAAAAATAGTTTTACATTCCAG
(SEQ ID NO: 1300)

Exon: 781..533
Start ATG: 781 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT32815
ATGCACTTTCCAATTACCACCCCAGAGAACAAGAAAGGAGGACAGGATAGCGCTGCAGCACCACAGCCCCAGCAGCAGCAAAAGCAACAACAACA
ACGGCAGCAACAACCACAGCAGCTGCAACAACCACAGCAGCTGCAACAACCACAGCAGCAGCAACAACAACAACCGC
ATCAGCAACAACAACAAAGTAAGTGCAAAGTGCGATATATCGGCGTAGGCAAAAAATAG
(SEQ ID NO: 1301)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MHFPITTPENKKGGQDSAAAPQPQQQQKQQQQRQQQPQQLQQPQQLQQPQQLQQPQQQQQQQPHQQQQQSKCKVRYIGVGKK*
(SEQ ID NO: 1302)

Celera Sequence No. : 142000013384829
TTATATTCTTACATCAACGAGACTGCTTTGGTAGTTTGTAGTCTGCACTGATTCATCAGCTTTTGAAGATTTCTTTCTGTGTACATTATGCGTCG
GTCGATGCACAAGCAAATGTCACATCAATTAGCCGCACCGAGGGCCACAAGATGTGGCGATTGCAGCTGGCTTGGCTAAGTTGGCTAACTTTAGC
TAGCTGGTTAGCAGACTCATAAAACATCAAATTAGCTTTGACTAGGTTGGCTAATTTGAAAAGTAAGAGGCAGTTGGGTGAATTGGCCATCTCCA
GTTGTGGTTGCGCCGTGGTTGAGTGGTTCAATGGCCGCCCGGCCACCCACACGCCAGCTGTTCGCTGACCTTCGCCGCCTGACGTTGACTTTCCT
TGATTTCTACACGTATCAGTCGGAAAATGTCGAGCAAATATTGCGATACCAGCTGTGGGTAAAAACAAAAGTCACAGCAGCAGAGCAAATATTAT
ATAAGCACACACATCATACTGTGTGCTGAGCGTGTTTTCAGTTGTTTTTTATTACTGTCTGATAATCACCTCTGATCCGTTTGTTGAACCGATAA
GAAAAGATCCATTCGCCTATGGGTAAGTGTCGACCAATTGATAAGCACTTATTTATAGACATTAACTACTCTATAAATAATGTCATCAGTCATTC
ATCATAACTCCTCCGCAATTAAACAGAGTGAAATGGGAAGCAATCACTGTCTCGGAACTGTAATCTGGAGTAGTACAATAAGATCAAAGCCAAGA
AAGTAGGAAATCGATAGTTAACCATTGGCCATGCTGTTCGTTCAAGTTACTGTGGCAGCGGCAACAGCAACACTTCAAAATTTGCTGCAATTTGC
TTTAATTATACGCTCCGTTGGACGAAAAAAACAACAGCACACGAACAAATAGGGAATGTCGATCGAGATTGCAGACAAATTTAGGCCATACAAAGC
TCTACTTTGTTTTCGCTTTTCCCGAAAAATTAACCCACAATTTTCCCCCAATTGCAGAAACACCAACATAGTATGCGTCTCTTCAAAACGCGCAA
ATCCACGGATACCTACAGCACACTAGCCGCGCAGCAACAGCAACAGCAGCAGCAGCAACAACAACATCAAGCGGAAGGCAGCAACATTTCCCACA
GCAGCAACAGCAGCAGCAACAAGAGTCACACACCGGCAACATGCAGCAACAGACTGAACAAGAGCATTGTGAGCAGCACCAGCATATCGTCATCG
CTGCCTGATCTGCATGACAAGTCGCCCGTCATGATCCTCAGCTGCACCACCCTGGCCAGCAATGGAGCCACCGCCACGGCAGCGGTCACAGCAAC
AGCCACCGGCACAGCAGCAACATCTGGCGGCTCGCTGCAGCAGCAACAACAGCAGCATCTGCAACACCAGCAGCAGCAGCAGCCGTTACGCACGG

CCACGCCCACGTGTCTGCTGAGTGGCCGTCAGACGCCATCGGCCATATCGGTGATGTCGCTCCAAGAGGCCACCAGTCTGCACCGCCAGCAACAG
CAGCCACACCAGCCACCCACCATCTACGTGCCGGTGCCTACGAAACTTGGCAACAATGTCAACACTGGCAACAGCTCGGCCACTCTGCTGCTCAG
CTATGGCAGCACCAGCAGCATCGCCAACCTGCAACAGCAGCAGCAGCAGCATGCCGCCCAGTACCAGCAGTATGTTGCACAGCGGCTGCACGCCG
CTTCCAGCAGTTGTTTGTACGAGAAGGGGTCGAATGCCAGCGGTGGGGCGAGCAGCAACAAAAGCAGTCTATCCCTGACCCCAAATGGTAAGTAC
TTTACTATAAAGTGAAGTAGAATACTCATATTACTAATGGGGTAGCCCAGGAGTTGTGCTTACATTAATTTTTATTATTGGCTGATAATATCATG
GGTAAAAACTTGCAATCATTTAGCTGCCAGTGGCAGTTACTTTCCGTATCCGTATTCACCGATTTCTCAAAGTAAGTCATACTCTTCAGTACACA
AAAAGCTTTTGCTACATTGTTGGGCGCAGTGAACAGGACATGTGATGCACCTTGTGATAACATGGTGATGAAGAAATGGCTCTTATCTTCGCAGA
CATTCACGAGCCTCAGCCAGTGATACTTGTTTTCCTCCTCAACCTCCCAAATGCTGCAGTTACTATTGGCGCCCAATTCCAGTTGATTTCCAGCA
GTTATATAGAACAATTCCTTCTTGTGTTCGAGACACAAGCGACGAGTTTTCACCAGAAGCCTCAGAGGTCTTGGTAAACTCTGCAACATGTTTTG
GAGATCATTGTTCCACTGTTCTGGATGATTACTCTTGAGGTTCCTCAATTCCCGTGCAAAGTTAGAGAGAAGAATCTCGTTTAAAAGACGAAAAC
GTCGTAGATGCCAATGAAAGCTCATCCAAAGCTTCAGCTTGAAGGGATTTCCGGTATTGAGATGGCTTTGCAGATCTTGCGGTGCTTTTTGTGTC
TCTAAAATATCCGACCAGGGAATATTCCATGCCACGCGCTGTTGCTGCTCTTCATTCAGTGATAAACTGATGTCCTTACTCCACTTATCGAAATC
CAAAGGGCTTGCATTTAATTGTGTAGGCACAAGTCCAATCAGTACATGAATATCGTCTTTAATTACGGTCTGAACTGGATTTAGTAGTGAACTTA
GGCACAAAAGTATTATGAGAGCAATGTAAACGACCATTGCGATGGAAAATCTTATTTAAACTGATCTATGGATTCCCTATTTGTTCAGTTTGCTC
TGTGGGATTTCCGGGTATTTGGCGCTTATCGCTGGTTTTTTGATAATTCCTTGATATTCAGTGGGGCCAACGCCCTGGTTTTCATTTCCTCAAAC
CCAACTGATACCAATTCCTGTTCCCACAGGTCACTTGCCCGACTACAAGTTGGTGACAGCGATGCCAGTTGTTGTCCTGGACGATGAACACAAAT
CCAATTCATTGCCGGCCACTGAAGCGAGTCGCAACAGCAACAGCAGCAGCAACATGAACGGCAGCAGCAACAGCAACAGCCTTGACGTCAGCAAC
AGCAACTCGCATTCGGGGAGCTCCACTTCTTTGGCCAGCACCACGAGAAATGGTAAGTACTTTGGCCAAAAATAGAAGTGAAATCCGGGCAAATG
CCTGGAAATTGATTTTCCCTTCAAGTGGCGGCGCCTCGAGGGTTTTTATTCCCCGTGGAGTATATTTTATTTTGGGGCACATTCAACCGAGAGTG
TTGGGTCAATGGAGAGGGGGAAAATGAGCCCATAAATTATAGAGCGGCAGAGGGTGTGTTGTCAGCCAGGTATTAAGAGCTCAATTTGGAGCACA
TTTTAATTGAAACAATTAATTTTCCATGGCTAAACATAGGAAACAGCACTCCCAGTGCTTCCGTGTTTAGCAAAGGCAAAATCAGCGCCAATCAG
AGTTGCCAATTGTCATCGATACGATGCGTATTGTGTCGCATGGCACATACTCTACTCCAAAATACCGTATTGACCCGATTTCGCATCAATGCGCG
CCGCCAACATCGGCGCTGTAATGCGATCCCATGTCTGCAACTGGAATTTGTATTGTTTTCAGCCGGGCACGAGTTGGTGCTGCTGTGGTCTCGAT
TTTGAAGAGGAGCCCACCCTAAAAGCCTAAACTACACAGGGAGAAACCCTACTTGGGAACTTGGGAATAAGTCATAAATCTGCTAAAGAAAACTT
TATTATAAACACCTTTCTTTAAAATGATTATACATGACACAGATTTTTCTAATATTATCAGAAATAAATGTTGCTTCCATACTATTCTTTCAGTG
TAGAATATCTCCCAGCCAACAGCCGACCAAGTGTGACAAAGCTGGGCATTATATGTCATTCAATGCAGTTCAGTTGAGTTCACTTTACTTTGGTT
GAGTTCAGTTTAGTTGTAATGATTTGCACAAAGAGCACTTTATTTACTTTTATTTTTGCCCGGTTATGTGATATATGATTGAGGTTTTCGGTTGT
ATAGATGGGTGGAGTTGTGAGTAATAGATATGGGTATTAGAGCGGCTAGTTAGATAAACGAGGAATTGAGGGCAGGAAATGGCTGATGATGTGAT
TGGCAAATCAAAACATGAGAAAATATGAGT
(SEQ ID NO: 1303)

Exon: 1001..1797
Exon: 2880..3115
Start ATG: 1023

Transcript No. : CT32873
ATTGCAGAAACACCAACATAGTATGCGTCTCTTCAAAACGCGCAAATCCACGGATACCTACAGCACACTAGCCGCGCAGCAACAGCAACAGCAGC
AGCAGCAACAACAACATCAAGCGGAAGGCAGCAACATTTCCCACAGCAGCAACAGCAGCAGCAACAAGAGTCACACACCGGCAACATGCAGCAAC
AGACTGAACAAGAGCATTGTGAGCAGCACCAGCATATCGTCATCGCTGCCTGATCTGCATGACAAGTCGCCCGTCATGATCCTCAGCTGCACCAC
CCTGGCCAGCAATGGAGCCACCGCCACGGCAGCGGTCACAGCAACAGCCACCGGCACAGCAGCAACATCTGGCGGCTCGCTGCAGCAGCAACAAC
AGCAGCATCTGCAACACCAGCAGCAGCAGCAGCCGTTACGCACGGCCACGCCCACGTGTCTGCTGAGTGGCCGTCAGACGCCATCGGCCATATCG
GTGATGTCGCTCCAAGAGGCCACCAGTCTGCACCGCCAGCAACAGCAGCCACACCAGCCACCCACCATCTACGTGCCGGTGCCTACGAAACTTGG
CAACAATGTCAACACTGGCAACAGCTCGGCCACTCTGCTGCTCAGCTATGGCAGCACCAGCAGCATCGCCAACCTGCAACAGCAGCAGCAGCAGC
ATGCCGCCCAGTACCAGCAGTATGTTGCACAGCGGCTGCACGCCGCTTCCAGCAGTTGTTTGTACGAGAAGGGGTCGAATGCCAGCGGTGGGGCG
AGCAGCAACAAAAGCAGTCTATCCCTGACCCCAAATGGTCACTTGCCCGACTACAAGTTGGTGACAGCGATGCCAGTTGTTGTCCTGGACGATGA
ACACAAATCCAATTCATTGCCGGCCACTGAAGCGAGTCGCAACAGCAACAGCAGCAGCAACATGAACGGCAGCAGCAACAGCAACAGCCTTGACG
TCAGCAACAGCAACTCGCATTCGGGGAGCTCCACTTCTTTGGCCAGCACCACGAGAAATGGTAAGTACTTTGGCCAAAAATAG
(SEQ ID NO: 1304)

Start ATG: 23

MRLFKTRKSTDTYSTLAAQQQQQQQQQQQHQAEGSNISHSSNSSSNKSHTPATCSNRLNKSIVSSTSISSSLPDLHDKSPVMILSCTTLASNGAT
ATAAVTATATGTAATSGGSLQQQQQQQHLQHQQQQQPLRTATPTCLLSGRQTPSAISVMSLQEATSLHRQQQQPHQPPTIYVPVPTKLGNNVNTGN
SSATLLLSYGSTSSIANLQQQQQQQHAAQYQQYVAQRLHAASSSCLYEKGSNASGGASSNKSSLSLTPNGHLPDYKLVTAMPVVVLDDEHKSNSLP
ATEASRNSNSSSNMNGSSNSNSLDVSNSNSHSGSSTSLASTTRNGKYFGQK*
(SEQ ID NO: 1305)

Celera Sequence No. : 142000013384693
AGTGTTACGGATACTGGGAAATGCAATTACGGGATAGTGGATTTGGGGTGGTGTGCTTGGTTGCTAGTGCTTGTGTGGCTTCGCCGAAGGGCTTG
GTCTTTGATCTTTGGCTTTGGCTTATCTTATCGTATGATTCTGGGAATACTGGTTTGGATGGATCTTAATGGCTGGCTGGAAATAACAAGTTGGT
TATATGTAGTTTAGATATCTCATTCTTTGTACAGGCTTCCCCATACGGGCACAACATCGAACAGGCGACACAAAGCTATAACATATGTGTACATT
TTCGCGATTCTAGACAGAGATAGTTGGTAGATTGGTGTAGTTTAGTCAGTGTTTAGTACTAGGCGGGAAGTTAGGATAGCTAGATAGTGAGTCAC
ACTACGCATTAACATATGTGTTATTTTGTGGCACATGTAAAGAACCGAACGCAGGCATTGGTTTCATCGATCGCATTGCTGATTAACTTTCCAGC
CGAACTGGAAGCCTTGACGCGAACAAGTGCAAGGTTATTAACTGACCCCAAGTGGGCGTGGTGGTGGGCGGTGGGCGCTACTTGTGCCAGCACAT
GGAGAACCCGAGTTGTGTGCAAAAAACACTGCTCAACTCGTTGGGAACACCGAAAATTAGTTTTTTATGCAGAAATAGTGAAGGAGAACACACAC
ACAAACACACGAAGGCGTACTGCGCCGTGTGGTTAGCAGAGGGATTATAGTGGAAAAGTGAAGTTTTCGACGGATGCACACACAACACATAACTA
TATTTGCACACTATTTGTTAATTACCAGCTCCGGCTTATATGTTTTTTTTTTTTTTAAATCTCGAACTCTACGGGCTAAAATCGAGCAAAGTTGA
CGAATAAAAGTGGATACACACCCAAACTAGTGATGTGCCGCGCGGCGATAGTTCGGGTGCGTGAGCGCACCCGCATACCATCGCTAATATTCGCG
CAGAAAAACATACAATACGTATCAGTTTTTAGTTCCATGCGCTCTGCAAAATGATGGCCAAGGACAAGGGTCTGGCTGTGGCCGGAACGGCGGCC

CCCTTACCGGCCGCCCTCGACCACGAGTGGTCCGCCGAGGAAGAGCTGCAGCTGTTCCATGCAATGGAAGGCCTGCGCCCGGTGGGCATCAACAA
GCACTTCTACATGTCCTGCATTGTCCAGCGTCTGTCCAAGTCGCTGAACCGTGAAATGCCCAGCGAGCTGATCTGGCGCCACCTGGGCACCATGT
ACAAGCTGAAGGAACTGGACGATCTGGAGTCGCTGCCCTTTCCCAACGAGGAGCGCGAGTTCAGCCTGCCGGAGCAGGATTACGGAACGCTACAG
ACCAAAAAGACGGTGGAAGTGCATGCCAACGAGGAGGCTGCAGAGGCACAGTCGGCCCCTCCAACAGCAGAGACCAATGGCAAAGGTAGTTCGTT
AGTTATCATCAGGATTCATTCACTTGTAATGTTGTTTTACAGCTCCACCTGCAACCAAAACGCCGGTACCGACGAATTCCACCAAGGACGGCGAC
AAAAAGCCCGTCGCCAAGCCCCAGGAGCAGCTGCCCAAGCGTCCGGCCAAGCGCACACGCGGCTCCATGTCCAACGAGTCCATCAGCCCCTCCAC
TACGCCGCCGCCGGTGCAGAGCAACAAGCGCCGTCGCATATAGGTGACCCCCGCCCGAAACTGACGATTGTTGATCCGTTTTAGCTCATTAGTTT
TACTGTACTCTAATAAAAGGATTTATTCTTCGAAATCGTTGTCCTCCTCGTTGGAGCCGTTCCCGTTCTCCTGCGCCAGAACCTCGGTGGCCTGC
ATGTTTTCCAGGAGCGATTTGAGAAGGCGTCGGTTGAGATGGTCGGTCTGCGTCAGTTCCCGGACTGCCTGGGGCGGAGCATTCTCGTCTGCCGG
TGCAGGGCTGTTCTCAGCTGGAGTCGGAGTCTCTGCCATGGCTTTGATGTGCTCCAAAACAGGCATTTTTCCCCCGAGAAATTTCAGCTTTTGCT
ATGACACACAGTCCGCTGGGTGACTCGTGCACTTGGAAACTTGGCTAAGTGTAGGGTACACTCGATAAAGTATCGATAAGTTGGCGTTTTACGTC
AGCCCTAGTTCCACCCCTAAGTCGATCGACTTCCAATTGGACAGATTCTCCCGCTCGAATTTAATTTAATCGGCAAATATAAACAAATACGCTCC
AAATGTTTGTTCCCGAAACGGAGGATATGCTGCCCAGACTAGCGCCCAGGCCGAGTGCAGCAGTGCCCATGGGCCACACCAATGAGATTATAGGG
CCCACCGTGCCGGAGGTATCCATATTGTTTGGCCAGCCGCCGCAGGATCCGCAGATGCAGCCGCAGCAGCCAAATCATGCACATCAGGAGTCATC
CCCTCGTGCTGCACCCACCTTCGCGTCCTGGAAGAAGCAAATGCTGCCCAGGGTCAACTTTTCGCCCATTTTGGCCACAGAACTGGGTCCTCGCA
CCGCTCCCAGCAGCAATAGTCCGTGCTCCTCGAAGGAATACCAAGTAATGCCCCGGGATCGCAACTATGCAAGCGATGCGCAGCAGACTACCAAT
CATATGAACTGCAATGCTGGTGGCTATAATGCCGAGCCCAAGCAACAGGCATATCAATCTAGGCGCTTGTCCAGCTCCTCCAACGCAGATGTC
(SEQ ID NO: 1306)

Exon: 1001..1415
Exon: 1468..1658
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT33222
ATGATGGCCAAGGACAAGGGTCTGGCTGTGGCCGGAACGGCGGCCCCCTTACCGGCCGCCCTCGACCACGAGTGGTCCGCCGAGGAAGAGCTGCA
GCTGTTCCATGCAATGGAAGGCCTGCGCCCGGTGGGCATCAACAAGCACTTCTACATGTCCTGCATTGTCCAGCGTCTGTCCAAGTCGCTGAACC
GTGAAATGCCCAGCGAGCTGATCTGGCGCCACCTGGGCACCATGTACAAGCTGAAGGAACTGGACGATCTGGAGTCGCTGCCCTTTCCCAACGAG
GAGCGCGAGTTCAGCCTGCCGGAGCAGGATTACGGAACGCTACAGACCAAAAAGACGGTGGAAGTGCATGCCAACGAGGAGGCTGCAGAGGCACA
GTCGGCCCCTCCAACAGCAGAGACCAATGGCAAAGCTCCACCTGCAACCAAAACGCCGGTACCGACGAATTCCACCAAGGACGGCGACAAAAAGC
CCGTCGCCAAGCCCCAGGAGCAGCTGCCCAAGCGTCCGGCCAAGCGCACACGCGGCTCCATGTCCAACGAGTCCATCAGCCCCTCCACTACGCCG
CCGCCGGTGCAGAGCAACAAGCGCCGTCGCATATAG
(SEQ ID NO: 1307)

Start ATG: 1

MMAKDKGLAVAGTAAPLPAALDHEWSAEEELQLFHAMEGLRPVGINKHFYMSCIVQRLSKSLNREMPSELIWRHLGTMYKLKELDDLESLPFPNE
EREFSLPEQDYGTLQTKKTVEVHANEEAAEAQSAPPTAETNGKAPPATKTPVPTNSTKDGDKKPVAKPQEQLPKRPAKRTRGSMSNESISPSTTP
PPVQSNKRRRI*
(SEQ ID NO: 1308)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384547
GCACTGTATGGAGTTGCAGTTGCACTCTCACTCTATAAGATGGCCATTATGACGACGATGATGATGACTATGATGATGGCTCAAAAAAAACAGGA
CATTGTGAGGTGCGGGGCGCTGCAAAAAGGATAATACAACTTTCTCGCTCTATTTGCCACGCACACACATGTTGTTACAGTGCCGTGATTTTTGT
TGCATCAAATTGGAATTTTTTCCTTAAATATGGTAAACATCGATGGGGCAGAGATTTATGTATAGTGCAGCGGCGCGTTGATGAAAATGACTCGC
CGCTGCATTGACCGTGTTTACTGTTTGTCAGACAGGGCAGCAATTTACGCCCACATGCAAAAAACATTAATTTGCATGCAAGTCAATTATCAGGA
GGCAGCAAACAGACAGGCGCTAGTTACCAGTTTTCAGTATTCAGTTTTCTGTTTTGAGTTTTCAGTTTTCAGTTTTTCAATTTCTTTTGCACAAA
CATTGGTGTTATTATTCCGCCATAAGGATGCAAGGACTAATGGAGATACTCTTGAAATGGGTCATGATATTCCAAAAGAATCGCATATGGCGCAG
AAAGATTTATTTTGTTTTTCATTAAAGTACCATACAAACCATTAATTTAGCTCGCTACTCTTATAGAGCATCTGCAGGTTGTTGAGCTCAACGTG
GACACTCAATGGCGAGGACTTTCAAACTGCCAGGCCAGCACATTTCTAAATGTTTTTATTAATTAAAAATATTGCAAATTAAACACATTTCCAAA
TTGCGTTTTGCATTTTTCGTATAAATACGCGGTCGATGGAAAAAATGCAAATATAATTTACAAAGCATACATTTCACATTTTATTCTTATTTTAT
GTTCATTGCATTTTGGTTTGCTCTATCGCCGCTTTCGCAGCCATCAGTTCTTAAACTTGCCTCAAAGCTCTTAAACACGATTACTACCTGCTAAT
TAGCTTAGAATACCTATGTTTTGGGACCAGTCTTGGGTGCATGATGGGGTCTACCTGCTTTTGATGGTCACCTCGCACTTGGCAGCCAGATTGCG
GAGGGTGAGGAACTGGCCGGATGCCCTAATCTCCGGCCAGCTGCACCGGAGCGAGTGAGCAGGTCCCAGGAATCGGTGGCCCGGAGTCTCGATGA
CAGTCTCGAAAGTGGGTCCATGTGGCAGGTGGTCTAGGTGCCACAGGAAGACGGCGTGCTCATCGCCGCCGCCGATCGCAATGACAGCCAAGAAA
AATGTGTGCACTCTGACGTGGCCAAAAGTGGAGGACTCCTCGCTCAGCCGCAGGCAGGCCACGCCCTCCAGGGGCAGCTGGGGGCGGACGTGCAA
GCGTTCGCCGAACGTGCCGTAGATTTGCAACACTGCCAGCCGGTGGTCGCCGCTCAAATGTCGCAACAACTGCCATTCCCGCCGACCTATTGACC
CCGCCTCCAGTGGCAGCTCCTGATTTACTCCGGCTGCCGGCGCCTGTTTATGGCTCCCCGCTGATAAGGATGCACCTCCCGAGTTCTCAACCACC
GCCAGCGCCTGCATCGCGACTGTTGACAATTTGTTGGCCACTGGCTGGCCAAGTTGGTAACTGTGGCTGCTGCATGATTTCCCAGTTGGGCAATG
ATAATTTTGATACTCGCTCTCGCTGCTTGCTGACTTCTCATGCCCCAGCTGCTGCCGCTCCTGCTGCTGCTGTTGCTCCTGCACCTGGACACCAT
TATTTATGGTGGCAACTTCATCGCAGCGCAATCCGTCTTGATCTGGCCCAGTAATCCGCCAACTTTTCTTACTCAACTTTAACTTTGGTTTAACG
AGCATATTGTTGTGACCTTCCTCCGAAAAGTGCTCGACAGCGGCCTCCTGATGCTGCACTTTTATCAGCGTGCAACGTGGCAGGACAGCCTCCTG
CACCGCCTGCTCCTGCTCCTGCCCCTGCTGACTCTTTCTTCTGATTTCCCGAGGACTTTGGTCCACCAAAACTGTTTCGAGTTGCCTGGAGATTT
GCTTGCCGCACTTGGACTTGCCGGAACTCGTCTTCGCCAGCGCCATTTTCGGTTGATTATGATATTCATTTGTGCACTTGTTGACGCTGCTCAGC
TTTCCATGGCCCTGGGAGGCAGCCACCTTGTTGGTTTTCCCTGAAAAGAGGCACCGAAACGGAGGACCATTACAAAAAGTACGAAATGTAAATAT
AATAAATACAACTGGGACAACTGGATGGATATGCACGCAAGTTGTCCATTTGCGCTCGTTTGTGTTTTGCCCCCAAATCCCTTGACACAAACTCC
CTTGAACTTCTTCAAGTGGCAAATGAAAATAGAGCAGAAACTAAGTAAATATCCGCGTACCTGCATCTGTATAAAAATGGTTGAACTATGGCTGA
ACTATGGGTGAATCCGGGCGAATCATAAAGAATGCACACTTAATGTAGACGCAATAAAAACGCACTAAGCACGGCATAATCTGGGAAAAAACAAA
GCGAAGGACCCTGAAGTGGGTAAAAGTGGCAAAAAATGAAGACCAGCAGGGAAAAACAAATGCAGACAACGGCGGAAAATTCTGTTGCTGCTTGT

TACCTCCGCTGTAAACTTCACTCCAAGTTAACTTGGTCGACACAGATTGAAAATGGCAACAAGGGCGGCTAAACTTTAAACGAAGCCGCCCAGTG
GCAAAGCAAGAAAAGCAACGCCAACAACAATCTTCCGGCAAGATGGCAACGCAGCTAAGCGCGAAAAACTTTAGCAATTTATGTTACATAATTAT
GCCATAAAAAGAACAACAAGCGAAGATGAGCCATTGCGCTCAATTTCAAGCACTCTTGACTCGGCTCCGCTTTCTCGTCACATTTTTCTTTCATT
TGCGCCGCATCTCGGTCGAGATTTAAGTGAAACATTGACACTTGCCGCTGTCGAAAAGTTATGGCCCACACAAATGAGGATTCCCCGCTCCCAGC
CAGGATGTTGCCATTACCGCAGGATGTATTACAGCGGGGCGGGCACAAAGGTTATTTCCACAGGGTTTTGCATTACATGAAATAGAATACCTTTC
G
(SEQ ID NO: 1309)

Exon: 2041..1001
Start ATG: 2041 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT33342
ATGGCGCTGGCGAAGACGAGTTCCGGCAAGTCCAAGTGCGGCAAGCAAATCTCCAGGCAACTCGAAACAGTTTTGGTGGACCAAAGTCCTCGGGA
AATCAGAAGAAAGAGTCAGCAGGGGCAGGAGCAGGAGCAGGCGGTGCAGGAGGCTGTCCTGCCACGTTGCACGCTGATAAAAGTGCAGCATCAGG
AGGCCGCTGTCGAGCACTTTTCGGAGGAAGGTCACAACAATATGCTCGTTAAACCAAAGTTAAAGTTGAGTAAGAAAAGTTGGCGGATTACTGGG
CCAGATCAAGACGGATTGCGCTGCGATGAAGTTGCCACCATAAATAATGGTGTCCAGGTGCAGGAGCAACAGCAGCAGCAGGAGCGGCAGCAGCT
GGGGCATGAGAAGTCAGCAAGCAGCGAGAGCGAGTATCAAAATTATCATTGCCCAACTGGGAAATCATGCAGCAGCCACAGTTACCAACTTGGCC
AGCCAGTGGCCAACAAATTGTCAACAGTCGCGATGCAGGCGCTGGCGGTGGTTGAGAACTCGGGAGGTGCATCCTTATCAGCGGGGAGCCATAAA
CAGGCGCCGGCAGCCGGAGTAAATCAGGAGCTGCCACTGGAGGCGGGGTCAATAGGTCGGCGGGAATGGCAGTTGTTGCGACATTTGAGCGGCGA
CCACCGGCTGGCAGTGTTGCAAATCTACGGCACGTTCGGCGAACGCTTGCACGTCCGCCCCCAGCTGCCCCTGGAGGGCGTGGCCTGCCTGCGGC
TGAGCGAGGAGTCCTCCACTTTTGGCCACGTCAGAGTGCACACATTTTTCTTGGCTGTCATTGCGATCGGCGGCGGCGATGAGCACGCCGTCTTC
CTGTGGCACCTAGACCACCTGCCACATGGACCCACTTTCGAGACTGTCATCGAGACTCCGGGCCACCGATTCCTGGGACCTGCTCACTCGCTCCG
GTGCAGCTGGCCGGAGATTAGGGCATCCGGCCAGTTCCTCACCCTCCGCAATCTGGCTGCCAAGTGCGAGGTGACCATCAAAAGCAGGTAG
(SEQ ID NO: 1310)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MALAKTSSGKSKCGKQISRQLETVLVDQSPREIRRKSQQGQEQEQAVQEAVLPRCTLIKVQHQEAAVEHFSEEGHNNMLVKPKLKLSKKSWRITG
PDQDGLRCDEVATINNGVQVQEQQQQQERQQLGHEKSASSESEYQNYHCPTGKSCSSHSYQLGQPVANKLSTVAMQALAVVENSGGASLSAGSHK
QAPAAGVNQELPLEAGSIGRREWQLLRHLSGDHRLAVLQIYGTFGERLHVRPQLPLEGVACLRLSEESSTFGHVRVHTFFLAVIAIGGGDEHAVF
LWHLDHLPHGPTFETVIETPGHRFLGPAHSLRCSWPEIRASGQFLTLRNLAAKCEVTIKSR*
(SEQ ID NO: 1311)

Celera Sequence No. : 142000013384809
CTTTCATTTCTTTGGATCGGACAGCGTGTGCAACGTGTCACACACGCACAGAGTCTATACGCGTCTCACTCGCACTTGTCAGAGTTGCACTAGAG
CTGCTTTGGTAGGCGCTGCCGCGTTTGCCACGCCGATAGGAGGATAGTACCTCTTAGTTTGGACGAACTTTCTTTTCAAGGAGTCTGCGCACTGA
AATCCTAGCCACGAGTTTCATCCCAGAGCCGCAGACCAATCCGACTTACCTGCTTTACAATGCCGGACAACGACTTTGTAGGCGCTGGCGGGGCG
TCTTTAGCTGCTCCGGCAGCTGTCGCGGTGTTCGCTGCTGTTGCCATTTTTTTATTGAATGCGGGGGAGATACTAGCAGAGGGCCGTGGCACTAG
GCTTCAATAGCGGAAATATTGCGTTGATTGCGTTTCGGAGCTAAACACCGCTTTCAACCTAATGAAGTTTGACCAAGAGAAGAACCGCTCTCAAAA
TCTAAAAAATTTTCACTGAAGTGACACTGCTAGCTAGAGCTGAGAAGTCAGCGCGATAGCATCGATATTTTCGTGACACGCTTGTCATCCGATAG
GTAGTGCTAAACATTTTTCTTAATTGCCAACTTAATTTACAAAAAATATGAATGACGGTAAAATTGAGAGGGATTTGGGATCCTTTATATTGGGA
ATTTTTATATATTCATATTTATTTTAATTGTATTTATGCGTAATTTATCAGACGAACTTTGGAATTTCCAATAATTCTAGATTTTTTTGTTTCAT
TTCAAAACTAATTTTAATTCGCTTAACGAGTGCATATCTATATTATGTTTACTTTAAATTTATCTGTGGGGGCAGCCTTAGATGTTCACATTGCA
GGCCATAGTGTCGATAGATCCAGGCGCCAAAAGAGTATCGCTATCGATAAATGGTCGCCAGCTGTTCGGCGAATGTTACGTGATTTCCTATTTGT
AACATTGCTAAAAATCGAGTAAAATGAATCAAGCCGATGTAACAAAGCTCATGTCACAGCTGCGTATAGCGGTCAGGCCCAACAAGCGCCATCTG
AAGAATGTCGATGGCCCGGAAGGTCGGCTGCTGAAGCTGCGTAAGACCGTCACTGCGTTGGTGAAGCACGAGCGTATTGAACTGTTCTACAACCG
TGCCGATGAAGCTCGTGGCTACGCCGAACTGGTAAGAGACCACCGGCGATACGCCAAAGGCTGGAATCCAAATAAAGTTTCCTCCCCTCGCAGCT
CATTTCCAATGCCATACGCCATGGGGACCGACACCAAGCCACCATGGAACTGGCGGACTATTGGCTGCTGGAAAAGCAACTGGTTCATAAGCTCT
TCAAGGTGCTGGTACCGCGCTATGAGACTTACAATGTGTCCTACACTCGCATGTACAAAGCCCCTCGGGAGTATCCTGGCATTTACTACAGGCGG
TCTGTGCTGGAGCTTCGGGGCAATCCCTACCCTTCGCTGGCGGCGGATCATTCTCAGAACCGGAATCTGCTGCACAATGTGCTTCTGGACGAGGC
GAGAAAGGAGTTTAGGCGTCAAAAACTGTCGGAGTTAGTTCACTAATAGCTCTTTTCACTAACCGCCTGTTTATTTAGTAGATTAGCAAGCAGTT
TGTCGCTTAGAATTCACGTAAGACTTAAAAGCATCTTTATTATAAATGTATGTATACACAAAACGAATTGTTTGAATTAAGAGTTGAACTTATAC
AAACGACTAAAGTCTACTGACATTGCAGTGATTGAAGTAATCCGGTTTCCAATCTACCGAGTTAGAGAATTAGCTTTAGAATGATTCAATTTCTG
AACGGATAACTTACCCTTTCCCGTAAGGCAGGCATCCAGCAACATTTCACAAATGCTGTAGAAGAATTGGTGCTCATTTGTCGACGATGCGCAGA
CAGGCAAAAACGGATCACAATTGGTAATAGCACTACAACCCGAGTTGCTGCTCAATACTGGCAGACATACGGACAGCGCGAGGAACATTATGATG
TTGAAGATCAGGAACCAAGCCAAATAGATATTCATTTTGGATGAATTCGCAGAATTATCATTCACTAGCGTATTAAATGACATCGTCACCTAAAA
ATTATTTCATAGCAGCAAACAGATTGGGAGCGAATCTTTTTTCGCAGATCAATCTTTATATGTATATATTTTATTTATTTTGAAATATGATCCGT
TAAAGTTCCTCTTTACGTTCCATTCGGTCACAGAATGTAAATCCGAATTTGGCTGCCGACATGAACAGCCATCTAACAACTGATAAGCACTGGGG
GACCTACGCGCTGATGCATACTAATTCGCTCATGTTCCTGAACCCCAAAGTTACCATGGAAACGAGCTCGGAACACTGACCAATGAATCAATGAT
AACTTCACCTCTATTTTTCACCGGAAGCTTTTGTTCGTTTCCTCCCAGACTTCGGTATGAATGGGGTTGCTCAACTGACTGGAACCCAGCGTTCT
TTGTAGTTTCGCGTACATTTAATCCGGCCGGCCCCGATATGTTTGTAAACTAGTGCAACTTTGCGGATGAAATGGTGTTGGAGAGCATGTTTGAT
A
(SEQ ID NO: 1312)

Exon: 1001..1171
Exon: 1234..1566
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT33407

ATGTCACAGCTGCGTATAGCGGTCAGGCCCAACAAGCGCCATCTGAAGAATGTCGATGGCCCGGAAGGTCGGCTGCTGAAGCTGCGTAAGACCGT
CACTGCGTTGGTGAAGCACGAGCGTATTGAACTGTTCTACAACCGTGCCGATGAAGCTCGTGGCTACGCCGAACTGCTCATTTCCAATGCCATAC
GCCATGGGGACCGACACCAAGCCACCATGGAACTGGCGGACTATTGGCTGCTGGAAAAGCAACTGGTTCATAAGCTCTTCAAGGTGCTGGTACCG
CGCTATGAGACTTACAATGTGTCCTACACTCGCATGTACAAAGCCCCTCGGGAGTATCCTGGCATTTACTACAGGCGGTCTGTGCTGGAGCTTCG
GGGCAATCCCTACCCTTCGCTGGCGGCGGATCATTCTCAGAACCGGAATCTGCTGCACAATGTGCTTCTGGACGAGGCGAGAAAGGAGTTTAGGC
GTCAAAAACTGTCGGAGTTAGTTCACTAA
(SEQ ID NO: 1313)

Start ATG: 1

MSQLRIAVRPNKRHLKNVDGPEGRLLKLRKTVTALVKHERIELFYNRADEARGYAELLISNAIRHGDRHQATMELADYWLLEKQLVHKLFKVLVP
RYETYNVSYTRMYKAPREYPGIYYRRSVLELRGNPYPSLAADHSQNRNLLHNVLLDEARKEFRRQKLSELVH*
(SEQ ID NO: 1314)

Celera Sequence No. : 142000013384809
GCACATACACACAAGTGCACGCACTGCAGTCGATTTTGTTTTTTTTGCATAAAACTTTATTTCATGTATGCCACTTGTACATTGTTTGTCACCAA
TTTGCGTATTTTGTACATCAAATTTTATTTTACTTTTCGTTGCCTTCCTTATTATTTTCCTAATCTTCACATGCACTTTTTTAGCGACGCCAACA
CACACATTTGCACACGCACACACATGGCGAGGATGAGAGAGGAGAAAGAGAGCAAAACACCGTTTTCGTTGCTTCCTTTTCGCTTATTCCTCTTT
AGCCGCTTCTTTTCGATTCTGGCTCTTTTTGGCACTTTTAGCCCCAAGTTGCTAGCAATTCACTTAGCGTACGAGCACTAACAATTAAAACGAAT
AAGACTCGAAAAATACGATGGAAACGCGAACATATAAACAAAAATCTACATTGGTTTTATTGCAGCGCTACGCAGGTGTGTTTTTACGCGCTCAT
CGCGCAATTAAATTAGAACGCTGCAGATTTACTTAGTTCACTCCAGTCTGCCCAATGCGCGCCGCACACCTCGGAGCCGCAAATTATAAACACGA
CTGTCTTCGATTTAACGGGCTGGCCTATCGGTCCTATCGATGACTCGATAGTGCGAGCTGGAGTGTGACCATTTCTTGGTAAAAGCAAAATCGTG
AAGAGTAAGTGTGCGATACTATCGAACTGTCATATACTCAACCAAATAACATCTGAAATCTGTTTCTCACTAAAACCGAAATTTCCATCAGGGTT
AGGAAAATATAGTTTACGCACATCAAGTTGCATAGGTCAATCCTACGTAAAAAAGGCTCGATATAGGTAAGGTGGACCTCAGCCTGAACAGGGCC
TAATGCAAATACATTCGATAAATAGATGTTATCGATAACCATTTGGTATATACCAGTAAATGCTTTGTTTTGGTTTTCATTCAGAAAATTGACAT
ACATTTCTTAGTCTGCCTAAAGTTCCTTGGATTGAAAAGAGCAGTGCAGAATGTCGCACCGCCACCAGGACATTCCCATCCGCCCACGTTACGGT
TATGTGGCCGAGGAGAGTGGCCCATCGGAAGGGGCAGCCAGGAGTTCTGGATCCGGAGCCACGCCCGCCTCCTCCTACACGGAAATTCCGTTCCT
GGCTCAGTATCCGGGAGCGGTGCCAGAGCACGTGCTCCAGGATCTGACGCCCACAGCCACTGGCCATGCTGCGATTCCCGGAAGCACAAAGACAA
GACCCAACGGCGAGAAATACCTTAACCTGGATTCGGGCGAGGATCCCGACGAGGAAGACGATCCCTTGGAGGAGGAGGACAACAGCAACTCGAAT
AGCAACTCTAAGGGCAGTTCCGGCGACATCGAAAGGCACAGACTGAAGGCAGAGAGCAGTGGGTTCTAGGTTATCTACCCATAGTTCCTGACTAA
AGCATCTTCCTTCTTTCAGCTGTGCCCTACGAGCTGGACGGCGAAACCAGTGACTCCGACGGGATGCGCCACTTTGTGGCCCACGATCTAGAGGC
CAAGTTGCGCGAGCGCGTGGCGGCTTCGGCCTACTCCTCGGAGCACACCACGCCCCTGAGCTCCATGGGTCCCATTGGAGCCACTTCCGGCAACG
GTCTGCTCACGCGGCGGTTCCTGCAGTCGCGCAACATTCCCGAAGTGGACGGCAGCGTCTTGAGCGACATCGAACTGGAGGCTCAGTACTTGGCC
AGCTCGGTGGACAATCTGATGGAAAACCTGGGCAACCTGCTGCACTCAATCTCCTCCATAACGGCCGACAACGTGGAGGTCCATCGCAACGCGGT
CAACAAGCTGACGGACACTTTGGACGCGAATATCAAGTGCCAGTACCAATTGCTGGCCAAGGCGGAGGAAATCACCAAGTCGATGAAACCCACAG
AGCAGCTGGGTCAGCGCATGTAAGTGGGTCAATTCAAGACAGATCCCTTTAGTGTAATGGACTTTCTCTTCCGCAGAAGGCAGATCAAGCGGCTG
GTGGACATGTTGGACAGCACCATGTAAAATAGGGCTACGCTATCCTGTGATCAACCAATCAAAGAGATCTTGTCTTTCTAGTCATTCCGTAAATA
CATATAATCAGTGTTATAAAATCCATATGGAAAGATACCTTTCGCTTGTTTAAATCGTACTTATTCTAGCAGTTCCTCCAAAAAATCCACCTCCT
TGGCTCACAGCTTCTCCACCTTGGCCTTGATGATCCTTAGGGGATCCACGGGGCGATCGTTCTTGTCGGTTTCCACCATGCCGATCCGCTTGACC
ACCTCCATGCCCGTGTAGACCCTGCCGAAGATCGTGTGCTTGCCATCCAGCCACTGCGTGGGCGCCAGCGTGATGAAGAACTGGGACCCGTTGGT
GTCCGGTCCAGAGTTGGCCATCGAGAGGATGCCCGCGCCCGTGTGCCTCAAGTCGCCGTGCAGCTCGTCCGCGAACTCCGATCCGTAGATGGAGG
CGCCTCCGCGGCCAGTGCCCGTGGGATCGCCGCCCTGGATCATGAAGTCCCTGATGATCCGGTGGAACACCACGTTGTTGTAGTAGCCCCTTCTC
GAGAGTTCGGCAAAGTTGCGGCAGGTGTTGGGCGCGTGTTTCCAGTACAGCTCCACGGTGATTTCTCCCATGCTGCGCGGGGCACAAATGCCACA
AATAATGTGATAAACAAATGCTCAGTCTTCAGTTTCGGCGATTATCGAGCATTCAAGCTCCGGACTCACCTCGTTTCCAGGGTCACGAAGTGCGG
CTGCCACGCCTTGTCGGGAATGCCACCAGCATTGTTGGGATCGCTTAGGGACAGCATAACTATATTTGTTGTTAAATTAGCGAGACTTCAGTAAA
ATTGTTAAAACCGGCAGAGTCAGAGTGACCAGCTTAAGCGTAGTCACTTAGGCCGCCTGGCAACCCTGAACTGCTGCGGTATACTTCTGGTATAT
ATATAGTATAGTATATAGACGCACCTTGGTATTTTTTAGGGTTTTTGTGAGCACACGCAAGGGTATTTTTCAATTAGTTCCATTTCAAAATTCGA
CGAAAAAATCGTGGAAAATATTTAGCGGACGGAATTTTTCGTCGGGCTCGCGAGAAAA
(SEQ ID NO: 1315)

Exon: 1001..1388
Exon: 1445..1919
Exon: 1977..2098
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT33418
ATGTCGCACCGCCACCAGGACATTCCCATCCGCCCACGTTACGGTTATGTGGCCGAGGAGAGTGGCCCATCGGAAGGGGCAGCCAGGAGTTCTGG
ATCCGGAGCCACGCCCGCCTCCTCCTACACGGAAATTCCGTTCCTGGCTCAGTATCCGGGAGCGGTGCCAGAGCACGTGCTCCAGGATCTGACGC
CCACAGCCACTGGCCATGCTGCGATTCCCGGAAGCACAAAGACAAGACCCAACGGCGAGAAATACCTTAACCTGGATTCGGGCGAGGATCCCGAC
GAGGAAGACGATCCCTTGGAGGAGGAGGACAACAGCAACTCGAATAGCAACTCTAAGGGCAGTTCCGGCGACATCGAAAGGCACAGACTGAAGGC
AGAGAGCACTGTGCCCTACGAGCTGGACGGCGAAACCAGTGACTCCGACGGGATGCGCCACTTTGTGGCCCACGATCTAGAGGCCAAGTTGCGCG
AGCGCGTGGCGGCTTCGGCCTACTCCTCGGAGCACACCACGCCCCTGAGCTCCATGGGTCCCATTGGAGCCACTTCCGGCAACGGTCTGCTCACG
CGGCGGTTCCTGCAGTCGCGCAACATTCCCGAAGTGGACGGCAGCGTCTTGAGCGACATCGAACTGGAGGCTCAGTACTTGGCCAGCTCGGTGGA
CAATCTGATGGAAAACCTGGGCAACCTGCTGCACTCAATCTCCTCCATAACGGCCGACAACGTGGAGGTCCATCGCAACGCGGTCAACAAGCTGA
CGGACACTTTGGACGCGAATATCAAGTGCCAGTACCAATTGCTGGCCAAGGCGGAGGAAATCACCAAGTCGATGAAACCCACAGAGCAGCTGGGT
CAGCGCATAAGGCAGATCAAGCGGCTGGTGGACATGTTGGACAGCACCATGTAAAATAGGGCTACGCTATCCTGTGATCAACCAATCAAAGAGAT
CTTGTCTTTCTAGTCATTCCGTAAATACATATAAT
(SEQ ID NO: 1316)

Start ATG: 1

MSHRHQDIPIRPRYGYVAEESGPSEGAARSSGSGATPASSYTEIPFLAQYPGAVPEHVLQDLTPTATGHAAIPGSTKTRPNGEKYLNLDSGEDPD
EEDDPLEEEDNSNSNSNSKGSSGDIERHRLKAESTVPYELDGETSDSDGMRHFVAHDLEAKLRERVAASAYSSEHTTPLSSMGPIGATSGNGLLT
RRFLQSRNIPEVDGSVLSDIELEAQYLASSVDNLMENLGNLLHSISSITADNVEVHRNAVNKLTDTLDANIKCQYQLLAKAEEITKSMKPTEQLG
QRIRQIKRLVDMLDSTM*
(SEQ ID NO: 1317)

Celera Sequence No. : 142000013384809
TATGGCGAAACTTTGCCGCAACCGGAACGGATGGCGATGTAGCAATGGCGATGTGGCGTATCCAACGCTCCATAGACCCGGTTGTGTAATCGTAG
CGCCCTCAATCGACACTGCGACAAAAGTTTAATACACTTTCTACATATTTCCGATATGTCTTGACTTAGCAACTTCATAACTTATAATGTAGCTA
ACAGGTATATATATTTATCTTAAATACTATATAACAAAACCAACAAGCGATTACGTTTCTTTCAGTGCACTTACATATATGCTCTGCAATCTGTA
GGTGCGAGTGTGATTGTGAGTGTCCACCTTCTGGCACCGCAAGGTCCCTCACCGGGATGCTGCGCTGCTGGCATCCTCTTCCCCCATATATCCTC
AGCCCTTCGGACTTCGCCCTCCGCAGCCCACCTCCGGGCTGTACTCCCATCTAGAATTGATGTAGCACCTACGGTGCGCCCTCTCCATCTGCCCA
CTTCCGGAGCTTCTGTTCCACGCACGTTCAACTTCAACTTCGTTGCAGGTCATTCGGACTCGTTCAGTCTCATCCCACATCCCACCATCGCGTAA
AGTTTTAGAGGACGAACGTAAAGTTTTAGCGCTGATTGTTAGTCTCGCTGGGGCGAGTGGAAAGTTGCCTTATAGCTTGGAAACCTGGTCAAAGA
CCCAGATAGCCGTGCCATGAGAACAGATATATGGGTGCATCACCTTGACAATGTCAATCTTTGTTACTATTCAAGTGAACGGTGGGTAAACGTAT
TCGTTTTGAAACATGTTATTCAAGAACAATTACATAATATTTATATTCATTTTATATGCGTGTTTGAAGCTTGTATTTGATTTACAAATAGTTAG
TTTACGCTTGCTTGTTTGTTTTAAATTAAATACACATTTTCAGTGAAATAACGCAGTTTTCATAAAGCCTATCTTATACCCTGCAGAGGGTACTC
AAAGATCTAAACATACTTATAACCTAAGGCACATGTTTTTGGTTTGGTACTTATTCTAAGGATTTGTCCATTTCCTCACTCTTTTTCGCAGCGGA
CTCAAAGATCTTCTCCAGCTGCGTGAGCAGGCCAATGGCTCGATAGTTCTCCTCCATTAGGACGAATTCCTCCAGGGGCTTCAGTAGACGCAGTG
CGTCCTTGTAGCTTTCTACGCAGCGCGGCAGATGTGCCTCATCGCTGGTCTCTGAATAATGACCGGGACTATTGGCTGGAAGTAGTTCCGTATCC
TCAGGCAATGACTCATTGAGCGATTGAATCTTCTGAATCTTCAAGCCACATGGTATTGGGCCGCCGTTCTCGTCTGATTTTCGTTTAGTAGCCCT
TTCTGGCAAATCCTCATTATCATTATGCTCATCGTCATTATCCTCATCATCCTTTATTTCTATGAGCTCAGGTGGCACTTCAATGGCCACGCAAT
CATCGTCTTCTTCGTGCTCAAATTCTTCGGGTTTTGGTTCCACCTGTGGGCATTGGTCCACCTCTGGCTTGTCGCTCTGGCTCAGTTCTTCCTGC
GACTTCTTGTGGTCCAGCGTGATCTTATGTTCATTCCGGCCGCAATAACTAACTATATCTCTTAGGTCCAGGGAAAGCGGCAAGCGGCGGTTCGT
CACCTGAACTCCCACCGTGAAATTAAAGTTATAGCGACTCTTAAAGTGCTTCAACCACACTTTGTCGGGAAAGAAGGAGTCGATTTTGAGGATGT
CCCTTAAACTAATGGCCACAAAGCGCAAATTGTCTAGGTCAAGACGACCCTGGCGAACCAACTGTGATCGCTGGATGTACTCATAAACGCATTTC
TCCAGGAACGCTAACTTTCGCTTTCTACGCAGGTGCACTTCATCCGAGGTGGCTTGATTTTGGCTAGAGGTGGTGACCAATGTCTTTGTACGATA
AAGAGGTCGATCACTGCTAGTGAGCGCAGGTTCCGGCGATCTAGGCGCTAAGCTACAAGACATCGAGGTGTGTCGTCCACAGTACGACATAATGT
CCCTCAAGTCCATAGATCGTGGTGGTCGGCGGACTATCGTGATCTGACGATTCGACAGTGTTATATTATAGGCGGCCTTGAAGTGATTGATCCAC
GGTTTGTTCGGCACAAAACCATCGAGTTGCATGAGATCCCGGAACTCGATCGCACGGTTGCGGATCATCTCCTCGTTCACATCGCTGTGGAGGTA
AAACTGGGCCCTCTGGATGTACTCGTACAGGCAGTGGCCCAGAAAGTTCAGCTTGCGCCGGCGCAGCTCGGCATCCTTATTGGCCGGCTGGCTGA
GCCGATTGGTGGCCTTGTGGAACTCCAGGATGGCTTCCCGATTGGAGACTATGCTCTTGATTTGCTCCCAGCTGCAATTAAAGTTCCTCGCAATC
TTACTGTACATGGGCACAATGTCGTACTGTCGGATGGCAGCCACACGCTCCTCCAAAGTCAGCACGTTCCGTATGCGATGCGATCCATTCGAGTT
TTTGTGGGTGTCATCATTCTGAAATTGAATCATGGTTTATTTCTTTATAAAATCCGATTTCTAGGCTTAGTTACATGTATGTTATTGATACAGAA
CTCAAATTATCTGTATGCGTGTATATCATGAATGCCTTATACATATTTATGTATGTATATTTACAAAACATGCCCTCTTCTTATTCGCAAATGGG
TCTCGCATATTTTAGCTCAGAGATAACAAATTTCAAAAGATTTTACTAAAACGAAGCATTGCACTCTCACTTACTCACTACGAAAGTATACTTAC
GTCAGAGTACATTTCCACTCCCGCTCTCACACTTTCAGGTTCTCCACTCTCTCTTAGCGTGCTCGCACTCCCAGTCTGGCCCCCCCTCCTCACGT
GACCAATATAATTCTGTTCCTTTAACAATGAAATTAAAACGAAATAGTTATTATACAGAGAAGAGCTAGAAATCTTGTTTACATACCTCAGTCGG
AAAGCTTAGAGCATAAAGTACACTTTGTTGAAAATATACAGCAGTTTTTTAGGCACATTAAACAGAAAATATGTGCGGTCGCACGTGTTTAAAGT
TGCCAGAGCGAGTGCAACTCAATGACTGAGCATGCGGTCCGAACATTGCAGAGATCTGGACTCTCCTCCGTTTGGCGGAGCGGCAAAAACCGTAT
CTTTGCGAGAGACATTCCGCTCTTTCTCTCGCGATCTAAACCGACTTCCCACGTTCCGATTCCGATCGTGGTGGTATTCGTTCGCGGTATGGGAT
TTATTTTCGGATCGAGAGTAAATATTCTCTCGCTAAAGCAGCTATAACTGGTTTAACATGCCGAAAAACACAAATCGCATTACCACCTAATCTGA
GCTGAAACTGGTTTGATATGTACACATACATATATATAAAGCTATTTTTGCTCAAATTATATCTAGTGCTTAATTTAACGTTTACCACATTTAAG
TGGGACCCTGTTGGTTATTCCACTCTATAAACTCTTTTCGCATATTACAATTATTTACACATTTTGGGTCTTGACTCTCAAAGGCAGGACACACG
AACATTTTAATTGTAGATTACATATAAAAACTAAACTTTATTTTTGTGGCGTCAATAAGATCATAGATCGAAATCCTCGTTCTGAGGCGGATTTA
AAACTGATTTTTCAACTTCAGTAAGTAGTCCAATGGCCCGATAGTTATCATTTAACATGGCGTACTCCTGTAAGACCTTCACGTAGGCCAAGGCC
ATATTTTTACAGTCGATGGATTTCAGTGAATTTTGTAAGGAAGCGACTACTTTGGGGTCCAC
(SEQ ID NO: 1318)

Exon: 2767..2756
Exon: 2488..1001
Start ATG: 2767 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT33430
ATGTACTCTGACAATGATGACACCCACAAAAACTCGAATGGATCGCATCGCATACGGAACGTGCTGACTTTGGAGGAGCGTGTGGCTGCCATCCG
ACAGTACGACATTGTGCCCATGTACAGTAAGATTGCGAGGAACTTTAATTGCAGCTGGGAGCAAATCAAGAGCATAGTCTCCAATCGGGAAGCCA
TCCTGGAGTTCCACAAGGCCACCAATCGGCTCAGCCAGCCGGCCAATAAGGATGCCGAGCTGCGCCGGCGCAAGCTGAACTTTCTGGGCCACTGC
CTGTACGAGTACATCCAGAGGGCCCAGTTTTACCTCCACAGCGATGTGAACGAGGAGATGATCCGCAACCGTGCGATCGAGTTCCGGGATCTCAT
GCAACTCGATGGTTTTGTGCCGAACAAACCGTGGATCAATCACTTCAAGGCCGCCTATAATATAACACTGTCGAATCGTCAGATCACGATAGTCC
GCCGACCACCACGATCTATGGACTTGAGGGACATTATGTCGTACTGTGGACGACACACCTCGATGTCTTGTAGCTTAGCGCCTAGATCGCCGGAA
CCTGCGCTCACTAGCAGTGATCGACCTCTTTATCGTACAAAGACATTGGTCACCACCTCTAGCCAAAATCAAGCCACCTCGGATGAAGTGCACCT
GCGTAGAAAGCGAAAGTTAGCGTTCCTGGAGAAATGCGTTTATGAGTACATCCAGCGATCACAGTTGGTTCGCCAGGGTCGTCTTGACCTAGACA
ATTTGCGCTTTGTGGCCATTAGTTTAAGGGACATCCTCAAAATCGACTCCTTCTTTCCCGACAAAGTGTGGTTGAAGCACTTTAAGAGTCGCTAT
AACTTTAATTTCACGGTGGGAGTTCAGGTGACGAACCGCCGCTTGCCGCTTTCCCTGGACCTAAGAGATATAGTTAGTTATTGCGGCCGGAATGA
ACATAAGATCACGCTGGACCACAAGAAGTCGCAGGAAGAACTGAGCCAGAGCGACAAGCCAGAGGTGGACCAATGCCCACAGGTGGAACCAAAAC
CCGAAGAATTTGAGCACGAAGAAGACGATGATTGCGTGGCCATTGAAGTGCCACCTGAGCTCATAGAAATAAAGGATGATGAGGATAATGACGAT
GAGCATAATGATAATGAGGATTTGCCAGAAAGGGCTACTAAACGAAAATCAGACGAGAACGGCGGCCCAATACCATGTGGCTTGAAGATTCAGAA

GATTCAATCGCTCAATGAGTCATTGCCTGAGGATACGGAACTACTTCCAGCCAATAGTCCCGGTCATTATTCAGAGACCAGCGATGAGGCACATC
TGCCGCGCTGCGTAGAAAGCTACAAGGACGCACTGCGTCTACTGAAGCCCCTGGAGGAATTCGTCCTAATGGAGGAGAACTATCGAGCCATTGGC
CTGCTCACGCAGCTGGAGAAGATCTTTGAGTCCGCTGCGAAAAAGAGTGAGGAAATGGACAAATCCTTAGAATAA
(SEQ ID NO: 1319)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MYSDNDDTHKNSNGSHRIRNVLTLEERVAAIRQYDIVPMYSKIARNFNCSWEQIKSIVSNREAILEFHKATNRLSQPANKDAELRRRKLNFLGHC
LYEYIQRAQFYLHSDVNEEMIRNRAIEFRDLMQLDGFVPNKPWINHFKAAYNITLSNRQITIVRRPPRSMDLRDIMSYCGRHTSMSCSLAPRSPE
PALTSSDRPLYRTKTLVTTSSQNQATSDEVHLRRKRKLAFLEKCVYEYIQRSQLVRQGRLDLDNLRFVAISLRDILKIDSFFPDKVWLKHFKSRY
NFNFTVGVQVTNRRLPLSLDLRDIVSYCGRNEHKITLDHKKSQEELSQSDKPEVDQCPQVEPKPEEFEHEEDDDCVAIEVPPELIEIKDDEDNDD
EHNDNEDLPERATKRKSDENGGPIPCGLKIQKIQSLNESLPEDTELLPANSPGHYSETSDEAHLPRCVESYKDALRLLKPLEEFVLMEENYRAIG
LLTQLEKIFESAAKKSEEMDKSLE*
(SEQ ID NO: 1320)

Celera Sequence No. : 142000013384692
CACTTAGACACTTCGCCCATCGTTCTGGCCTGTCAGCAGAATCGCCAGCCAAGACGACACTCGTGTATCGAGTGCAATAATCATCACTGCTCCCC
CACGAGTGCCGAATTTCGAATGCCGCCTTTTCTGTGGACCTCAGCACTTTGACATTGCCCGTTTCCCTTCCAGGGCGTTGCTCGCCAAACGTGGC
TAATCTGCGCCCTTCGATCTCCAAGGCATTTGCTGAAAATTTATTAAGCTCTGCCAAAATGCATGGGCAGGGTGCTCAAAGTAGTTGAACCAGTT
GAAATGGCTGAAATGCTACTCGAAATAGAGGATAATAGAATAAATCTTTAAGTTCATAAGCTTTGATTAGGCATACTTATATAAAGTGCTAAGTA
TTAATCACATTCCAATCATAAATCATTTAAATAACTCGAATTAGGCTTTTACTTAGCAATTGTATATATCGAATTTCCCAAGTTGCATCTTTCAA
TTGGTTCAAATTGGCATCGTTGAAAGTCTTGAAAACTTTACGCCCAAAAGAATTGATTTGTTTTCATTTCATTTTTGCTGTGTTCCTCAAGAAAT
CATTGAGCCGGGCTCCACTTGCCGAAACTTTCTGATAACTCGTAACTTGTTACTCAGCGCACACAGCACTAATGAAGACGGCACACACACAACAA
ACACAATAAGGGGTGTCTTGTTGGCTGTTTGTTTTCCACTGGCCAAGAGCAGAGCACCGGTCACCAGGGAGCAGCAGGCTGATTCAAGTGTTAAA
ATCAATGGGATTCACAGCTGAGTGCAGCTGAAGCCCCTAAGGGGGCGGTCAAGACGTTCCTCGATTTAATTGAATAATTGTGAGGCAGGCCACGT
TCGCCGAATTCCTGGTAAATCAGCGAAAATTCCGTAACTAAACAGAAATAGAAGCCAGTCGTCCAGAGAGAGAGAGAGAGCGCCCCAAAATAGGC
AACAAAGATGGGGCACAAAAGCCCGGGAAATCTTCAGCCAGGAGACTGCGTCAGGCTTTGTTTTTCGGTCCCGATGCAAATGCAGCTGCAGCTGC
AACACCTGCCGAAAACCCCGCCAGCAATTTATGCGCCGCATTTGAAATTCGGTGATACCAAATCCTCGAGACTTACCGTTCCCAAGTGGCACATT
CGTTTGCGTTGTTGTCGATTGTTGCTGTTGCTGCTGCTGCTGCTCGCTTGTCACCGCGTTGGACAATTTATTTGATGTTGTCGCTGTGGCCGGAA
CTGGCACCGCTGTGGTTGTGCTCGTCGTTGCCTCCAGCTTGCTTGCTCCATTAATGGCCACCGTGGTGGCGCTTTTTCCCAGCCTTAGTATGGTG
GTGGCCGTAGATGATGTTGCTCCGGCTGATGAGGCTCCCCCGCTAGTGGCTGTTGTGGCTGCTGCCGCCTTGAGCTTGTGCAGCGCTCCTGCCAC
GCCTTTGGCCGCCTTCGTGGTGCGCGTCACGCTTAGAATACTTGAGGTGGCAAGACTGTTGCCATTTGGTGGCGAAGTGGCCATGGAAGTGTTGG
TTGCAGCGGTCGACGCCGTGGAGTTGCGTATGACCAGTATGGATTGAGACTTCTCCAGACGCTTCAGCGTTTGCAGCACAAAGGGTGACTTGCTG
TCGCAGTTGCTCTCGGAACTCAAGCTGCGTGTGGCCTGTAAAAGTGATGGAACAAGTTGGTAAAATACAACACAAATGTCACTGCACATCTCTTA
CATGTTTTAGCATAAAGGGTCTCTCCACCATCTTGGTTTGCGTGGCGTTGGCCTGCTTGGAACGCTCTTGGGCCTTTAGAACGCTCTCCAACTGA
CTGGCATTGATGGGGGTTTGCAGAAGGATCGTGTTGCTACTGGCCTCCTTGTTGTTGCTGTTGGCCACAATGGAAATGGTGGAGCTGCTGCTGCT
GCTGCTGCTGCCGGCTCCACTCGAGCCCTGCACAATGGTCTTTCTAGCCACCGTTGTGGCCGTGGGCAGCTGGTTGAGCGTAATGGCCGTGGAGG
AGTGACTTTTCTCCTGCTGCTGCTGCTGTTGTTGTTCGCTGAGCAGGCTAAGAATGTCCTGCTTGTTCTGGATGATGATCTGGCCATTTTCGTTG
CGTGTGCCGCGCAGCAGGATGATGTTGCCGCCACTCGTGGCCTGATGCTGCTGCTGGTGTTGCTGCTTCTGCTGTTGCATGGCCCCGATCTTGAG
CTTGGCCGCTCGCAGAGTCGTCGTTGTACTGGTTGTTGCTGCTGGCTTTGCTGATTTCGCTTCATTGCTGCTTAGCTTGCCACTGCTCTGCGATC
GGATCAAGACATTTTTGGAGGTGATTTGGCCTAGAAAGGAATAACAAAAGTAAATCAGTCTTAAATAATCAATTCAATGTACATACAATATATAA
AAGGTATTTATCCAGGTAAAACAACAAAATTAAAAATGTACATCCTAGAACGTCTGGATGTATAAAAAGAGTAGATCTTATTTATTTATTTGTAA
GTTATCTAAACAGCGTGTTGGTTTCATTTTTGGTGTAAGTGCTCCTGTAACATTTTGTTCTCGATTTCTCGAATTGAGCAATTTCGAGTGGCCCC
AAAAAACGGACAGCCCCATTGTATGCAAATTCAATGGAAACTTCATAAGCGGCGCAAGATTTATGACTCCATCTTGATCGAATTTGGAAAGCCTT
GCATTAGAAGCGCATGTGACAGGGGAGGCAGGAGGCGTGGCTGCCATTGTTGCACTTTCCCAGGGTCCGTAAAAATGAACTGAAAGGGACGTCGA
GCATTACGTATACGCGACGTATGCCTAGAGCGGTCAGTGGCTCGGACACTCTATTTTGTTGGCCAACAAATGGGGAGGATGGGCGGTAGCCAAAC
GCTAAATCAAGCGAAAGACGACATGTTTATGGCAGGGACGAAGGACTACTTAGCCGACGAGCCCCAGCACAAAACGCAATAAAAGTGCAACAAAC
AAACAGCGAGTTTTCAGCCAAGAAAGGAGGAGAAAGTAATGGGGTAGGTTCACGGGTGTAGGCAAATGGGGGTCTCTGCCCTGGCATGCGTTGCC
AAATATAGACTCTCAAGGCTGAAGGCGACACGGAACGTAAAGTGCGCGCCGGAAACATTTCGAAATGTAGCCTAAACACTTGTCCGGCTCCCCTG
CTTTTCCCGCCTCCCCCCGCCGCCGGCATCCAGCACCCTTTCCTGGGTATTTCCACACCCCCAAAAACCATGTGTGTTTGTTTTCGCAAAAACGT
GCGGGTCATAATTAGCCGTTGACGCCGCCTTCAGTCGGCTGTGCTTTGGGGAAAAGCGGAAAAGCAGAAAAGCGGGCAGGGGAAAGCGCCACATG
CGACCATCTGACCCCAAGTGGACAAGTGTCTGCGCCCCCTTCGCCTTCCTTGGAGTGTCTGTGCAAAAAGGTCGCCTGCCGCCAGGCAAAATAAA
CCGCCTGAATTGGACCAGGATCGGAATAGAATAGGTGGGGCCACTGGCTGTTGGCTGGCCATCCATTCGAGCGCACA
(SEQ ID NO: 1321)

Exon: 2497..2482
Exon: 2310..1712
Exon: 1650..1122
Exon: 1050..1001
Start ATG: 2497 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT33502
ATGAAACCAACACGCTGCCAAATCACCTCCAAAAATGTCTTGATCCGATCGCAGAGCAGTGGCAAGCTAAGCAGCAATGAAGCGAAATCAGCAAA
GCCAGCAGCAACAACCAGTACAACGACGACTCTGCGAGCGGCCAAGCTCAAGATCGGGGCCATGCAACAGCAGAAGCAGCAACACCAGCAGCAGC
ATCAGGCCACGAGTGGCGGCAACATCATCCTGCTGCGCGGCACACGCAACGAAAATGGCCAGATCATCATCCAGAACAAGCAGGACATTCTTAGC
CTGCTCAGCGAACAACAACAGCAGCAGCAGCAGGAGAAAAGTCACTCCTCCACGGCCATTACGCTCAACCAGCTGCCCACGGCCACAACGGTGGC
TAGAAAGACCATTGTGCAGGGCTCGAGTGGAGCCGGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCTCCACCATTTCCATTGTGGCCAACAGCAACAACAAGG
AGGCCAGTAGCAACACGATCCTTCTGCAAACCCCCATCAATGCCAGTCAGTTGGAGAGCGTTCTAAAGGCCCAAGAGCGTTCCAAGCAGGCCAAC
GCCACGCAAACCAAGATGGTGGAGAGACCCTTTATGCTAAAACATGCCACACGCAGCTTGAGTTCCGAGAGCAACTGCGACAGCAAGTCACCCTT

TGTGCTGCAAACGCTGAAGCGTCTGGAGAAGTCTCAATCCATACTGGTCATACGCAACTCCACGGCGTCGACCGCTGCAACCAACACTTCCATGG
CCACTTCGCCACCAAATGGCAACAGTCTTGCCACCTCAAGTATTCTAAGCGTGACGCGCACCACGAAGGCGGCCAAAGGCGTGGCAGGAGCGCTG
CACAAGCTCAAGGCGGCAGCAGCCACAACAGCCACTAGCGGGGGAGCCTCATCAGCCGGAGCAACATCATCTACGGCCACCACCATACTAAGGCT
GGGAAAAAGCGCCACCACGGTGGCCATTAATGGAGCAAGCAAGCTGGAGGCAACGACGAGCACAACCACAGCGGTGCCAGTTCCGGCCACAGCGA
CAACATCAAATAAATTGTCCAACGCGGTGACAAGCGAGCAGCAGCAGCAGCAACAGCAACAATCGACAACAACGCAAACGAATGTGCCACTTGGG
AACGGTGTTGCAGCTGCAGCTGCATTTGCATCGGGACCGAAAAACAAAGCCTGA
(SEQ ID NO: 1322)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MKPTRCQITSKNVLIRSQSSGKLSSNEAKSAKPAATTSTTTTLRAAKLKIGAMQQQKQQHQQQHQATSGGNIILLRGTRNENGQIIIQNKQDILS
LLSEQQQQQQQQEKSHSSTAITLNQLPTATTVARKTIVQGSSGAGSSSSSSSSTISIVANSNNKEASSNTILLQTPINASQLESVLKAQERSKQAN
ATQTKMVERPFMLKHATRSLSSESNCDSKSPFVLQTLKRLEKSQSILVIRNSTASTAATNTSMATSPPNGNSLATSSILSVTRTTKAAKGVAGAL
HKLKAAAATTATSGGASSAGATSSTATTILRLGKSATTVAINGASKLEATTSTTTAVPVPATATTSNKLSNAVTSEQQQQQQQQSTTTQTNVPLG
NGVAAAAAFASGPKNKA*
(SEQ ID NO: 1323)

Celera Sequence No. : 142000013384576
CGATGGACGAGAACGTGCTGTTGCTTTACTTCGGCCAACTAAAACTGCTGGCAGGTGAGTAAAGTTGTTTTATACATACTTCAAGTAGATATGCT
AAGATATATATACTTCTTGTAGAAAAGACCAGAGACCAAGCATTCATCAACAATCCCGACGCCCTGATTGTGGTTCAGGATATGCTCTTCATCAT
GCGCCGCATTTGCTATTGCACCAAGGGAATGGGTAAAGAGAAGAACTCTCGTGGCGAGGGCGACAATATCGATGAAGGTGAAGATGCGTCATCGG
AGCCAGCAACTCCACCAACTAGACCAGAAGCAGGCGAGGCAACAAGCAGAGGAAGAGGGCGAAAGGCGGACATGTCCGAGGAGCCAGTATGTAAA
TCTAACTGATTAACTTTTCCCCCTTGAGCTAAATGTTCAAATTCCTTTGCAGCTCAAGCAACTGGAACGCTGTCTTCGCTTTGTGGAAGAAACCC
ATCGCAACATAGTGCCCGTCATGAGTCCCGAGCTTAGTCACAACTTTGAATCCTTTTGCCGAGCGATGGCCATGAGATTCCCCAACTACATTGAG
TTCGCCCAGCCCGCGCAATTTTGGCGGCAGTTTCGATCATCGGCGAAAGCTCCCAGAGCGAGCAGAAGCAAGCGACGACGTATGGAGGAGGGCGA
AGTCGAGTCCCATGAGGAGCACGAGTCGGAGAGCGACAGTGACAGTGAGCTGCCGCTGGACAGGCACAAGACCACGCCGACTGCCTCCCGTTTGT
CCCAAAGGAAAACCAGCTGCGATATGCTTGTCACCGAGCTGATTTTCCAGCCACCCGATTGGTAGTTTCAATTTTTGCGACCTTGCAAACTGAAT
TTCTCAATTATTTAGTTTTACACAAATCGAATATTGTATTATTTTGCATTATAAAATGTACATATGTATGTATCTATAAGCCAAAAATGGAATCA
AGTTATTCTTGACCTTGAAACTATTTAATAAGCCATTTTGACGTTTTGAGTTAATAATAATCCTTGCTGTACTCGCATATTTTCTCCAAAATGTT
CTTGTAGCCGCGCATAAACTCTTCGAGCACCAGCTGGCACACTTGGAGCTCGTTCAGGCCCAACTGTTCGGCTTCCGTGGCCTGGATGAGCATGC
ACTCCAGCAGAGCCGCGTTCACCGGCTGCACGAAGAGATTCCGATCCCTGCGATCGTCGTGCCGCACCGGAATGATCAGATTGACGGGCATCGGA
GGTTCCGCCGGTTGCTTCACTGCCCTGGCTGGAGTGGCGGCAGTCGCTATGGGTCGTGAGATGGGTATGGGGTTAATGTGACTACTAGCCATCGG
TGGTTTGCCAGCCACTAGGGTATACTTTGGCGGCGTCATTAGCGCCTTGCCGGGCAACGCCAAAGTGGATGCCGCCACCTGGAGCGCCTTGCCCT
GGACATCGATGCCCGCCTTGGCAGCTGCGGCTGCTGCCTTGGCGCTCATCGCAGCCGCCTTCTGCCTTTTCACAGCGCTGGAATTCTTGGCCACG
GAGTTGGGGTCCACCAACTCGCGCACCTCTGTGTTCCTGCAGCCTGCATTACAGGGTATATGAGTGCCGTAGGGTATATTTATGCTTATAGAAAT
GAAATCATACCAACGCATCGACAGAACTTGGTGCAGATGGCCATGGACTGATAGCAGTCGCAGTAGTTCTTGATGCACTGCGACCGCTTGCAGCA
GCATCCCTTCACGCCGCCTGCTCCTTGACCCTTGCCCTTCTTGCCATCCGCTTTATCCACACTTCTTTTCTTGGGCGATGGCATGTTGCTGCCTT
AATCTCTTCCAGAAACGAACTGATGACAGCTCCAACAAAAAAAATCAGTGTTGAAAGGATGGCAACCCTTATACATATAAAAATATATATGTATA
AATAAAACAGCAATATTGTGGGCACTAAACTATTAAAGCTTAGATAAAGTATTTATATGTCGTACTGGTAATAAAGTTAAAATTTGTTAAGTACC
AATCGTTTAACAAGTGTCTAGTTTATATCGTTATAACATAGATAATTTCCTTTGGTGTCTACATAATATGGCATGGCATTAAGTTATGATATTGT
TCTCCTCTACTCGTTTAGTCTACGATAATTGAAAGCTATTTTATATTATAGATGTAATAAAAAGAGTTACATTATTAATTGATATCAATTGTAAT
TGCTTTCCTTTCATATATATTCTGTGTCGAGTGATTTGGCAGCGAAACCAACTCAAACCTCTTCTCAAAATTCTCTTTTTTTGATTGGCGTTTAG
TACTTAAATTACTTATGTAATTGGAATGAAGTGCGTTGCATTTCCCGCCAAAAAACTCGACATTTGGGCGCGCGTTTTCAAAAATATCACTATCA
AAACGATATATTTATGCAGTGTGTAAATGTGTGCAGCAGAAGACTTCTTAACAGTTGGAAAGTAATTGAGTGGCCTGCAATCGTTGCTATTGCTT
CTAAAGTAACTAGGATTATCTCCGCTGCGCTCCTAACTAGTCCCACTTGGTGCGCTCCTAGCATATGGTTCCATTGAGCAGCTCGTAACAGTTGG
GCGGCGATGCTGGCGAGGCTGCTGCCGCCGCCTCCTGTCGCGTCTTCAGAAAGTTGCCCACCCAATGGGCCGTGAGATCCAGATATTTCGTTCTC
GAGCCCGGATTGTAGTCGAGGAAGCCGGCGCGTGGCATCACCTCCTCGATCTGGCTGCCATCCGGCCAGTTGTTGTAGCTGGCTATGTTGATGAA
GCCCACGTGGTTGAGAATGGCTGTCCGCCAGGCCACGCC
(SEQ ID NO: 1324)

Exon: 1794..1626
Exon: 1563..1001
Start ATG: 1794 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT33573
ATGCCATCGCCCAAGAAAAGAAGTGTGGATAAAGCGGATGGCAAGAAGGGCAAGGGTCAAGGAGCAGGCGGCGTGAAGGGATGCTGCTGCAAGCG
GTCGCAGTGCATCAAGAACTACTGCGACTGCTATCAGTCCATGGCCATCTGCACCAAGTTCTGTCGATGCGTTGGCTGCAGGAACACAGAGGTGC
GCGAGTTGGTGGACCCCAACTCCGTGGCCAAGAATTCCAGCGCTGTGAAAAGGCAGAAGGCGGCTGCGATGAGCGCCAAGGCAGCAGCCGCAGCT
GCCAAGGCGGGCATCGATGTCCAGGGCAAGGCGCTCCAGGTGGCGGCATCCACTTTGGCGTTGCCCGGCAAGGCGCTAATGACGCCGCCAAAGTA
TACCCTAGTGGCTGGCAAACCACCGATGGCTAGTAGTCACATTAACCCCATACCCATCTCACGACCCATAGCGACTGCCGCCACTCCAGCCAGGG
CAGTGAAGCAACCGGCGGAACCTCCGATGCCCGTCAATCTGATCATTCCGGTGCGGCACGACGATCGCAGGGATCGGAATCTCTTCGTGCAGCCG
GTGAACGCGGCTCTGCTGGAGTGCATGCTCATCCAGGCCACGGAAGCCGAACAGTTGGGCCTGAACGAGCTCCAAGTGTGCCAGCTGGTGCTCGA
AGAGTTTATGCGCGGCTACAAGAACATTTTGGAGAAAATATGCGAGTACAGCAAGGATTATTATTAA
(SEQ ID NO: 1325)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MPSPKKRSVDKADGKKGKGQGAGGVKGCCCKRSQCIKNYCDCYQSMAICTKFCRCVGCRNTEVRELVDPNSVAKNSSAVKRQKAAAMSAKAAAAA
AKAGIDVQGKALQVAASTLALPGKALMTPPKYTLVAGKPPMASSHINPIPISRPIATAATPARAVKQPAEPPMPVNLIIPVRHDDRRDRNLFVQP
VNAALLECMLIQATEAEQLGLNELQVCQLVLEEFMRGYKNILEKICEYSKDYY*
(SEQ ID NO: 1326)

Celera Sequence No. : 142000013384574
CTCTGAGAATGGAGCCAGGGGAGCGGAGAAGCCCCGCTCGGCATTCATAAAGTCGGTGGTCAGTCCACTGATGCCCTGCTTCACCTCCTTGCCAG
CGTCGCGCAGAAAGTCCTCGAAATCATCAGTCTTCTGTGCAAACTTGGTGTCCAAATCGAGTTTGGCATCCTTAGCGTCGGCGGCCAGGCGTTGG
ACAAACTCCTGCGCATCGCCAAAGTCCAACTTCTTTTGCTCGTTGGCGAAGTAGTGCTCCGTGTGGGCATTATCGTCCTGGGCACCACCACTCAC
ATTGCCAGTATCGCCACCAAGTGCAGAGTCTTCGTAGGCACGTTGCGCCTGCTTGAAGATGTCCTCGTTGGTGGCAGCGGCCTCCTTTTTCAGTT
CGTCGAAGTTCCGATCCATATTCTACAGTGTTTTGATTTCAAAATATAACACTTGTGATCAATAAGAAATTTTCACAGATGTGTTTGAATATCCT
GGCCTTCTGATTGGAACTTCGCACACACACACACGTACGCACGCACACGACACACCCACACACACGCACAGGCACCGAGCTACAGCTGATTTT
GCCGGTTGAAATTAATATGATTTTTTTTAGCCGACTTAAGTGCCTTCTGGTGACTAAAAGGCCGCAATTCGCAGTGTTTTGTGCTCGGGAACGTT
GAATTTAATTTGAACCACAGCGACTCTTTTACAGGCGCCGTCGATGCAGACGTTTGAAAAGTTTCAATGGACCTGCGCTAGAGGTGGCACAGCGG
TCGATACTATCGATGACGCTCACAGCATAATTGCCTAAAAATGGACAAATACCTTGAACAGCCATGTTTCGAACCAAAGTTTTGATGTTGCCGGC
ATCTTTAGCCATGACATTAACCCAATGGCTCTGGCAAATTGGCTAAAATTCACGACAGCTAAAATTTGTTGTATGTATTTCCAGAAACTTCGCGC
AATTCAGTTATGCCTAATGTTTGATTTATTTGTAAACATAACAACCATGCTCAGGCCGTCCACTTGAGGCAGCGCGTGTCCTGGTGCGTTTGCAG
GCATCTAACGCAACAGTATCGCGTTCCGCAGGCGGTGCACGAGTACAACGAGAAGTTGCCGCAAACGGCGCAGAAATGCCGCAGTGGCTTTTGTG
GAGCCGGCGCTGCGGCGCTCTCGTAGTTGGGCTGCTTGTCCTTGTCCTCCTCGAGCAGTTGCTGGAAGTTCTTGCGATACTTGACGAGAAAGTAT
TCGGCGCCCTTGCGCTTGCCTTTCTTCTCCTTGCCGGTCTTCAGGCTGTCCTGGAATTTGGGCAACTTCTTGGACATGACAAGGTCGGCGTGTGG
GTCATCGTGGTAGTTGTCCTGCTCCAGAGCCTCCAAGGCTTTGCGGGCACGCCGCTGGCGGGCTGTGGAGTCCAGGACACGCTTCTTTTCAGCGT
CCTTGATGCGGTTGGATTCGCGACCCGTCATGGTTGTTTTTAGGTTTTTACTTTTGGCTATTGGATTTTATGGGTTGTGTAGGTTCTAAGCGTCC
TTGTCGTGCAGCGGAAAGCTTATCCGATCCATCAAGTCGTCCACTCGCGCCTGCAAAACTTCCACAATGTCCGTGGAGATAAACAAATGGTTCTC
GTCCAGATCCTGGATAATGAATTTGCGTCCCAGAGCCAGTTTTTCGTCCAAGTGCAGCAGGAATTGTTTCATAGCAGGATCACTGCGGGGATTGG
GTTGAATATAGCGAAACCAACGCATACCAAACGTATACCACTTACCACTCCACCAGCACTCCTTTCATAACATTTACCATGTTGCCAGCATTTGT
TTGCCGAAATTAATAAACAATCTCACCAATTCTCAGAGCTGAATGACATATTCACAGTGAAACGTAGGCTAGAGGTGGCAGTCTTTACTATCGAT
ATTTTTTTGACTTTACTTGATAATTTAATCAATAATTTCAGCATGGCAATATAATATTTACAATCAACGAAATATAACACATTGCTTTAAACCAG
CACCCGATATTAACTATATTATGTTAGTTTCACCGTCGGAAGTTTCGTACTTTAAGAAATATAGCTATTTTGCCAGCCCTATCAGTGCTACTCAC
TACGAAAAGTAGACAGAAGTAGCGGGGTATTTGCCAGTCACACGGACAAACACCAAGGCAAAAGTGTGAGGAAATATTGAATTCCAAATTAAATT
CCTAATTAAATCAGACCATAAGCACGCAATGGAAAGGCTGACCGGAAGGAATGTGGCACTACTGGTGCTGTGCCTGTGCGCCGGATACGCCCTGG
TGTTCGCCGAGGGCGAGAAGGAGATACCGGTTACCAAATTCGGACAGAACATAGCGCCGACGATGACTTTCCTTTACTGGTGCGTTATATGCGGG
GCAATTAACATAATTGATAACAATGACCTCTGTGTTTCTCACCATTGATTCGCCAAATAGCTACTCCTGCGGCTATCGCAA
(SEQ ID NO: 1327)

Exon: 1456..1001
Start ATG: 1456 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT33597
ATGACGGGTCGCGAATCCAACCGCATCAAGGACGCTGAAAAGAAGCGTGTCCTGGACTCCACAGCCCGCCAGCGGCGTGCCCGCAAAGCCTTGGA
GGCTCTGGAGCAGGACAACTACCACGATGACCCACACGCCGACCTTGTCATGTCCAAGAAGTTGCCCAAATTCCAGGACAGCCTGAAGACCGGCA
AGGAGAAGAAAGGCAAGCGCAAGGGCGCCGAATACTTTCTCGTCAAGTATCGCAAGAACTTCCAGCAACTGCTCGAGGAGGACAAGGACAAGCAG
CCCAACTACGAGAGCGCCGCAGCGCCGGCTCCACAAAAGCCACTGCGGCATTTCTGCGCCGTTTGCGGCAACTTCTCGTTGTACTCGTGCACCGC
CTGCGGAACGCGATACTGTTGCGTTAGATGCCTGCAAACGCACCAGGACACGCGCTGCCTCAAGTGGACGGCCTGA
(SEQ ID NO: 1328)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MTGRESNRIKDAEKKRVLDSTARQRRARKALEALEQDNYHDDPHADLVMSKKLPKFQDSLKTGKEKKGKRKGAEYFLVKYRKNFQQLLEEDKDKQ
PNYESAAAPAPQKPLRHFCAVCGNFSLYSCTACGTRYCCVRCLQTHQDTRCLKWTA*
(SEQ ID NO: 1329)

Celera Sequence No. : 142000013384645
TTATCTGATTTGTCACACCTGCCTGTTGGAACCGCATACTCATATAAGGGTTAATCTTATCAGAGGCCCACCGTTGTTGCCACCGCCTTTCAAAT
CAAATCAGACCGCTTTGCCATAGTAATGGTCTGGCAACAACAAATGAGTATCGCTACATGGAAATGTGCGCGTGTGTGTGAGAGACCAACAACAA
AACAAGAAAACAAGCAAACGCACGAAGAAAGTTGTGAAAATTCAATTTTCCAATGGCCCAGTCTGATTGGGACTGCCTTGAAGCGTCCTCTAATC
AGATAACTATCAATGTAAATGCGTAAATATCAACGCATATGCGTTGTATTTGTGGAAAATATTACGCTTTAACCACATATACACACACCCCCGCT
TCCGGTGGGTGTTTTTTTTACGCTGGAGGGGGGAGGGTGGTTTACTCACCTATGCGCTGGCCAACTGGAGTGGAGAAAACATTTCCCAAGGCGCC
AACGTTGAAAAATGAAGCCATCGTGGAGAAGTTTCTTATTAATGCTCGCCGTTGGGTTGCAGTGCGGTTAAAATTGTTCTTTATTTACTTTTTGT
TCACCTGGATGAAATGTTTATGCACTTGTCTACAGCAGAGTGACCATGGCTGGCCTCAGCGAAAAATACCCACAAAGAAATGCATTACAATAAGT
GGGTAAATAGGAATAGGTTTTTTTCCAGGGCTGCAGCATTTTATTTCATTTTATTTAAAAGAATTATCCACAGTTTTTGAGATAATGACATAGTT
ATACCCGTTACTCGTAGAGTAAAAGGGTTTATTAGATTCGTTGAAAAGTATGTAACAGGCAGACCATATAAAGTATATATATTCTTGATCAGGAT
CAGTAGCCGAGTCGATCTGGCGATGTCCGCCTGTCTGTACGTTTGAACGTCGAGATCTCAGGAACTATTTAAGCTAGAATGTTTAGATTAAGCGT
GCAGATTCCAGAGACATAGACGCAGCCCAAGATTGTTGACCCATGTTTCCATGACCACTCCAACGCCCACATTAGATTGTTCTTAGTTTTATTGT
TCACCTTGCACCTTGCACCTTTTGGATTGTAATCACACCCACATCTTTAAACAATTTTAATTTTTTCTCATTTTATTCGCAATCCGACTAGCTGA
GTAACGGGTACCTCATAGTCATGGTTGTTCACAGAGCGTGTTATGTATCTCAAAAACTTTGTAATTTCAAAGAGTTATTTCACAATTCATTCCAC
AGATTTCGTGGATAATGAATTTTCGATTGTTCAACCTTGCACCTGTCTCAAAAATGAGCTTTCCGTCAGCGGTCCTTCTGACGGTACCGCTGGCG
GTCCCACTGATGGTTCCGCTGATGGTCCCGTTGATAGCCCCACGGACGGTCCCCTTGACGGTTCCGCTGACGGTCCCTTCGATGGTTCCGCTGCC

GGTCGTGCTGACGGCCCCGTCGACGGTCCGGCTGATGGTCCCTTCGACGGTCCCGCTGAGGGTTCCGCTGAGGATCCCGCTGAGAGTCCCACTGA
ATGGCATTGGAACGAACTCGTTGATGACCAATCCAATGACGGTCGCGCTGACGGTCCCGCTGACGGTAGCGCTGACGGTCTGGCTGAGGGTCCCG
CTGAAGGCTCCTCTAGCGTTCCCGCTGACTTTCCCGCTGACGTTCCCGCTGACGTTCCCGCTGACGTTCGCGCTGACGCTAACGCTCCTGCTGAC
GGGCACGTCGTCGGTCTCGCTGTCAGTGATCTCCATGTCGACGGCCCAGATTTCCGAGGACAGTTCATAGGATTCGTCCTCTGAAAGAAGAGAAC
GTAGGGTATATTAGTGAGTGAGGCTTTGAGACTTATATTTTGATAGTCCCGACTTGGTTAGTCGGCTAAACTTCTCTGTTCCAAGACCCATAATC
TTAAGCCCATTTAGATCTAACTATAAGTTGCATGATTCTTACAGAATATTGTGTTCTGACTATAATAGTCATTATCCTATTATCTGTAATCTTTG
CTCTCTGCCGCTCTTAAAGCAATCAATCAAATCAATCGGTGCATTATTCACAAATACGACGCAAAATTTGTTTTTGGTTAGATTAAGGAATATAT
GAGTTAGCGGTTCCAACAGGCTGATAGGACAAATCATATGCCTCGCACGTAGGGTATAAACTGAGAAGAAACGTGTTTTTCCCCGGAATTCTTTG
CGACACATACAGTTTGTCAAGAAACTGTTTACACACTGTGAAATAAGTTGAATTTTTGACTTTAAAGCTAAAAATAAAGGGTTTTTTGCTTAATT
AAACGCAATTTTTTTATAAAATATAATTAAACAATATTTATTTTACTTATAAATCAAAAAACAAATTAAAAATATTAAATATACAAGAAAATAAA
CAACAAATTCCAAGTTTACACACTTTTGAGACTGTCAAGAAACTCTTTACACATTTTGTTTTCCTACTTTGTTTTGTTCTTTTTCTTAGAACGAA
CTCGATTTTTCCGTTATTTTTGGCTTTGCATTGCTTTTTACAACGCTTCCTATTGAAATTTTGTTGACTTTGCTTGTGAAATTTTGCTGATCAAA
CGTGCTTAAAGCGAATTATTAAATTTAATAAAATGCCTGGAAAGAGATTAACTTTTGAAGTTACCCAATTAATAAACTATAACCACCAGTTGGGA
AAATCTTTTCCAGAATTAGTATAAATGTTTCCTGTATCCCGTAAGACCGTCTACAATGTTTTAAAAGGCTCGGAAAAAGAGGGCAGGCTTGAACC
TAAGAGCGGTGGTGGGCGGAAAATTAAAATTAAAAAGCG
(SEQ ID NO: 1330)

Exon: 1001..1028
Exon: 1238..1794
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT33785
ATGACCACTCCAACGCCCACATTAGATTATTTCGTGGATAATGAATTTTCGATTGTTCAACCTTGCACCTGTCTCAAAAATGAGCTTTCCGTCAG
CGGTCCTTCTGACGGTACCGCTGGCGGTCCCACTGATGGTTCCGCTGATGGTCCCGTTGATAGCCCCACGGACGGTCCCCTTGACGGTTCCGCTG
ACGGTCCCTTCGATGGTTCCGCTGCCGGTCGTGCTGACGGCCCCGTCGACGGTCCGGCTGATGGTCCCTTCGACGGTCCCGCTGAGGGTTCCGCT
GAGGATCCCGCTGAGAGTCCCACTGAATGGCATTGGAACGAACTCGTTGATGACCAATCCAATGACGGTCGCGCTGACGGTCCCGCTGACGGTAG
CGCTGACGGTCTGGCTGAGGGTCCCGCTGAAGGCTCCTCTAGCGTTCCCGCTGACTTTCCCGCTGACGTTCCCGCTGACGTTCCCGCTGACGTTC
GCGCTGACGCTAACGCTCCTGCTGACGGGCACGTCGTCGGTCTCGCTGTCAGTGATCTCCATGTCGACGGCCCAGATTTCCGAGGACAGTTCATA
GGATTCGTCCTCTGA
(SEQ ID NO: 1331)

Start ATG: 1

MTTPTPTLDYFVDNEFSIVQPCTCLKNELSVSGPSDGTAGGPTDGSADGPVDSPTDGPLDGSADGPFDGSAAGRADGPVDGPADGPFDGPAEGSA
EDPAESPTEWHWNELVDDQSNDGRADGPADGSADGLAEGPAEGSSSVPADFPADVPADVPADVRADANAPADGHVVGLAVSDLHVDGPDFRGQFI
GFVL*
(SEQ ID NO: 1332)

Celera Sequence No. : 142000013384184
AAGTTAGAACCTTCGCGTCTACTAACAGATTACTTTTCGCCCCGATATCCACTAACCTGTGGCTGCCCCAGTCGAAACTTGGGGTCTGGGCGGTG
GCGCCCATTATCCTGCTGCATAATAATGCTAATTCCTAAAGTTTGTCTATCCCGGGAGCTGTATTGTTTTACAGCTTTAGTGTTAAACCTACAGA
TTCTCAGAGAACAGATGGCTACTCATTCGTTGACTAGAAGGGAGGGCGGAGGGCCTTTGCTGAGAGACTCTCAAAATTGAAAGTTTTACCTGGTT
CGTCGTAAAACTTTTTTTGTTTTGAGTTCAAATTAATGTTTTATAAATGAAATAATAAATAACTAAATAATAATAATAAATAAATAATAAATAAA
TAAGCTTATATAATAAGATCCATTTTAATTGTTTTTTCATAAAACAAAATGAGTGATTTTTTTTATAATTACAAATGAAACACTTGAATTACCGA
AACAAAAACGCTTAACTGTGCCATCACTAATACTTATTGGCAATAAATAAGTGCGATTTTATGACAACAAAGACGTATCGATAAGATGCATGTGC
AAAATGCGGTGTGTGTATTAACTTAATACTTGGCCTAAGGCTTATCGATAAGGATATCGATACTAAAAAGTCCGGCACCATTGTCGCTATCGAAT
GCCCAAGTATACAAGACAAGCTATGAGAACGAATATAAGGTGGTCAGTTTTAAGTAATTCAAAAAATTCTAAGTCAAAATGTGTCGCAAGTGTAG
TTACTTGATTTAATCGCGAAATTTACTCGTGGATTATGTCTTAAGATAATATCGATATATTGCCGGCGTCATCGATTGCTGACACATATCGAAAG
GTCCGGCCACACTGCTCACCGTCTTCTTCTTGTCATCCCTTCCGTTTCCCTTTCTTTTCGTCTTCACGTTTCCGGTGAGTGCGTGTGCTCCGCGA
ATTTTTAAGCAAAACTCCCTATTAAATACCTCCAATTCTCTTTTTTACTTGCAGCGGGAGTATTACGATACGTTCGCGTTCGTGTAACTTTGTGT
TTGCAAATCAATCCAGGTAATTGTCGCCGAAAACCCCCATTTTCAAGCGGCCGCACCGGGAAAATATGCGCCCAATGTTGTTCCCGAATGCATGT
GTACATTTTTTTTTTGTGTGGACAAAGAAGCGAGTCTTTCAGACTCAATAAACAATGTGTGAATTGGATACCACATGGATGATCTGTAGATATAT
CCTGGCAATGAACCGAATCTAATTGCTATTTTTTTTTTTTTGTTGTTTGTGCAGAATGTTTATGCCAAAGGCCCATCGTGTCGCGATCTACGAGTA
CCTCTTCAAGGAGGGCGTGATCGTGGCCAAGAAGGATTTCCATGCCCAGAAGCACCCGGAACTGGAGTCGATCCCCAACTTGCACGTGATCAAGG
CGATGCAGTCGCTCCACTCGCGCGGACTGGTTAAGGAGCAGTTCGCCTGGCGCCACTACTACTGGTACCTCACCAACGAGGGAATCGAGGAGCTG
CGCAGCTACCTCCACCTGCCGCCCGAGATCGTGCCCTCGACGCTGAAGCGCCCTGCCCGCTCGGAGACCGTCCGTCCCCGTCCCGCCGTTGGCGG
CCCACGCGGACCCGGTGACGCCTCCAAGACCGGAGAGGATCGCTCCGCCTACCGACGTGCTCCCGGCGGCAGCGGAGTGGACAAGAAGGGCGATG
TTGGACCCGGTGCCGGAGAGGTCGAGTTCCGTGGCGGATTCGGACGCGGATCGCGCAACTAAACAACCCAGGCGCTTCAGTTTTTTTTTCTAATG
TATAAAAAATTACTCAGTAAAATGTTCAACTGAAGATCCATACCCTTAACAATAGAAGAAACCAACATCTGAAAAATGTGTGTGTGTTTTATGAT
ATGACGATCAATTATAAAGCAAACGCAAGTGAAATTCCGTGCTCCCCTCTATTTTTTTTTTTTTGTTTTGTTTTTGTTGTTTGGTCCAGTGATTGT
GGTGTGCAAATCGGACGTGGATTCAGATCCCAAGCGTGGCTAAATAGTATAGTAAACCCGATGCCCGGCCAAACTGAAACTGCTAACCCAACACA
TTTTTGCAAGAAGCTCTTCAGATAACTTTAGAAGTAGGATTTTGCAGATAATTCAGTTTATTTTGCGAGGTTCTGTCGAGAGGAAAGAAGGAATT
CTAGCGTAAATACGTTTTTTTGAATACAATACATGCATTCAATTTTGGTAATTTCAAAAGATTGTTGTATATAGATTTGGATATTTGTCGATTTG
TAGCTCTTTATTATAAAAATATGTGCAGAAATTCATCGCATTCGTTTATAGCTGTGTGCCAAAACATAGTAGACTTGGGTTGGAATAAACCAGTT
GGCTCGAAATACTACATTCAAATATTTAAATAACATTAGAATCCAATTGCTCATAACAAAAACGGCATGAATTGCAAGGACATAGATTAAATTTG
ATTTACCATCAAAGGAAATGGTATATTTTCTAAACGATAAGCCAAAATCTTCGTATGTGGAGGAACGTAACTTAAATGCTCAATTTCGTTTTATT
TGTTCACGCTACTTAAACGTTCACAATTAGTTAAATAACTAGTTTACTTAAATAGTCTTCTTTTGCTCACGAGCATCCTTTTGTTGTTCTGTAGC
TGCCTTTTACTTATATATTAATTCTAATTTTATAAATACACTAGTTTCACATTTCCCAAAGTTAGGTTTTAGTTAAATCTTATGTGTCTACTAAT

ATTATTTAAAAGCTTATGTGCTTCTCCATTTAACGTTGATTACTTTCAACTAATATTTTATGTAAACAAGTAAGTATGCTGCTATGCTCGGACCA
TAAAGAATTCGAATCGCTTAGATTATTTATTTAGGCCGACCAAAAGAACTACAACAATATACGACGAATGGCATTATTCTAGGT
(SEQ ID NO: 1333)

Exon: 1001..1934
Start ATG: 1296

Transcript No. : CT33819
GCAGCGGGAGTATTACGATACGTTCGCGTTCGTGTAACTTTGTGTTTGCAAATCAATCCAGGTAATTGTCGCCGAAAACCCCCATTTTCAAGCGG
CCGCACCGGGAAAATATGCGCCCAATGTTGTTCCCGAATGCATGTGTACATTTTTTTTTTGTGTGGACAAAGAAGCGAGTCTTTCAGACTCAATA
AACAATGTGTGAATTGGATACCACATGGATGATCTGTAGATATATCCTGGCAATGAACCGAATCTAATTGCTATTTTTTTTTTTTGTTGTTTGTG
CAGAATGTTTATGCCAAAGGCCCATCGTGTCGCGATCTACGAGTACCTCTTCAAGGAGGGCGTGATCGTGGCCAAGAAGGATTTCCATGCCCAGA
AGCACCCGGAACTGGAGTCGATCCCCAACTTGCACGTGATCAAGGCGATGCAGTCGCTCCACTCGCGCGGACTGGTTAAGGAGCAGTTCGCCTGG
CGCCACTACTACTGGTACCTCACCAACGAGGGAATCGAGGAGCTGCGCAGCTACCTCCACCTGCCGCCCGAGATCGTGCCCTCGACGCTGAAGCG
CCCTGCCCGCTCGGAGACCGTCCGTCCCCGTCCCGCCGTTGGCGGCCCACGCGGACCCGGTGACGCCTCCAAGACCGGAGAGGATCGCTCCGCCT
ACCGACGTGCTCCCGGCGGCAGCGGAGTGGACAAGAAGGGCGATGTTGGACCCGGTGCCGGAGAGGTCGAGTTCCGTGGCGGATTCGGACGCGGA
TCGCGCAACTAAACAACCCAGGCGCTTCAGTTTTTTTTTCTAATGTATAAAAAATTACTCAGTAAAATGTTCAACTGAAGATCCATACCCTTAAC
AATAGAAGAAACCAACATCTGAAAAATGTGTGTGTGTTTTATGATATGACGATCAATTATAAAGCAAACGCAAGTGAAA
(SEQ ID NO: 1334)

Start ATG: 296

MPKAHRVAIYEYLFKEGVIVAKKDFHAQKHPELESIPNLHVIKAMQSLHSRGLVKEQFAWRHYYWYLTNEGIEELRSYLHLPPEIVPSTLKRPAR
SETVRPRPAVGGPRGPGDASKTGEDRSAYRRAPGGSGVDKKGDVGPGAGEVEFRGGFGRGSRN*
(SEQ ID NO: 1335)

Name: ribosomal protein S10-like
Classification: ribosomal_protein

Celera Sequence No. : 142000013384111
CTGGGCCGATATCGTTTCCTGCAGCTTCCGGCGAAAGGCAAACTTGCGGTTACGCTGATCCTCCAGCAATTTGGTCAAGTTACTGTCATCGAAAG
GCATCTTGGCATTCATCATGATGAACAGAATGACTCCCAAGGACCAGGCGTCCGCTAGCTTTGGATCATATGGTCGTCCACAAACTACTTCAGGT
GCAGCATAAGCAGCTGATCCGCAGTATGTCTCAGATTTCATCTCCCGGCCATTATCGTCGCGACAATAGCGAGCAAATCCGAAATCGGCCAGCTT
GATGTTGAGCCGCTTGGAGAGAAGAATGTTCTCGCACTTGAGATCCCGATGGGCAATGTCCAGGTTGTGCAGATACTTCAGTGCCTTGGACATCT
GAAAGAACCAGATCTTCGATTGCTTCTCATCGATGGGACCCGACCTCTTGATGTGCGACAACAAATCCCCATTCTCTGCGTAACGCATAAAGATG
AAGATCTTGGGACCGCGCTGAAGGATGCTATGGATCTGAATAATGTTGGAATGATCAATCTTTGTCAGGATCTCCAGTTCGCGCGGAAAGAACTT
GTTCACGAAATCAGTGGGCGCCTTGGCTTTGTCAATGATTTTACAGGCCAAATGTACTCCATGTCCATGATCATCGGCATAACCGGCGGTTATAA
CAGTGGCATAAGACCCCTCGCCGATCTTGTGACCCACATTGTAGCCCCGCTGTGCCAGTGCATCCACATCCGAACTTCGAGTACCCAACTGACGG
ATCCCAGCGCTAGAATTGTATTTGGACATGGCTCTTGTTTCCTCGGCGTGCGTGTAGTGTAGTTTTCCGAGAGTTTGCAACTAGGTGATTTGGTA
ATGGCATCAAGCGAATGATTCTTTTCTAAACAGCGGACATAATTACCCTTAAGTTGGTTGATTTCACAAACAATAATTTTATGCCACTTGTGTAT
TTTACTTACTAAATTCGAATCCAGAAATTTTGACAAAACCTACAAACGTTATGAGGTGTGAAAGAAATATAAAAAAGGGTAATGCACAGCCTTCT
ACCATAACTGACAAATCTGAACCAAAGTATAAGGTTACTACGTCCCAAATATTATTATGCTAGCATGCGAAATGCTAATAAGAGGGCATAAAAAT
AATATATAATATATGGATAAGGAAAAACTGTTTAAAGTTGAGTATTTGTTTTGAGACCATTTAAAAGCCTTAAATTGATAAATTAAGTAAAAAAA
AAAAACTGTGTTCTGAAAGCAACTAAAGTTTTAATATTTCTATATTACAGTTGCCATTCTTGTTTCCTCGAGCCAAGCCACTGGCTCTGCGTCCC
AACCAGCTCCAATCAATAGAAATCCCCGAGGCAGCCACAACAGCAGTGGCATTGGCGACTCTGAGCTAAGTGCCTCAGAGCGAAGTCGACGATTG
ATACCCTACATGGCCTTCTATCTGCCGGCGCCCGAGTTGCCCATTAATCAGCAGTATGCCACCAAGCACTCGTCGTCGGCTGGCGGAGCACAGCT
GCAGGCACCGCTGCCAGGTCCTGGAAGGATACCAGTGCCGGTGGCCTACATGCCGCAGCAGAAGCACCATCCCCACCACCATGGACCACCGCATC
CGCCACCAGGGCCGCATTATCAGTCGGGAGCAGGCGAGGTCTATCACTCCCTTGCGATTGGAGGCCACCAGCATCAGCATGCGCCCCCACATCCG
CCACCTGGTCATGTCAAGGAGCAGCAGGCGATCACCAATTCGGGTGCCACGTATATTGCATACAAGCCATTAAACCCGACGCATAAGGCAAGTAT
TTGAATAATAAGTGTTTTTAAAAAGGCTATGTCGCCTTGGGAAAGAATATATATCAAATGGAGCTAAATTAGTGCTGAATCGGTTTAGATTGCTT
CCTTCTAAAGTCCATCAATCGTGAAATACCAGCAATATTGCGAATATTGGAATATGAAACGTCGAGGGTATTGAAAAAGCACTTGGATACCTATC
CACTCTCCTTCATTACAATTGATTTCATGGGTCATAAATAAGCAGAAATAATCACGTAATTCATAATTTACACGCACGCAGCACAAGACAGTGCA
GCATTTTCCGCCACTACCGCCGTCGCCCAAGGAGCAAGTGCAGCAGCAGCATCCACAGCAGCACCACCACCTTCTGCACCACCAGCAGCAGCAGC
AGCAGCAGCAGCAGCAACCACAGCAATACGAGATCCTATCATCGAGCTTAGTGGCATCCCAGGCGCAGCGACAGCGGGGCAAACAATCAAAAATC
AATTTAACACCATTTACAGCGCAGAACACATTGCCGGGACAGTTTATACCCATTATTTATACGCCAGTGAGCAGCAGCAAACCGGGCTCCCCCGG
CGATGCCATCAATTACAATAACATCCAAAGCAACCTGAAGCAGCCAGAAATTGTCTATAAAAATTCCCATCAAACACAAATCGTTACGGATTATG
CAGCCGGAGCGGCTGCCTCCGCCGAACAGCCACCACTATCGTCATCTGGCGAGGAGGTGGATGAGACGAATGGCGAGAAGATGGTGGAGCAGCAG
CAGGAGGACCATAGAGCCCAGGAGGAGGCGGTGGAGCAGCAGCAGCAGCAGCCGCAACTACACCAGCAAGTGCAAAACAATCCAAGGTAAGATTT
CTTGTCACTCTTGTGACTCTCATGCCCAAACGGAAAACAGAGCGCTGGCGCGAAAGCCCAAAAGTAAGCCAGGTCTGATCTTTGATCTCATGGAA
TATCCAAAGCCTCGTCTGCTTAATAGGCAGTTCTCACAGCCACGCCCACTTATATATCGTGAGGTAGTTGCAATATCGCATGTAGAATACAAATT
AAAATGTTGCCACTATGGCTGTCTTTAAAACAGTTTCATGTCATCCATACATTTTTAACAACTTTACACAACGAACCTTTAATTGGTCTTAAAAA
AAAAATGCTATACAGATTACTTTTAAGACACAACCCACTTAATTAACTTACGTTACGAAAGGTTGCTAAACTTATTGTTTCGCCATCCAAAGATG
TCAATAATTAATTGGGAACAGCCAGTTATCAACAAACTGCAGTCCAATTCAATATTCGATAATGCAACAGCGACTTTAATATGCTTCTGTTTAAA
ACGCATGCAATTGGGATTTCTGAGTCTGAGACGGATACTGCTGTTGCAACGCTATGCCCTTGGGCAGAAAAATCAATTGCATTTCATGCACCAGC
CCAGTCCACTCCAATGTCCGGCTGCGACACAGACCGCGTCCGCTCTTCTCCATCTCTGAATCCGGTCGTCCACATCGTCACCATCTTTGCAACTG
CACTGGTGACGTAAGATCCATGACGACAACGATTGCGACTCCAATTGCCGTTCGATGTACAGCAGGAGGCACAGCCAGTGGGCAACAAAAAGGTG
GGCTGAGGAGACTTGACCTGGCCGGCCAGTGTCTCATGTATGTATGTACATAACTCCTCTCCACATTCTCATGTAGTAATTGTCAAATGGCAAAT
TCATGTCATAAGTAGCCAGCGGGCTCAGGTCAAAAATTTGTCATACAATGCTTATCAGATGAGGAGTGGGAAATGGAAAAACATGCCAATCAGCG
AAGATTTTTACAACCACCACACTTCAGTTGAACACATTTCGATGCTGCACCTTTGTTTTTCGGTTAAAATCATTCAATAAGTTACACTTTAAGGT
GCAAACGAAATAAATTATGCTTAATAGGCATATTACGATTTCAAGAGTAGGGAAAGTCAGGATATAAAGGAATACAATTTGTCAAATTATTTGGC

TGTTATCTACTAGTCATGGATAGATAATCAGATACAAATTAAAACTTCTTAAGGAATAATGAATAAATTTGAAAATATCACAATGAAATAGGGCA
ACCTAACGTACACTCTCATGACATTTATGCTTGAAACCGAAATCATAACCGCTTTGCATGATTAACCTCCAACAGCATCGGCTACGCTTCTGTGT
CGGTTCCCGATTCGAGCGCAATTACCGCGACCACATCCTCCAAAAACGCATTGATAATACATCAGAAATCACCGGCTTTCGGGCACGTTAGCAAA
TACGAAAGCTACTTCAATATGGCCCCGCCCTCGACTAGTCTTGGTCATTCTCCTCATCAGCAGCATTCACACATGACGCCGCAGGAGAAATATGT
GCTTTACTTACAACAGCGCATGAAACACCAAAAACATCAGCAACATCTGCAGCAGCAGGAGCAGCAACAGCAACAGCATTACGACTTTTCACATC
CGGTGGTGCCGGCACAAAGCAATACATTGGCTGGTAGCCACCATTCGCAACACACCCATCTGCATCCCCATCATCCCCAAACCAAGACCCATCAT
CCAAACAAGTACGATGCCCTCTACGTAAGACCGGATGCGACTGCTGGCCAACAGGTGCTGCATATCCCGCTGCGCGCACTCATGGCCCACGTCCA
AGAGCAGTCGCACTCCCAGTCGCAATTACAAGCGGAGTCGCAGGCACAGTCGCCACGTCACGATTTCGCCAAGGATGAGCCACTTGGGTAAGTTC
TTTGCTTGGGAGGAGGAGCAAGGATCGTTGAGAGGAAACAAGTTGCTTAGGTCTTACCAACGCAATAATGATTCTCCCTTCTCAAGAAAAAAGTA
TTCTACGAGTTTATTTAATAAGAAAAACTATCTAAATTGATAGTGATGGTCTAAAGATAATCCACATTACTAAGATATATAAAACTGCTTAGTAA
GTACACAAAGTACTCAATACGTCCTTCAAAAACTAATCATTTCTAAGTAACAAGTGCATCATGAAATCATAATTTAGCCTCCCAAAAGACCTTAC
TTTAGATCTGAACATTTCTTTTAGTTCCCCAGCACCACCGCAGTTTATAGACTATCTAATTGATGGGCCAAGACAATCGCTGGAGGAAGAGCAGC
AGCACTCCCAGCATGAGCGACCATCGGCTCATCAGCCGCCCCAGCATGCCTACATCCTGGTGACCACGACAGCTCCACATATCGAGCATCAGCCT
GCACCGCAAATGCATCCAGAGATTTCCACACCGCGTCCACCGATTCTCTATAACCAACAGCCCACACTTCGATTACGTCCCGTGCATACTTACAA
GGCCACCAGGCGTCCCATTTACGTGACCACACCCGCACCCGCAGTGTCGCCGACTTCAAGTCACACGGTAGAGATTACGCCCAAATTTGTTTACG
TTTCGGGGAAGCCTCCTACTGGCCAAAACCCAGAGTTACCGCTTAGAGAACCATCTACGGTAACGCCTATTAAACTTAAGCCCGTTTACAAATAC
GCCCATGAGCGCCCTCCATTAACGCCTGCATACGTACCAGAGGATCAGGATCAGCTACCAGATATTCGCACCTCATCACTGGCCGAAATCCTTCA
CAAGCTTCAAGCGAGCAATCATCTTCCGCAAACCCTAACACCCGACAACATCGACAACTCCATCAAAACATTGATCCGCATACTGCAAAATCTAA
AGCAAACCCAAACCATTGTGGCTAATCCTCCGCAGCATCACGACGAGCACAAGTCCAGTGCCCAGGATTATGATTACAATACGGGCAGCGAAGAG
GAACACCATTCTCAATCAGAGGAAGCGATTGCCAGACCCAAGGGACCAAGTGAGTAGCCTTTACTTTATTATGTTTCCCTATTTTATTTCCATTT
GAATAGATAAACATCCAGGACCAAGCACTGGAAGACCTGGCATCGATTATCCGAACTATGCGGAGATCCCTCAAACCAGTTTTGAGTGCACCAAG
CAACGCTACAAGGGATTCTTTGGCGATCCGGAGACCAATTGCCAGGTCTGGCATTACTGTGATCTCAATGGAGGAAAGGCTTCGTTCCTTTGCCC
CAATGGAACCATATTTAGTCAGGTAAATGGGCGAACTTATGTTATACACATGTTAAGAATTAAACAATTAAAAACATATATAAAAACAGATTGCC
TTAACTTGCGATTGGTGGTTCAATGTCAAATGTTCAACAACCGCACAACTTTATGTGCTGAACGAACGACTTTACAAGTACATTCTGCCTTTTAA
TCCAAAGTTCCCCGAGGACTACAACGGACCTATTGTGGATAAGTAAGACACTCTTATATGATTCGAAAGTATTAATTAACAAACGTGTCATTTAC
TTAAGGTATCTGGCAATGAAATTCCAGGAAATGGAGGAGAAGATGCGCCTGGAGAAACAACGCAAGGCGGCCCAAGAGGCACAGAAGCCCGAAGA
AGCACCATCTACTCTACCTGCGTTGCCCAAAAATCACAAGCCAGAACCGAAACATGGTAGCGGAATAAATGCCCAGGTCTATGAGCAAAGCTCTG
AGAAAAACTTGCTGATCGATGATGAGATAGATGATATTTCGGAGCGTGGGACCTACGATACGTACGACCAGACCGCACCCACAACTATAATGGCA
CCCACGAGCACCCAGGACACGCAGTCCTTTGTCCTTAAACCAATCGTAGTTTCCTCCACTCCACAACCGCTGCCAGAGATTGATTTCGAAGTTGA
GCCAACAGCTCCAGGCAGCAGCGAAGAGGAGGATCACCTGCAAAGTCTAAGGGAAACTAAGGAAGCTGAGAAGAAAACGCGTGAATCCACAAAGG
TGAGCGTGGAAAAGCTGGAAGTAATCGAGATCAAAACCGATGGAAACACCGGACAACTAATGCCCATCAAGAGCAGTAGCAAATGAGCATTTTGT
GGAGAGGATGAATAGCTCTTGCCATATTTGTAATGAGAAATTTGTTTGCGACTTGGTTGTATAATCCCTAAATTATTCTTAGCGAGCAAGTACTG
TAAATAGCTAGCTGTAAATGCAACTGTATACATACCTATAGCTATAGTGAAATAAAATCTGACAAGTAAGTAAAAACGATCATAGCACTTACCTG
TTTGCCATTGAGGACATGAATATGAGCCATGTTGAGTGAGTTTAAAGTCGTGGGAATCTCGGAAGCATAGCTTTGATTCTGTGGAAGAAATCAAT
TAATATTAGGTGGATTATTATTATTAGATTAATCACGATATTTCAAGTTGCTAGTGCGCAACGTAATGGATTTATAAGTACAATGCCACAATTTA
TGTGTACCTCATAGATATGTAAATTCTAAAGCATGTACGTTTTGTAAGCTAGCATTTGAAACCATATTGTAGATCTCAAAACTAACGTGCTTAAA
ATCTTATTCAGAACATTTAAATAAGCAATTACATATACAAATATGGCAGGGAAATGTTTCAATATTTCAAAAATTATACTAACAATCTCGATTAG
CTTCCGTATGCGATGCCCGCTATGATGCACGGTGGAGCAAATTTGGCAGTGGGATCGGTAACACTTCATACAGTACTTGTCTTTGGGCATTCGGT
GATGGATGCAAAGGTTCTGACTCGGCAATGTGAAGTACTGATCCCCCACTCTGAGTTTCTTGCTGAAACTACTGTCCTGTTCCGTAGAATTGCGA
AAAATATGCGACTTTAGTACGCGACTACGTTTGTGGACAGCATCAAAGCAACGGCGGCAGTAGAAGGCATTGCATTGCCTGCACTCTCCGCTGGC
AGTGGCATTCCCGCACTCGCTGCACTTGACGGTCTGGACAATCTCGCTGATCGAACTGGGGCTCAGCGATTGGTTTGCCGAGTCCTTGGCAAATG
GCAGAAGGTAGCTGAGGCTACTGGTCCTACCCAGCACGTGG
(SEQ ID NO: 1336)

Exon: 1001..1028
Exon: 1286..1801
Exon: 1894..1967
Exon: 2077..2651
Exon: 3230..3457
Exon: 3971..4552
Exon: 4870..5654
Exon: 5707..5912
Exon: 6088..6122
Exon: 6181..6736
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT33934
ATGAGGTGTGAAAGAAATATAAAAAAGGTTGCCATTCTTGTTTCCTCGAGCCAAGCCACTGGCTCTGCGTCCCAACCAGCTCCAATCAATAGAAA
TCCCCGAGGCAGCCACAACAGCAGTGGCATTGGCGACTCTGAGCTAAGTGCCTCAGAGCGAAGTCGACGATTGATACCCTACATGGCCTTCTATC
TGCCGGCGCCCGAGTTGCCCATTAATCAGCAGTATGCCACCAAGCACTCGTCGTCGGCTGGCGGAGCACAGCTGCAGGCACCGCTGCCAGGTCCT
GGAAGGATACCAGTGCCGGTGGCCTACATGCCGCAGCAGAAGCACCATCCCCACCACCATGGACCACCGCATCCGCCACCAGGGCCGCATTATCA
GTCGGGAGCAGGCGAGGTCTATCACTCCCTTGCGATTGGAGGCCACCAGCATCAGCATGCGCCCCCACATCCGCCACCTGGTCATGTCAAGGAGC
AGCAGGCGATCACCAATTCGGGTGCCACGTATATTGCATACAAGCCATTAAACCCGACGCATAAGGCAAATTGCTTCCTTCTAAAGTCCATCAAT
CGTGAAATACCAGCAATATTGCGAATATTGGAATATGAAACGTCGAGGCACAAGACAGTGCAGCATTTTCCGCCACTACCGCCGTCGCCCAAGGA
GCAAGTGCAGCAGCAGCATCCACAGCAGCACCACCACCTTCTGCACCACCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAAGCAACCACAGCAATACGAGA
TCCTATCATCGAGCTTAGTGGCATCCCAGGCGCAGCGACAGCGGGGCAAACAATCAAAAATCAATTTAACACCATTTACAGCGCAGAACACATTG
CCGGGACAGTTTATACCCATTATTTATACGCCAGTGAGCAGCAGCAAACCGGGCTCCCCCGGCGATGCCATCAATTACAATAACATCCAAAGCAA
CCTGAAGCAGCCAGAAATTGTCTATAAAAATTCCCATCAAACACAAATCGTTACGGATTATGCAGCCGGAGCGGCTGCCTCCGCCGAACAGCCAC
CACTATCGTCATCTGGCGAGGAGGTGGATGAGACGAATGGCGAGAAGATGGTGGAGCAGCAGCAGGAGGACCATAGAGCCCAGGAGGAGGCGGTG
GAGCAGCAGCAGCAGCAGCCGCAACTACACCAGCAAGTGCAAAACAATCCAAGCCCAGTCCACTCCAATGTCCGGCTGCGACACAGACCGCGTCC
GCTCTTCTCCATCTCTGAATCCGGTCGTCCACATCGTCACCATCTTTGCAACTGCACTGGTGACGTAAGATCCATGACGACAACGATTGCGACTC

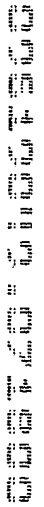
Date Recue/Date Received 2020-12-09

CAATTGCCGTTCGATGTACAGCAGGAGGCACAGCCAGTGGGCAACAAAAAGGTGGGCTGAGGAGACTTGACCTGGCCGGCCAGTGTCTCATCATC
GGCTACGCTTCTGTGTCGGTTCCCGATTCGAGCGCAATTACCGCGACCACATCCTCCAAAAACGCATTGATAATACATCAGAAATCACCGGCTTT
CGGGCACGTTAGCAAATACGAAAGCTACTTCAATATGGCCCCGCCCTCGACTAGTCTTGGTCATTCTCCTCATCAGCAGCATTCACACATGACGC
CGCAGGAGAAATATGTGCTTTACTTACAACAGCGCATGAAACACCAAAAACATCAGCAACATCTGCAGCAGCAGGAGCAGCAACAGCAACAGCAT
TACGACTTTTCACATCCGGTGGTGCCGGCACAAAGCAATACATTGGCTGGTAGCCACCATTCGCAACACACCCATCTGCATCCCCATCATCCCCA
AACCAAGACCCATCATCCAAACAAGTACGATGCCCTCTACGTAAGACCGGATGCGACTGCTGGCCAACAGGTGCTGCATATCCCGCTGCGCGCAC
TCATGGCCCACGTCCAAGAGCAGTCGCACTCCCAGTCGCAATTACAAGCGGAGTCGCAGGCACAGTCGCCACGTCACGATTTCGCCAAGGATGAG
CCACTTGGTTCCCCAGCACCACCGCAGTTTATAGACTATCTAATTGATGGGCCAAGACAATCGCTGGAGGAAGAGCAGCAGCACTCCCAGCATGA
GCGACCATCGGCTCATCAGCCGCCCCAGCATGCCTACATCCTGGTGACCACGACAGCTCCACATATCGAGCATCAGCCTGCACCGCAAATGCATC
CAGAGATTTCCACACCGCGTCCACCGATTCTCTATAACCAACAGCCCACACTTCGATTACGTCCCGTGCATACTTACAAGGCCACCAGGCGTCCC
ATTTACGTGACCACACCCGCACCCGCAGTGTCGCCGACTTCAAGTCACACGGTAGAGATTACGCCCAAATTTGTTTACGTTTCGGGGAAGCCTCC
TACTGGCCAAAACCCAGAGTTACCGCTTAGAGAACCATCTACGGTAACGCCTATTAAACTTAAGCCCGTTTACAAATACGCCCATGAGCGCCCTC
CATTAACGCCTGCATACGTACCAGAGGATCAGGATCAGCTACCAGATATTCGCACCTCATCACTGGCCGAAATCCTTCACAAGCTTCAAGCGAGC
AATCATCTTCCGCAAACCCTAACACCCGACAACATCGACAACTCCATCAAAACATTGATCCGCATACTGCAAAATCTAAAGCAAACCCAAACCAT
TGTGGCTAATCCTCCGCAGCATCACGACGAGCACAAGTCCAGTGCCCAGGATTATGATTACAATACGGGCAGCGAAGAGGAACACCATTCTCAAT
CAGAGGAAGCGATTGCCAGACCCAAGGGACCAAATAAACATCCAGGACCAAGCACTGGAAGACCTGGCATCGATTATCCGAACTATGCGGAGATC
CCTCAAACCAGTTTTGAGTGCACCAAGCAACGCTACAAGGGATTCTTTGGCGATCCGGAGACCAATTGCCAGGTCTGGCATTACTGTGATCTCAA
TGGAGGAAAGGCTTCGTTCCTTTGCCCCAATGGAACCATATTTAGTCAGTTCCCCGAGGACTACAACGGACCTATTGTGGATAAGTATCTGGCAA
TGAAATTCCAGGAAATGGAGGAGAAGATGCGCCTGGAGAAACAACGCAAGGCGGCCCAAGAGGCACAGAAGCCCGAAGAAGCACCATCTACTCTA
CCTGCGTTGCCCAAAAATCACAAGCCAGAACCGAAACATGGTAGCGGAATAAATGCCCAGGTCTATGAGCAAAGCTCTGAGAAAAACTTGCTGAT
CGATGATGAGATAGATGATATTTCGGAGCGTGGGACCTACGATACGTACGACCAGACCGCACCCACAACTATAATGGCACCCACGAGCACCCAGG
ACACGCAGTCCTTTGTCCTTAAACCAATCGTAGTTTCCTCCACTCCACAACCGCTGCCAGAGATTGATTTCGAAGTTGAGCCAACAGCTCCAGGC
AGCAGCGAAGAGGAGGATCACCTGCAAAGTCTAAGGGAAACTAAGGAAGCTGAGAAGAAAACGCGTGAATCCACAAAGGTGAGCGTGGAAAAGCT
GGAAGTAATCGAGATCAAAACCGATGGAAACACCGGACAACTAATGCCCATCAAGAGCAGTAGCAAATGA
(SEQ ID NO: 1337)

Start ATG: 1

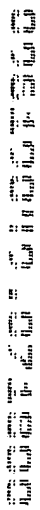
MRCERNIKKVAILVSSSQATGSASQPAPINRNPRGSHNSSGIGDSELSASERSRRLIPYMAFYLPAPELPINQQYATKHSSSAGGAQLQAPLPGP
GRIPVPVAYMPQQKHHPHHHGPPHPPPGPHYQSGAGEVYHSLAIGGHQHQHAPPHPPPGHVKEQQAITNSGATYIAYKPLNPTHKANCFLLKSIN
REIPAILRILEYETSRHKTVQHFPPLPPSPKEQVQQQHPQQHHHLLHHQQQQQQQQQQPQQYEILSSSLVASQAQRQRGKQSKINLTPFTAQNTL
PGQFIPIIYTPVSSSKPGSPGDAINYNNIQSNLKQPEIVYKNSHQTQIVTDYAAGAAASAEQPPLSSSGEEVDETNGEKMVEQQQEDHRAQEEAV
EQQQQQPQLHQQVQNNPSPVHSNVRLRHRPRPLFSISESGRPHRHHLCNCTGDVRSMTTTIATPIAVRCTAGGTASGQQKGGLRRLDLAGQCLII
GYASVSVPDSSAITATTSSKNALIIHQKSPAFGHVSKYESYFNMAPPSTSLGHSPHQQHSHMTPQEKYVLYLQQRMKHQKHQQHLQQQEQQQQQH
YDFSHPVVPAQSNTLAGSHHSQHTHLHPHHPQTKTHHPNKYDALYVRPDATAGQQVLHIPLRALMAHVQEQSHSQSQLQAESQAQSPRHDFAKDE
PLGSPAPPQFIDYLIDGPRQSLEEEQQHSQHERPSAHQPPQHAYILVTTTAPHIEHQPAPQMHPEISTPRPPILYNQQPTLRLRPVHTYKATRRP
IYVTTPAPAVSPTSSHTVEITPKFVYVSGKPPTGQNPELPLREPSTVTPIKLKPVYKYAHERPPLTPAYVPEDQDQLPDIRTSSLAEILHKLQAS
NHLPQTLTPDNIDNSIKTLIRILQNLKQTQTIVANPPQHHDEHKSSAQDYDYNTGSEEEHHSQSEEAIARPKGPNKHPGPSTGRPGIDYPNYAEI
PQTSFECTKQRYKGFFGDPETNCQVWHYCDLNGGKASFLCPNGTIFSQFPEDYNGPIVDKYLAMKFQEMEEKMRLEKQRKAAQEAQKPEEAPSTL
PALPKNHKPEPKHGSGINAQVYEQSSEKNLLIDDEIDDISERGTYDTYDQTAPTTIMAPTSTQDTQSFVLKPIVVSSTPQPLPEIDFEVEPTAPG
SSEEEDHLQSLRETKEAEKKTRESTKVSVEKLEVIEIKTDGNTGQLMPIKSSSK*
(SEQ ID NO: 1338)

Celera Sequence No. : 142000013383898
GAATCTGCAACAGGATACAGCAATGCATTCACGTAGTTTAAAAACAGAACAAATTTTCGGACTGATTTAGATGAATTTTCATTTGGCTAAATATG
TAAACTAAAAGATAATTTAAAATAACCCAAATCATAAGCATCTGGAGCAATGACCTAGTGAAATGTGAAGATGCAGCAGATTAAATTTGATACAG
TAAAAAAGTACTTATAGGAATGTCAATTTTATCGCGCAACAGAATGTCGTACAATAACATTTAGAAGCCATATGAAGAACAAAGAAATCAAGATA
TACGTATTAATTATAGTATACTGAAAGTGTCATAGCAATTAGACGTTGGTGATTCCAAAAACACATAAGTGCATGTCTGTCGCTCAAATAGGTTT
CTTTTTAGATATGTACGATATTATTTGCATACCTAGTATATAATTGTATTGTATAAAGTATTAATTATGATATTCCTTCCCAGTTGTGGTGGCTA
GCATTTGCTCAATTAGTTCTTTAGCTCTCTACTGCGCACTCTTACGCACCGGTGTACCTACTATTTTAAGAACGAGAAACTATTTTTATGATCAA
TCCAGTTTTTTACACACACTTGTTATGTTTACACAAAAGCTCACTGACACAAAAATGGCTGGGTAAATTGGAATGATATCCAATTTTGAAATATT
TCGAAATATTTCCCAGCTGCACATCACAAACGAACAAAATCCTACAGAATCTTTCCTAATCTCTGTAACCAAATGGTTGTAAGAAATTCTCACTA
TATCAATTTAGTTTACAATTCCCTCCCTATAATGTGGTACTATTTTTGTATATTTGAGTTTACAAAATTAGAGAAATTTTTAGAACTGATGTATA
TTAGAAATTAATCAATTCGTCCCGTTTTGCAATATATTTATACCCTATTTTATAATTTGTATTTGTTTTTTTTTGCAATAAAGAAGATATGATAT
ATAAACGAATGACTTTGTCTTTTATTCCCAGCTCAATAAATACAAGCACTTCACTACATTGTGCAAACGATTAATTTTTATTGATTAAATGTTTA
GGATGTGTTAAATATAAATTTATGCTGTATGTTTATATATACGCAGCAATCGCTTAAAGTTCTGCAATTTATTTGGTTAGAAACAGCGATTGCAT
TTTAATTAGAGCTCGATGTTGAAGGCAGGGCAGCGAGGATTTCTTCGATGAAGTTGTCCGGGTGCTCGATGAGATGCAGGAGACCTAAGATGTTG
AACAATTTAAATTAAATGACGAAATTCAAATGGAGCTGCCACGGACACTCACCTGCAACATCACAGAATTCGACAAAGGAAGTGCAGGGCAGGAA
CTCCTCCGTTAGGGTCTGCAGGATGCTATCCGTGGACTTGAGCAAAGCCTCATCGTTCTTACGAAGATAGTCGAACAGGGAAATCGGCCAATCCT
CCTCCTTGGGCGTGCTTACCGTCTTGAACAGATTGTCGTAGATCAAGTCCACCAATGCCCACATCATAAGGAAGGGCTTGTAAACAGTGTAATCC
TTGACCTGGCGGTCTGCAGGAGCCAACAAGGCTTTGCACAGCACGGCGGGTGAGACGTGGCGACCCTGGGCCACTGCAATCATCCTCTTCAGATG
TGCTAGCTTATGCTTATTCCATAGCTCTCGGCTGTGCAGTGACAGCGAAATGGTTGCCATGAAAAGCGGACCATCCACCTCATATCCGCATTCCA
ACCACTTCTCGCTGGGCGGCGCCTGCAAATACGTCAGCAGAGTCTTGCTGTCTCTAGCCGCTGATCGCGACGAAAGCAACAGATAGACGGAGTAG
AAGAGCAGGTAGGGTACGAAGTGCATGTTCGATTGCGGACCACCTCCGCCGGCATCGTCATGGAAGCTGCGTTCCCAAGCAAATCGTACCAACAG
CAGCTTCAAGTCATGCACACTGCTGGTGTAGGAGATGTCACAGCGCTGGGTACTCTCCTGCATATAACTGCTGTGGCGGGTCATGCAAGCGGAGA
AGGCCGCCTCTCCAACGGCGGGTCCCCAAAGGGGCAGCAGTCCATTACATCTGGTGTTGGCATTTTGCAAACTAGCACGCTCCCATTCATCCCTG
CCACGTGTCAATCTTATGGCTGATGTGTGGCAGTCCACATGGACCACATTGAAGTGTGTGACGGTGGTATAGCCAATGGTTTTTCTCGACTTCAG
CTCAAACTCCTCGACATTGCAGCGCTTGGTGAAGGTGTAGATACCAAGCACCTTGTCTGGCTGGCAGGCGTAGCCTTCGCGACAAATAAAGCAAG
TTAGTCCTGTTTCGTCGCGCAGTTTTTCGATCTTCTGCAGGATGGAGCCCTTGGCCGTCACCTGGCCCTTTTCATTCGTGCGCATTCCCAATGCA



TCCAACTGTTTCTCGCGCGTGGCCATTGCCAGCCGCTTCTTCTCTGCCCTTGTGAAGTCACGCACTTGCTGCACCCTCGCTGCTGTCGCCGAATC
GGTGGAGAGAGCTTCCAAAAGGTTCTCGGCCAGACTGCCCACATGCTCATCGCTGGATACTTGTTCCAGGCGATGAATAATGGGTATAATGTCCT
TGCTAATAGCCACCTGAGTTGCCTCATGATGATTTGAGAGGCCGGTGAGGAAACGAAGAATATACTTCAAGCTTGGCCGCGAGATGAATTCTTTC
AGCTCATCGGAGTCGGTTCGCAGGAGAGTGGGCTTGACACAAGGCGCATGCTCGGTGATGTAGGCTAGCGATCGCTCAACGATGCCGAGACTTAC
TATGTAGTCCTTGAGAGTGCCGCCAATGCAGTTGTGCTCAATTTGGTTAGTCAGCACGCAGAAGAGTTCCAGCTTGAACTCTTCTTCAGGTGTGC
GCTCGTTGTCAAAGCGATTAAAGTTCAAAGTGTCCTGAAAATATAACAATATTAATCCTCGATCGTATAAGCAAGAAGTAACACCTTACCTTGAA
ATGCTCGCAAAGTAGAGCCATCTTCACCTCGTTGCCATAGACCAAAGCGGCTAGGACACGAATAAGATGGCGGAGCACCGAAGGATTGTTTCTAA
CATTGGGACAGTCTGTGCACGATATTAGTGCGCTTACATACTCCGGTCCACCGAATGTCAAGGAGAACTGCAGGAACGAGTCCAACGTATCGCTG
GCCGCCTTCGATAGTATTGTTTCCATGATCTCCAATAACTGCTCGGTAACCGCCGATTGAATCGAATCGTTCTCCGACTGGAGACACATTTGTAG
CACCTTAAGCAGCGTGTTGATGGCTCCGATCTCGGGTTGGCAAAGCACCTCTTGGCAACGGCGCACTTTCACACAAATAAGGAATAGCTTAAGCA
GTACCTGGATAAGTTCTCGGTTGCGCGATATGCGCTGCAGGCTGCCAATTCTTTCCAACATTACGCGTAGGCCGTTGCAATCAGCCAGCACATTG
GCCATGCGATACAGCTGCTCGGTGTCCACCTGCTCCTGGCTTTTGTTGTTCAGCGTTTCCACAAATTCCTCTGTGGCGTCTCCCAGGAGACCGCG
CATGCGATATACAATTCTCATGGCATCTCGGTCGCCTCCTTCAGCTAACCAAACTTTCTTGTAAACATCCTTAACGGGCAGATCCAAGCTTATTA
TTTTGTTGTTGACCAGCAATTCCATGCCGTTATCATCTTCCAACAGGGCGATTAGTTCACAATCCGTACAAATCTTATTCTTCACATCCCGCATC
AATGGACCCAATCCCATTTCACTCGAGGGGTAAGGATTACCCAGCATGCGACCTTGCAGAAAGTCCTCCTGCTGGGGATCTTTCTCTAATGTCAT
ATAGAACTCGCTTTCGTCATGCTCCTCGGGATGAATAATGGAATATAAGCGCTCGAAGACAAACACCGGTGTTTTAATGTCATTCATGCGGGTCT
TCTCTACGGTGTCAATAAGGATTTCCATAAAGGCACGTGTCTCCTCCTCGGTTCCGCTGGTCATATCCTCTAGCATCTCTAACAGCTTCTCCTGT
GCGTCGTCAATGAGTCGCGTACGCTGCACGACTAAGCTTCTTAGGGCAAGATAGCTTTCCAGAACTGGTCCTAGCATGCGAGTCTTGTAGGTTCT
GCGGATATTTGGACACTCTAGGAGTAGCCACAACAATTCCACATACTGGCGCAGTGCATATCCTAAGGATAAATCTGAAGAAAGCGAGTACTCCT
CCATGCGGTGCACCTTGCTGATTTCAATAGCCAGAAGCTGTGAGATTTGACTTAATACTCCTTTCAGGACCAAATACTGCAGCCAGGGTTGCTCT
GTGGCCATGTTCTTGTACAGCATTAAGTACTCTGCACTGGCTTCCCCTGCTTCGCCTACATGTTTCAAGAACGATGTCAGCATATTCAGAGCCTG
TTGCCGCCGTTCGTTAGTTCGGCTCAAGCTGCTCAGCAAGGAGCAGGCCAGCTGGCGACCGAATCTGGAGTTTGCATTAAATAGCAACGGTTGTA
TCCACTTGGCGTTGAATACAAGAGGTTTAATCACTCGTTGCTTGTCCAGCACACGTTCCCGCCAGCGTTTTCCGTACTTTTCGCTAAGGAATGCG
ACTCGCACCTCCCTCCTGCTCTTCGGCGGTGCATCTGATCCGCCGGATGCCGCCACATTCTGATCCTTGGCATTCTTTAGCTTAGCCTGGTTGTT
TGACGGCATCCGCTTGCTCCACGCTGCGTATTCATGATTACGGTCTGAGTTCAGCCAGGCCCTATAGTCCACCGTGTTGCCCTCAAACATCTTCA
TGCTACACAAATCTGTAGTGGCCACCTTCTGATTGGGCTTGCTGCCGGGCAGAACCGGGCAGATGAGATTCTGCATGATGCGCAGACAGGGGTGT
AGTACTGCTGTTACCGGACCACGAGGCAAACTGTAGAAAGAATTTAAATTATATCACATTTATATTATTTTCTAATATAAAACTTACCGGCAGTT
GCTAATGAACAGCTCAAAGATGACCTTTAGCTTGTATTCCCAGCAGATGTCGTCCTGGCCCAAGAGCACCTCCAAAAGTGTCATTTCTTGGTGCA
CAGCTGCCTCTAAACTTATCAGAGGAATCGATCCCATCAGAGCATTCTTCACCCTTGTGGTCACCAACTGCAACAGATGCATGCATGCCTCGGCA
TTATCCTTAGTCAGTACGACCAACAGGTTGCGCACTTCCTCCTGAATTAGGGGAGTGCCTCGTCGCAGGTTGTGCTCAGCCAGTTCACTGACGAG
TCCCTGACTATACAAGCACACGCGACAATCGTAATTGTAAGCCATGGCTCGCAGAAGCGTCAGACACTGCTCGGTAGATGCCAGTGCACAGCCGT
AGCAGCGATTTGTGGTGGGATTTTCGGCACCGGTTGTTGAGCCGGGATTAACCGGCGGCTGGTCCTGCTGTTGACGATCGTAGGCCACTAGTTCG
CTAAAATTAAAATTATTATTAGCCAAAAATTATAATTTCTAAATCAGTGATAGTACCTTCGACATGCCTTGACCTTCTGAACGATCTTGCTTAGC
TCCTCGAAACTGGTGCGCGATTCCACACAGTATTTCTGGGCGAGCAGCTGTATAATCTTGTTTACTTGAGAAGTGCTGTGCACGCTGGCCATGTT
GTCCTCGACCATTCGATCACTGCTACGATGCTCGGCCACCTTTTGAATAAGAAGCTCCAGCATTTGCTTGTTGGTCAGCAGCTGGCGGTAATTTC
TATCGGCTCGTTCTAGGGAGCTGTGAATCAGTGAAACAGTCTTGACCCTATCCTCTGCCGATTCTATAGGATCAACAGCGCAGCAAACACGGGCA
TACATGCTGAAATCAAATTTGGCATATTTGCAGAAGCCACAGGAGTGGCACAGGAACGGGTCCTTCTCATCGTAGTTAATGGCCCGACATTTGTG
GCACTGGAACACGTTCTCACCGCAATTTCCGCAGACTCCCGGATAAGCCGGCACTGCTGCACTACAACGTGGACATTGTAAATTCTCACTGGATC
CACTCACAGTTTCAAAGAAATCAGCAAACTCGATCATCAAATTGCATGCGGTGATTGGTAGTGGAAAATCGATCTTCAGTTCGGTCTGTGCCGAT
TGCAGGGATACTGAGCGAGCTTTGTGCCACAGAGCTGGGCGATTTTTTAGCTCCACTACCGCCTGGACACTGCGGTTGTTGTAGTAAACATTAAT
GGTTCTCACCATCTTTGTCCGCTTTAAGTCGGCAATCCGCACGATCAACTTGGAAATAGTATGGCATTGGACTAGCTTATAAATCATTGTGGTTG
TGGTGTACTTAGAGTCTGATTTAACTGATGGCAACTTTATATTAGCCATCGGCACCTCTGGATTGTTGCACACTAAACAAGGTTCCGATTCTAGG
TAGTAACCATTTACTTGAAGTATAGACTCCAAGGTGGTGTATATTGGGGCATTTGGATGCTTGCAAAGCAGTTCGTTCTGCTGCCTGAGAACATC
CACAGCGCGGGAAACGAACTCTGGCAGTCGTTCTGTTATACTTCTGGTACTTAGGGTTAGATACCCCAATAGGTCGACAAACTGCGCTGTCCTAC
GACCGTAGGTGGGCACCAATGGCCACAGGTTCCAAAATATGTTGAGAAGTTTCTCACGCTGCCGTTCATTGGCATGCTCAAAAAGTCCGGTCATA
AATGAGTGGGCCTGCCATCTCAGCTGAGTAATGTTGTTCTCCAACAGGAATATTCGCACAAATCTGATTATCAGCGCATCGCATGCGTATCTAAA
GATCTGGTGCACAAATGTACCACACTGGGCTGGATCAAACTTGGAGTAGTAGGCGTCTGTATCCTCGCTCTTCTCACGATCTGTTCGAAGTTTTC
CGGAGGCAGACGAGGTCGATGGCTGCGGCTGGGCCTGCTTAGATCCACTAGGAGGGGGTAAGTTGCAAACGGCCGCCTGTAGCAATTGTATAATA
ATAGGCGACACGCCATCATCCAACTGATAACAGGCGATTTCCATCAGCATGGCCAACGCATCTTCATGGACGACGCAGAACTTCTGCCAGTTGCC
CGTGCGCATTTGGCTTATCTCCTGGCAAGTACGTAGGTGTTCCGTCAACTCTACCAGTGCATCGTATGAAAGCATAGGAGGATTAGCGTTGTAAG
GAGCACCAGTCTGAATGCAAAAATTAAAGAATATTAATATTTAAGATAATAGTTACAATATACCAAATCACCTTGCTGCTGACAATGTTGCACAC
CCGCTTGACCACCCGGAAATGAGCGTCGAGGGAGTGACCGTCGCGATACATGCGGAACTTTTCCTTGCTGCCGCAAATGTACATCAGGAGCTTTC
GCACTTGCCGACGAAGCAGTGTGTTCAAATTTAGCATCATGTACTCACAAAGTGTAAAGGTCATCGCTTCGCAGAATCCACTATCGTAGTTATCC
GGATGGGCGCTACTTAAGCGCAGAATTTGATATGGCAATCGCACGATAATTTCAGTTAGGAGTCCATCGTAGGACTCGAAAATATCCGGGTAGTT
TTTCAGATAGTTGTGCGGTATAAGTATGGATATGTCAGGTTTAGGACCATGTTTAATGGGCTTCAGTAGCTGAACTCCGGGACCTGAAGCTCCGC
CACTGGCTTGTGCCGACTGTGAGGCTAATCCGCCACCGGCTGCATAAGGATCTCCTAGCACATTCTTCCAGTGCACCAGTAGCGTGTTTAGTGCT
TCTAGGGCGTAAACGAATGCTCCACTCTTACTGAGAACATTTGCTGTGGTACTGGCCACAAAGGAGCTATTGTCCTTAAATTGATGCGGCGGCGA
TGTTGTTCCAGTTTGCTTTGACTTTGTTTTGCCCATCAGAACTCCGAACAGGGAAAGCAATGCGAGGCGCACCTCATTGCCAGGACACTTTGTCT
CCATCTGCAATTTAAATGTTTAGATATATTTTATAGAATAATTTTTTATTTACCCTTGCGGCAGCTCCTCGCTTTCCAATTTCCACATAGTCCAC
TAGAGCAGTAAGCAGATCGTGAAGCACTTGTTGATCCCTTTCGTTGTTTCCATTGAGATCGGTAGTCAACATGAGTATAACCTGGATCAGTGGGA
TTGCCTGCAGGCCATTGCACAAGTCGAATGTTCCTAGATGTTGGATAATGCTCTCCAGCACAGCAATTCTATAATGGAACATAATTGATATACCC
TAACAGCATATGATATATTTTTACACTTACCTAAGGTCATGTAGCTTGCTGAGCTTATCGTCCTCGTTTGCTTCATTATCCTCACTGCTGCTCAT
GGCACTCAAAACAGCAACACCACCGGAGCCAGCAACGCCACTGGGACCTGGCTGCTCTTGATCGTCCTTGGTGGATCCCTGACGCGGCGGCGAGG
CATTCGCGTGGTCGCCAAAGTTGCTGCTCCTGGCGGATGTTCCACCAATACTCTCTACTCCACTGCCTCCACTCTCTGATCCACCGCTGCCAGCA
GGCTCTGCTGGAGAAGTACGCAATGTTGATCCATCGGTTGCCACATTGGAACCTTCATCATCATCGGATCCACCTAGGGAGACATTGGCAGCTGC
GTTCACAGCTGCTGCCATGGCAGTAGCTTGACGGATGCCCTGAAGATTGGCCAATCCTTGCTGAAGAGACTGCAAGGCGTTTGCATCCCCACCGT
GCTGTTGGAGACTCAATGCGATGGCAATATCCATGATGGCCTCATCGTCGGCATCTTCGGGTAGGCCGAGTAAGCGAGGGAAACCGCCACCCATG
AATGCCTCCAGATTGAGCATTTGCTGCTGACCGACTCCTCCTACTCCAACTGCAGCACCTTCCGCGTCCGCATTCGGTTCGGGTAATCCACCTCC
TCCAACTGACCCATCAACAACAACGCCAGCTGCTTCCTCGATGATATCACTTGCAGCTGAAGAAGCCGCTGCTTGCAGTGCCTGCATGGTAGACG
TTGAGGGAGTCGGTGTTGAACATGCTGGGGGTGTAACTATGGCCACCTTTCTGCGCTTCATTCTTGGACTAAGCAAAAGGATCAGGGCCTCTTTG
GCGCTGTGGCTAATCACGCTAGCATCATGCTTCAGCAAATCAATGAAGTACTTGGTCATGCGACCAACCTGTCCGGGATCGGCCAAGGCAAATCC

FIGURE SHEET 711



GTACATTATCTCTACCAGACAATGGACAATGGTCTCCGGCTGGCACAAGCCTCGCTTCACAATATTCACGGGTTCGTCTAGCGTCGGTGTAACCT
TATGCAACTCCAAGACAATTCCCATGAGGGTTGGAACAATATCATAGTTGTTCTCCACGCAGATCTTCGCTAGCGATTGGGGTCGTGCGTTGGCA
ATGCCACGGACCATCAGAACTAGGCGGTAGAAAGCCTCAGGGTCGATCTCCCGCAGAGTTTCAAGTTTTTCAAGCTTCGGCTGCATTGACTGTAG
TTCTCTATTTACAAACTGAAGAAGCACTCCATCCTTGTAGTTATGGTACAATGCTCTAGTTCCGTATAGAGTGGCCAGCACGTAGCGCGCCTGGG
TCTGAACAGGATTGGGCGTTGGCAGTAGCAATAGGGCACTCGCTGTTTTAACTGCCTTTTGACGCATAGAAGCAGGTACTCCAGATCCCAACAAA
TGCAGTGCACAATCCATTACTTCCAAAAGGTGATTAGCCATTCGATCCAGCTGAGTAATGCAATTGAATCCTTCTCCAAAGTTAGCGCTACTTGC
CTGGGAGGAAGATACTGCTGGCGCACTGGATCCTGGGACAGTAAACATCCTCGCTTTCGTCGGGCCAGCCCACCAGCTCTTTCGATTTTCCATATA
CCTCAATGCAATCCAGTAATGTCACATGCTCCGGATCTGGAGCTTTAGCAAACACGACTTTCAATAACTTGTCGGACTGGAGCATTTCTTCCCGG
GTCAGGGGGATATCGAACCAACGTGCCCTCCTGACCGGTGTGGGTATAGTACGTCCCAGAATAGTCACAGATTGGGGAGCACGCTGTACGTCCTG
AGTTCCAATTAACACTCTTATTCCCACGATTACAACATTGGGATCATTATTGATCACCTCCAGAGTAAAGCCATTCGATCGGGTGCTGGCCACAA
ACATTCCCGTTGAGAACAGACGCGTCTTTAGTTTTTGTTTGTTGTAAATCTGGAGCAGATCGTTGCCTCCAAATTCCACATCGGCTAGCATGTTG
CAGTGCTCGAAAAAGTCAATTGGGAAAACGGGCTGACCTCCAGCTGTGGGTTGCTTCTGTTGTTGGCTTGCCTTTCTGCTGGTCATCTTTCCAGA
TGCTGTATTTGATTTGGACTTTGAAGTCGAACCAGATCCACCTCCCTTAGCCATCAAGGTGGACGAGTACAACTGATTACCAAATGGCTGAACCT
GTGGCGATAGCCAGAAGCTAGTGTATTCTGGTTGAGCGGAAAAGATCCTCAAGCTTCCATCCTCGCAGAGGAGCAAAAGCGTAGTTTTTCCACT
CCGGCAACCGCATGACGAATGCCAACAACGTCCATGATTCGTGACTTGGCCGATTGTGCCTTGATCTCTTGCAGGTAAATCCGTTCAGGGGTTAT
CATCAATATAATCGGATTATTCGATGTCTGCATGCTGGCGTAAACCAATCCTGGATGCCCTGTAACCTCTGTCCACTGCACGAGAGGCTGTAGTG
GTCCCTTCGAAGCTGACTTACTAGCCGAATTTGTGTCCAGGTGATATATTCCCTTCACGCCTTCACTTACATTGGTGAGTGGTGAAAAGAAGCTC
CTTCCGCAAGAATAACTGTAGAAGAGCAGCTGTAGGGTATGCGAATAGTAGATGGATACTCCACCGCCTCCGATATGACCGGCAATATCCTTGAT
ATGTTGGTGGCTCAGCTCCAAAGTGTTGGTTACATAGAAATCTCCATGAACCGCTAGACTCTGTTGATCCAACTGCTGAGTATAGATGTATCCGC
TGCTTGCAAAGGTCAGCATATTGTAGTTGCCATCCTGGTACACAAACGTGCAATCTCTAATTTTGCCAACGGCCACTAGGTAATAGTACTTTGGG
CTATATGTATCCACTGCCAAATCGTAAATCTTTACATAATCCGAAGTTACAACGGCAAGAAGAGTCTGTGAGCCAGGCAGCCACACAGCTTTCTT
GATGTAGTTTCCATTTTCCAGTTGGGGGTTCACTACTATGTGTTCGTTAGTACTGCCACTGCTTGAGAAGGTGAGAATGTGACACTCTTTTAGGC
CACAAACTGCAAGGCAATCCTCATTGCACGGATTAGCAGCTAGGGAGATAACCGTGCAGGCAATGGGTGCAGAACTCAATTGCGTTAGAGTTAAC
TTTCTCTTGGAGGCATCTGCTTGCTTCAACAGTGCCGACAGCTGGAGGATGGTCACCTTTCCCTTCTCATGGGATACAGCCAACTGTTGACGACG
TCCATGTGGCGAGGACAAACAGCAGAAGGCAACACGGCGGACAACTCCGGATGATAGTAGGTGCTTTATAGTCTGACCTTGGTCGCCAGAATAGT
TCATTCGAACATTCTCAAAAGCTCCCTCTTGTGAGCCCAAAGTTGCAAACATCAGTTGATCGGTTACCTGGAAGCTCTGTTCAAGCAGGTGGAGT
CTCTCCAAGGCCGCAGTTGCTCTCTTGTGGCAGCCGACAATGGAGTATAGCATACAATTTTCGTTTATTGATGGTAGCAGCAGGTCAAAATACTC
TAGGATGCATCTTACGACCAGCAGCCACTGATCCTGGTGCTGAAGTGTCTCTCTGTAAGGTTCCAACAGTTTGGTAAGTACTGCGATCCGTTCAT
TAGTCAATGAATCCTTTCGCGTAAGTACTGGCTGGCCAACTGGTAAGCTGCTCCTCTTCTTTCCAGCGAGTAAGCTCATGTGGGACGGTAGATAG
CTGCCAATTCCAGCTGAATCTCTAACCTCATTGCTGCCGATACGCCTACTCAATGCCTGACAGGATCCGTCCTCCTTGGCTCCGCAGTCACAGAA
GAAATTTCCATATTTGGCGTAACTGACATCATGTCCCTTATGGCAAACCCTTGCGCACACAGAACAGACGCCAACTGTGTTTATCATGTTGCAAG
TATGACAATGATACCAATGTTGGTTCATGAACTCCTTTTGGGTCTGCGAGAAGGTACACAGCTTGTTGTTCAACGTGTCCTCGTCGGAATCGTCA
AGCAACGAGTCTTGCTCACCTTCCTCGGCTAGCTCGTCATATAGCTCATCAATATCGGTCTGTAGTTCATCATCCCACGGCGGGTTATGTTGCCT
ACTGCCTCGGAAGCCAATGCTCTGAAGAAGTTCGCTTAAATAGCGCAACTGGGCACTTACGTTCTCTGCATGTTTCAAGTGTTTGTCCGGTAATT
GCAATTTGGCCAGTTCCAGCCAAAGGAGGGTGGTATTGAACAAGGCGACATGGCCGCGTGCTGGACTGGCGTCAGCTAGAGTAATCATTATCTGT
AGTACATCTGCAAAATCGCAGCCTTCCTGGGGTGGTGAAATTAATGTTTGTCCGAGCTGAAGCAAAGCTTGGAACAGTGGTGGAGCTATCTGCGA
TGCTTTGCTTTGATCTTTCACCAATGACTTCACGAAGCTTAAGAGCAACGCGCCATTTCGTTCGCTATCACTATGATCGCAAGCCTGTGAAGATT
CTTCCGACGGATTTGGCTGCGCAGCCTGCCACAAACTCAGAATCTGCGAGGTATTGGCTGCAGCTCCTCCGGTTCCTGGGTTACTTTCTCCGCCT
CCCGCTGCAGTTCCGCAATCGTATTCAATTTCCATGGGATCCAACTGGTCTGAGATACTTGGCATAGCCGAAACGGTGGCCATATTTGTTGGCGT
CTGAGCATTGCTGCTGGAGCTACTCGACGGCTGCAAAATGCTGGTGAGCATCCGGCAGGTGGTGTCTAATGCCTCGGAGGTGCTTACATCGGTAC
TCACATTAGGGCCGTAGATAATGTGGCCCAACCATTGCTTTAAACGAGCTACGTCAACTGTGGCCAGTTCCGAGAAACACTCAACCAGATCTTCA
TGCTGGAACTGTGAATCCGCTTGTAAGGATAGCTGGAAAAGTCGGTTAACAAATTGCAGCATCTTGCGCGCATAGCTAACAGGCAGACTGGTGCC
AGTGAACGATAGCAAAAGTGTGGTAAGACTCCCAGAGCGCTGATCTTTGAAAAACTGGCGCATGGCCTGAACTGCCACCGGCTTTTCCAGCATTT
TGAACATAGTTTTAAGCACGGCAAACAGCATGGACTCGTTAAACATAGCACGATCCTGATCAAGAGGAGCTCCGCCACTAGGCCCCGCAGACTGG
GGCTGACGAAGATCGGCAGCAAACTCTTTGAGCATGCGATAGCAATATCCAACCATGTGCTCGTAAAGCAGCAGCTTTTGTGCCTCTTGTGTCAG
ACCACTGAGGATCTCGCGCAGACAATGCTCGCTGTGTCCTTGCAAGTAATCCGTTCGCATGTCCAGCATTGAGGAGATAAGCAATTGCTTTAGCT
GAGTCTCTACTTCTGCGTTCGCGGTGCGATGTGGTAGCAGCAACTCAAACAATTGCAGGATAGACTTTAAGCAGTGTTTCAGAGTGTGCAGGGTA
GAGTAATTGGATCCTCGTGTCAGCTCAATAATGTGAGCATCAATAACGTTCAAAATATATGGTTCCACCGGATGTTGCTTTCCATTGAATGCAAA
ATCATTGACCATTAGGCACTTTGGCCATTCGTTTGCTATTAGTTGTTTGTCCTCGTTGGGCAGGAGTTTTAGAAAAGCTGCATGGAGTTCTAACA
TAATTGCTGGCTTATCGCTTACAATGGGCACAATCAAATTCAGTGCCTTCTCCGGTGTTGAACTTGACAACTGCTTTAGCATTTGGCCACGCACG
ATCACCGAAAGCAATTGGTAAGAATTCATGAGCTTTACCATTAGCTCGTTTACAAGTTGATTATACTTTTGCAAATCACTTGACAGCTTACCGTC
GTCGTCTTGTTTCAATTTTTGATCATCAATTGATTCGTTGGAAGAATAAAGTTCCGGATCGTTTGACGATGAAGTTAAGGATGTACCAGCGGACT
GCTCGCCAGCGGCATCTTCGCTCTCTTTTCGCGGCCACTTGAGGCCCTCCTTGTTTGCCCAGGCTACCGCCTGCATGTGCGCCACCAAAGAATCA
AAAAGGATGAGATCGGAGAGGCGGGGAGTTCCTGCAAAATGAATATTTTCAATACATTGTGGTTTGTTTTTAACCATATTATAAGTTTTTTAGTA
CTTACCATTTCCATTCATTTGACTATTGAACGCCTCCACACCAAGAATTGTTTGCTTGAGACTATATTTTATATCGGCACCTATGTCGCCCACAT
GAGTCCACAACGTCTCAGCGTACTGGGTATACATTCCCTGCTTGATTAGGCTGCTAACGACTAGGTAGTGAGAACTGGCCAGGGGTAGACGTATA
CTCCACATCAGTGAGTGCAGATTGGGTGATCGCTCTGCCTTCAGCGACTCTACGTGAGAAGTAGAGGGCGGCAAACCCAAATTCAGCTTCCAGGC
AATCGTAAAGCAATACTGTATAGCGCAAAGATTATGCATGCTCGCTTCCTTGTCCTTTCCTTGGAATACATTGACATGTCGGTGATGGATAGTA
TGTCAGTCAATGCATCCACCAGTAGCGGATATTTAAGCTTATCCGGTGTGCAGAGAATAAAGTTCCAAGCCAAACCATCCAGCTTAAATTCCTGA
GCCCAGTAGGATATCTCGGGATCACCCATTACCAGAGAGTAAAAAGTTGGGCGAATTGCTAAAAAAAAAAATCAAGATGGTTGAGTATCGCTGGAA
TTGGAGATTAAATTCTCCACTTACATGAGCCATATTCGCCGGCCGACTTGCGGAAATTCTCTTCAATATCATGGCGGCAATAGGAATTCAGTTTG
GTTCGGCAGTTTAGCAGATCCGTGATCTTTTGGGTGTCCGGCATGCTGCTCACACTAAAAAGATTCCAGCGCACCTGGTCTAGCAATTCCGGAGG
CGCATTGTACAAGTGCTTCATAAGATACTCCAAAAAGAGCAGCAAGCGAGACAGCAGCATAATTTGGCTGTTTTTTACGGGTCTATCCTCGCTGA
TTCCACGACAAACTTCTGCGCAACGGATAACACCGCCAGCCGTTAAAAGCAGAATGGATTTCTTTTGCATCAGATTGAGCGAATGAAATAGGAAA
AGCAGCAGTTGGGCGTGCTCAATGTTAAGGTCTTCATAGTCAGAATCACTGGCGGTATTCGAAGAACAAACTCCTTCCACCAACGTGTTAATAAG
GCGGTGCCACACGGACAGGCAGGCGGCTTCCTTCTCTTGTGTTGGCTTCAGCAAAAGAATTTGCACCAGTACAGACAGAGTACTCGGATAAACTT
GTAAAGGCCAGGTGTTTGTATCAGTAGACCATGGCGATATAGACAAGTGCTGCAGCAGATTTGACTGCAATTGCTCGGACAGCAATGAAGTGGAA
ATCAAATTGTGAATATATCGGCCTGCAGCTCCCGAAAATCGAATCATCGACGTCTGCCACTTGGTAGAAGCTCCTGCAGAGGTTCCTGCTCCTGC
ACTGGCAGCTGGGGCATTTCCCGACCCCTGATCGCTCTCATTTCGCATCACGTCGCGGTCAAAATCTTTGATTATATTTGCCATTAACAGCATTT
GCTGATCACTAACGCCTGCCTTTACATAGCGCTGCATGTAGGCATGTCGATTGGCCAAAAATTGATCCAGGAAACAGAATATGTCTGCGGCCAAG
TCTAAATACTCATGTGGCTCATCTAGCTTGGGGACAAGGGCGCTCTTCTGTTCAGCACGCTCTTGTGTGGATGTGTTTGCATTATCATCATGGGT

FIGURE SHEET 712

TTCTGGAGAAAGAGTTTCCTTAAACCAGTGGCCCAGGTAACTCTCACTATCGTCCTCCTCGGAGTTGTCCGAACAGGAGAGAGAATCGTTGAAAT
AAGTCGTAGAATCTGAGTAGCTTATGGGTTCGCATTCCGTACGATCCTTGGCGGAAGCGCGCTTTAAGGTGCATGCCTTGCGATAAGCCACAGTG
GCTAGAAAAGTGAAAAGTTGATGCAGAGTGGCTGTATTCAGCACGCGGACAATCCGCTCCAGCGAACTGTAGTTCTGCAAAATATCGAACTGTGC
AGGCTCCGGGAGCTCTGTGGATTCGAGACTCTGTCCGCATGCGGCTTCAACCTTTAGATCTTCTATTAGCTCTGAGAGCAATTTAATGCTGTGGT
TAGCAATAGCTGCATTGAGTTCTCCAAATCCTTGCTGTACCTTGAAAAGGTTGACTCTGGCAATAGGTGTAGTAGGTGCGGTTCCAGCCTCACTA
CCAGACTTGGTCGCTTTTGACGCCGACTTCGATGCCGAATCCGAGCTAGATCCACCGCTTCCAGAGGCGCCCATTGCTCCTTGTATACCGCTAAT
TAGCAGCCAGCTGCCATAGCAGAGATGGTTCTGATATACATGAATCCTGGCCGAAGTTTTGAACATGTGACCAATATTGGAGTAGATCTCTAAAG
CTTTGTTCACTATGCTACAGGCCTGATCCTCAAAGTCGTCATGGTCTTTGTTGGATTGCCCACCACTAGAACCTCCTACTCCGCTTCCTTGACTA
GTGGATGCAGTCTGTTTCTGAGAGCTGCTGGCCTGGCTCATACCGAGAACACTGGTGGCTATTGAGGTCAACACAGCATTGTATAGCGCAGCAAT
ACCACACATTGATAGTCGTTCAATTCTACTGGGAGTCAGTGGCTGCATCTCGATCAGGGCTTGGGCCTGACTCAAAATAGTCAGATCAGTAAGCA
TGTGATTCATGCTCGATTTCACTGCAGTGGCCTCCACTTGGGTCAGTGGCAAATAAAGCGATTTACCGCCGTTGATGGTCTCCATATATTTGGAT
CGGTATCGATTGAGTATGGGCAGGCTCACACACACATCCAGCAGGGTATCCACTCCGTTTTGCTCCTGGAAGTACTCCACATTGGCCGCCAGGAT
TTGTTCCTGAAAGAAGTAAGCTTTTAATATTGCGTATCTCGTTTTTAAGAAAATATAAATTTGCTCATAGCTAATAGTTATACACAACTTCTAAA
TTGATCGAGTAGGATAAATATTTTCATTAGATAGAATATTGCATTTTAGTTTAGTTGTGTAATATATCCGTACCTACTCAATTCAAGAGTAATTT
ATAATAATAACAGACAAATATGACCGATCTTAGGGAAGCTATTAAAACAGGAGTTTAAGTTATTTGCTCACAGTGCAGTCGGTGACCTCCTCGCT
GAGTGGAACCCAAGTCATCTTGCCGGGCTCTAAAGGAGCAATCAGTTGCTGCAGAATAACCGAGGACAGGTCCGACCGGGATCGCTTAATCTCCG
ACTTGGGCGACTCCTTGTCGTTGCTGGCCCCACTTCCGGAGGAACTGCTGCTGGGCATAATGCTCTTGGTGGTCGACTCGGGATGTTTGCAGCTT
TTAAGAACATTAGCCACCGCATTGTAGTCGAACATGGATGACGACGCTGATGCTGGGCACTCCCGGCCCTCGCAGAGCATCTTGAGGGCGCCCAG
GAGCCACTTGGTCTCGTAGACGGACACCCTGGGCAGTCTATAGATAATAAACCGGATAAGCACGGCGGTGGCATCGTGCAACTGACAAATCTGCG
TCTGGCAAACTGAAAAGCACCAAGATGATAAATGTAGCGAACGCGAATTGGCGCAAGTGAATCACTCGATTCTTGGCCAAACATTTCTTTGTTTT
GTTTTCATTTGGCGAAAAATCATTAGGGTGCACTTACTTGTCTTGATTTGCATAAGTTTGTCCGCCGCCAGGGCCGCAAAGGCCGTGTAAAACTG
CGTGAAATTGCTTTCCTCCTCGAAAAAGTCATGTTCGCTATGCAAATATCGGAATAGAGCGTTGTTAGTTCTCGATATTAAAGAATTTTCAAAGC
TTTTTGCTATTTCGTCACCGGAGCGGCCATATTTAATTTTGCAAGTCACTTTTTGCACTAGCAGAAAATTTTTCACTACGCCATTCGGTAGGCGA
AAAGTTCTAGATGATCGTTTGTACTTACCATCGCGTGATAGCTTTGAGCAAATTAACAACTTCGTTCTTGTTTAAGGCTCCTGTACGGTTAAGTA
TCAGGGCTTTAACAACGGAATTCCAATCCGTTCCGCCGCTGTGGGCCGACATTATTGTTTAAATAATCTCGTCAATTTGCCCGATAGTACTGAGT
ACTCGGCCTACTGTGTGGCCAGATTTCATTAACGGTAAAATGCCGTGCGAGCAGGGATACCACACAGCTTTAATCATTATTCCAATCAGCTGTTT
TAAAAATACATAAAAAAGTAGTGAATAACCAATATATGAAAAAAACTGTACACTGCACAAAATATATATATATATATATATAACTATAATATT
TTAAACGTATTTGGACAAGCTAATAAATGTTTTGTTTATTCGTCTAAAATATGTAAAGCAAACTAGTGATGCTAGCTTTAAAATAATGATTATTT
AATTATTAAATATTAGCGACATATGTATATTTTTTTTGTTTAAATTATCTTCTAAACATCTTAATCGGCTGCAGGCTC
(SEQ ID NO: 1339)

Exon: 18222..18079
Exon: 17897..17803
Exon: 17679..17267
Exon: 17011..14845
Exon: 14783..14256
Exon: 14186..8201
Exon: 8143..7939
Exon: 7889..7197
Exon: 7135..5472
Exon: 5415..4933
Exon: 4875..2940
Exon: 2884..1288
Exon: 1224..1001
Start ATG: 18197 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT34171
AATTGACGAGATTATTTAAACAATAATGTCGGCCCACAGCGGCGGAACGGATTGGAATTCCGTTGTTAAAGCCCTGATACTTAACCGTACAGGAG
CCTTAAACAAGAACGAAGTTGTTAATTTGCTCAAAGCTATCACGCGATGCGAACATGACTTTTTCGAGGAGGAAAGCAATTTCACGCAGTTTTAC
ACGGCCTTTGCGGCCCTGGCGGCGGACAAACTTATGCAAATCAAGACAATTTGCCAGACGCAGATTTGTCAGTTGCACGATGCCACCGCCGTGCT
TATCCGGTTTATTATCTATAGACTGCCCAGGGTGTCCGTCTACGAGACCAAGTGGCTCCTGGGCGCCCTCAAGATGCTCTGCGAGGGCCGGGAGT
GCCCAGCATCAGCGTCGTCATCCATGTTCGACTACAATGCGGTGGCTAATGTTCTTAAAAGCTGCAAACATCCCGAGTCGACCACCAAGAGCATT
ATGCCCAGCAGCAGTTCCTCCGGAAGTGGGGCCAGCAACGACAAGGAGTCGCCCAAGTCGGAGATTAAGCGATCCCGGTCGGACCTGTCCTCGGT
TATTCTGCAGCAACTGATTGCTCCTTTAGAGCCCGGCAAGATGACTTGGGTTCCACTCAGCGAGGAGGTCACCGACTGCACTGAACAAATCCTGG
CGGCCAATGTGGAGTACTTCCAGGAGCAAAACGGAGTGGATACCCTGCTGGATGTGTGTGTGAGCCTGCCCATACTCAATCGATACCGATCCAAA
TATATGGAGACCATCAACGGCGGTAAATCGCTTTATTTGCCACTGACCCAAGTGGAGGCCACTGCAGTGAAATCGAGCATGAATCACATGCTTAC
TGATCTGACTATTTTGAGTCAGGCCCAAGCCCTGATCGAGATGCAGCCACTGACTCCCAGTAGAATTGAACGACTATCAATGTGTGGTATTGCTG
CGCTATACAATGCTGTGTTGACCTCAATAGCCACCAGTGTTCTCGGTATGAGCCAGGCCAGCAGCTCTCAGAAACAGACTGCATCCACTAGTCAA
GGAAGCGGAGTAGGAGGTTCTAGTGGTGGGCAATCCAACAAAGACCATGACGACTTTGAGGATCAGGCCTGTAGCATAGTGAACAAAGCTTTAGA
GATCTACTCCAATATTGGTCACATGTTCAAAACTTCGGCCAGGATTCATGTATATCAGAACCATCTCTGCTATGGCAGCTGGCTGCTAATTAGCG
GTATACAAGGAGCAATGGGCGCCTCTGGAAGCGGTGGATCTAGCTCGGATTCGGCATCGAAGTCGGCGTCAAAAGCGACCAAGTCTGGTAGTGAG
GCTGGAACCGCACCTACTACACCTATTGCCAGAGTCAACCTTTTCAAGGTACAGCAAGGATTTGGAGAACTCAATGCAGCTATTGCTAACCACAG
CATTAAATTGCTCTCAGAGCTAATAGAAGATCTAAAGGTTGAAGCCGCATGCGGACAGAGTCTCGAATCCACAGAGCTCCCGGAGCCTGCACAGT
TCGATATTTTGCAGAACTACAGTTCGCTGGAGCGGATTGTCCGCGTGCTGAATACAGCCACTCTGCATCAACTTTTCACTTTTCTAGCCACTGTG
GCTTATCGCAAGGCATGCACCTTAAAGCGCGCTTCCGCCAAGGATCGTACGGAATGCGAACCCATAAGCTACTCAGATTCTACGACTTATTTCAA
CGATTCTCTCTCCTGTTCGGACAACTCCGAGGAGGACGATAGTGAGAGTTACCTGGGCCACTGGTTTAAGGAAACTCTTTCTCCAGAAACCCATG
ATGATAATGCAAACACATCCACACAAGAGCGTGCTGAACAGAAGAGCGCCCTTGTCCCCAAGCTAGATGAGCCACATGAGTATTTAGACTTGGCC
GCAGACATATTCTGTTTCCTGGATCAATTTTTGGCCAATCGACATGCCTACATGCAGCGCTATGTAAAGGCAGGCGTTAGTGATCAGCAAATGCT
GTTAATGGCAAATATAATCAAAGATTTTGACCGCGACGTGATGCGAAATGAGAGCGATCAGGGGTCGGGAAATGCCCCAGCTGCCAGTGCAGGAG
CAGGAACCTCTGCAGGAGCTTCTACCAAGTGGCAGACGTCGATGATTCGATTTTCGGGAGCTGCAGGCCGATATATTCACAATTTGATTTCCACT
TCATTGCTGTCCGAGCAATTGCAGTCAAATCTGCTGCAGCACTTGTCTATATCGCCATGGTCTACTGATACAAACACCTGGCCTTTACAAGTTTA

TCCGAGTACTCTGTCTGTACTGGTGCAAATTCTTTTGCTGAAGCCAACACAAGAGAAGGAAGCCGCCTGCCTGTCCGTGTGGCACCGCCTTATTA
ACACGTTGGTGGAAGGAGTTTGTTCTTCGAATACCGCCAGTGATTCTGACTATGAAGACCTTAACATTGAGCACGCCCAACTGCTGCTTTTCCTA
TTTCATTCGCTCAATCTGATGCAAAAGAAATCCATTCTGCTTTTAACGGCTGGCGGTGTTATCCGTTGCGCAGAAGTTTGTCGTGGAATCAGCGA
GGATAGACCCGTAAAAAACAGCCAAATTATGCTGCTGTCTCGCTTGCTGCTCTTTTTGGAGTATCTTATGAAGCACTTGTACAATGCGCCTCCGG
AATTGCTAGACCAGGTGCGCTGGAATCTTTTTAGTGTGAGCAGCATGCCGGACACCCAAAAGATCACGGATCTGCTAAACTGCCGAACCAAACTG
AATTCCTATTGCCGCCATGATATTGAAGAGAATTTCCGCAAGTCGGCCGGCGAATATGGCTCATCAATTCGCCCAACTTTTTACTCTCTGGTAAT
GGGTGATCCCGAGATATCCTACTGGGCTCAGGAATTTAAGCTGGATGGTTTGGCTTGGAACTTTATTCTCTGCACACCGGATAAGCTTAAATATC
CGCTACTGGTGGATGCATTGACTGACATACTATCCATCACCGACATGTCAATGTATTCCAAGGAAAAGGACAAGGAAGCGAGCATGCATAATCTT
TGCGCTATACAGTATTGCTTTACGATTGCCTGGAAGCTGAATTTGGGTTTGCCGCCCTCTACTTCTCACGTAGAGTCGCTGAAGGCAGAGCGATC
ACCCAATCTGCACTCACTGATGTGGAGTATACGTCTACCCCTGGCCAGTTCTCACTACCTAGTCGTTAGCAGCCTAATCAAGCAGGGAATGTATA
CCCAGTACGCTGAGACGTTGTGGACTCATGTGGGCGACATAGGTGCCGATATAAAATATAGTCTCAAGCAAACAATTCTTGGTGTGGAGGCGTTC
AATAGTCAAATGAATGGAAATGGAACTCCCCGCCTCTCCGATCTCATCCTTTTTGATTCTTTGGTGGCGCACATGCAGGCGGTAGCCTGGGCAAA
CAAGGAGGGCCTCAAGTGGCCGCGAAAAGAGAGCGAAGATGCCGCTGGCGAGCAGTCCGCTGGTACATCCTTAACTTCATCGTCAAACGATCCGG
AACTTTATTCTTCCAACGAATCAATTGATGATCAAAAATTGAAACAAGACGACGACGGTAAGCTGTCAAGTGATTTGCAAAAGTATAATCAACTT
GTAAACGAGCTAATGGTAAAGCTCATGAATTCTTACCAATTGCTTTCGGTGATCGTGCGTGGCCAAATGCTAAAGCAGTTGTCAAGTTCAACACC
GGAGAAGGCACTGAATTTGATTGTGCCCATTGTAAGCGATAAGCCAGCAATTATGTTAGAACTCCATGCAGCTTTTCTAAAACTCCTGCCCAACG
AGGACAAACAACTAATAGCAAACGAATGGCCAAAGTGCCTAATGGTCAATGATTTTGCATTCAATGGAAAGCAACATCCGGTGGAACCATATATT
TTGAACGTTATTGATGCTCACATTATTGAGCTGACACGAGGATCCAATTACTCTACCCTGCACACTCTGAAACACTGCTTAAAGTCTATCCTGCA
ATTGTTTGAGTTGCTGCTACCACATCGCACCGCGAACGCAGAAGTAGAGACTCAGCTAAAGCAATTGCTTATCTCCTCAATGCTGGACATGCGAA
CGGATTACTTGCAAGGACACAGCGAGCATTGTCTGCGCGAGATCCTCAGTGGTCTGACACAAGAGGCACAAAAGCTGCTGCTTTACGAGCACATG
GTTGGATATTGCTATCGCATGCTCAAAGAGTTTGCTGCCGATCTTCGTCAGCCCCAGTCTGCGGGGCCTAGTGGCGGAGCTCCTCTTGATCAGGA
TCGTGCTATGTTTAACGAGTCCATGCTGTTTGCCGTGCTTAAAACTATGTTCAAAATGCTGGAAAAGCCGGTGGCAGTTCAGGCCATGCGCCAGT
TTTTCAAAGATCAGCGCTCTGGGAGTCTTACCACACTTTTGCTATCGTTCACTGGCACCAGTCTGCCTGTTAGCTATGCGCGCAAGATGCTGCAA
TTTGTTAACCGACTTTTCCAGCTATCCTTACAAGCGGATTCACAGTTCCAGCATGAAGATCTGGTTGAGTGTTTCTCGGAACTGGCCACAGTTGA
CGTAGCTCGTTTAAAGCAATGGTTGGGCCACATTATCTACGGCCCTAATGTGAGTACCGATGTAAGCACCTCCGAGGCATTAGACACCACCTGCC
GGATGCTCACCAGCATTTTGCAGCCGTCGAGTAGCTCCAGCAGCAATGCTCAGACGCCAACAAATATGGCCACCGTTTCGGCTATGCCAAGTATC
TCAGACCAGTTGGATCCCATGGAAATTGAATACGATTGCGGAACTGCAGCGGGAGGCGGAGAAAGTAACCCAGGAACCGGAGGAGCTGCAGCCAA
TACCTCGCAGATTCTGAGTTTGTGGCAGGCTGCGCAGCCAAATCCGTCGGAAGAATCTTCACAGGCTTGCGATCATAGTGATAGCGAACGAAATG
GCGCGTTGCTCTTAAGCTTCGTGAAGTCATTGGTGAAAGATCAAAGCAAAGCATCGCAGATAGCTCCACCACTGTTCCAAGCTTTGCTTCAGCTC
GGACAAACATTAATTTCACCACCCCAGGAAGGCTGCGATTTTGCAGATGTACTACAGATAATGATTACTCTAGCTGACGCCAGTCCAGCACGCGG
CCATGTCGCCTTGTTCAATACCACCCTCCTTTGGCTGGAACTGGCCAAATTGCAATTACCGGACAAACACTTGAAACATGCAGAGAACGTAAGTG
CCCAGTTGCGCTATTTAAGCGAACTTCTTCAGAGCATTGGCTTCCGAGGCAGTAGGCAACATAACCCGCCGTGGGATGATGAACTACAGACCGAT
ATTGATGAGCTATATGACGAGCTAGCCGAGGAAGGTGAGCAAGACTCGTTGCTTGACGATTCCGACGAGGACACGTTGAACAACAAGCTGTGTAC
CTTCTCGCAGACCCAAAAGGAGTTCATGAACCAACATTGGTATCATTGTCATACTTGCAACATGATAAACACAGTTGGCGTCTGTTCTGTGTGCG
CAAGGGTTTGCCATAAGGGACATGATGTCAGTTACGCCAAATATGGAAATTTCTTCTGTGACTGCGGAGCCAAGGAGGACGGATCCTGTCAGGCA
TTGAGTAGGCGTATCGGCAGCAATGAGGTTAGAGATTCAGCTGGAATTGGCAGCTATCTACCGTCCCACATGAGCTTACTCGCTGGAAAGAAGAG
GAGCAGCTTACCAGTTGGCCAGCCAGTACTTACGCGAAAGGATTCATTGACTAATGAACGGATCGCAGTACTTACCAAACTGTTGGAACCTTACA
GAGAGACACTTCAGCACCAGGATCAGTGGCTGCTGGTCGTAAGATGCATCCTAGAGTATTTTGACCTGCTGCTACCATCAATAAACGAAAATTGT
ATGCTATACTCCATTGTCGGCTGCCACAAGAGAGCAACTGCGGCCTTGGAGAGACTCCACCTGCTTGAACAGAGCTTCCAGGTAACCGATCAACT
GATGTTTGCAACTTTGGGCTCACAAGAGGGAGCTTTTGAGAATGTTCGAATGAACTATTCTGGCGACCAAGGTCAGACTATAAAGCACCTACTAT
CATCCGGAGTTGTCCGCCGTGTTGCCTTCTGCTGTTTGTCCTCGCCACATGGACGTCGTCAACAGTTGGCTGTATCCCATGAGAAGGGAAAGGTG
ACCATCCTCCAGCTGTCGGCACTGTTGAAGCAAGCAGATGCCTCCAAGAGAAAGTTAACTCTAACGCAATTGAGTTCTGCACCCATTGCCTGCAC
GGTTATCTCCCTAGCTGCTAATCCGTGCAATGAGGATTGCCTTGCAGTTTGTGGCCTAAAAGAGTGTCACATTCTCACCTTCTCAAGCAGTGGCA
GTACTAACGAACACATAGTAGTGAACCCCCAACTGGAAAATGGAAACTACATCAAGAAAGCTGTGTGGCTGCCTGGCTCACAGACTCTTCTTGCC
GTTGTAACTTCGGATTATGTAAAGATTTACGATTTGGCAGTGGATACATATAGCCCAAAGTACTATTACCTAGTGGCCGTTGGCAAAATTAGAGA
TTGCACGTTTGTGTACCAGGATGGCAACTACAATATGCTGACCTTTGCAAGCAGCGGATACATCTATACTCAGCAGTTGGATCAACAGAGTCTAG
CGGTTCATGGAGATTTCTATGTAACCAACACTTTGGAGCTGAGCCACCAACATATCAAGGATATTGCCGGTCATATCGGAGGCGGTGGAGTATCC
ATCTACTATTCGCATACCCTACAGCTGCTCTTCTACAGTTATTCTTGCGGAAGGAGCTTCTTTTCACCACTCACCAATGTAAGTGAAGGCGTGAA
GGGAATATATCACCTGGACACAAATTCGGCTAGTAAGTCAGCTTCGAAGGGACCACTACAGCCTCTCGTGCAGTGGACAGAGGTTACAGGGCATC
CAGGATTGGTTTACGCCAGCATGCAGACATCGAATAATCCGATTATATTGATGATAACCCCTGAACGGATTTACCTGCAAGAGATCAAGGCACAA
TCGGCCAAGTCACGAATCATGGACGTTGTTGGCATTCGTCATGCGGTTGCCGGAGTGGAAAAAACTACGCTTTTGCTCCTCTGCGAGGATGGAAG
CTTGAGGATCTTTTCCGCTCAACCAGAATACACTAGCTTCTGGCTATCGCCACAGGTTCAGCCATTTGGTAATCAGTTGTACTCGTCCACCTTGA
TGGCTAAGGGAGGTGGATCTGGTTCGACTTCAAAGTCCAAATCAAATACAGCATCTGGAAAGATGACCAGCAGAAAGGCAAGCCAACAACAGAAG
CAACCCACAGCTGGAGGTCAGCCCGTTTTCCCAATTGACTTTTTCGAGCACTGCAACATGCTAGCCGATGTGGAATTTGGAGGCAACGATCTGCT
CCAGATTTACAACAAACAAAAACTAAAGACGCGTCTGTTCTCAACGGGAATGTTTGTGGCCAGCACCCGATCGAATGGCTTTACTCTGGAGGTGA
TCAATAATGATCCCAATGTTGTAATCGTGGGAATAAGAGTGTTAATTGGAACTCAGGACGTACAGCGTGCTCCCCAATCTGTGACTATTCTGGGA
CGTACTATACCCACACCGGTCAGGAGGGCACGTTGGTTCGATATCCCCCTGACCCGGGAAGAAATGCTCCAGTCCGACAAGTTATTGAAAGTCGT
GTTTGCTAAAGCTCCAGATCCGGAGCATGTGACATTACTGGATTGCATTGAGGTATATGGAAAATCGAAAGAGCTGGTGGGCTGGCCCGACGAAA
GCGAGGATGTTACTGTCCCAGGATCCAGTGCGCCAGCAGTATCTTCCTCCCAGGCAAGTAGCGCTAACTTTGGAGAAGGATTCAATTGCATTACT
CAGCTGGATCGAATGGCTAATCACCTTTTGGAAGTAATGGATTGTGCACTGCATTTGTTGGGATCTGGAGTACCTGCTTCTATGCGTCAAAAGGC
AGTTAAAACAGCGAGTGCCCTATTGCTACTGCCAACGCCCAATCCTGTTCAGACCCAGGCGCGCTACGTGCTGGCCACTCTATACGGAACTAGAG
CATTGTACCATAACTACAAGGATGGAGTGCTTCTTCAGTTTGTAAATAGAGAACTACAGTCAATGCAGCCGAAGCTTGAAAAACTTGAAACTCTG
CGGGAGATCGACCCTGAGGCTTTCTACCGCCTAGTTCTGATGGTCCGTGGCATTGCCAACGCACGACCCCAATCGCTAGCGAAGATCTGCGTGGA
GAACAACTATGATATTGTTCCAACCCTCATGGGAATTGTCTTGGAGTTGCATAAGGTTACACCGACGCTAGACGAACCCGTGAATATTGTGAAGC
GAGGCTTGTGCCAGCCGGAGACCATTGTCCATTGTCTGGTAGAGATAATGTACGGATTTGCCTTGGCCGATCCCGGACAGGTTGGTCGCATGACC
AAGTACTTCATTGATTTGCTGAAGCATGATGCTAGCGTGATTAGCCACAGCGCCAAAGAGGCCCTGATCCTTTTGCTTAGTCCAAGAATGAAGCG
CAGAAAGGTGGCCATAGTTACACCCCCAGCATGTTCAACACCGACTCCCTCAACGTCTACCATGCAGGCACTGCAAGCAGCGGCTTCTTCAGCTG
CAAGTGATATCATCGAGGAAGCAGCTGGCGTTGTTGTTGATGGGTCAGTTGGAGGAGGTGGATTACCCGAACCGAATGCGGACGCGGAAGGTGCT
GCAGTTGGAGTAGGAGGAGTCGGTCAGCAGCAAATGCTCAATCTGGAGGCATTCATGGGTGGCGGTTTCCCTCGCTTACTCGGCCTACCCGAAGA
TGCCGACGATGAGGCCATCATGGATATTGCCATCGCATTGAGTCTCCAACAGCACGGTGGGGATGCAAACGCCTTGCAGTCTCTTCAGCAAGGAT
TGGCCAATCTTCAGGGCATCCGTCAAGCTACTGCCATGGCAGCAGCTGTGAACGCAGCTGCCAATGTCTCCCTAGGTGGATCCGATGATGATGAA

FIGURE SHEET 714

GGTTCCAATGTGGCAACCGATGGATCAACATTGCGTACTTCTCCAGCAGAGCCTGCTGGCAGCGGTGGATCAGAGAGTGGAGGCAGTGGAGTAGA
GAGTATTGGTGGAACATCCGCCAGGAGCAGCAACTTTGGCGACCACGCGAATGCCTCGCCGCCGCGTCAGGGATCCACCAAGGACGATCAAGAGC
AGCCAGGTCCCAGTGGCGTTGCTGGCTCCGGTGGTGTTGCTGTTTTGAGTGCCATGAGCAGCAGTGAGGATAATGAAGCAAACGAGGACGATAAG
CTCAGCAAGCTACATGACCTTAGAATTGCTGTGCTGGAGAGCATTATCCAACATCTAGGAACATTCGACTTGTGCAATGGCCTGCAGGCAATCCC
ACTGATCCAGGTTATACTCATGTTGACTACCGATCTCAATGGAAACAACGAAAGGGATCAACAAGTGCTTCACGATCTGCTTACTGCTCTAGTGG
ACTATGTGGAAATTGGAAAGCGAGGAGCTGCCGCAAGGATGGAGACAAAGTGTCCTGGCAATGAGGTGCGCCTCGCATTGCTTTCCCTGTTCGGA
GTTCTGATGGGCAAAACAAAGTCAAAGCAAACTGGAACAACATCGCCGCCGCATCAATTTAAGGACAATAGCTCCTTTGTGGCCAGTACCACAGC
AAATGTTCTCAGTAAGAGTGGAGCATTCGTTTACGCCCTAGAAGCACTAAACACGCTACTGGTGCACTGGAAGAATGTGCTAGGAGATCCTTATG
CAGCCGGTGGCGGATTAGCCTCACAGTCGGCACAAGCCAGTGGCGGAGCTTCAGGTCCCGGAGTTCAGCTACTGAAGCCCATTAAACATGGTCCT
AAACCTGACATATCCATACTTATACCGCACAACTATCTGAAAAACTACCCGGATATTTTCGAGTCCTACGATGGACTCCTAACTGAAATTATCGT
GCGATTGCCATATCAAATTCTGCGCTTAAGTAGCGCCCATCCGGATAACTACGATAGTGGATTCTGCGAAGCGATGACCTTTACACTTTGTGAGT
ACATGATGCTAAATTTGAACACACTGCTTCGTCGGCAAGTGCGAAAGCTCCTGATGTACATTTGCGGCAGCAAGGAAAAGTTCCGCATGTATCGC
GACGGTCACTCCCTCGACGCTCATTTCCGGGTGGTCAAGCGGGTGTGCAACATTGTCAGCAGCAAGACTGGTGCTCCTTACAACGCTAATCCTCC
TATGCTTTCATACGATGCACTGGTAGAGTTGACGGAACACCTACGTACTTGCCAGGAGATAAGCCAAATGCGCACGGGCAACTGGCAGAAGTTCT
GCGTCGTCCATGAAGATGCGTTGGCCATGCTGATGGAAATCGCCTGTTATCAGTTGGATGATGGCGTGTCGCCTATTATTATACAATTGCTACAG
GCGGCCGTTTGCAACTTACCCCCTCCTAGTGGATCTAAGCAGGCCCAGCCGCAGCCATCGACCTCGTCTGCCTCCGGAAAACTTCGAACAGATCG
TGAGAAGAGCGAGGATACAGACGCCTACTACTCCAAGTTTGATCCAGCCCAGTGTGGTACATTTGTGCACCAGATCTTTAGATACGCATGCGATG
CGCTGATAATCAGATTTGTGCGAATATTCCTGTTGGAGAACAACATTACTCAGCTGAGATGGCAGGCCCACTCATTTATGACCGGACTTTTTGAG
CATGCCAATGAACGGCAGCGTGAGAAACTTCTCAACATATTTTGGAACCTGTGGCCATTGGTGCCCACCTACGGTCGTAGGACAGCGCAGTTTGT
CGACCTATTGGGGTATCTAACCCTAAGTACCAGAAGTATAACAGAACGACTGCCAGAGTTCGTTTCCCGCGCTGTGGATGTTCTCAGGCAGCAGA
ACGAACTGCTTTGCAAGCATCCAAATGCCCCAATATACACCACCTTGGAGTCTATACTTCAAGTAAATGGTTACTACCTAGAATCGGAACCTTGT
TTAGTGTGCAACAATCCAGAGGTGCCGATGGCTAATATAAAGTTGCCATCAGTTAAATCAGACTCTAAGTACACCACAACCACAATGATTTATAA
GCTAGTCCAATGCCATACTATTTCCAAGTTGATCGTGCGGATTGCCGACTTAAAGCGGACAAAGATGGTGAGAACCATTAATGTTTACTACAACA
ACCGCAGTGTCCAGGCGGTAGTGGAGCTAAAAAATCGCCCAGCTCTGTGGCACAAAGCTCGCTCAGTATCCCTGCAATCGGCACAGACCGAACTG
AAGATCGATTTTCCACTACCAATCACCGCATGCAATTTGATGATCGAGTTTGCTGATTTCTTTGAAACTGTGAGTGGATCCAGTGAGAATTTACA
ATGTCCACGTTGTAGTGCAGCAGTGCCGGCTTATCCGGGAGTCTGCGGAAATTGCGGTGAGAACGTGTTCCAGTGCCACAAATGTCGGGCCATTA
ACTACGATGAGAAGGACCCGTTCCTGTGCCACTCCTGTGGCTTCTGCAAATATGCCAAATTTGATTTCAGCATGTATGCCCGTGTTTGCTGCGCT
GTTGATCCTATAGAATCGGCAGAGGATAGGGTCAAGACTGTTTCACTGATTCACAGCTCCCTAGAACGAGCCGATAGAAATTACCGCCAGCTGCT
GACCAACAAGCAAATGCTGGAGCTTCTTATTCAAAAGGTGGCCGAGCATCGTAGCAGTGATCGAATGGTCGAGGACAACATGGCCAGCGTGCACA
GCACTTCTCAAGTAAACAAGATTATACAGCTGCTCGCCCAGAAATACTGTGTGGAATCGCGCACCAGTTTCGAGGAGCTAAGCAAGATCGTTCAG
AAGGTCAAGGCATGTCGAAGCGAACTAGTGGCCTACGATCGTCAACAGCAGGACCAGCCGCCGGTTAATCCCGGCTCAACAACCGGTGCCGAAAA
TCCCACCACAAATCGCTGCTACGGCTGTGCACTGGCATCTACCGAGCAGTGTCTGACGCTTCTGCGAGCCATGGCTTACAATTACGATTGTCGCG
TGTGCTTGTATAGTCAGGGACTCGTCAGTGAACTGGCTGAGCACAACCTGCGACGAGGCACTCCCCTAATTCAGGAGGAAGTGCGCAACCTGTTG
GTCGTACTGACTAAGGATAATGCCGAGGCATGCATGCATCTGTTGCAGTTGGTGACCACAAGGGTGAAGAATGCTCTGATGGGATCGATTCCTCT
GATAAGTTTAGAGGCAGCTGTGCACCAAGAAATGACACTTTTGGAGGTGCTCTTGGGCCAGGACGACATCTGCTGGGAATACAAGCTAAAGGTCA
TCTTTGAGCTGTTCATTAGCAACTGCCGTTTGCCTCGTGGTCCGGTAACAGCAGTACTACACCCCTGTCTGCGCATCATGCAGAATCTCATCTGC
CCGGTTCTGCCCGGCAGCAAGCCCAATCAGAAGGTGGCCACTACAGATTTGTGTAGCATGAAGATGTTTGAGGGCAACACGGTGGACTATAGGGC
CTGGCTGAACTCAGACCGTAATCATGAATACGCAGCGTGGAGCAAGCGGATGCCGTCAAACAACCAGGCTAAGCTAAAGAATGCCAAGGATCAGA
ATGTGGCGGCATCCGGCGGATCAGATGCACCGCCGAAGAGCAGGAGGGAGGTGCGAGTCGCATTCCTTAGCGAAAAGTACGGAAAACGCTGGCGG
GAACGTGTGCTGGACAAGCAACGAGTGATTAAACCTCTTGTATTCAACGCCAAGTGGATACAACCGTTGCTATTTAATTGCAAACTCCAGATTCGG
TCGCCAGCTGGCCTGCTCCTTGCTGAGCAGCTTGAGCCGAACTAACGAACGGCGGCAACAGGCTCTGAATATGCTGACATCGTTCTTGAAACATG
TAGGCGAAGCAGGGGAAGCCAGTGCAGAGTACTTAATGCTGTACAAGAACATGGCCACAGAGCAACCCTGGCTGCAGTATTTGGTCCTGAAAGGA
GTATTAAGTCAAATCTCACAGCTTCTGGCTATTGAAATCAGCAAGGTGCACCGCATGGAGGAGTACTCGCTTTCTTCAGATTTATCCTTAGGATA
TGCACTGCGCCAGTATGTGGAATTGTTGTGGCTACTCCTAGAGTGTCCAAATATCCGCAGAACCTACAAGACTCGCATGCTAGGACCAGTTCTGG
AAAGCTATCTTGCCCTAAGAAGCTTAGTCGTGCAGCGTACGCGACTCATTGACGACGCACAGGAGAAGCTGTTAGAGATGCTAGAGGATATGACC
AGCGGAACCGAGGAGGAGACACGTGCCTTTATGGAAATCCTTATTGACACCGTAGAGAAGACCCGCATGAATGACATTAAAACACCGGTGTTTGT
CTTCGAGCGCTTATATTCCATTATTCATCCCGAGGAGCATGACGAAAGCGAGTTCTATATGACATTAGAGAAAGATCCCCAGCAGGAGGACTTTC
TGCAAGGTCGCATGCTGGGTAATCCTTACCCCTCGAGTGAAATGGGATTGGGTCCATTGATGCGGGATGTGAAGAATAAGATTTGTACGGATTGT
GAACTAATCGCCCTGTTGGAAGATGATAACGGCATGGAATTGCTGGTCAACAACAAAATAATAAGCTTGGATCTGCCCGTTAAGGATGTTTACAA
GAAAGTTTGGTTAGCTGAAGGAGGCGACCGAGATGCCATGAGAATTGTATATCGCATGCGCGGTCTCCTGGGAGACGCCACAGAGGAATTTGTGG
AAACGCTGAACAACAAAAGCCAGGAGCAGGTGGACACCGAGCAGCTGTATCGCATGGCCAATGTGCTGGCTGATTGCAACGGCCTACGCGTAATG
TTGGAAAGAATTGGCAGCCTGCAGCGCATATCGCGCAACCGAGAACTTATCCAGGTACTGCTTAAGCTATTCCTTATTTGTGTGAAAGTGCGCCG
TTGCCAAGAGGTGCTTTGCCAACCCGAGATCGGAGCCATCAACACGCTGCTTAAGGTGCTACAAATGTGTCTCCAGTCGGAGAACGATTCGATTC
AATCGGCGGTTACCGAGCAGTTATTGGAGATCATGGAAACAATACTATCGAAGGCGGCCAGCGATACGTTGGACTCGTTCCTGCAGTTCTCCTTG
ACATTCGGTGGACCGGAGTATGTAAGCGCACTAATATCGTGCACAGACTGTCCCAATGTTAGAAACAATCCTTCGGTGCTCCGCCATCTTATTCG
TGTCCTAGCCGCTTTGGTCTATGGCAACGAGGTGAAGATGGCTCTACTTTGCGAGCATTTCAAGGACACTTTGAACTTTAATCGCTTTGACAACG
AGCGCACACCTGAAGAAGAGTTCAAGCTGGAACTCTTCTGCGTGCTGACTAACCAAATTGAGCACAACTGCATTGGCGGCACTCTCAAGGACTAC
ATAGTAAGTCTCGGCATCGTTGAGCGATCGCTAGCCTACATCACCGAGCATGCGCCTTGTGTCAAGCCCACTCTCCTGCGAACCGACTCCGATGA
GCTGAAAGAATTCATCTCGCGGCCAAGCTTGAAGTATATTCTTCGTTTCCTCACCGGCCTCTCAAATCATCATGAGGCAACTCAGGTGGCTATTA
GCAAGGACATTATACCCATTATTCATCGCCTGGAACAAGTATCCAGCGATGAGCATGTGGGCAGTCTGGCCGAGAACCTTTTGGAAGCTCTCTCC
ACCGATTCGGCGACAGCAGCGAGGGTGCAGCAAGTGCGTGACTTCACAAGGGCAGAGAAGAAGCGGCTGGCAATGGCCACGCGCGAGAAACAGTT
GGATGCATTGGGAATGCGCACGAATGAAAAGGGCCAGGTGACGGCCAAGGGCTCCATCCTGCAGAAGATCGAAAAACTGCGCGACGAAACAGGAC
TAACTTGCTTTATTTGTCGCGAAGGCTACGCCTGCCAGCCAGACAAGGTGCTTGGTATCTACACCTTCACCAAGCGCTGCAATGTCGAGGAGTTT
GAGCTGAAGTCGAGAAAAACCATTGGCTATACCACCGTCACACACTTCAATGTGGTCCATGTGGACTGCCACACATCAGCCATAAGATTGACACG
TGGCAGGGATGAATGGGAGCGTGCTAGTTTGCAAAATGCCAACACCAGATGTAATGGACTGCTGCCCCTTTGGGGACCCGCCGTTGGAGAGGCGG
CCTTCTCCGCTTGCATGACCCGCCACAGCAGTTATATGCAGGAGAGTACCCAGCGCTGTGACATCTCCTACACCAGCAGTGTGCATGACTTGAAG
CTGCTGTTGGTACGATTTGCTTGGGAACGCAGCTTCCATGACGATGCCGGCGGAGGTGGTCCGCAATCGAACATGCACTTCGTACCCTACCTGCT
CTTCTACTCCGTCTATCTGTTGCTTTCGTCGCGATCAGCGGCTAGAGACAGCAAGACTCTGCTGACGTATTTGCAGGCGCCGCCCAGCGAGAAGT
GGTTGGAATGCGGATATGAGGTGGATGGTCCGCTTTTCATGGCAACCATTTCGCTGTCACTGCACAGCCGAGAGCTATGGAATAAGCATAAGCTA
GCACATCTGAAGAGGATGATTGCAGTGGCCCAGGGTCGCCACGTCTCACCCGCCGTGCTGTGCAAAGCCTTGTTGGCTCCTGCAGACCGCCAGGT
CAAGGATTACACTGTTTACAAGCCCTTCCTTATGATGTGGGCATTGGTGGACTTGATCTACGACAATCTGTTCAAGACGGTAAGCACGCCCAAGG

AGGAGGATTGGCCGATTTCCCTGTTCGACTATCTTCGTAAGAACGATGAGGCTTTGCTCAAGTCCACGGATAGCATCCTGCAGACCCTAACGGAG
GAGTTCCTGCCCTGCACTTCCTTTGTCGAATTCTGTGATGTTGCAGGTCTCCTGCATCTCATCGAGCACCCGGACAACTTCATCGAAGAAATCCT
CGCTGCCCTGCCTTCAACATCGAGCTCTAATTAAAATGCAATCGCTGTTTCTAACCAAATAAATTGCAGAACTTTAAGCGATTGCTGCGTATATA
TAAACATACAGCATAAATTTATATTTAACACATCCTAAACATTTAATCAATAAAAATTAATCGTTTGCACAATGTAGTGA
(SEQ ID NO: 1340)

Start ATG: 26 (Reverse strand: CAT)

MSAHSGGTDWNSVVKALILNRTGALNKNEVVNLLKAITRCEHDFFEEESNFTQFYTAFAALAADKLMQIKTICQTQICQLHDATAVLIRFIIYRL
PRVSVYETKWLLGALKMLCEGRECPASASSSMFDYNAVANVLKSCKHPESTTKSIMPSSSSSGSGASNDKESPKSEIKRSRSDLSSVILQQLIAP
LEPGKMTWVPLSEEVTDCTEQILAANVEYFQEQNGVDTLLDVCVSLPILNRYRSKYMETINGGKSLYLPLTQVEATAVKSSMNHMLTDLTILSQA
QALIEMQPLTPSRIERLSMCGIAALYNAVLTSIATSVLGMSQASSSQKQTASTSQGSGVGGSSGGQSNKDHDDFEDQACSIVNKALEIYSNIGHM
FKTSARIHVYQNHLCYGSWLLISGIQGAMGASGSGGSSSDSASKSASKATKSGSEAGTAPTTPIARVNLFKVQQGFGELNAAIANHSIKLLSELI
EDLKVEAACGQSLESTELPEPAQFDILQNYSSLERIVRVLNTATLHQLFTFLATVAYRKACTLKRASAKDRTECEPISYSDSTTYFNDSLSCSDN
SEEDDSESYLGHWFKETLSPETHDDNANTSTQERAEQKSALVPKLDEPHEYLDLAADIFCFLDQFLANRHAYMQRYVKAGVSDQQMLLMANIIKD
FDRDVMRNESDQGSGNAPAASAGAGTSAGASTKWQTSMIRFSGAAGRYIHNLISTSLLSEQLQSNLLQHLSISPWSTDTNTWPLQVYPSTLSVLV
QILLLKPTQEKEAACLSVWHRLINTLVEGVCSSNTASDSDYEDLNIEHAQLLLFLFHSLNLMQKKSILLLTAGGVIRCAEVCRGISEDRPVKNSQ
IMLLSRLLLFLEYLMKHLYNAPPELLDQVRWNLFSVSSMPDTQKITDLLNCRTKLNSYCRHDIEENFRKSAGEYGSSIRPTFYSLVMGDPEISYW
AQEFKLDGLAWNFILCTPDKLKYPLLVDALTDILSITDMSMYSKEKDKEASMHNLCAIQYCFTIAWKLNLGLPPSTSHVESLKAERSPNLHSLMW
SIRLPLASSHYLVVSSLIKQGMYTQYAETLWTHVGDIGADIKYSLKQTILGVEAFNSQMNGNGTPRLSDLILFDSLVAHMQAVAWANKEGLKWPR
KESEDAAGEQSAGTSLTSSSNDPELYSSNESIDDQKLKQDDDGKLSSDLQKYNQLVNELMVKLMNSYQLLSVIVRGQMLKQLSSSTPEKALNLIV
PIVSDKPAIMLELHAAFLKLLPNEDKQLIANEWPKCLMVNDFAFNGKQHPVEPYILNVIDAHIIELTRGSNYSTLHTLKHCLKSILQLFELLLPH
RTANAEVETQLKQLLISSMLDMRTDYLQGHSEHCLREILSGLTQEAQKLLLYEHMVGYCYRMLKEFAADLRQPQSAGPSGGAPLDQDRAMFNESM
LFAVLKTMFKMLEKPVAVQAMRQFFKDQRSGSLTTLLLSFTGTSLPVSYARKMLQFVNRLFQLSLQADSQFQHEDLVECFSELATVDVARLKQWL
GHIIYGPNVSTDVSTSEALDTTCRMLTSILQPSSSSSSNAQTPTNMATVSAMPSISDQLDPMEIEYDCGTAAGGGESNPGTGGAAANTSQILSLW
QAAQPNPSEESSQACDHSDSERNGALLLSFVKSLVKDQSKASQIAPPLFQALLQLGQTLISPPQEGCDFADVLQIMITLADASPARGHVALFNTT
LLWLELAKLQLPDKHLKHAENVSAQLRYLSELLQSIGFRGSRQHNPPWDDELQTDIDELYDELAEEGEQDSLLDDSDEDTLNNKLCTFSQTQKEF
MNQHWYHCHTCNMINTVGVCSVCARVCHKGHDVSYAKYGNFFCDCGAKEDGSCQALSRRIGSNEVRDSAGIGSYLPSHMSLLAGKKRSSLPVGQP
VLTRKDSLTNERIAVLTKLLEPYRETLQHQDQWLLVVRCILEYFDLLLPSINENCMLYSIVGCHKRATAALERLHLLEQSFQVTDQLMFATLGSQ
EGAFENVRMNYSGDQGQTIKHLLSSGVVRRVAFCCLSSPHGRRQQLAVSHEKGKVTILQLSALLKQADASKRKLTLTQLSSAPIACTVISLAANP
CNEDCLAVCGLKECHILTFSSSGSTNEHIVVNPQLENGNYIKKAVWLPGSQTLLAVVTSDYVKIYDLAVDTYSPKYYYLVAVGKIRDCTFVYQDG
NYNMLTFASSGYIYTQQLDQQSLAVHGDFYVTNTLELSHQHIKDIAGHIGGGGVSIYYSHTLQLLFYSYSCGRSFFSPLTNVSEGVKGIYHLDTN
SASKSASKGPLQPLVQWTEVTGHPGLVYASMQTSNNPIILMITPERIYLQEIKAQSAKSRIMDVVGIRHAVAGVEKTTLLLLCEDGSLRIFSAQP
EYTSFWLSPQVQPFGNQLYSSTLMAKGGGSGSTSKSKSNTASGKMTSRKASQQQKQPTAGGQPVFPIDFFEHCNMLADVEFGGNDLLQIYNKQKL
KTRLFSTGMFVASTRSNGFTLEVINNDPNVVIVGIRVLIGTQDVQRAPQSVTILGRTIPTPVRRARWFDIPLTREEMLQSDKLLKVVFAKAPDPE
HVTLLDCIEVYGKSKELVGWPDESEDVTVPGSSAPAVSSSQASSANFGEGFNCITQLDRMANHLLEVMDCALHLLGSGVPASMRQKAVKTASALL
LLPTPNPVQTQARYVLATLYGTRALYHNYKDGVLLQFVNRELQSMQPKLEKLETLREIDPEAFYRLVLMVRGIANARPQSLAKICVENNYDIVPT
LMGIVLELHKVTPTLDEPVNIVKRGLCQPETIVHCLVEIMYGFALADPGQVGRMTKYFIDLLKHDASVISHSAKEALILLLSPRMKRRKVAIVTP
PACSTPTPSTSTMQALQAAASSAASDIIEEAAGVVVDGSVGGGGLPEPNADAEGAAVGVGGVGQQQMLNLEAFMGGGFPRLLGLPEDADDEAIMD
IAIALSLQQHGGDANALQSLQQGLANLQGIRQATAMAAAVNAAANVSLGGSDDDEGSNVATDGSTLRTSPAEPAGSGGSESGGSGVESIGGTSAR
SSNFGDHANASPPRQGSTKDDQEQPGPSGVAGSGGVAVLSAMSSSEDNEANEDDKLSKLHDLRIAVLESIIQHLGTFDLCNGLQAIPLIQVILML
TTDLNGNNERDQQVLHDLLTALVDYVEIGKRGAAARMETKCPGNEVRLALLSLFGVLMGKTKSKQTGTTSPPHQFKDNSSFVASTTANVLSKSGA
FVYALEALNTLLVHWKNVLGDPYAAGGGLASQSAQASGGASGPGVQLLKPIKHGPKPDISILIPHNYLKNYPDIFESYDGLLTEIIVRLPYQILR
LSSAHPDNYDSGFCEAMTFTLCEYMMLNLNTLLRRQVRKLLMYICGSKEKFRMYRDGHSLDAHFRVVKRVCNIVSSKTGAPYNANPPMLSYDALV
ELTEHLRTCQEISQMRTGNWQKFCVVHEDALAMLMEIACYQLDDGVSPIIIQLLQAAVCNLPPPSGSKQAQPQPSTSSASGKLRTDREKSEDTDA
YYSKFDPAQCGTFVHQIFRYACDALIIRFVRIFLLENNITQLRWQAHSFMTGLFEHANERQREKLLNIFWNLWPLVPTYGRRTAQFVDLLGYLTL
STRSITERLPEFVSRAVDVLRQQNELLCKHPNAPIYTTLESILQVNGYYLESEPCLVCNNPEVPMANIKLPSVKSDSKYTTTTMIYKLVQCHTIS
KLIVRIADLKRTKMVRTINVYYNNRSVQAVVELKNRPALWHKARSVSLQSAQTELKIDFPLPITACNLMIEFADFFETVSGSSENLQCPRCSAAV
PAYPGVCGNCGENVFQCHKCRAINYDEKDPFLCHSCGFCKYAKFDFSMYARVCCAVDPIESAEDRVKTVSLIHSSLERADRNYRQLLTNKQMLEL
LIQKVAEHRSSDRMVEDNMASVHSTSQVNKIIQLLAQKYCVESRTSFEELSKIVQKVKACRSELVAYDRQQQDQPPVNPGSTTGAENPTTNRCYG
CALASTEQCLTLLRAMAYNYDCRVCLYSQGLVSELAEHNLRRGTPLIQEEVRNLLVVLTKDNAEACMHLLQLVTTRVKNALMGSIPLISLEAAVH
QEMTLLEVLLGQDDICWEYKLKVIFELFISNCRLPRGPVTAVLHPCLRIMQNLICPVLPGSKPNQKVATTDLCSMKMFEGNTVDYRAWLNSDRNH
EYAAWSKRMPSNNQAKLKNAKDQNVAASGGSDAPPKSRREVRVAFLSEKYGKRWRERVLDKQRVIKPLVFNAKWIQPLLFNANSRFGRQLACSLL
SSLSRTNERRQQALNMLTSFLKHVGEAGEASAEYLMLYKNMATEQPWLQYLVLKGVLSQISQLLAIEISKVHRMEEYSLSSDLSLGYALRQYVEL
LWLLLECPNIRRTYKTRMLGPVLESYLALRSLVVQRTRLIDDAQEKLLEMLEDMTSGTEEETRAFMEILIDTVEKTRMNDIKTPVFVFERLYSII
HPEEHDESEFYMTLEKDPQQEDFLQGRMLGNPYPSSEMGLGPLMRDVKNKICTDCELIALLEDDNGMELLVNNKIISLDLPVKDVYKKVWLAEGG
DRDAMRIVYRMRGLLGDATEEFVETLNNKSQEQVDTEQLYRMANVLADCNGLRVMLERIGSLQRISRNRELIQVLLKLFLICVKVRRCQEVLCQP
EIGAINTLLKVLQMCLQSENDSIQSAVTEQLLEIMETILSKAASDTLDSFLQFSLTFGGPEYVSALISCTDCPNVRNNPSVLRHLIRVLAALVYG
NEVKMALLCEHFKDTLNFNRFDNERTPEEEFKLELFCVLTNQIEHNCIGGTLKDYIVSLGIVERSLAYITEHAPCVKPTLLRTDSDELKEFISRP
SLKYILRFLTGLSNHHEATQVAISKDIIPIIHRLEQVSSDEHVGSLAENLLEALSTDSATAARVQQVRDFTRAEKKRLAMATREKQLDALGMRTN
EKGQVTAKGSILQKIEKLRDETGLTCFICREGYACQPDKVLGIYTFTKRCNVEEFELKSRKTIGYTTVTHFNVVHVDCHTSAIRLTRGRDEWERA
SLQNANTRCNGLLPLWGPAVGEAAFSACMTRHSSYMQESTQRCDISYTSSVHDLKLLLVRFAWERSFHDDAGGGGPQSNMHFVPYLLFYSVYLLL
SSRSAARDSKTLLTYLQAPPSEKWLECGYEVDGPLFMATISLSLHSRELWNKHKLAHLKRMIAVAQGRHVSPAVLCKALLAPADRQVKDYTVYKP
FLMMWALVDLIYDNLFKTVSTPKEEDWPISLFDYLRKNDEALLKSTDSILQTLTEEFLPCTSFVEFCDVAGLLHLIEHPDNFIEEILAALPSTSS
SN*
(SEQ ID NO: 1341)

Celera Sequence No. : 142000013384665

TAGTTGAGGTGAGCGCTGGTTTAAATTAGCACAAAAAAGGCGGCTGGCATTATACGGTTTTGAGTTCTTGCAACAGCGAATAATTGTGGTTTTGA
TGTGAATGCTTTCTAAGAGTTTTATCTAAATCGATTTTTGCTGACAGCTTAGCTTTTGCCAAAGGAATCTGTGGGATTTGTATTTAACCAAAATA
TTTCTGACCTTAAGGATGTACTCAAAAGTGGCAGGGTATCCTTTCTACTGAGCACAACTGCAATGACTTATTTTTTCCTCTTCAAGGAATCCACA
GTCATATTTCGGTGGGTATTCCTTTTATATTGCTGCTTTTTTGGTGCATGCAAGACGCAGATTACGTAATCCCTGGCTCAGAGTGCACATGATCC
TTGCAGCTCCTGATCTCGTTCAATCTGACAAAGGGGATAAAGCGCAGTCAACTGGAGGAATCAGCTTAAGCGCTTACGTTTGTGCTCACGCTTAC
GTCATGCGATGTTGTCATTGACTTTTAGTTGATATGCAACCAGCAAGCCAGAGAGCCCAGATTAGTCGGACTGCAGACTGCCGGGGTGGACTCTG
CAGATGGAATAGGATCGGATAAGCAGGAGGAGGCGCAGGAGAAGCAAATGCAAGTGGTACGGGCGGAGAAGAGCAAGCTTTACGGCTTGGTTCCC
CTTCTGTCGGCTCCAATCATATGCGGCCACATTTCCACGGAATCTGAACTCATTGAATGCGCGCTACACGCCAATGCCTCTAATTTTCCATACTT
TCGCTATATAGTGATGACTTGGATACATGAATCTTTTTTAACGTACTTATCACATAATATTTTTGAAACAATTTAAAGGCTCTACAAATAGATAC
ATTTGGCAAGCTTACTTTCACAGTATATGCAAATTGAATTAACTAAATTTTCAAATTTTGGTCTTTGAATTGGTTTTAATACTTTGGAATTACTT
GTTGCAAAATATACAGATTGAAGTAAATGTTACCTTTCTCATCACTGGTCTTACCTTTGGTTGATGTTGCTGCTGCGGCTGCGACGCTCCAGCAA
CAATTGCTCCTGCTCCTCCATCGGCTGCAGCCAGTCGATGTTGCTGTTGTCCTTGATGATGCTGTTGCTGTTGCCATTGCTGTTGCTATTACTAT
TGCTGTTGTCCTGGTCTTTGTTCTGGTCCTGGGTAACAGCAAACCTGCCCATACCTTGAACGGCCGCATTTAAGTCGGACAATTGCAGACGGAAG
TCGTTGCGAGCATTCTCTGGATCATCATCAAACTGTCCCAGTCCCATTTCCATTCCCAATCCCTGTTGCTGCTGTTCGAGTTGCTGCTGTTGATG
TTGCTGTTGTTGCTGCTGCTCATGTTGCTGCTGCTGCCGTTGTAGATGTTGCTGCCTGTCGTATATGCTGTGGATGGGATTTCCGTAGAGTT
TTTGCTGCTGTTGCTGCTGCCATTTGGCCGGTGCTTTGTTGTAGTTATAGTTGTCATTGTTGTCGTCCTCGTTGCTATCTGCAATGCCATCAACG
TCCACATCCCCGTGCTCCCACTTGTAGTTGTAATCGTTGTAGTTGTTGTCCGTGGCGCTTCTATAGCCATATCTATTGTTTTTGAGCCCCGGCGT
CGATTCCATCGTCTCCTCGCAGGCCATGGCGAGCGTTCGTCTGGAAGAGCCACTACCAAAACAGCGAGCAGCTAGAATGACGGCCAGGAGCAGCT
GCAAATGTGGCAGAAACAAAGAGATTTGCTCGATAAGAAGGGTGCGGCACAAGGCAACGGAAATGTTAAACAATTGTTGTGTGGCTAATAAACTG
CAAAGTGTCAACAGTTGTCGAAGGGGAAAGTGGGAGGGGGCTTGATATGCAAATACCCCTCAATTCGAATGGCAAACAATGCATGTGGATTAATA
TTTATCACATGCGATTAGGCATCGCAATGAATAGGTTTATAAAAATATTTGTTGGGTATTTGGGCATCAAAGGCTTATTCAAACCCCTGGATTAG
TGGGTAAGTCAATGAGATTCTTATAAAGGGTTTATAGCAAGCTATATGCATTATGGTTATTCATTGTAGTCTTAGTTGTTATTAATACCTTATCA
GTTGAATGAATTCCTTAGGTACTATACTTTGACAATGATACCAATTATCTTGATAAATAACTCTTTAATTTCTTGAAAAATAAAGTTCTTCCCCA
ATTTCGCATTTTATTGTTTTGCACGTGACGTAGATATTTTATTCTTATCAACATGAAGATACTTAAGGAAAGCCTTGCGATAGGAATCAAATGAT
AATCAATACGCTCTGCTGATAGGCATGGTTATCAGTTGTACAAATATTACAACATGTCTAAAATTACCACAGTAATTACGAAACACGATTGTTGC
TACGTTATAAAATTCCTAGAAAATCCATCGATAACTTTTTAATTTCATTACAACTACGAATTTAGTTTTTATTCCTAATTTTTTTTGGAAGCTCT
GCAGTCTACTACTGCCAACCGAAAATCGACCGCTAATTCAACTAAGAACTCAACAAAATTCCGATTGACGAAACCGAAAACTTAAGCCTAAACAG
CCTCCAAGTTCCCACTGAGCCGGCTGAAGGGGAAAGTTGAATTCCCTGCTGGATGTTGACAATCAATGTGCTTGGGG
(SEQ ID NO: 1342)

Exon: 1642..1001
Start ATG: 1642 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT34209
ATGGCCTGCGAGGAGACGATGGAATCGACGCCGGGGCTCAAAAACAATAGATATGGCTATAGAAGCGCCACGGACAACAACTACAACGATTACAA
CTACAAGTGGGAGCACGGGGATGTGGACGTTGATGGCATTGCAGATAGCAACGAGGACGACAACAATGACAACTATAACTACAACAAAGCACCGG
CCAAATGGCAGCAGCAACAGCAGCAAAAACTCTACGGAAATCCCATCCACAGCATATACGACAGGCAGCAACATCTACAACGGCAGCAGCAGCAG
CAACATGAGCAGCAGCAACAACAGCAACATCAACAGCAGCAACTCGAACAGCAGCAACAGGGATTGGGAATGGAAATGGGACTGGGACAGTTTGA
TGATGATCCAGAGAATGCTCGCAACGACTTCCGTCTGCAATTGTCCGACTTAAATGCGGCCGTTCAAGGTATGGGCAGGTTTGCTGTTACCCAGG
ACCAGAACAAAGACCAGGACAACAGCAATAGTAATAGCAACAGCAATGGCAACAGCAACAGCATCATCAAGGACAACAGCAACATCGACTGGCTG
CAGCCGATGGAGGAGCAGGAGCAATTGTTGCTGGAGCGTCGCAGCCGCAGCAGCAACATCAACCAAAGGTAA
(SEQ ID NO: 1343)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MACEETMESTPGLKNNRYGYRSATDNNYNDYNYKWEHGDVDVDGIADSNEDDNNDNYNYNKAPAKWQQQQQQKLYGNPIHSIYDRQQHLQRQQQQ
QHEQQQQQQHQQQQLEQQQQGLGMEMGLGQFDDDPENARNDFRLQLSDLNAAVQGMGRFAVTQDQNKDQDNSNSNSNSNGNSNSIIKDNSNIDWL
QPMEEQEQLLLERRSRSSNINQR*
(SEQ ID NO: 1344)

Celera Sequence No. : 142000013384562
CTGCACCAGACTGGGCTCATGCGACCAGAGCTTGTCCCCAAAGAGGTGGAGCATCTTGATGGCCACACCGTGACCTCCGCACATGTACAGTTCAT
CGCTGGAGCGAGCCAACTGGCCCACGCCCACCGCAGATTTGTTGTTTGTGAGGTTTACGGCCACTGAAAAAGACAATGAGATCAATACTCGTTAC
CTGGGGAATCCCAAGCAGATACCCACTCAACTGTCCCTTTTTGAAGTGCCCGTACATGCTCAGTCCCACGCCCAGGGGCACCACTCCGGGCAGCA
TGAGATCCGCTCCGTTCGTCAGCTTGGGTAACACACCCTCGTGGGTGGTGAAATAGGGCAGGATGTCCGGAACGATCCACAGGGTGTACAGGGTG
GGCACAAGTTGACCGCCGTCCAGCTCGAAGAACAAAGGCAACTTGTCCACGCAGTAGACCATGCTCTGAACACCGCCGTGCGTTAGGATCTTCAC
CTGGGTCACCGCCGCCTTCGCCGGCACCAGCTGATCCACGGACACATGGGGGAACGCCGCCTCCACGCGCTGCCGGAACTTCTTGCTATCGGATC
CCTTGAGGGCAGCACTGCTCTTGGGTCTGTACGGCTTGAGAAACATCTGTGTTTGGTGGTGTGCACTTGAGGAGTTCGTGAAATGGTTTGGAGTG
GCACATGCACAGTGAAAACAAACAACTGGCAAACGGGGGTGCTGCTTTAGCTATTTTCTCGCCAGTTTGTATATTTAAAAAAATATCAATGGGAT
TCGATATTCTAAAACCAAGTATAAGAAACATAAGAATAAGATGCAGAAAAAGAAATTAACATAAAATAAAGAAGTGAGTCCTGTCTTTTCTTTTC
ACAATAACTCTACCCTAAATCAAAATTAGTTAAGAGCAGACGTTATTACAAGGACAGCACGCGCAGTAAAAATGCCGGCGGTCCGGAAAATTTCG
AATCACCAAGGACTTCCTCAGGTAGCAAACGACAGAAAACCCAGGATCTTGTAAGACGCCATTTTATTCAACAAAACATCTGCGTAACAATTCCC
CGTACACGGCCTTGTGACTCGAAGATGCGTGTTTGATTCATAGTTTTAACTTTGTACTTGAAATAAAAATTAGTAGTTAAACCCCCGATATTTGA
AAAACATAGCCCGGCCCGGTAACAAGATTCGATCCTAGTCAGAATCCGAGTCGGAATTACTGTCCTTGGCCGTGTCGCGCGCTTGTGTAGGTGGA
TCATAGATGTGGAGGCTTTTGCGCCAGATCTTCACGAGCCCATCGAAGGCGCGGCGGCTGTACTTTCCATACTTGTTCGGGGTGCGCGGATGATC
GCGAGTCCGCTCGTCCTTTGGCACCATTTCCACATAGCGCTCGTAGGCGGCAGTATTCTTTCCGTAATCTATTTGCTTCTGCCTGCGACTTAGGA
TGGCGGGATCGGCTTCGGTGTAGGAGGATGACGATGAGGTGGAGGACGTGTAGCTGTTGTGGCGCACCCGTTTCTCCTCCTTGTGGGCGCGGAAG
TTGCCAGACTTTTTTGAGTTCCTCGAATGGGGATTGTTGCCGCCTTTGGGCGCAGCTGCATCTCCGTTGGCCGAGGAGTTGCTGCTGTTTGGACT
GTTGGAGCGACTGTTCTCGTTGCTGGGCGGCGTGAACGAGTGTCGGCGCTTGTAGGGCGTTTTTAGCTTCTCCTCCTTGACCAGGCGCTCGAACT

TTACCTCGTTGACGCCATCCAGGAACTCAAATGCCATCTCCCGGCCCTCGCCATCTTTGGACTCCAGATTACCGTCGGCTGTCTCCTTTTTGGCC
AAGGAACCGCAGCTGGCAGCGCTGCTATTCAAGGAACTGGAGGCCTGCACGTGCAAACAAGAGAATTAATTGTGTTCCCGATCGTAGCAGCCAAC
CTTCACTTACCTCGTCACTGTGGCCAAACTCCGCGCGGACCTCCTGGGCCCAGCTCTGCATGGTGGGCTTCACATCGATCGAAATGGAGGATGCT
GAGGAATTCAGGCTGCCGGAGCCTTTCTGCGGTGTGTTCTCCACGGACATGTGCTGATCCTCGCAGAGCATGTTGTGCAATTATCTTTCGTTTGT
TTACTGTGCTGTGTATGATGCGGTCCGCTGCTCCAGGATGTTGTCGCGGCGGTGTTTTGCGTTTTCTGCGCAAACCTTCGCGCGTTTTTTGTTGT
AGATGCGATGCTCAGTGTGCCCAGAAGTGGAGGTGGTAAGAAGGCGGCAAAAAGGTACCACAACACAGAACAACCTGGTCACTCACAACTAATTT
CAAACTATGCTCCAAATGTATTACATTTCATTTCAATTTTGTTAAAATTTGATGTCCAATACATATTTAAACATACAGAAAATTAACAGCGATTT
TTAAATTGTCTGAGGGAGGCTCAAACAATATCGATGCATCGGTACACATCGATAGCAAGACATCGAGCAACCAACCATTACCAACACTGTCTGCT
TACCGAGTGATTTAGCATTTTTTCGGCACAAAAGAAAACTGAAAATTAAAACGGTGCAATTGTTGGTTAGTACGCAAAAGAACGATTTGTTTTCA
TAGCAAACGTAAAGTTTTCGAGCCCAAGTTGAACATACGTCACTTTAAAATCCGTAGAACATATTTTTGACTGGAAACAACGCAGCTGGAAAATG
AGTCTTACGTCCGCCGCGGGGATAATTTCCCTACTCGATGAGCCAATGCCGGATCTTAAGGTGTTCGCCCTCAAAAAGCTGGACAACATCGTGGA
TGAGTTCTGGCCGGAGATCTCGGAGTCCATCGAGAAGATCGAGATGCTGCACGAGGATCGCAGCTTCCCCGAAAACAAGCTAGCTGGCATGGTGG
CCTCCAAGGTGTTCTATCACCTGGGCTCCTTCGAGGACGCTCTGACGTACGCCCTGGGCGCTGGTGATCTGTTCGACGTGAATGCCCGCAATGAG
TACACGGAGACCATCATTGCCAAGTGCATCGACTTCTACATTGCCCAGCGGGTGGAGTTCATCGAGAACCCTAAGGAGGCGAGTGTCGTGGACGA
GCGGCTGGAGGGCATTGTGAACAGGATGATTCAGCGCTGTCTGGACGACAACCAGTTCCGCCAGGCTCTGGGCATCGCTCTGGAGACCCGTCGCA
TGGACACCTTCAAGGACGCTATCATGAAG
(SEQ ID NO: 1345)

Exon: 2164..1911
Exon: 1849..1001
Start ATG: 2066 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT34229
TTTGCGCAGAAAACGCAAAACACCGCCGCGACAACATCCTGGAGCAGCGGACCGCATCATACACAGCACAGTAAACAAACGAAAGATAATTGCAC
AACATGCTCTGCGAGGATCAGCACATGTCCGTGGAGAACACACCGCAGAAAGGCTCCGGCAGCCTGAATTCCTCAGCATCCTCCATTTCGATCGA
TGTGAAGCCCACCATGCAGAGCTGGGCCCAGGAGGTCCGCGCGGAGTTTGGCCACAGTGACGAGGCCTCCAGTTCCTTGAATAGCAGCGCTGCCA
GCTGCGGTTCCTTGGCCAAAAAGGAGACAGCCGACGGTAATCTGGAGTCCAAAGATGGCGAGGGCCGGGAGATGGCATTTGAGTTCCTGGATGGC
GTCAACGAGGTAAAGTTCGAGCGCCTGGTCAAGGAGGAGAAGCTAAAAACGCCCTACAAGCGCCGACACTCGTTCACGCCGCCCAGCAACGAGAA
CAGTCGCTCCAACAGTCCAAACAGCAGCAACTCCTCGGCCAACGGAGATGCAGCTGCGCCCAAAGGCGGCAACAATCCCCATTCGAGGAACTCAA
AAAAGTCTGGCAACTTCCGCGCCCACAAGGAGGAGAAACGGGTGCGCCACAACAGCTACACGTCCTCCACCTCATCGTCATCCTCCTACACCGAA
GCCGATCCCGCCATCCTAAGTCGCAGGCAGAAGCAAATAGATTACGGAAAGAATACTGCCGCCTACGAGCGCTATGTGGAAATGGTGCCAAAGGA
CGAGCGGACTCGCGATCATCCGCGCACCCCGAACAAGTATGGAAAGTACAGCCGCCGCGCCTTCGATGGGCTCGTGAAGATCTGGCGCAAAAGCC
TCCACATCTATGATCCACCTACACAAGCGCGCGACACGGCCAAGGACAGTAATTCCGACTCGGATTCTGACTAGGATCGAATCTTGTTACCGGGC
CGGGCTATGTTTTTCAAATATCGGGGGTTTAACTACTAATTTTTATTTCAAGTACAAAGTTAAAACTATGAATCAAACACGCATCTTCGAGTCAC
AAGGCCGTGTACGGGGAATTGTTACGCAGATGTTTTGTTGAATAAAATGGCGTCTTAC
(SEQ ID NO: 1346)

Start ATG: 99 (Reverse strand: CAT)

MLCEDQHMSVENTPQKGSGSLNSSASSISIDVKPTMQSWAQEVRAEFGHSDEASSSLNSSAASCGSLAKKETADGNLESKDGEGREMAFEFLDGV
NEVKFERLVKEEKLKTPYKRRHSFTPPSNENSRSNSPNSSNSSANGDAAAPKGGNNPHSRNSKKSGNFRAHKEEKRVRHNSYTSSTSSSSSYTEA
DPAILSRRQKQIDYGKNTAAYERYVEMVPKDERTRDHPRTPNKYGKYSRRAFDGLVKIWRKSLHIYDPPTQARDTAKDSNSDSDSD*
(SEQ ID NO: 1347)

Celera Sequence No. : 142000013384851
CGAAACTATTAAGAAATCACAGCCTATCTAATTACCCATAAAAAGTTTCATTAATTTATTACGAATAAATTATGCCGCTAAGCTACATAAATCCG
AAAACGCGAAATGAACTTGCATCTTTTGATCTTAGAAAACGGTGTATGCCCAACAACCACACAGCAACATCAAATACAGATTAAAAACACAAAAG
GGACTAACCATAAGATCGATCCACTTCAAAGCGAGCATTAAATTAGTAAATTGTTGCAATCAAAAAACAAAATAGACTGTAAGTCCCACACTCTA
GGTATGCAATTGCAATACGTTTTGTATGCGTAATAGCCATTTTTGTGCAAACATTACCTATGTAATTAATATTATACAAATACAAAAACAAAAAT
ATGTAGAAAATTAGGTGGAAATGGAGTGGAGCATTTTTTCAATAAAATCACTAAAATTAACTACTACAGCCTTAATTTATCTAGCCAGCCAACCA
TTTCAATTTCGGAGAAATCGCATTTTCCATTCACAAGATTAAGGGTCATATGTTGCGTTAATTATAATTTTATTAACATTATTGTTGGTTTAATT
TGAATGTGTTAAATTATAAACGTGTGCCGTCGCATTTGCTTAAAAATTTATGAAAATAGTAAAGTTAGAACTTAGAACTAAAGCTTATGCTAAGA
ACTACGTGTGACAAGCTGGCCGTCGAAGAGGGAGCAAAAACAAAATATTAAAACATAGATGTAGTGGAAGGCAATTTTACAATTCAATGTGTCAA
AAAACGTCACGTAATGAAATCAAACCAGCTCCAAGAGTTGATATGGCCTTTGAACTAAAAAACATACAACTTCGGGCGCTGTAGGTCCTTACGGT
TAGAGTAGGAAATGTGGATGGACAGGTGCTGCAGTCGCGGTTTGCTTGGAAGTGAGTTAAGGCCAATCAGCCGACGGCGACACATTGGGTAGATT
ATAAGTGTATGTTAGAGATTTTAAAACACTTAAGACTATGACCGTGAGGCTTAGTTACGTCGCGTTCGACGACGAGCATTTCCTGCAAAGGCGTT
GTGCGCCCCCGGATGCTGTCCGCTGTACAAGTTGTCCAAGAACTCATGCAATGTAGCCTCGCTGCAAAGTGAGATTGTTTTATTTTATGTTTTGC
AGATTGCTCGAAGAAGTTCGCCCTTACCTAACGCCGCTCACTCCCCCACCAGGATGATGTACACCCCGATCGTGATGTGGCTGCTGCGGGTGCTG
GTGGTGTTGTTGTTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGTTGTTGTTGCTGCTGCTGCTGAGCACCGCGCACGATGCGGTACTGCACCATGTGCGAGT
TTGGTTCCAAATGTGACAGAGCTCCTTTTTGGCAGTTAGCCCACTCGGTTATGTCATAGACCTTGCCGTCCATTAGCGCCAAGTATTTCCACCGC
AAGCCCATCATGCTTGTCTCGGCCCAAATGTCACCCTATTGCGAAAACAAAAACACATTTTTCAAAGTATGAGTATATCCAACTGTGGATTTCTG
CACCCTTACATCTTTGGCGGAGTGCCGTATTTTGCAGGAAGCACACTCACGCGCCGCATAGTGAGGGCGTTCGGTTAGCTTGCGAGGATGACGCT
GGGCACAAGTGCTGCACCTGTATTAAGCGGTAACCAGAACGATTAGTAATTTGCTATCTATAGAGACGCGTTTGGTACATACGCACCTTATGGTA
TTGGCCGCCTCAGCCATTTTGGTTTGAAGTTGGGAAAGCAGGTCGTGCAACTCCGTCCACGCCTTCTCGGTGTGCAGAGTTTCGGCAATGCTTTG
GTCGTAAATTAGTCGATTCTCCTGCAAAAGGAAACTTTTAAGATAGCCATCGATCATTTAAAGTGACAATGCATTACCGGTTCTCCGATTAACTC
AAAGGCGCGCTGCAGCACCTTAAAAGCCTCCTCAGCACCGGCTTGTTTGTTTTTGTCGGGATGTACAAGCACGGCAATCTTTTTGTAGTGCTTGC
GGATCTGCTCCTGGGAGCTGTCTGGGGGAACACCAAGTATGCTAGAACAAGAAGTAAGAACTGTTGCACACGTTCATTAATAGTTGAGCAGAGCT
CACCTGTATGCATCCTTTCCCTTGCAATTAAGCAGAGAGTACATTGCTTCTTCACCCGTTTGTGGCAGACGACCAGTTTTGAATTGCTCGGAAGT
GGTTTCTGGCGGTTTGCGTTTGTAGAAAAGTCGCCATACGGCCAGGCGCGAGTTCTTAGCAAAGCGAGCGTCGAATCGCCGCCAATAACTTCGCC

ACCATATGCTTGGCTTGCCAGAGTTCTGCTTCAGTTCCTTTTGCAGCTGCCGCGCATAAGCCAATGCAGCCACATAGGCCAACGTTATCCGCTCG
TATCCCATGCTAAAGCCCAGAACCACGATATCGTACACCAAATAAAACAGCCACGTTAAAAGTTTCAGGGTGTAAATCCACCAGGTGTGGATAAT
ACGTTTGGCCAACTCGTAGTTGCGGTTACTGGAAAAGCTGTTGGCATGGGTGGGCGAGTTTGTCGACGAATAGGCATTGCTTCGATTGCGCTTCG
ATGAGTAGGAGTAGCCAGAACTGTTGTTCGGGTTAAGATTCGAGGAGGAATACCGTTTGGCCGAAGAGGAACTAACATTGTTATTGCTGGAGTAA
TTTACGCTGCTACTGCTACTGCTGCTTCCCGCATGTGTGTTTGCGCCAGTGTGATTCGAGTGACTCGCGTTGGAGTTGATTTTGTTACTGCCTGA
TTTACGTGATGAAGTGCTAGAATTCGTTGCCGGAGTAAAATTGAGAACATTGCTGTGGTTCTGCAAGCTGCTGTTGGCGGACACCGGAGTGGTCT
TATGCTCCGAAAACTTAGGGGCGTTGCTATTTACGTTCTTCGGTTGCAGTGGCCGCTTCTTTTCCGGATTATTTAGTTTGTTTGATTTAATCTGC
GGCTGTAGATTTGGCTGTGCTAGAGACTGAGACTGTTGAACCTTGAGCGGCGCGGTCTGGCTGACTTTACTTCGCTTCTTGCCTCGGCTGGCATG
CGCATGACCAACACCGGGCACAAACGAACCCGTCTCCTTGGCATCGTGCAGCGGTGAACGTTTTGACGTCCGCATCTCGCGATTTCCATATGCAT
CCTCCTTTTCCGGACGCCTCTGCGATTGTACACTGTAGTCCCCACCGTTGTCTGCGCGCATATCTCGCCCTGCAGCACTCGGTTTTGTGCCTTTG
CTGAGCACATCGGAGTACGACATGGGCATGGGCTTCACCTCGGCCACGATTCGCTTTTTGCCTTCGGGTTGGCCAGGCACGGCGACGCTCGACTT
GTTGATGGCAGTTGGTGAAACGGTGGCAGTGGCCAAAGGCATTTTCAGAGACTTGGCTGGCTTGGAAGCCGCTGGCAGTGTATTGACGGATTGCG
ACAGTGGCTCAGGCTGCTGCAGGTTCTGATTAGGAACCTGTGGCTGTTGGGCTATCGAAGTCTCGAGAACGACGTCCATCTCGTTGGCCTCGCCA
TCAAATTGAATGTAGCTTCCACCAGTCAAATTGGGCGACCAGTTGTTTACAAGGTTGTTAATGAGAAGGTTAGCACTGCTCGACGAGTGATTGAC
TTGGGACACTGTTGGGGCCTGAGTCTGCGTCTGTTGGGGCTGTCGATGCTGGGCGTCTTGCTGCTGTGCATGTGGTAAAGTCAAAGGATTTGTGG
CAAACAGTTCATACAGTGGAGTCGGCTGCGAAGGTGTCGGCGGAGCGGCCTGGTGTTGGTGCTGCAGCTGATGGTGATTAATCGAGGCCATGTTG
ATATGCGTGAAGAGTGGGGTGCCGGCTTCGCTGACCTGGTTGTCCGGGCAGTGGTACACTTTGAGAAAGTTGCCGGGTCCCACAGGCAGCACGGA
GTAGGTCTCTGGCTGGCCTGGCTGACCGGAGTAGGACAGATTGAAGAGATACTCATTGTACATGTGGGGCTGCTGCTGCTGAAGATGGGGCGCAA
ATGGGGGGCCGGCTAGGTGCGGTGGTGGAGGTGGCCACATCAGCGGGACAGGTGCTTGTCCATGCTGCTGCTGGTGGATCAGATAGTTTTGGGTT
TGATGTTGATGCTGCTGCTGTTGCTGTTGCTGCTGTTGGTGGGCCAGGTAGTTGCCCACTTCGTCAGTGTGGGGCAGGACGCGAAAGGGTGCAGA
CTCAGTGCTGCCCCCTCCAATCTCGTCGTCCTGACGAGTCGCCATGTCCTGCGATGGGGCCTATGCTTTTTGCGCACCAGCTCCGCTCGCCTATT
GGAATTTCAAGCGTGCTCCATGTATTCACCGCAGCGAGTCTGTCACGGATGTGCTGCAATCGCAGGTGACAGGTAGTTGGTTTTCTGTGGCCCTA
GCCCACTTTTTCACTCCAAACTCTAAATAATTCGCAGAGCGTCCGTGTGTAAGAGTTTTATATCTTTTTATTGCAAACGTCAAATGTAGTGTTGC
CAGATGGGTGGAATTCCATTTTCCTAACTGCCCTCGACCAACCCTGGTAGTAACCTATCGAAAGATTTCCCTCCAACGTATTTTCCGAATTGTTG
TTAAACTGTTGGATTATTAATCGAAGTTTCCTCAAATAAAAAAACAAATTTCGCCAACTTTTCCATTGCCACCAATCAGCCGTTTTTGAAGATAC
ATATATTGATGAACCCGCTGATCGTGCAGCCCTGGTTAATATTTGTTGTTTTAAACGTTGCAGTCAAATGATTTTTAAACAATTAAAAAAATGCC
TTTTGTCCGACCGCTGGTGACCGTGGTGCGGGCCGGGCGGCATAGCTATTCAGCAGGATTACAGCTACAGCAACGTCTTGCAAGGTCCAACCAGA
TCCTGAATCCGCCAGCGGAGTTCCGAAACTACCTGGTGCTTCAGGAGCACGACCCGGTCTACACAGTCGGACTAAGGACAAAGGACTATACGGCG
CAGGATGAAGACCGACTCCGCCGGCTAGGAGCAGACTTCCATCGCACAGATCGCGGTGGCTTGATCACATTTCACGGCCCCGGCCAGTTGGTGGC
CTATCCCATTCTGCACCTGGGTCAGTTCGTGCCGAGCATCCGCTGGTACGTGGCGACGTTGGAGCGGATGGTTGTCGAGGCCTGCCACCAGATGG
GCATTTCCAGTGCCAAGGCGACCAAGGACACCGGTATCTGGGTGGGTGACAACAAGATCTGTGCCATCGGTATCCACGGCTCGCGTTACGTCACC
ACGCATGGAATCGGCCTCAATTGCTGCACGGATCTGCAGTGGTTTGAGCACATTGTGCCCTGCGGAATCGAAGGCAAGGGGGTCACCTCGCTCAG
CAAAGAGCTGGACAGACATTTTCCTGTCGAGGAGGCCAGTGGCGCACTCCTCAATAGTTTCGCTAAAGTTTTCGAATGCCGCCTTCAGGAACACG
CCAAAAAACCAGCAAGTTCTGCTGAAATCGGA
(SEQ ID NO: 1348)

Exon: 4447..2094
Exon: 2036..1883
Exon: 1826..1702
Exon: 1632..1530
Exon: 1460..1168
Exon: 1106..1001
Start ATG: 4225 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT34422
TTTGCAATAAAAAGATATAAAACTCTTACACACGGACGCTCTGCGAATTATTTAGAGTTTGGAGTGAAAAAGTGGGCTAGGGCCACAGAAAACCA
ACTACCTGTCACCTGCGATTGCAGCACATCCGTGACAGACTCGCTGCGGTGAATACATGGAGCACGCTTGAAATTCCAATAGGCGAGCGGAGCTG
GTGCGCAAAAAGCATAGGCCCCATCGCAGGACATGGCGACTCGTCAGGACGACGAGATTGGAGGGGGCAGCACTGAGTCTGCACCCTTTCGCGTC
CTGCCCCACACTGACGAAGTGGGCAACTACCTGGCCCACCAACAGCAGCAACAGCAACAGCAGCAGCATCAACATCAAACCCAAAACTATCTGAT
CCACCAGCAGCAGCATGGACAAGCACCTGTCCCGCTGATGTGGCCACCTCCACCACCGCACCTAGCCGGCCCCCCATTTGCGCCCCATCTTCAGC
AGCAGCAGCCCCACATGTACAATGAGTATCTCTTCAATCTGTCCTACTCCGGTCAGCCAGGCCAGCCAGAGACCTACTCCGTGCTGCCTGTGGGA
CCCGGCAACTTTCTCAAAGTGTACCACTGCCCGGACAACCAGGTCAGCGAAGCCGGCACCCCACTCTTCACGCATATCAACATGGCCTCGATTAA
TCACCATCAGCTGCAGCACCAACACCAGGCCGCTCCGCCGACACCTTCGCAGCCGACTCCACTGTATGAACTGTTTGCCACAAATCCTTTGACTT
TACCACATGCACAGCAGCAAGACGCCCAGCATCGACAGCCCCAACAGACGCAGACTCAGGCCCCAACAGTGTCCCAAGTCAATCACTCGTCGAGC
AGTGCTAACCTTCTCATTAACAACCTTGTAAACAACTGGTCGCCCAATTTGACTGGTGGAAGCTACATTCAATTTGATGGCGAGGCCAACGAGAT
GGACGTCGTTCTCGAGACTTCGATAGCCCAACAGCCACAGGTTCCTAATCAGAACCTGCAGCAGCCTGAGCCACTGTCGCAATCCGTCAATACAC
TGCCAGCGGCTTCCAAGCCAGCCAAGTCTCTGAAAATGCCTTTGGCCACTGCCACCGTTTCACCAACTGCCATCAACAAGTCGAGCGTCGCCGTG
CCTGGCCAACCCGAAGGCAAAAAGCGAATCGTGGCCGAGGTGAAGCCCATGCCCATGTCGTACTCCGATGTGCTCAGCAAAGGCACAAAACCGAG
TGCTGCAGGGCGAGATATGCGCGCAGACAACGGTGGGGACTACAGTGTACAATCGCAGAGGCGTCCGGAAAAGGAGGATGCATATGGAAATCGCG
AGATGCGGACGTCAAAACGTTCACCGCTGCACGATGCCAAGGAGACGGGTTCGTTTGTGCCCGGTGTTGGTCATGCGCATGCCAGCCGAGGCAAG
AAGCGAAGTAAAGTCAGCCAGACCGCGCCGCTCAAGGTTCAACAGTCTCAGTCTCTAGCACAGCCAAATCTACAGCCGCAGATTAAATCAAACAA
ACTAAATAATCCGGAAAAGAAGCGGCCACTGCAACCGAAGAACGTAAATAGCAACGCCCCTAAGTTTTCGGAGCATAAGACCACTCCGGTGTCCG
CCAACAGCAGCTTGCAGAACCACAGCAATGTTCTCAATTTTACTCCGGCAACGAATTCTAGCACTTCATCACGTAAATCAGGCAGTAACAAAATC
AACTCCAACGCGAGTCACTCGAATCACACTGGCGCAAACACACATGCGGGAAGCAGCAGTAGCAGTAGCAGCGTAAATTACTCCAGCAATAACAA
TGTTAGTTCCTCTTCGGCCAAACGGTATTCCTCCTCGAATCTTAACCCGAACAACAGTTCTGGCTACTCCTACTCATCGAAGCGCAATCGAAGCA
ATGCCTATTCGTCGACAAACTCGCCCACCCATGCCAACAGCTTTTCCAGTAACCGCAACTACGAGTTGGCCAAACGTATTATCCACACCTGGTGG
ATTTACACCCTGAAACTTTTAACGTGGCTGTTTTATTTGGTGTACGATATCGTGGTTCTGGGCTTTAGCATGGGATACGAGCGGATAACGTTGGC
CTATGTGGCTGCATTGGCTTATGCGCGGCAGCTGCAAAAGGAACTGAAGCAGAACTCTGGCAAGCCAAGCATATGGTGGCGAAGTTATTGGCGGC
GATTCGACGCTCGCTTTGCTAAGAACTCGCGCCTGGCCGTATGGCGACTTTTCTACAAACGCAAACCGCCAGAAACCACTTCCGAGCAATTCAAA
ACTGGTCGTCTGCCACAAACGGGTGAAGAAGCAATGTACTCTCTGCTTAATTGCAAGGGAAAGGATGCATACAGCATACTTGGTGTTCCCCCAGA
CAGCTCCCAGGAGCAGATCCGCAAGCACTACAAAAAGATTGCCGTGCTTGTACATCCCGACAAAAACAAACAAGCCGGTGCTGAGGAGGCTTTTA

AGGTGCTGCAGCGCGCCTTTGAGTTAATCGGAGAACCGGAGAATCGACTAATTTACGACCAAAGCATTGCCGAAACTCTGCACACCGAGAAGGCG
TGGACGGAGTTGCACGACCTGCTTTCCCAACTTCAAACCAAAATGGCTGAGGCGGCCAATACCATAAGGTGCAGCACTTGTGCCCAGCGTCATCC
TCGCAAGCTAACCGAACGCCCTCACTATGCGGCGCGTGAGTGTGCTTCCTGCAAAATACGGCACTCCGCCAAAGATGGTGACATTTGGGCCGAGA
CAAGCATGATGGGCTTGCGGTGGAAATACTTGGCGCTAATGGACGGCAAGGTCTATGACATAACCGAGTGGGCTAACTGCCAAAAAGGAGCTCTG
TCACATTTGGAACCAAACTCGCACATGGTGCAGTACCGCATCGTGCGCGGTGCTCAGCAGCAGCAGCAACAACAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCA
ACAACAACAACACCACCAGCACCCGCAGCAGCCACATCACGATCGGGGTGTACATCATCCTGGTGGGGGAGTGAGCGGCGTTAGCGAGGCTACAT
TGCATGAGTTCTTGGACAACTTGTACAGCGGACAGCATCCGGGGGCGCACAACGCCTTTGCAGGAAATGCTCGTCGTCGAACGCGACGTAACTAA
(SEQ ID NO: 1349)

Start ATG: 223 (Reverse strand: CAT)

MATRQDDEIGGGSTESAPFRVLPHTDEVGNYLAHQQQQQQQQQHQHQTQNYLIHQQQHGQAPVPLMWPPPPPHLAGPPFAPHLQQQQPHMYNEYL
FNLSYSGQPGQPETYSVLPVGPGNFLKVYHCPDNQVSEAGTPLFTHINMASINHHQLQHQHQAAPPTPSQPTPLYELFATNPLTLPHAQQQDAQH
RQPQQTQTQAPTVSQVNHSSSSANLLINNLVNNWSPNLTGGSYIQFDGEANEMDVVLETSIAQQPQVPNQNLQQPEPLSQSVNTLPAASKPAKSL
KMPLATATVSPTAINKSSVAVPGQPEGKKRIVAEVKPMPMSYSDVLSKGTKPSAAGRDMRADNGGDYSVQSQRRPEKEDAYGNREMRTSKRSPLH
DAKETGSFVPGVGHAHASRGKKRSKVSQTAPLKVQQSQSLAQPNLQPQIKSNKLNNPEKKRPLQPKNVNSNAPKFSEHKTTPVSANSSLQNHSNV
LNFTPATNSSTSSRKSGSNKINSNASHSNHTGANTHAGSSSSSSSVNYSSNNNVSSSSAKRYSSSNLNPNNSSGYSYSSKRNRSNAYSSTNSPTH
ANSFSSNRNYELAKRIIHTWWIYTLKLLTWLFYLVYDIVVLGFSMGYERITLAYVAALAYARQLQKELKQNSGKPSIWWRSYWRRFDARFAKNSR
LAVWRLFYKRKPPETTSEQFKTGRLPQTGEEAMYSLLNCKGKDAYSILGVPPDSSQEQIRKHYKKIAVLVHPDKNKQAGAEEAFKVLQRAFELIG
EPENRLIYDQSIAETLHTEKAWTELHDLLSQLQTKMAEAANTIRCSTCAQRHPRKLTERPHYAARECASCKIRHSAKDGDIWAETSMMGLRWKYL
ALMDGKVYDITEWANCQKGALSHLEPNSHMVQYRIVRGAQQQQQQQQQQQQQQQQQQHHQHPQQPHHDRGVHHPGGGVSGVSEATLHEFLDNLYSG
QHPGAHNAFAGNARRRTRRN*
(SEQ ID NO: 1350)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384693
TCAAAACAACGATCTCTTGCTGTTGAACCGCCACCATGACACATACAAGAATCTTACCGCGAAGCTCATGCAGTCCCTGTATATCCTGAGACGCC
ACTACGAGTTCTCGTATATGCTGAAAGTGGACGACGATACCTATGTTAAGCTGGACAGTCTAGTTAATACGCTGGTTTCCTACGATCGCAAGTTG
CTGCGCAAGAGGTCGGAGTATAGGGACCATGTGTTGCCTCAGCTTTACTGGGGCTACTTTAACGGCCGATCCACAATTAAAACGAAGGGCCAGTG
GAAGGAGTCTAGTTACTACCTTAGCAAAAACTACCTGCCGTATGCACTGGGCGGGGGATACGTTCTGTCCCGAAGTCTGTGTGACTACATTGTCA
ATAACTCCCAACTGCTATCGCACTATGGGTCCGAGGATGTCTCCGTTGGCACCTGGCTCGCCCCACTGCGCCACGTCTATCGGTGGCACGATCCC
AGATTCGACACCTCCTACGCACCGCGCAAGTGTCGGTCCTATCACATGGTGCTGCACAAACGCAATGGGCAGATGATGAGGGACATTCATGACGG
TGAACTCTGCAGTGGCATTGGTTCGAGTATATTGTCCGATTACTATTACGATTGGACGAGAACAGCGGACAAATGTTGCGACAGCTTAGTAGCGT
AGTCGTGTGGACAGGCTAACCAGCGCTCAACTGGCCATTCTATAGGATTTTCCTTTCCTTCACGACTAGCTACCACGACTCAGCCGGCTGTGCAG
AGCTCCTCGCTATGCTTTGTATTTGCAGCCGAGCAGCATCCTCCACTGCGATGGCCAAAAACCAACACTCGCTTTGCGGCTAGTGGGGCACGTTT
GCATGCGTAGAAGTAGTTTGAAATGTCGAGACTGCAATGGCAGGTAATAAAAAAGTATTAAAGATGTACATTTTACAATACTTTACTCCATTATG
ACATAATTCGGGATGCGCCACAAGACAAGGTAAACAATTAGAATGGACACTTAGAAGAACTTAACGCCGTGGCTGCCGTCCATCTCGATCAGCTC
ACACCTGCCCTTTTCCTCCAGCAACCGGAGGGCACTGAGCAGCACCGCCTCGTCCACGCCGTAAAAGTCCAGGTGAGAGGTGTTCTCGCCGGAGG
CTATTTCGTACAGCGTGCAGATGGTGTTCGTCTGGCCCGTTTCCTGCACCCAGTCGTACACCATGTTGCCGTACTCCTCGAGGGTGAACCAGTAC
ACCTGCCACTCCTGGCGTCGCTTGTCCAGCGGATTCGCATGCCCGCTCCGCTCCAGCTCGCCCAGAATGGCCAGGACGAGTTCCGGCGAGAGGCG
GCGCTTCAGCGCTTCGTTGTGGAACAGCGGCGAGTTCTGGTCCCCAATGCTGAGAGTAAACCTATTCGTGTGCCTGAGGTATTTGAGAAAGAGAT
CTGTCCAGACCTTCAGCTGCTGCTGTCTGGTTTCTTCGTGGGGCTGTAGTCTGAAACCCGGGTGTTAGTCGAGTGATGGAGCATCTCCTGGTCGG
AACTCACGTAAAGAAGGGTGGGAAGGTGTACTCCCAGGGCCACTGGAACTCCGCCATGCTGATTAACTACGATCTAAACATTTGTTTTTCCAATG
TAAGTTATTACTAATGGCCTAGAGTGACCATATGCGCTAAATAGCAAAATACCTTGCTATTCAAAAACCATTCAAAAGTAAAAAAATTCGTTACT
TTTTAGTTTTATTATTGTATCCTTATATTTAATATTCGCATTAATAAAAAAAGTTACGAGTTTCCTTAACTTTCTTTTGCATAGCACTTAGCTTA
CGAGGAATTTAAAGCCATTTTTGAAAGCAAACTATTTAAATTAAACACCCGTTTTAAATTTTGAACCCAATATCCCAAGAAAACACTTATTTGTC
ATTTACAGTAAAATGCAATCCATTTCTTGTATTTTGTCTTAAATAGAAAAAATTGTGTACATTAACATTTTCATCGGGCTTTTTATGAACTTTGA
TTTGGGCGTCTGGTTTTCAGTTTCGGTTTCTGCTTTATTCAAAATCTCTGATTTATCAATTCAATGCCTAGGTCTAGAATCAATTTCGCGAGAAT
GTGGCGACAAAAGAGGGGGATTGCAATGGCTTGCATCGTCAATATACACGCACATATATACTCGTATCTGATAAATCTGCTTTATTATTTATAAG
TAAAGTTCTAGGAGGCGCAACACTATACATTCAATATCTGCTATTCTGTATTCCTCTTTCAAACACGCGATTTCCGAACCAATTTAGACACTTTA
TGTGTGGCATGCTGCGGGTGCTTAGTTACTAACTTTATCGATTGTGTGCTAATGTTTCGTTCAAGTTTAACTTGCTGATCGGATCGGATCGAATC
GGATCAGATCAAATGGGATCGAGCTGGGCCTGCTGCCCCCACGGAGCTTCCTTGGCTTGGTATGTACGACATATATGGTAATCATCTTGTTTGCA
CTATATTTTATTTGGTTTTTGTACACATGCGTGAAATTCTAGGGAGAATGCCATTCGGGGAGTAGGAATAGAGTACAGTTTAGTGTTAGGATTGG
ATTTCAGCTGGC
(SEQ ID NO: 1351)

Exon: 1577..1528
Exon: 1475..1001
Start ATG: 1577 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT34551
ATGGCGGAGTTCCAGTGGCCCTGGGAGTACACCTTCCCACCCTTCTTTACACTACAGCCCCACGAAGAAACCAGACAGCAGCAGCTGAAGGTCTG
GACAGATCTCTTTCTCAAATACCTCAGGCACACGAATAGGTTTACTCTCAGCATTGGGGACCAGAACTCGCCGCTGTTCCACAACGAAGCGCTGA
AGCGCCGCCTCTCGCCGGAACTCGTCCTGGCCATTCTGGGCGAGCTGGAGCGGAGCGGGCATGCGAATCCGCTGGACAAGCGACGCCAGGAGTGG
CAGGTGTACTGGTTCACCCTCGAGGAGTACGGCAACATGGTGTACGACTGGGTGCAGGAAACGGGCCAGACGAACACCATCTGCACGCTGTACGA
AATAGCCTCCGGCGAGAACACCTCTCACCTGGACTTTTACGGCGTGGACGAGGCGGTGCTGCTCAGTGCCCTCCGGTTGCTGGAGGAAAAGGGCA
GGTGTGAGCTGATCGAGATGGACGGCAGCCACGGCGTTAAGTTCTTCTAA
(SEQ ID NO: 1352)

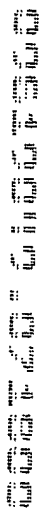
Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MAEFQWPWEYTFPPFFTLQPHEETRQQQLKVWTDLFLKYLRHTNRFTLSIGDQNSPLFHNEALKRRLSPELVLAILGELERSGHANPLDKRRQEW
QVYWFTLEEYGNMVYDWVQETGQTNTICTLYEIASGENTSHLDFYGVDEAVLLSALRLLEEKGRCELIEMDGSHGVKFF*
(SEQ ID NO: 1353)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384523
AATATAAAAGGCATTATGCCGAAATGAGTTTCCATACGATTTCTCTTTTAATGATTAATATGTTTTCCTCGATATTAAAATGCATAACTACGATT
AAGTATGTGCTTGCGTTCTTAAAAAACAGTATGGTTTTCAGGGTAATTTTCTGTGTTATATGCATGTAGGTAACCATTTTTTTGATATATCTAAC
AATTTGTACTTGGTTTTTAGCTCCACTAAGGAGTGTCTTGTTTTTTATTCAAACCATCCCTTATCCCCCATCTCTAAGTGACACAGCAAAGTTCA
AAGCCCGCCTGCACCCATGTTTTTGAGCAGCGAGTTCGAGTTCCATTGACCAAGCGGTATATAATTGTTGGCCACAAAAGCGAAAACAGCTTTTC
GGCCAAATAATAGTTGGAGAATAGAAAAAAAACTACAATCGACGCCCCCGCCAAGCGGAACAGAGCCACACATCCACAACCACAACCACATCCGT
ATCCATGAAGTGCTCCACACATCGAAAACTACTTCTACATACATCTGGAGCCACATTAACACACTCTGACTACGCAACTGTGCGAAAATCGCTTT
AGACGCTAACTGGAAACCGAGAAGCAGTTGGCTATGAGTGGGGCGCTTAATATGGATACAGTTAATTGACCTTGATTGAGTTTATTTCGGTTAAG
GCAGCTGTCTGCGAGCCAAATGTCTCCATTCTGTTTGGTGTGAGTGTGTATCTGTGAGTGGGCTTCATCAACATCATTATCATTATGGAAGGTCT
GCGGGAGGAAGTGGCACATTCCCGAGATTCCTGCCACAGCCTAATCAGCATAAAATAGTTCAGGGTGCAACTGCCTGCTTTCCAAAGTTTGAGAA
AATATGACGAACTTCTTGCTACTATACTAATATTATTATACCGTTTCTCAAAATATATGTTGTAATTTAAATTAAATTGGTATACTTGTATACTT
TTCATTTTTCAGTGTAGACCTCGCCTTAAGGTTATCTGTCTCCTTCTCGTCTAAGGATCAGATTCCCCCAGAACTTTTATGCCTGCAAATGCCCA
ACTCCTTACACTTGGAGTGAGGAATTTTTCATTAGGAAGGAAGCAATTTCATGGCCAGTTATTTGAGCCCTCCGGCTGACGCCTGTGCGTGTCGC
ACTAGAAACGCACCACCACCCATGCCCAACCCGCCCCCACACTGAAGGTGTGGCCACCATCCCCGCCCCGAGGTATGCAAAAGGTAAACATTGGG
CATTGAGCAACTCACCAGCTGACATGTTGAGACGTTTGCGCGCATCGCGTTTGGAGTAGAGGAACTGGAAGCCCGCGCCTAGTTTTTTGCCCGTC
GAACCACTGCTGGCACCCACACCAACACCACCACTTGAGCCACCTCCTGCCCCACTGACGGCCGCTGCTCGAGCTGCCAATCCTGGCGAGCGGTA
TCTCGCACTCTTGGCACTGCCAGTGGCCGAAACGGTGGACAAATTAGAGGGCGTGTGGTTGAGGGCGCTCTGAGACTTTGTCTTGGGGGTGCTGG
TTATGGGAGCACCAACACCGGTGGTGGGTAACCGGGGTAGTGAATTCGTGCTAGCCACCACTTGGTTGGGATTCAGACTGCGCGGCAACGTGGAT
CTGGCGCCGCCAAACTGATGCGAAGCTGCCTCATCGCTGGAGTCCGTCTCGTAAATGGCATCCGGTACACTGGAACGCCGCACATCCTTCGTAGA
ATCACCGCCAATCGAGGATCCCGCGGAGGAGAGCCACGGCTTGGCCGGCGAGGACTCCAACTGGTGGTGATGGGCATCGCCGCCTCCAATGCTGC
CGCAGGATCGGACGCGATCCAATTGCTCGCGGCTCAGGCTCTGCTGGTGCTGGCTGAAGAGAAGGTCGCCTGCCGATCGGCGCTTTGCCACAGCC
AAAGCGGACGCAGACGACGAGTTATCCCTGTCCAGTTGGCTCAGCTGGCTGAGCCTCGTTCTGCTGTCGCCATTAGCCAGTAATGCCGACTCAAA
ACTGCCGCGCCACGAGAATCGCTCGTAGTCGCTGGTCACGCCGCACTCCTCCCCGGCGTTGTCCGAGTGTCCGGGTCCGCCGGATCCTCCCGCTC
CCGATCCCACGCCGCCGGCTGGATAATGCACCGTGGCATGGTGGTGCAGGTGATGCGAATGCGGCGTAGTGCCGTCCAGCAGTAGATCATGGGAT
TTGCTTCGCAGCTTTAGCTGCTTGATGGGCATGGCTTTCAGTTGCTCCGCCACCTCATCTTCCTCATCCTCCGTCGTGGTGGCCGAGATCTTGGC
CTGCAGTCTTCGATGATGCCGCTGTCCTTGCGGGGATGGAGTGGGTGTTTCATTGCCACTGCTAACTTCGTGCATCAGAGCTACCAATCTGGTAC
CAATATGCTGCATCACCTTGGCAAACAGTTGCGGGGATCTCTCCGTGGACGGTTCTGCTTCCTCCACCGCTTTGGTGGCTTCTGTTTCCGGTTCT
CCACCCGCCGCCACTTTGCTAAAGGAAGCTACCAATTTCTGATACACCAATGCTTCCATAGGCACACTTTGGCTCTCGTCCAGCAGTCCACCATC
ACCACGATCACCCTCCTCGTCAATTTCAAACTTGTTGATGATCTGCTGACAGCTGGCGGAGATCTGAGCCTTCAGTTGGCCCTTCCTTTCACCGC
CCTCCAGATCGGAGCTCGTGTAGTCCGAAGAATCGTAGGAATCAGACCATGTATCCTCACTGCTCAGGTACTCCACTATTTCGCGCACCTGCTCA
TCATTGATGCCCGGCACGGTTTTCATCAGTCGGGTCAGCTCATTCTCAAAGTAGGCCAACTGAGCTGGCCGGGATTTGGCCAATCTGCGCTGGGA
ACTGGGCGTGGTGTTGACATTGGTGGTGCTGGGCCCTTGATTGGGCGTGGAGGGCTTGCTCTGCTGTGCATTGGCGGTGGCGACAATGAGGTTCT
TAAAGAACTGCCGCATCTTGCTCATCATCAGGTTGGTCTCCTCGTCGGAGCTCCAATTGTTGAAGCTATCCTTTCGCACCAGATTGGGCAGGGCA
AGATTTTTCAGTTGGCTGGAAAGTGTGCTGGCTACAGCTGCAGCTGCTGAAGTGCTTGGTTGATCCATCCTGGCCAGACTAATCTGACTATGGAC
CGGTTCCCGATCCTCACTGATCTGCTCCAGAGCTGGCGTTGGGCTCTTGGGTGGCTCACAATCTGGTGCCGCCTTCAGGAGATCATCGTTGCTGC
CCACAAAGCCACTGTCCCGGCTGTGGTGATGCTGCTGTTGTTGCTTTTTCGCCTGCGACTGCATCTGCACTTGACCACTGCTGCCCGGGGTGGGA
GTCCGGCACTCGGAAGGCTCTAGATCGTGGAGCTTCTTCTCGTCCAGAGAGTCGTGACGCTTGCGCAGTTGCTTCTTGCGTTTAATGGTGTCCGA
GGAGGAACCATCCGAAGCTCCGGCATTGGCCAAATGAATCACAGTGTCGTCACAGCCCGCCTCCGATTCCGAGGTGTCCTCTACAGTGGCTGCAG
CTGCTCCGCCTGCAGAAGTAACTGTGGCATCCAGGGTGTCTGATTCTGGCAGTAGCAAATTATCCAACGAGGAGTTGTGACTTCTAGGTGTTCCC
CTGGCTCTTACCAGTCGCTTTCTCCGCTGACTGGGACTCGGTTGTCCTTCACTATCACTGCCTACACTGCCACCACTTTCATCGCTCTCCGCCTG
CTTTTCTGCACCACTGAATCCCATGAAGCCGGAGAGGAAGTACTTTTCCAGACGGGAAGAGGCCAGATCGGAAGCTCCACTTGTATCCAACAGCT
GATCCTCATGCGGTAGGGAGTCAAGACTCTCAGAGCACTCGGAACTCACTTCGGATGCAGTGTCATCTCCGCGTGTATCAATAGAACTCATTACT
CGACCATCTCCCAGCCCAAAGAAGAAGTACTTCTCTAGTTCAGAGGCACTTAGTCGATGGTGGTGCTGCAAGGTGCGCTGCCTTCTCCGTTCGGA
TAGATCCTCATCCTCCAGCTCGACGTCTTCATTGTCCGCCCGCATGGAGGCCACCTCGCTCTCCTCACAACTCTCCTCGACGATGGTGTGCAGGG
TGAAGTCGATGGCAGATCTATTGTATCCCCTTAGGTCCTCCTCTCGATCCATATATCCATGTCGCCGGGCTCCTTCACCTTCTCCCTCCGCATCT
TCGGAGTCTGTGGCCGTGGGTGTGGTGGTAGCATTGCTGAGATCTTCGTCCTCATCCTCGCCGCGCTGACTCAGTTCCTCCACCCAGGAGTCGTC
ATCAGCCAAGCCGTCCTCTACGCTGAGTTCCGGCACAGCAGGCGGTTCGTTTAGCGAGTCCACACTGTACGCTTCGCGATCGCTGCTCACGAGTT
CCGTTGGTTCCATGGCGCGAAATGAGTCACTCGCAAAGTTCTGGCCAACAGTGTGGCTGTTGTTGCTACTGGTCGGGTCTTTGTGTCTGATGTTG
CTGAAGTTGCTGCTGCTGTTTGCCATTTCGTAATCGCCAGCTGCACTTTCATTGTCTTTGTTGATCATGACCAAACTGCGATACTTGGCTGAAAG
TGAATTTTTGGGCGAAGCCAGTTCGCTGGGCGATGTTGCAGGTGTGTCAGATGTTGCTGCTGCTGCTGTTGCTGCAACTGCTGCTGATGCACTTG
GAGTGTTTTGCTGATGACTACCAAATATTTTGTCGAAGTCACACTCGTTTTCACCACTCACATTTGAATTCACACTCACTACGTCACTAATATCG
CAGCCGACAACCACACTCGAGCCGCTATTTCTCGTCTTTTGTGCTGCGAAAGCGTCATTATTATTATGGCCAAGTTCGCCGTCGTTGTTGTTAGT
GTTTTCGTTATTGCTATTATCGTTTCTGTGTGTGTTGTTGTTATTGCTGCCGAGAAGCGCGGCACGAGAAGCGACCGCAACGTTTAACATTTCAT
TTTCGACTGGCGACTCCGCCGACTCCGATTTCGCTCCACGGCGATATCGTTGCTCGCGAGCGTCGGCAGGTAGGCGAGCACTCTCTTCTACCTGC
TGGAGCGGCTGCTGCTGCTGCTGCTCAGGTGCCAACAAACTCGCCGAAGTTGCCGAGAGTGAATCCAGCGAGTAGTCACTGTTGTCGTTTATTTT
GCATGCTTGGCTGCATGTGACGACCCTCTCCTCGGTTGCTCAGCTGTTCGGCCATTCCGCTCATCCCGCAGTTTGCCATCAGCTCTGTTTGCTT
CTACCTCAACCACTGCCTCTACCTGCCGTAAGCAGGTGAGACTCAGCGGACCAACGTCATTAGAACTTAGCACGGTCGAGGGGCTTTTCCGAGAA
GAAGGGCTATTGCATTCGTCGGGTTTCCCGGCACTACCTGGCTGCGTTGTGCAGTGGGTGGCAGCCACATCAGTGCCCGTGGTGGAGAGCTGCAG
ATCCTCATTGATTTCGGCCACTCCCTGGCGCAAGCGTTGGAGCTTCAACTCCAGCTGAGAGTTCTGCTTGTGCAGCGCCAGCAATCGATTGACAT
CGTTCGAGATGCTGTGCAGCTCATCGCAGGCGGCCAGGGCATCGCTGGCGTCTATCTCATGCGCTTGGCGGCGCTCTGATTGCTCGCCATCGAAC
TCGACGTCTGGCAGCGATCGCATGTGGTGCAGCACCACGCCGGCGGCGGCGTCGTCCGTCTGTCCGCCCACCACTACAATGCAGTTGGCCAGCTC
ATCGGTTGAGTTGGCAACACGGCGTTCACTTTCATCATCGTTAATGTTGTCTTCGTCACTTGATTGGCAATCACGTGCAGCTGTCGGCGGCTCCT

Celera Confidential



CCTCCGCCTTCTTGGGCTCCTCCTCTAGGGGTTTCACGTAGTTGAGCACAATTCCACAATCGGTGCGCTCGGTGTCTGTATCATTGTCAGAGGAA
TCCTCCAAATTGGCCTCCGAGGAAGACAGAGAATCGCCCTCGGTGGAGGAACTGCGTCTTACCCGGCCGCCGGGCTGTCGATTTACGACGAACAC
CTTGTTGAACCTCCTTCTCTTGGGCCTGCGATCGCGCACAGTTCCCGTATCATCGGAGTCACACGATTCCGAGCTGGAGCTGGAGTTTGAGCTGC
TGCTGGAGCTGGAATCGCTGGTGGTGCTGTGGTGTCGTTGCTCCACTGCATCCACTTCTCCTAGTTGCTGCTCCTCCATCATTCCCGCAACGTTG
TAGCTTCTTTGCGTGGTCCTACGCGGCTTTTGCTCCGCCTGCTCCTCCAACTCACGCTCCCTATCCTGATCTCCATCCTGGCTGCTGTTGCTGCT
GGCCTCATCTGGACTACTGGCCGCATAGCTTTCGCTCTGCAGATGGGCCGCCGTCGATGGTGATGCCTCATCGGACATCTTGATGTTCTCTATAA
GTCGATTGGAGGACAAATTCTTGGCAGTCTCCGCCGTCGCTCGATGCCGATCTATCTGCTCTGGGTGCTGGGCTCTGGGTTTGGGCTTGGGAATG
GGACTGGCGGCACTGGCACTAGCACTTTCAGCCACATTTCCAACAGCATTTTCGACTGCAAGTCCGCCGAAACGAGTTATTACCGCAGGAGCCGC
AGCTCTAGTTGCTGTTTGTATTTGTGCTGTTGCTGCGGCTGCCGCTGCTGGTACTTGATTTTTATGTATATTCGTTTCGTCTGCTGCTTCCACTT
CTTCGTGGCTGTTTTTACTGGCCAGGTAGGTTTGTGTTGTTGCCGCTGACTGGGTTTCGCATAGATTTCGGCTCTGGTATTTGCTGGCCACTCTC
AGAGCGGTTCCCTTTGTGGATGTCGCTGGTGTTGCTGCTGGCTCTGCTTTTGTTGATATTGCTGCTGTCGCGGCACTCTTATCTACACTGGCAAC
ATGTGCCTGAACGCACTGAGGCACTGGCAATGTGCCGGTTTTATCATAAACATTACACAATCTACCCGTTGTGGGCGTTGCGTTGTTGCTGTTGC
TGTTGGCGTTGTCGTCGCTCTCACTGTTGCTGCTGCCGCGACGCGCGTTGCTCGTTTCTAGTTGCTCACCCGTCGGCGAACGCGAAGCTACTAAA
CTTGTTGGCTTTGGCTTGAAAGCACTGCTGGCCATTTGTTGATGTTGCTCTTGGTATTGTTGCTGCTGCTGCATCGAGTTGGCAGCTCGCAT
TGGACTGGCCAGCGTTTCCAGGCTCCTACCCGCCGTCCCATAGCCCGAGGTGCTCGACGACGACGAGGAGGATATGGTGGAGCAGAGCGACTGCG
TCATCAGTGATCCCAGCGAGGCACTCAGCTCCGGTGCCGAGGACTTGAAGCCACCCAGTCCGCGCAAGCGCTCCGGAATTGGCGGCGGAGTGGTA
GGCAGTTGTTGGTAGCTCTTGCTGGTCACCGGCGGCGTTGCATCGAACATGTTGCCACTGGCCGCTGCAAATTGCTGCGAATAGGCGGCAACTAT
GGCGGCAAATTGCTGCTGGTGACCGGCCGCCTTCCATAGCTGCTGCAGACTGGCAGCCAGCTGCTCGTCCTGTTCCAGTAGTGGATTGCCTGACA
CTTCTGGCCAGTTGGGATAGGCGGCCATGGGCACTGGTATGGGCACCGGGACGGGAATGGGCACGTACTGCGGCTGCTGCTGCTGCTGGCCGGGA
TTGCAGTTGCATCGGTTGTGGCTGTGGTGGTGATGATTCTTTAAGAATCGCGTCTTAATCCGGGTCTTCATGCTCAGCGGATGTGGCGGTGGTGG
CACGGGTGGTGGTGTTTGATCGGAGCTGGTCTGCGAACTGCTTTCGGTGTTCAGCACAAACTCCTCGTCGGTGCCGGTGTCACTCTCCCTGATCC
TGGGACAATAGATATTCCTGGGCTGTTGGGGTCGCCTTTGCACCTGGGGAGAATCGCTATCGCTCGACTGACGCCTTACACGCGGCGGTGGAGTG
GGCGTGGCTCGGGCTGTAGTATAGGCAATCATGGTAGTTGTCGTGGTCGTCGTGGTGGAGATCATGGAGGGCTCAAAGTAATCCCAATCGCAGTC
TTCCACATTGCTCACAATGCTGTGACAGTGGTGCGTGGAGCAGGATGAATCCGTGTCATCCTCCTCCCCGTCCTCCTCCTCCTCTTCTTCCTCTT
CGCCGTGACAGGACGACGATGAATCCGAGTTGAGAAAGACGAGCTTGAACTCGTCCGCTTCAACGCTATATTGCGACTGCTGCTGCTGTCGTCCG
TGCTGAGTGGAACACCTGAAGTCTAGCTCCGATGACGACGAGGTTTCCACGGCATCGCCCCCACCTCCACATCCACCGATATCAACGGAAACCAC
GGACAGCTGCTGCCCTATGCCTGTGGAGTAGCAGGGATGAAGTTTCGGGAACATACGTAAGTTCGGAGACAACCACTTTGTCGTTGACCAACACC
ACGAAGCTGTTCGCAAATACTGGTTATTAGCACCAAACAAATACACACAGGTGAAATACTGGTTAGCCGGAGGGTGAGTTTTTCCACACCAAAGT
TAAAGGTTGCAGATGGGCTAAGCACATGGACGGGTGGTGGTTGAACAAAAACTTACGGCTAGCATGGGTTAAGCTTGGATGGTTACACCGAAATA
CCACAGATATTAATAGATAGAAAAGGCTGGGAAGGAGTGTTAGTCATTTTATCAAGCCCATTTTATAGATTTCAATGTTAATGGGTATGAACAAG
TTTGTTAGCTGTCTAGTTACACGCCTTGTTAAAAAATGATTTCTACTTCAAATCGATATTAAGTTCTTGCACTGATATAAACAACATATTTAATA
ACCCAGCACCAGGTTGAATAACTTCCCTATAAATATGTTCTGTTTATAATTGAGCGATAGAATGTTCAATAACTAAACTCAACATATACAGAACA
CAATGATGAGTGATCGTAATGTCTATCCAGTTCCAATTTCATACAAACTTGAAACTTAAAATTTAAATGGATTCCATATTACTTTTATTTTGACA
ACACTAAAAGTTTCTCCGAAAAAATGCACTTCTTCCCAATAAGTTCAGAGCTGGGAAAAATCTTTAGTGCTGCAACGACCTTGAGTAAGTGAACT
TCATCCTGACTAAAATTAAATATTCCGAAAATCATTTCCCCTGCTGTTCAAGTACCCATCCTGTCAGGAAGCAGTTCAAAGACCCTTGATTGATT
ATGGTTGTTTGCCACAAGTTTTTCTGCCCAAGACAAGTACTAGCGAAAATTTGCCAAAAAGCTTTTAAAGTTGCCAACATCGCCGTCCTTCAAAC
CCTTCTGCTTGGTTGGTTGCCCTAACAAAAACTGCAACAGCGGCGGATGCACATAGCGTCAATCCCTCGTAGCCACAAAGTAAACATTTGATCGC
TGCCCACCCTGCTGTATGAGACACTGCGAGAAATATTTCAGAGAATTTTTAAAACTTCTTCTACCCACTCTTGCAACTAATAGTACAGGTGTTCA
GTTTTTGGACACTTTAATATTAAGTAAACTCATTTTTAAGTCAAATATATTGTTCTGAGTGCTCAGAAGTTCTTGTCTAAACGCAAACTGTGCAC
CGTTTTAGTCATTCACAGAGCAAAACCCACATAGGAGCACAAAAGGTTCAGGAGATAAGACTAATGCCACAGTTCTGCCGCTCCACGTGGTCCAA
AAATCCGACGGGTGACAGCGTGGCTTTGGTGTGTACGTGGGCACCGACAGAACAAGGTACCAAATTCTGGAATCCTTCGAGGCGACAGTCCACCG
CATCTCGAATTCGCACATAGACACAGGCTGCGTTGGTGGTCACAAAACCGAACGTACACCCACAAATCGCCAAATTGAAACATAACAAAAGGCGG
CAAAGGCGTTTGGATACCCTGCCTTCCGCCCGGAAAATCCCCGCCTGAAAACTCTTGAAGTGCGGGGGAAGTGGTGTGGGTGGGGCGGTGGGAAA
TCGATTTATGAGTTGCCAAAAAATTATCCCGCCAGCCCACGGCTAGGTTTTTGTATTTTGTTTCGGTCCCGTGCCACAAAATCTTTTGAAACCCG
CCAACTTTGCTCTTAAATTTGGTTCTTCGGTCGTTTGTGGTCATGCCGCCAATAGCTTCGGGAAAAATTTAATTCCAATGGTGAATGGAAAGTCT
GCCGTGAAGAAGGCGAAAATTGATGGAATACTTTTAGGAACTCGCAAGAGAAGTGAGCGAGAAAAAGTGTTGCACTCTTTTTGGAAACGCTTCTT
AAAAAATTGATGAGGGAGATGGTTTCCGAAAAGAACCTGAATGTAAAATAGGACAGTTGCCAAGTACATCGATTATTTGAAACTCTGATTCTCTG
CTACAGATTTGATGATTTTACTTAGCTTAACGTGTATGTATGTATTTTAATTTGAATGCATAATCCCTTAAGCTAAAACTATTTTAAAGCACTTT
AGTCCATTAGCACAACTAGTTTTCTATGATTAAATTGATAGGATTAGTTTTTTAGGTTAGTTTCGCCCAATTAAAGTGAATAAAGTCCAGGGCAA
CTTCTGGTTAAGCACTAATTTTTAGACACTGACAACCAAAGAAGCGCCCACCTTCATTCCCAGAAGTGGAGCTTAATTATTTGAGCCAAATTAGA
CTGAAGGCGAAGCCCTTCACAAAGAGTTTGTTAGTCACCCAACTACCCTCTATCCGCATCAGCATCAAAAGTAGCATTACCATCACCAAGTTAAT
TACGCTCCAAACATACATTTAGCTACACAAAGACAACTACAGGGTATGCACTGAGACAAAGTCTTGGAAAATAAAATTCGCAGAAATTATACTTT
AAAACATCATTTTAGTAATGTGACTGAACTTTTTGATAAATAGTTCTCGTAAAAAGGATAGTTTATTTTTGACTTTCCATTGACTTTTCTCTCAG
TGTACCGAGGCTAAGGACACTTCTTATCACTAACCTTCTTCGGCGGCCTTCTCCTTCTCCTTGCGACGCTGCAGCACGACCTTCTTGAAGACAAC
CGCCGCGGCCTCCACTGCATTCTGCAGCTCCTGTTCGCCCAAAGTGCTTGTGTGGGTGGCCTCCTAATGAAAAATGAAATGGGGGAGCAGGATGA
AAAGGTTTCACGCTTAAGCCTACTGGTCTCCGGACGCTTGATGTTCTACTCACCGCCGAGCTGTTGGGATCGCCGCCCTCCTTGTTCGCCGAGGA
CTCGAGGGACTTGCCATTGACCGGCTGCTCCGCTCCAGATCCTTGGCCGGATTCCCCGTGGGGCTTCTCCTCCTCTTGCCCTGTGGATGCTACTG
AGGCGACAGGAATTTCTGTTTTTTTCAGGCGCATGGCTAAATCAGAGTTTCTATGCATAAGCTGTTGATGGAAGGAGTAAATGTGCTGGGGCGTG
CTACCTGTGGGGGCGGTTAACAGGAGGGGGTGCAAAGCGTTCATCAATCGGGTGCCGAAACAAGCGCAGCTACTCAAGGTTCTACCAGGGACCGC
AAAAATTAATTAATTAATTAATTCATTCATTAGCCGTAAATACATAGTTACTTATGCGCAGGCAATCACTACTTTGGGAAGCTGGGGTGGGGATA
CTTCACTTGTATTAGGTGTAAAAATTTAAGTTTCTAATCACTGAATGGTTTATTGCTTGAACTTATATTTGTTAAGGAAAGCGATTTAAATTTTA
CTAAGGGGTGTAATATTGGCTTTATATTCTTTTTAATAGAATAATAGTATAACTTTTGATAAAACAGACATTGAACATGCAATTTATCAAATAAA
GAGCACAACAATAATCACTTGAAGCTAGATTTGTTTTTTTTTTGTAGTTTTGCTTAAGCGAGGGACAAAGTTTGAATAGTTTATTTTGTAGTGTG
TAATGTATATTTTCTACAAAATATATTTGTACAGATAGCTATCTACATAATATTGCTTTACCATCTTTGGTTTATTGTGTATATTTGATATGTTT
CTAATGACAGTGAGCGATTATTTTATGGCTTAAAACTTGTGAATGCAAATGATAGGTGCTTGTGAAATAATTGGTAATAATTGCGGTCCCTGGGT
TCTACGGATGCGTGATCGCAGATTGCAACCATAGCTACTATCAAAAATGACGTATCCTCGGTACTTACCCTCCTCAGCTTCGCCGATTCCTGTGC
GACTGTTGCGGCGCCTCGCCTGCGGAATCTTCGAGTTGCCACGCGTTTTATCCAGGATATCAGCCAGAGGACGAGGGCTGGGTATTTTCGATATT
TCCGTTTTCTTTGTGGGCTGATCAGCGAAGTATTAATTAATGTATTTTCACCTAGATCAAGGTTTGAGGTCAACTCACCTGAGTGTCCTTTTCGG
GATGCGAGAAGGATCGTCGTGTGACGGGCTTGGGCGTGGTCTTCGCTCCAGAATCCTCGGAAACAGAGCGCATCTGCTCCGGTTTTCTTCTCTCG
GCAGCATGGCTATCGGTGGCACTTCCACTGGCTGCACCTTCATTGCCCGAACCTTTGCCATTGGCATCCGAGACCTGTGAGAGTTGGGCCAGTTC
CTCCTGCTGCATCTGCAGTTCCCTGGATTGTCGGCGCCTAATGCGATTGTGCATTAGAGGAGTACGGGGTAGTGCTGCTCCGCCATAGAAGCCTT

FIGURE SHEET 722

GTGGGGTGCCCATGTCCGGATAATAGCCGGGCACACCACCTGAACCGCCACTGGCGCCTAGTCCCACGCCAGCTCCTCCCCCGTAACCCGAATCA
GCAAGGACATTCTCGGCACTGTAAATCGGTCTTTGGGAGGAGTTCTGGTAGCTTCCATCATCCGAACCATTGTTGTAGATGATACGTGGCTCACT
GCTAAATCCGGCATTATAGTTTCGTTCGTACTGCACCTCGTCGGACTCCAAGAAACTGGTCGCACTGTCGCCAAAGTAATCCACATATTCCGGGC
GATTATCCAGCTCCTCAGTGACATCGGGAAACTGATGGAACTGCTGCTTGGCCTCCCCGAAAGTTCTTTCCTCCTTCAGGCAATCCTGGCGCACC
AGGCGACTGGGCGATCGACCACCAGGCCGCTGCACAGCCGTTGGGATCTCCGGCAGCAATCTTCTGTTCTCCGGGTGTCCCTTGGTGTTCGAGTA
CTCCTCGTTGCTGTGGCTGCGCACCTTGATCATCTTGGAATGCGGATCACGGGAGTGATGGATGTTTACACTCTGACTACTGGAGTACTGCTCAC
CACCGCCGACGACCCCGGTGCTGGCCACACTGCCTCCGCTTCCCAGTTCGGTGCCTCCCACGGCGGGCACATGTGGCTGCGAGAGAAATTGCCGG
GGATTCGGAACACTTGGGAAAAGGAAATTCTGTTTGGCCCTCGGCGAAATAGGCATGAATTTTGCCGGAGGAGTAGAGTGCACGGTGAGTGTGTT
TCCACTGCTAAACGCTTCCGGATTTGGCAGAGTTTGCTGACGCATGAATTCCGGAGAACGTCGGAATTGCGGGGAAGTCTGTCGCTTTGGCGGAG
ATGTGGGCAGTAGCTTGACATGCTGCTCGGGATTTGGTAGAGTTGCCTGCCGCGTCATTCTCGGCTTGGGCATGGGTCCCACATCCTGCTCGTCG
CTGGCCAAACTGGACGTTTGTGATTCGTAATTCAGTGGTGGCGGAGCCACTGTCGGCGGAGGTGCTCCCGTGCTGGGCAGCAATTTGGTGCGATG
ATAGGTGCTGGGCGGCTCTGGGAACGAGGTCTGCCTCATGAAGGGCGGATAGCGCTGCTGCTCACCCGGCGATCTTTCCGGGGAGCGACTGTACA
GCCGGTTCGGGGATGTGGACATATATATAGCCGGAGTTGGTTGAGCTGGCAGCGTGGATTGGCGGCGCACCTGAAGCCGATGATGCGTGGGTGTC
ACCTCCAGTTGGGGCTGCTGTTGCTGCGGCTGCTGCTGTACGTAGTTCTCGCAGTCACCCACCGTCACACCAACTCCCACTCCCATTCCGGG
CATGGTGTTCATGTGGATGACGTCGTCGCTGTTGTAGGCGCTCGGATAGAGCGGACTCTTCTGCAGTTGATGCGGCGATGTGGGCGCCGTTAGAT
TCACGGAATTGTAATTGGCCAGATTGCCACCACTGCCGCTGAGAGCCGGGTCGTTGTTCAGGCTACTCGGAAGCGTCGACTGACGCAGGACCCTC
CGTCCCAGCTGCCACTTGCTACTGGTTGTGGGCGTGGCAGTGCCACTTCCGTAATTGATGCCGTGCGTGGGTCGCGGCTGTGGGGGCAGGTGATG
CTGCTGGTGGTGCTGGTGCAGGGTGGGGTAGCTGCCCGCTGATTGGGCCTCAATCAAATGCTGCTGCTGCGGATATAGGTTGTCCGCCACCGGCT
GTTGTGAGTTGGGATTGTTCGGATCGTCCTCGGGATCTGTCGGGATAAAGGATTTTCAATAATCCGTTCTAACAAATTGCAATATTTTTTTTTTT
AAAAAATCTTGGAAAAACTATTAAGCACTTAAAACTTATTTTAAATGCATGACTTTTGCTGTTCGCAGTCTGTTTAAAAAATGTACTTACGTAGT
TGAATAATCCTTGAAGGATTCTTTCAAACATGCATATACTCAATCAAAGTCTCTTAGCCATATAATGAAAGTAAAATCCAGAGTACTTACTCGAT
ATGGTCCAAGAACGCCGGATGCTCTTCCTCAAGACGTCGCTGGTGGTCAGATGGTCGACGGCACTGCAGGATCCCAGGGCATAGGCGTCCTTCAG
CCACTCGCCGCTGGCCGACTGTATCTCCCTGCAAGAGCAACAACATTGCCACTTTAGAAACCAGAAAACCTCGCCAAACATTTTCCCAACTTTCG
TTGGAGACGTCAAACAGTCAACAAGTAAATCGGCGACTCAGCGGTATCACGTCTGTCTGTCCTCGCGACATTTGGCAGACTGGCTGGCTGACTTA
CTCAAACGAACACTGAATGCCGGATTGTCGGTGTCACAGCAGCAGCAACAGCAACATGGAACATGAAACACCAACACACACCATGACTTTAAGCC
AAGGTGTGAGCCAACGGAAGAGTTAAAGCCAGCACAGACTGCCTTGGGTTCGCACAAACAGACAGAAATGTATTTTTGGGGAAAAATTTGACGGC
GAAACCACAACGGAAAAGTTTGGGGCTCAGATACCAAAGAAATAATTACATATTTAATGAATAAGACAAACTTCAACCGGAAGTTGGTCCTGCTT
ATGTTTAACTTTAATCTCACGTTTGGGTTTTAAATAATATTAAAAGTTAGCTTCATATGGCCATACATTGCATTACACTTCCATTTAATTTGAAT
AGCCATACTAAGAACTGGAAACGTATTTATAATTACCAAGAACTATATGATTGGAAAAGCATTTGTACAATTTAATTAAGTTCCTGGGAAAGATA
AACTCTTTATTAAATTTCTGAAAACTTGATTATTTTAGCGGGTGATATAACACCCACTTATGTATTAAGCAAATAATAATTTATATATTACTAGA
AAAGCTTTTTGGTAACGCACAATGGGGTTTCGAGAAAAAAGCGTTATTAATAACCCATTTGTACGTATATACAATTTAATATAATCAATGCGTGG
TTGCCCAGATACAATAAAAAATAAGAATTCAATGTCTGGCCAGAAATTCATGAAATAATTGTATTTCTTCGGCCAGACACTGTGCTTTTGTGCCT
GACTTGGGGGTGCAGTCGAAGCAATTGGATAAATTCCTGCTGAGAGGCAGACGCAAATGCAGACGCCCTCCATCAAAATAAAAAAGGGGCTGGGT
CCATCGTGGTAGTCATCATGTGGCATTCATAATTAT
(SEQ ID NO: 1354)

Exon: 14711..14531
Exon: 14286..12762
Exon: 12665..12239
Exon: 12177..12039
Exon: 11309..11074
Exon: 10988..10865
Exon: 8285..1251
Exon: 1032..1001
Start ATG: 14711 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT34675
ATGTTTGGCGAGGTTTTCTGGTTTCTAAAGTGGCAATGTTGTTGCTCTTGCAGGGAGATACAGTCGGCCAGCGGCGAGTGGCTGAAGGACGCCTA
TGCCCTGGGATCCTGCAGTGCCGTCGACCATCTGACCACCAGCGACGTCTTGAGGAAGAGCATCCGGCGTTCTTGGACCATATCGAATCCCGAGG
ACGATCCGAACAATCCCAACTCACAACAGCCGGTGGCGGACAACCTATATCCGCAGCAGCAGCATTTGATTGAGGCCCAATCAGCGGGCAGCTAC
CCCACCCTGCACCAGCACCACCAGCAGCATCACCTGCCCCCACAGCCGCGACCCACGCACGGCATCAATTACGGAAGTGGCACTGCCACGCCCAC
AACCAGTAGCAAGTGGCAGCTGGGACGGAGGGTCCTGCGTCAGTCGACGCTTCCGAGTAGCCTGAACAACGACCCGGCTCTCAGCGGCAGTGGTG
GCAATCTGGCCAATTACAATTCCGTGAATCTAACGGCGCCCACATCGCCGCATCAACTGCAGAAGAGTCCGCTCTATCCGAGCGCCTACAACAGC
GACGACGTCATCCACATGAACACCATGCCCGGAATGGGAGTGGGAGTTGGTGTGACGGTGGGTGACTGCGAGAACTACGTACAGCAGCAGCAGCC
GCAGCAACAGCAGCCCCAACTGGAGGTGACACCCACGCATCATCGGCTTCAGGTGCGCCGCCAATCCACGCTGCCAGCTCAACCAACTCCGGCTA
TATATATGTCCACATCCCCGAACCGGCTGTACAGTCGCTCCCCGGAAAGATCGCCGGGTGAGCAGCAGCGCTATCCGCCCTTCATGAGGCAGACC
TCGTTCCCAGAGCCGCCCAGCACCTATCATCGCACCAAATTGCTGCCCAGCACGGGAGCACCTCCGCCGACAGTGGCTCCGCCACCACTGAATTA
CGAATCACAAACGTCCAGTTTGGCCAGCGACGAGCAGGATGTGGGACCCATGCCCAAGCCGAGAATGACGCGGCAGGCAACTCTACCAAATCCCG
AGCAGCATGTCAAGCTACTGCCCACATCTCCGCCAAAGCGACAGACTTCCCCGCAATTCCGACGTTCTCCGGAATTCATGCGTCAGCAAACTCTG
CCAAATCCGGAAGCGTTTAGCAGTGGAAACACACTCACCGTGCACTCTACTCCTCCGGCAAAATTCATGCCTATTTCGCCGAGGGCCAAACAGAA
TTTCCTTTTCCCAAGTGTTCCGAATCCCCGGCAATTTCTCTCGCAGCCACATGTGCCCGCCGTGGGAGGCACCGAACTGGGAAGCGGAGGCAGTG
TGGCCAGCACCGGGGTCGTCGGCGGTGGTGAGCAGTACTCCAGTAGTCAGAGTGTAAACATCCATCACTCCCGTGATCCGCATTCCAAGATGATC
AAGGTGCGCAGCCACAGCAACGAGGAGTACTCGAACACCAAGGGACACCCGGAGAACAGAAGATTGCTGCCGGAGATCCCAACGGCTGTGCAGCG
GCCTGGTGGTCGATCGCCCAGTCGCCTGGTGCGCCAGGATTGCCTGAAGGAGGAAAGAACTTTCGGGGAGGCCAAGCAGCAGTTCCATCAGTTTC
CCGATGTCACTGAGGAGCTGGATAATCGCCCGGAATATGTGGATTACTTTGGCGACAGTGCGACCAGTTTCTTGGAGTCCGACGAGGTGCAACCG
ATTTACAGTGCCGAGAATGTCCTTGCTGATTCGGGTTACGGGGGAGGAGCTGGCGTGGGACTAGGCGCCAGTGGCGGTTCAGGTGGTGTGCCCGG
CTATTATCCGGACATGGGCACCCCACAAGGCTTCTATGGCGGAGCAGCACTACCCCGTACTCCTCTAATGCACAATCGCATTAGGCGCCGACAAT
CCAGGGAACTGCAGATGCAGCAGGAGGAACTGGCCCAACTCTCACAGGTCTCGGATGCCAATGGCAAAGGTTCGGGCAATGAAGGTGCAGCCAGT
GGAAGTGCCACCGATAGCCATGCTGCCGAGAGAAGAAAACCGGAGCAGATGCGCTCTGTTTCCGAGGATTCTGGAGCGAAGACCACGCCCAAGCC
CGTCACACGACGATCCTTCTCGCATCCCGAAAAGGACACTCAGCCCACAAAGAAAACGGAAATATCGAAAATACCCAGCCCTCGTCCTCTGGCTG
ATATCCTGGATAAAACGCGTGGCAACTCGAAGATTCCGCAGGCGAGGCGCCGCAACAGTCGCACAGGAATCGGCGAAGCTGAGGAGGGTAGCACG

CCCCAGCACATTTACTCCTTCCATCAACAGCTTATGCATAGAAACTCTGATTTAGCCATGCGCCTGAAAAAAACAGAAATTCCTGTCGCCTCAGT
AGCATCCACAGGGCAAGAGGAGGAGAAGCCCCACGGGGAATCCGGCCAAGGATCTGGAGCGGAGCAGCCGGTCAATGGCAAGTCCCTCGAGTCCT
CGGCGAACAAGGAGGGCGGCGATCCCAACAGCTCGGCGGAGGCCACCCACACAAGCACTTTGGGCGAACAGGAGCTGCAGAATGCAGTGGAGGCC
GCGGCGGTTGTCTTCAAGAAGGTCGTGCTGCAGCGTCGCAAGGAGAAGGAGAAGGCCGCCGAAGAAGGCATAGGGCAGCAGCTGTCCGTGGTTTC
CGTTGATATCGGTGGATGTGGAGGTGGGGGCGATGCCGTGGAAACCTCGTCGTCATCGGAGCTAGACTTCAGGTGTTCCACTCAGCACGGACGAC
AGCAGCAGCAGTCGCAATATAGCGTTGAAGCGGACGAGTTCAAGCTCGTCTTTCTCAACTCGGATTCATCGTCGTCCTGTCACGGCGAAGAGGAA
GAAGAGGAGGAGGAGGACGGGGAGGAGGATGACACGGATTCATCCTGCTCCACGCACCACTGTCACAGCATTGTGAGCAATGTGGAAGACTGCGA
TTGGGATTACTTTGAGCCCTCCATGATCTCCACCACGACGACCACGACAACTACCATGATTGCCTATACTACAGCCCGAGCCACGCCCACTCCAC
CGCCGCGTGTAAGGCGTCAGTCGAGCGATAGCGATTCTCCCCAGGTGCAAAGGCGACCCCAACAGCCCAGGAATATCTATTGTCCCAGGATCAGG
GAGAGTGACACCGGCACCGACGAGGAGTTTGTGCTGAACACCGAAAGCAGTTCGCAGACCAGCTCCGATCAAACACCACCACCCGTGCCACCACC
GCCACATCCGCTGAGCATGAAGACCCGGATTAAGACGCGATTCTTAAAGAATCATCACCACCACAGCCACAACCGATGCAACTGCAATCCCGGCC
AGCAGCAGCAGCAGCCGCAGTACGTGCCCATTCCCGTCCCGGTGCCCATACCAGTGCCCATGGCCGCCTATCCCAACTGGCCAGAAGTGTCAGGC
AATCCACTACTGGAACAGGACGAGCAGCTGGCTGCCAGTCTGCAGCAGCTATGGAAGGCGGCCGGTCACCAGCAGCAATTTGCCGCCATAGTTGC
CGCCTATTCGCAGCAATTTGCAGCGGCCAGTGGCAACATGTTCGATGCAACGCCGCCGGTGACCAGCAAGAGCTACCAACAACTGCCTACCACTC
CGCCGCCAATTCCGGAGCGCTTGCGCGGACTGGGTGGCTTCAAGTCCTCGGCACCGGAGCTGAGTGCCTCGCTGGGATCACTGATGACGCAGTCG
CTCTGCTCCACCATATCCTCCTCGTCGTCGTCGAGCACCTCGGGCTATGGGACGGCGGGTAGGAGCCTGGAAACGCTGGCCAGTCCAATGCGAGC
TGCCAACTCGATGCAGCAGCAGCAGCAACAATACCAAGAGCAACATCAACAAATGGCCAGCAGTGCTTTCAAGCCAAAGCCAACAAGTTTAGTAG
CTTCGCGTTCGCCGACGGGTGAGCAACTAGAAACGAGCAACGCGCGTCGCGGCAGCAGCAACAGTGAGAGCGACGACAACGCCAACAGCAACAGC
AACAACGCAACGCCCACAACGGGTAGATTGTGTAATGTTTATGATAAAACCGGCACATTGCCAGTGCCTCAGTGCGTTCAGGCACATGTTGCCAG
TGTAGATAAGAGTGCCGCGACAGCAGCAATATCAACAAAAGCAGAGCCAGCAGCAACACCAGCGACATCCACAAAGGGAACCGCTCTGAGAGTGG
CCAGCAAATACCAGAGCCGAAATCTATGCGAAACCCAGTCAGCGGCAACAACACAAACCTACCTGGCCAGTAAAAACAGCCACGAAGAAGTGGAA
GCAGCAGACGAAACGAATATACATAAAAATCAAGTACCAGCAGCGGCAGCCGCAGCAACAGCACAAATACAAACAGCAACTAGAGCTGCGGCTCC
TGCGGTAATAACTCGTTTCGGCGGACTTGCAGTCGAAAATGCTGTTGGAAATGTGGCTGAAAGTGCTAGTGCCAGTGCCGCCAGTCCCATTCCCA
AGCCCAAACCCAGAGCCCAGCACCCAGAGCAGATAGATCGGCATCGAGCGACGGCGGAGACTGCCAAGAATTTGTCCTCCAATCGACTTATAGAG
AACATCAAGATGTCCGATGAGGCATCACCATCGACGGCGGCCCATCTGCAGAGCGAAAGCTATGCGGCCAGTAGTCCAGATGAGGCCAGCAGCAA
CAGCAGCCAGGATGGAGATCAGGATAGGGAGCGTGAGTTGGAGGAGCAGGCGGAGCAAAAGCCGCGTAGGACCACGCAAAGAAGCTACAACGTTG
CGGGAATGATGGAGGAGCAGCAACTAGGAGAAGTGGATGCAGTGGAGCAACGACACCACAGCACCACCAGCGATTCCAGCTCCAGCAGCAGCTCA
AACTCCAGCTCCAGCTCGGAATCGTGTGACTCCGATGATACGGGAACTGTGCGCGATCGCAGGCCCAAGAGAAGGAGGTTCAACAAGGTGTTCGT
CGTAAATCGACAGCCCGGCGGCCGGGTAAGACGCAGTTCCTCCACCGAGGGCGATTCTCTGTCTTCCTCGGAGGCCAATTTGGAGGATTCCTCTG
ACAATGATACAGACACCGAGCGCACCGATTGTGGAATTGTGCTCAACTACGTGAAACCCCTAGAGGAGGAGCCCAAGAAGGCGGAGGAGGAGCCG
CCGACAGCTGCACGTGATTGCCAATCAAGTGACGAAGACAACATTAACGATGATGAAAGTGAACGCCGTGTTGCCAACTCAACCGATGAGCTGGC
CAACTGCATTGTAGTGGTGGGCGGACAGACGGACGACGCCGCCGCCGGCGTGGTGCTGCACCACATGCGATCGCTGCCAGACGTCGAGTTCGATG
GCGAGCAATCAGAGCGCCGCCAAGCGCATGAGATAGACGCCAGCGATGCCCTGGCCGCCTGCGATGAGCTGCACAGCATCTCGAACGATGTCAAT
CGATTGCTGGCGCTGCACAAGCAGAACTCTCAGCTGGAGTTGAAGCTCCAACGCTTGCGCCAGGGAGTGGCCGAAATCAATGAGGATCTGCAGCT
CTCCACCACGGGCACTGATGTGGCTGCCACCCACTGCACAACGCAGCCAGGTAGTGCCGGGAAACCCGACGAATGCAATAGCCCTTCTTCTCGGA
AAAGCCCCTCGACCGTGCTAAGTTCTAATGACGTTGGTCCGCTGAGTCTCACCTGCTTACGGCAGGTAGAGGCAGTGGTTGAGGTAGAAGCAAAC
AGAGCTGATGGCAAACTGCGGGATGAGCGGAATGGCCGAACAGCTGAGCAAACCGAGGAGAGGGTCGTCACATGCAGCCAAGCATGCAAAATAAA
CGACAACAGTGACTACTCGCTGGATTCACTCTCGGCAACTTCGGCGAGTTTGTTGGCACCTGAGCAGCAGCAGCAGCCGCTCCAGCAGGTAG
AAGAGAGTGCTCGCCTACCTGCCGACGCTCGCGAGCAACGATATCGCCGTGGAGCGAAATCGGAGTCGGCGGAGTCGCCAGTCGAAAATGAAATG
TTAAACGTTGCGGTCGCTTCTCGTGCCGCGCTTCTCGGCAGCAATAACAACAACACACACAGAAACGATAATAGCAATAACGAAAACACTAACAA
CAACGACGGCGAACTTGGCCATAATAATAATGACGCTTTCGCAGCACAAAAGACGAGAAATAGCGGCTCGAGTGTGGTTGTCGGCTGCGATATTA
GTGACGTAGTGAGTGTGAATTCAAATGTGAGTGGTGAAAACGAGTGTGACTTCGACAAAATATTTGGTAGTCATCAGCAAAACACTCCAAGTGCA
TCAGCAGCAGTTGCAGCAACAGCAGCAGCAGCAACATCTGACACACCTGCAACATCGCCCAGCGAACTGGCTTCGCCCAAAAATTCACTTTCAGC
CAAGTATCGCAGTTTGGTCATGATCAACAAAGACAATGAAAGTGCAGCTGGCGATTACGAAATGGCAAACAGCAGCAGCAACTTCAGCAACATCA
GACACAAAGACCCGACCAGTAGCAACAACAGCCACACTGTTGGCCAGAACTTTGCGAGTGACTCATTTCGCGCCATGGAACCAACGGAACTCGTG
AGCAGCGATCGCGAAGCGTACAGTGTGGACTCGCTAAACGAACCGCCTGCTGTGCCGGAACTCAGCGTAGAGGACGGCTTGGCTGATGACGACTC
CTGGGTGGAGGAACTGAGTCAGCGCGGCGAGGATGAGGACGAAGATCTCAGCAATGCTACCACCACACCCACGGCCACAGACTCCGAAGATGCGG
AGGGAGAAGGTGAAGGAGCCCGGCGACATGGATATATGGATCGAGAGGAGGACCTAAGGGGATACAATAGATCTGCCATCGACTTCACCCTGCAC
ACCATCGTCGAGGAGAGTTGTGAGGAGAGCGAGGTGGCCTCCATGCGGGCGGACAATGAAGACGTCGAGCTGGAGGATGAGGATCTATCCGAACG
GAGAAGGCAGCGCACCTTGCAGCACCACCATCGACTAAGTGCCTCTGAACTAGAGAAGTACTTCTTCTTTGGGCTGGGAGATGGTCGAGTAATGA
GTTCTATTGATACACGCGGAGATGACACTGCATCCGAAGTGAGTTCCGAGTGCTCTGAGAGTCTTGACTCCCTACCGCATGAGGATCAGCTGTTG
GATACAAGTGGAGCTTCCGATCTGGCCTCTTCCCGTCTGGAAAAGTACTTCCTCTCCGGCTTCATGGGATTCAGTGGTGCAGAAAAGCAGGCGGA
GAGCGATGAAAGTGGTGGCAGTGTAGGCAGTGATAGTGAAGGACAACCGAGTCCCAGTCAGCGGAGAAAGCGACTGGTAAGAGCCAGGGGAACAC
CTAGAAGTCACAACTCCTCGTTGGATAATTTGCTACTGCCAGAATCAGACACCCTGGATGCCACAGTTACTTCTGCAGGCGGAGCAGCTGCAGCC
ACTGTAGAGGACACCTCGGAATCGGAGGCGGGCTGTGACGACACTGTGATTCATTTGGCCAATGCCGGAGCTTCGGATGGTTCCTCCTCGGACAC
CATTAAACGCAAGAAGCAACTGCGCAAGCGTCACGACTCTCTGGACGAGAAGAAGCTCCACGATCTAGAGCCTTCCGAGTGCCGGACTCCCACCC
CGGGCAGCAGTGGTCAAGTGCAGATGCAGTCGCAGGCGAAAAAGCAACAACAGCAGCATCACCACAGCCGGGACAGTGGCTTTGTGGGCAGCAAC
GATGATCTCCTGAAGGCGGCACCAGATTGTGAGCCACCCAAGAGCCCAACGCCAGCTCTGGAGCAGATCAGTGAGGATCGGGAACCGGTCCATAG
TCAGATTAGTCTGGCCAGGATGGATCAACCAAGCACTTCAGCAGCTGCAGCTGTAGCCAGCACACTTTCCAGCCAACTGAAAAATCTTGCCCTGC
CCAATCTGGTGCGAAAGGATAGCTTCAACAATTGGAGCTCCGACGAGGAGACCAACCTGATGATGAGCAAGATGCGGCAGTTCTTTAAGAACCTC
ATTGTCGCCACCGCCAATGCACAGCAGAGCAAGCCCTCCACGCCCAATCAAGGGCCCAGCACCACCAATGTCAACACCACGCCCAGTTCCCAGCG
CAGATTGGCCAAATCCCGGCCAGCTCAGTTGGCCTACTTTGAGAATGAGCTGACCCGACTGATGAAAACCGTGCCGGGCATCAATGATGAGCAGG
TGCGCGAAATAGTGGAGTACCTGAGCAGTGAGGATACATGGTCTGATTCCTACGATTCTTCGGACTACACGAGCTCCGATCTGGAGGGCGGTGAA
AGGAAGGGCCAACTGAAGGCTCAGATCTCCGCCAGCTGTCAGCAGATCATCAACAAGTTTGAAATTGACGAGGAGGGTGATCGTGGTGATGGTGG
ACTGCTGGACGAGAGCCAAAGTGTGCCTATGGAAGCATTGGTGTATCAGAAATTGGTAGCTTCCTTTAGCAAAGTGGCGGCGGGTGGAGAACCGG
AAACAGAAGCCACCAAAGCGGTGGAGGAAGCAGAACCGTCCACGGAGAGATCCCCGCAACTGTTTGCCAAGGTGATGCAGCATATTGGTACCAGA
TTGGTAGCTCTGATGCACGAAGTTAGCAGTGGCAATGAAACACCCACTCCATCCCCGCAAGGACAGCGGCATCATCGAAGACTGCAGGCCAAGAT
CTCGGCCACCACGACGGAGGATGAGGAAGATGAGGTGGCGGAGCAACTGAAAGCCATGCCCATCAAGCAGCTAAAGCTGCGAAGCAAATCCCATG
ATCTACTGCTGGACGGCACTACGCCGCATTCGCATCACCTGCACCACCATGCCACGGTGCATTATCCAGCCGGCGGCGTGGGATCGGGAGCGGGA
GGATCCGGCGGACCCGGACACTCGGACAACGCCGGGGAGGAGTGCGGCGTGACCAGCGACTACGAGCGATTCTCGTGGCGCGGCAGTTTTGAGTC
GGCATTACTGGCTAATGGCGACAGCAGAACGAGGCTCAGCCAGCTGAGCCAACTGGACAGGGATAACTCGTCGTCTGCGTCCGCTTTGGCTGTGG

Sub Sheet Rule 26 (RO/AU) 1 July 1998

FIGURE SHEET 724

CAAAGCGCCGATCGGCAGGCGACCTTCTCTTCAGCCAGCACCAGCAGAGCCTGAGCCGCGAGCAATTGGATCGCGTCCGATCCTGCGGCAGCATT
GGAGGCGGCGATGCCCATCACCACCAGTTGGAGTCCTCGCCGGCCAAGCCGTGGCTCTCCTCCGCGGGATCCTCGATTGGCGGTGATTCTACGAA
GGATGTGCGGCGTTCCAGTGTACCGGATGCCATTTACGAGACGGACTCCAGCGATGAGGCAGCTTCGCATCAGTTTGGCGGCGCCAGATCCACGT
TGCCGCGCAGTCTGAATCCCAACCAAGTGGTGGCTAGCACGAATTCACTACCCCGGTTACCCACCACCGGTGTTGGTGCTCCCATAACCAGCACC
CCCAAGACAAAGTCTCAGAGCGCCCTCAACCACACGCCCTCTAATTTGTCCACCGTTTCGGCCACTGGCAGTGCCAAGAGTGCGAGATACCGCTC
GCCAGGATTGGCAGCTCGAGCAGCGGCCGTCAGTGGGGCAGGAGGTGGCTCAAGTGGTGGTGTTGGTGTGGGTGCCAGCAGTGGTTCGACGGGCA
AAAAACTAGGCGCGGGCTTCCAGTTCCTCTACTCCAAACGCGATGCGCGCAAACGTCTCAACATGTCAGCTGGCATAAAAGTTCTGGGGGAATCT
GATCCTTAG
(SEQ ID NO: 1355)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MFGEVFWFLKWQCCCSCREIQSASGEWLKDAYALGSCSAVDHLTTSDVLRKSIRRSWTISNPEDDPNNPNSQQPVADNLYPQQQHLIEAQSAGSY
PTLHQHHQQHHLPPQPRPTHGINYGSGTATPTTSSKWQLGRRVLRQSTLPSSLNNDPALSGSGGNLANYNSVNLTAPTSPHQLQKSPLYPSAYNS
DDVIHMNTMPGMGVGVGVTVGDCENYVQQQQPQQQQPQLEVTPTHHRLQVRRQSTLPAQPTPAIYMSTSPNRLYSRSPERSPGEQQRYPPFMRQT
SFPEPPSTYHRTKLLPSTGAPPPTVAPPPLNYESQTSSLASDEQDVGPMPKPRMTRQATLPNPEQHVKLLPTSPPKRQTSPQFRRSPEFMRQQTL
PNPEAFSSGNTLTVHSTPPAKFMPISPRAKQNFLFPSVPNPRQFLSQPHVPAVGGTELGSGGSVASTGVVGGGEQYSSSQSVNIHHSRDPHSKMI
KVRSHSNEEYSNTKGHPENRRLLPEIPTAVQRPGGRSPSRLVRQDCLKEERTFGEAKQQFHQFPDVTEELDNRPEYVDYFGDSATSFLESDEVQP
IYSAENVLADSGYGGGAGVGLGASGGSGGVPGYYPDMGTPQGFYGGAALPRTPLMHNRIRRRQSRELQMQQEELAQLSQVSDANGKGSGNEGAAS
GSATDSHAAERRKPEQMRSVSEDSGAKTTPKPVTRRSFSHPEKDTQPTKKTEISKIPSPRPLADILDKTRGNSKIPQARRRNSRTGIGEAEEGST
PQHIYSFHQQLMHRNSDLAMRLKKTEIPVASVASTGQEEEKPHGESGQGSGAEQPVNGKSLESSANKEGGDPNSSAEATHTSTLGEQELQNAVEA
AAVVFKKVVLQRRKEKEKAAEEGIGQQLSVVSVDIGGCGGGGDAVETSSSSELDFRCSTQHGRQQQQSQYSVEADEFKLVFLNSDSSSSCHGEEE
EEEEEDGEEDDTDSSCSTHHCHSIVSNVEDCDWDYFEPSMISTTTTTTTTMIAYTTARATPTPPPRVRRQSSDSDSPQVQRRPQQPRNIYCPRIR
ESDTGTDEEFVLNTESSSQTSSDQTPPPVPPPPHPLSMKTRIKTRFLKNHHHHSHNRCNCNPGQQQQQPQYVPIPVPVPIPVPMAAYPNWPEVSG
NPLLEQDEQLAASLQQLWKAAGHQQQFAAIVAAYSQQFAAASGNMFDATPPVTSKSYQQLPTTPPPIPERLRGLGGFKSSAPELSASLGSLMTQS
LCSTISSSSSSSTSGYGTAGRSLETLASPMRAANSMQQQQQQYQEQHQQMASSAFKPKPTSLVASRSPTGEQLETSNARRGSSNSESDDNANSNS
NNATPTTGRLCNVYDKTGTLPVPQCVQAHVASVDKSAATAAISTKAEPAATPATSTKGTALRVASKYQSRNLCETQSAATTQTYLASKNSHEEVE
AADETNIHKNQVPAAAAAATAQIQTATRAAAPAVITRFGGLAVENAVGNVAESASASAASPIPKPKPRAQHPEQIDRHRATAETAKNLSSNRLIE
NIKMSDEASPSTAAHLQSESYAASSPDEASSNSSQDGDQDRERELEEQAEQKPRRTTQRSYNVAGMMEEQQLGEVDAVEQRHHSTTSDSSSSSSS
NSSSSSESCDSDDTGTVRDRRPKRRRFNKVFVVNRQPGGRVRRSSSTEGDSLSSSEANLEDSSDNDTDTERTDCGIVLNYVKPLEEEPKKAEEEP
PTAARDCQSSDEDNINDDESERRVANSTDELANCIVVVGGQTDDAAAGVVLHHMRSLPDVEFDGEQSERRQAHEIDASDALAACDELHSISNDVN
RLLALHKQNSQLELKLQRLRQGVAEINEDLQLSTTGTDVAATHCTTQPGSAGKPDECNSPSSRKSPSTVLSSNDVGPLSLTCLRQVEAVVEVEAN
RADGKLRDERNGRTAEQTEERVVTCSQACKINDNSDYSLDSLSATSASLLAPEQQQQQPLQQVEESARLPADAREQRYRRGAKSESAESPVENEM
LNVAVASRAALLGSNNNNTHRNDNSNNENTNNNDGELGHNNNDAFAAQKTRNSGSSVVVGCDISDVVSVNSNVSGENECDFDKIFGSHQQNTPSA
SAAVAATAAAATSDTPATSPSELASPKNSLSAKYRSLVMINKDNESAAGDYEMANSSSNFSNIRHKDPTSSNNSHTVGQNFASDSFRAMEPTELV
SSDREAYSVDSLNEPPAVPELSVEDGLADDDSWVEELSQRGEDEDEDLSNATTTPTATDSEDAEGEGEGARRHGYMDREEDLRGYNRSAIDFTLH
TIVEESCEESEVASMRADNEDVELEDEDLSERRRQRTLQHHHRLSASELEKYFFFGLGDGRVMSSIDTRGDDTASEVSSECSESLDSLPHEDQLL
DTSGASDLASSRLEKYFLSGFMGFSGAEKQAESDESGGSVGSDSEGQPSPSQRRKRLVRARGTPRSHNSSLDNLLLPESDTLDATVTSAGGAAAA
TVEDTSESEAGCDDTVIHLANAGASDGSSSDTIKRKKQLRKRHDSLDEKKLHDLEPSECRTPTPGSSGQVQMQSQAKKQQQQHHHSRDSGFVGSN
DDLLKAAPDCEPPKSPTPALEQISEDREPVHSQISLARMDQPSTSAAAAVASTLSSQLKNLALPNLVRKDSFNNWSSDEETNLMMSKMRQFFKNL
IVATANAQQSKPSTPNQGPSTTNVNTTPSSQRRLAKSRPAQLAYFENELTRLMKTVPGINDEQVREIVEYLSSEDTWSDSYDSSDYTSSDLEGGE
RKGQLKAQISASCQQIINKFEIDEEGDRGDGGLLDESQSVPMEALVYQKLVASFSKVAAGGEPETEATKAVEEAEPSTERSPQLFAKVMQHIGTR
LVALMHEVSSGNETPTPSPQGQRHHRRLQAKISATTTEDEEDEVAEQLKAMPIKQLKLRSKSHDLLLDGTTPHSHHLHHHATVHYPAGGVGSGAG
GSGGPGHSDNAGEECGVTSDYERFSWRGSFESALLANGDSRTRLSQLSQLDRDNSSSASALAVAKRRSAGDLLFSQHQQSLSREQLDRVRSCGSI
GGGDAHHHQLESSPAKPWLSSAGSSIGGDSTKDVRRSSVPDAIYETDSSDEAASHQFGGARSTLPRSLNPNQVVASTNSLPRLPTTGVGAPITST
PKTKSQSALNHTPSNLSTVSATGSAKSARYRSPGLAARAAAVSGAGGGSSGGVGVGASSGSTGKKLGAGFQFLYSKRDARKRLNMSAGIKVLGES
DP*
(SEQ ID NO: 1356)

Celera Sequence No. : 142000013383764
GTTAACGCAAGTTCCACTTGCATCAGGGTTCTCGGCACTCGCTGCCGCATACCTCACCTTGATATGACAACCAACATGCTGTGGTTCTCCAAATA
ATAGTCAAGATAGTTAAGAGGGTTCGAGTTTACGATTAGCTTTATTTTAAGATTCAGTTCGCGATCTGCTAGCGGTTCCGTTATGTGTCCGTTCG
AGACTGGGACCTCTTCTCCCGCCCCGCTGCTTTTATATCCGCTTCCCCCGTTGACCCCTCACCCTGAGTGCGACCAACGGCACTTGTTCCGAATG
CACACATACACAAACATGTTCCTAGACAGGCCCCGAGTCGCCTGCTGACGGGGCCCGAAAACACGAGAGCCGAGCGCTGGTGAGTCCTGACGAAG
ATCGCAAGAAGAGGGTTCGTAACTTACACGAACATGTTACTAGACAGGCCCCGAGTCGCCTGCTGACGGGGCCCGAAAACACGAGAGCCGAGCGC
TGGTGAGTCCTGACGAAGAGCGCAAGAAGAGGGTTCTTAACTTATATGTATATATTTGCATTACCTACATATATATGTATATATTAAGAAGCAAT
TTTAATTACTTAAAAAAAAAAAACGCTTGCAAAATCGGTTCTTGCATGTATAAGCTATGAAAGTTAGAAAAAAGTATACCACGCCGTATATGGTCA
TGAAGCTGGCTCCAAGAAAGAGGCCAATGGCTCCACCAAACGACATTATCAACTGATCCGTGCTGAATACAACCCGCCGATTTATGCCCATCCTC
GAAATTTGCAGGTTGATGATCAGCGTCCGCTCGAACCTCTCGCCAGAGTAGTTGTCATCGCCCTGAAGAAAGTAAATTCTAAATTGCAATAATTG
GGGGCTTAAGGATACAACATTCTTTCACCCACCCCAGTCTGGTCAGACACTTTGAAGATGGTAAAGGTTTCCTCGCGACAAGACGGATAGCAATC
GCATGGTCTTTCAAGCCACTTGGACCGGGCTAGGCAGAGCATTCCGGATACTGTGCAGATTGGAACTTCGGGAGCTGCTACGTAGAAATAGGGCT
TGCAGTTGCACAGGCTCAGGGCCCATTTGATTCGGCACTCAAGTCGGCAAAGACTTGGGTGGTAGGGCTAAAAGGACATGTTGCTGTTTTGATTG
GACGCAATTGGTACGGGTAAAGGTCTAAAACTCACACTGTAATACTGCAGATTGTTTTCGTCACTGAAGCGACACTTGCGATATGCTACCGGTAG
ATTTCGCACCTCGCTTTCCGCCGATGTGGTATGTAGCATAATATCGAGATCCTTGGATTCGATGTCTTTAGCATCAAAAGAGGGAGTTCGCATGT
CGTCGGGTAGCATCATTTCTTCGACATCGTGAAGGTACTGTAAAGTTGGATTCGCTTAACAGTGTATTTCAAAAAAGAATGATAAATGCTGCCTA
CCATAAATATGGGGGCAACAATGCTATTTATAGGCTTCAGAGATGTGATGCAATTACTCAAATAGCCGCACTGTTTCATGGGTTCCATATCCTGT
GTTTCTCTTAGATAAAAGCGTTAAGTAAAAATGTAAATGTAAATTCTCTTGATGGGCACAAAAAATATGTAAAGCAAAAAGCGAAATTAAAGAAA
GAATAGCTTATTTATTTTATTATTTAATAATTTATTTTTTTTGTTTTATATTTAATGTTATTTAGGCGCAGACTTACAGTTTGCCGTAGGGATTT
CCGTATCGGTTTAACTGGCTGGATGTTTGGCACAGACCCACCTCAGTAATGATTGGCGCCAGTTCTGGCGGGATTTTAACCGCTATTACCTTTTT

TTGCAGCGTGAGCAAAATGTTCAAGTAATTCACGTTGTCCAAAGTGGTATCATTCTCGAAGGGTTCCAGCGTCTCCAGAGTGGAGTAACGAAGGC
CGTTGATTGCAAGCAGAAACTTTCTGTAGTACACAGCTTTTTCTTTGTCTTCGCTGGGATCCACTCCCCAAGTTCTTGATATTTTATAATATATT
AGTGCTTTCAATTTACCAATGTAAATCGAAACACTCACTGATTTATAAGCCTTGGGATCTCCGTTTCGTCGTGGTACCTAGGGCACAGTGTTATC
CCCACGAAGGGGAAGATGCGCAGCCCAAAGAGATATTCGTACTCGTAGACAATAGGATTGTCCCGGAACCGGTACCATTGGTTAAGGCAGCTGCT
GATGGCGTAGTAGGCCGAGCCCAGGATTATGAATGTCCAAAAGAGGCGCTCGGCCCAGTGTAGATCCCTGCGGGCGATGTAGGGCATGCCGTGGA
TGGAGGACTCCTGGCACAGCTCGGCGAGCCAGTCCGGTTGCTTCGGCCGACTCATTTTGGATTCCATGATGAACTGAACAGAAGTTCAGAAGTTC
GCATTCAACTTTAGCGACCCGTGTAATGACACACAACAACCACACCCTCCCCCCCCCTCACCACCATTATTCACCTTGTTTGATGTGCTCCAAT
TATAGACTTTAATGGTGTTTCGCTGTATGTTCAGCATGCATATACAATTGTCGTGATTAGACCTGTCCTGCAGTTCCACGGAACTCTATGCAAAT
GGGAACTGGGCGCCTTACATTGCGCTTATCGAAGGCCTCTATTTGGACCACCAGCTTGTAGCGCCCATCCAGATTCGGAACATTCAAGCTGGTCT
TCAAGTCCAGTTCGTAGTCTTTGTACTTTAAAACGGCCTACAATATTGTGTTTATGAGAAATGACCAGTGACCAAACTAGGAGGTACATTTTCTT
ACCCCTGGTGTGGTCAAGCACTTTTCCTTAATCTCGTCGGAGTTGCTAATATACTTTGTCCAGAAATTATACCAGTATTGGTTCTTATCAAACAT
GTTTTTGCAAAAGTTATTGGAGCTGGCCGTAAACATAGTCTTCTGCCAAGTGCCCTTATCCAGGCGATAGACTTGACCAAATACCTGCGCGATAT
TCAAATAGTTTATTAGGAAAAGTTTCCTTAGGGACTTGCCTTTAATGTGTCTCCAGGCTGGACATCTTTCCAGACCACTTTCTGCTCTCCTTCAA
TTCGAACTTTCGAACCAAGGTTATGTACTTTAAGGGAGGAAGTATCCACCATCGCTTCAAAACCAGAAGGATTTCCGGGCTGATTCTCGCATGGT
GCTAACAAGCCATCTTTGTCCAATGTTAACTGGTACTCAGTCGCTCCAGCCAAACAGATGACCACTTGGAGCACCAGGATTGTAAAAGTAGCCTT
CATATTAACAAGCTTTCCAGTATGAGGATGGGTACATAGTGCTAAAAACTGCACGTTATATACAGCTTAGGGGTCGTCTATGATTCTAATTGCAC
ACAGTATAATATGATTATGATATGATAAAATCATTGTCTTTAATAATTTAAAAAGGGCGTATCTCTTTTGGCACGAAAATAAGTATGTTCGATTA
AAAATTCGCGTGACTGTTTTTCTAAACTAAATATTAGACGAATGTCAAGTTCATAACCCCATTTACCCCATATATTTTCCGGAGTTTTGGCAGAC
AGCAAATTCATTTACCTGCCCGGCTAGCTCAGTCGGTAGAGCATGAGACTCTTAATCTCAGGGTCGTGGGTTCGAGCCCCACGTTGGGCGACCAA
TATTTTGTAGTAAATATTCAAATTTTAATAGTTAATTGATTACCAGAGAAAATCAATTGTCGAGACTCTCGACTATCGGATATCTTTTAATTAAC
TAATTAGGCTTAAAGCATATGCGAACATGGATGGATGTAATTATATATAAAAATGATTTTTATACCCGTTACTCGTAAATTAAATTGGTTGAGGA
GTATGTAACAGGCATGAGGAAGCGTTTGCGACTATATAAAGTAGACATATTCTTAATCAGGATCAATAGCCTAGTCGATCTAGCCATGCCCGTCT
GTCCGTATGAGCGTCGAGATCTATAAAAGCTAGAAGGTTGAGATTCAGCATACAGATTCTAGAGACTTGAGACAAAGACGCAGGGCAATTTTGTT
GACCCATGCTGCCACGCTCACTGTAACGCCCTAAAACCGCCAAAATCGGCTGCGCCCACATATATTTGAAAAATTGTTGGACATTTTTTCATAAT
GTTATTAGTTGCTTAAATTTCTATAGATTTGCTAAAAAAAAACTTTTTGCCACGTCCACTCTAACGTTCTAAACCTTTCCAATTTTTCTATATCT
ATCAATATCCCAGAAAAATTATGAAATTTCGCGTTCGCATTCACACTAGCTGA
(SEQ ID NO: 1357)

Exon: 3233..3090
Exon: 2934..2758
Exon: 2697..2584
Exon: 2353..2034
Exon: 1974..1693
Exon: 1526..1427
Exon: 1367..1176
Exon: 1112..888
Exon: 822..649
Exon: 484..404
Start ATG: 3233 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT35185
ATGAAGGCTACTTTTACAATCCTGGTGCTCCAAGTGGTCATCTGTTTGGCTGGAGCGACTGAGTACCAGTTAACATTGGACAAAGATGGCTTGTT
AGCACCATGCGAGAATCAGCCCGGAAATCCTTCTGGTTTTGAAGCGATGGTATTTGGTCAAGTCTATCGCCTGGATAAGGGCACTTGGCAGAAGA
CTATGTTTACGGCCAGCTCCAATAACTTTTGCAAAAACATGTTTGATAAGAACCAATACTGGTATAATTTCTGGACAAAGTATATTAGCAACTCC
GACGAGATTAAGGAAAAGTGCTTGACCACACCAGGGGCCGTTTTAAAGTACAAAGACTACGAACTGGACTTGAAGACCAGCTTGAATGTTCCGAA
TCTGGATGGGCGCTACAAGCTGGTGGTCCAAATAGAGGCCTTCGATAAGCGCAATTTCATCATGGAATCCAAAATGAGTCGGCCGAAGCAACCGG
ACTGGCTCGCCGAGCTGTGCCAGGAGTCCTCCATCCACGGCATGCCCTACATCGCCCGCAGGGATCTACACTGGGCCGAGCGCCTCTTTTGGACA
TTCATAATCCTGGGCTCGGCCTACTACGCCATCAGCAGCTGCCTTAACCAATGGTACCGGTTCCGGGACAATCCTATTGTCTACGAGTACGAATA
TCTCTTTGGGCTGCGCATCTTCCCCTTCGTGGGGATAACACTGTGCCCTAGGTACCACGACGAAACGGAGATCCCAAGGCTTATAAATCAAACTT
GGGGAGTGGATCCCAGCGAAGACAAAGAAAAAGCTGTGTACTACAGAAAGTTTCTGCTTGCAATCAACGGCCTTCGTTACTCCACTCTGGAGACG
CTGGAACCCTTCGAGAATGATACCACTTTGGACAACGTGAATTACTTGAACATTTTGCTCACGCTGCAAAAAAAGGTAATAGCGGTTAAAATCCC
GCCAGAACTGGCGCCAATCATTACTGAGGTGGGTCTGTGCCAAACATCCAGCCAGTTAAACCGATACGGAAATCCCTACGGCAAACTAGAAACAC
AGGATATGGAACCCATGAAACAGTGCGGCTATTTGAGTAATTGCATCACATCTCTGAAGCCTATAAATAGCATTGTTGCCCCCATATTTATGTAC
CTTCACGATGTCGAAGAAATGATGCTACCCGACGACATGCGAACTCCCTCTTTTGATGCTAAAGACATCGAATCCAAGGATCTCGATATTATGCT
ACATACCACATCGGCGGAAAGCGAGGTGCGAAATCTACCGGTAGCATATCGCAAGTGTCGCTTCAGTGACGAAAACAATCTGCAGTATTACAGTC
CCTACCACCCAAGTCTTTGCCGACTTGAGTGCCGAATCAAATGGGCCCTGAGCCTGTGCAACTGCAAGCCCTATTTCTACGTAGCAGCTCCCGAA
GTTCCAATCTGCACAGTATCCGGAATGCTCTGCCTAGCCCGGTCCAAGTGGCTTGAAAGACCATGCGATTGCTATCCGTCTTGTCGCGAGGAAAC
CTTTACCATCTTCAAAGTGTCTGACCAGACTGGGGGCGATGACAACTACTCTGGCGAGAGGTTCGAGCGGACGCTGATCATCAACCTGCAAATTT
CGAGGATGGGCATAAATCGGCGGGTTGTATTCAGCACGGATCAGTTGATAATGTCGTTTGGTGGAGCCATTGGCCTCTTTCTTGGAGCCAGCTTC
ATGACCATATACGGCGTGGACTCACCAGCGCTCGGCTCTCGTGTTTTCGGGCCCCGTCAGCAGGCGACTCGGGGCCTGTCTAGTAACATGTTCGT
GTAA
(SEQ ID NO: 1358)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MKATFTILVLQVVICLAGATEYQLTLDKDGLLAPCENQPGNPSGFEAMVFGQVYRLDKGTWQKTMFTASSNNFCKNMFDKNQYWYNFWTKYISNS
DEIKEKCLTTPGAVLKYKDYELDLKTSLNVPNLDGRYKLVVQIEAFDKRNFIMESKMSRPKQPDWLAELCQESSIHGMPYIARRDLHWAERLFWT
FIILGSAYYAISSCLNQWYRFRDNPIVYEYEYLFGLRIFPFVGITLCPRYHDETEIPRLINQTWGVDPSEDKEKAVYYRKFLLAINGLRYSTLET
LEPFENDTTLDNVNYLNILLTLQKKVIAVKIPPELAPIITEVGLCQTSSQLNRYGNPYGKLETQDMEPMKQCGYLSNCITSLKPINSIVAPIFMY
LHDVEEMMLPDDMRTPSFDAKDIESKDLDIMLHTTSAESEVRNLPVAYRKCRFSDENNLQYYSPYHPSLCRLECRIKWALSLCNCKPYFYVAAPE

VPICTVSGMLCLARSKWLERPCDCYPSCREETFTIFKVSDQTGGDDNYSGERFERTLIINLQISRMGINRRVVFSTDQLIMSFGGAIGLFLGASF
MTIYGVDSPALGSRVFGPRQQATRGLSSNMFV*
(SEQ ID NO: 1359)

Name: sodium channel, putative
Classification: ion_channel

Celera Sequence No. : 142000013384333
AATAACAACAAATATAAGCATTTTGAGCACTAGCTGAAACGACAACAACAACAGCAACAACAAAACGCATGCTCACCCAATTGCTTTGACACACA
AACCCACACATAGAAATTAAAACAAAACGCCCGCGGCAGCAGCGCCAGCAATAACAACACTGCAACAGCAACGTGGAGAGAGAGCACCATACCGC
AAGAGCGAAAGAGAGAGAGAGAGTGAGCTAGCTACGGAGAGTGGCTGCTGCTGCCGGGAGTGACACTTCCGCGCCACACGTGCAAGCGAGACGAA
GCGAGTTGCCCCGAAGGCACACCGTTGCGGCCAAAAACAACCACCATGATGGTGCCGAGAGCGAGAGAGAGCGAGAGCTGGCTCAGCGCTCAGTG
GCGATAGACGAGTGCGAGAATGTGACAGCACGAGCAGCAGCGCTGCCGCTGCCCTCTGCCCGCGCCTCTGCCCGCAGCCAAGTGGATTCGTT
TTGTACGTTGTTAGACTCTCTCGCCGCGTTTTGGAATTCAGTCGACAATCGACGATAATTACCGGTGGTTGTATCACATCACATCACGCGCAGCA
GCAGCAGCACTACGAACGAAAGAAGAAGAAGCAGAAGAGCCAGCCGCAGTGGCAGCAGAGAAACTCGCTCGTTTTCGGATCTATATATATATATA
TGCATATAGATTTGTATATATAGAGGGATATATATATATATATTTGCACGCAGCATTGGCGAATTTTCGGCCGCCTTTAATTTGTTTGTGTTT
TTTCCGTGTTCTCCTCCGCGTGCTCGCAATTACGTGCGCGGCAGCAAAAGACTATAATTATAAAACTAAAGTGAAAAGCGTGCCATAATTACACG
AGCGAATATCAATAAGTGCAAGAGCAATGTGCGAAAATTGTTAACGAACGCAGTAGCAACCAGAAGCAGTAAAACGCAGCAGCAATCGCAGCAGT
AGGATCCAAACAAATCTCAGCGCAACATTAAAATCGCAAGCGTTTTCAACATGATCGATGCGGCCTGCAATTACTTAAATCCCTATGCGCAACAG
CATCAGGCGCAGCAGCAGCAACATGCGCAACATCAGCAACACGCGCAACAACAGCAACATCATCTGCACATGCAGCAGGCGCAACATCATCTGCA
CTTGTCGCATCAGCAGGCGCAACAGCAGCATATGCAACACTTGACACAGCAACAGCAGCAGCAACAACAACAGCAGCAACAGCAGCAGCAAC
AGCAGCAACAACAACAGCCGCAACAGCAGCAACATGACTTCCTCAGCGCCGCCGCCCTGCTGTCCGCCCCACCATCCCTATCCGGCTCGAGTTCC
GGCTCCAGCTCCGGCAGTTCTCCGCTATATGGAAAGCCGCCAATGAAGCTGGAACTGCCGTATCCACAGGCCTCATCCACGGGCACCGCATCGCC
CAACTCCAGCATACAATCGGCGCCATCATCGGCCTCCGTGTCGCCCAGCATCTTCCCATCACCTGCCCAGTCATTCGCCTCCATTTCGGCTAGTC
CATCCACGCCCACCACGACCTTGGCGCCACCAACAACGGCGGCAGCGGGCGCCCTAGCGGGATCACCCACATCCTCCTCACCATCCTCGTCAGCA
GCATCGGCTGCAGCGGCGGCAGCAGCAGCTGCGGCGGCAGCAGCGGACCTTGGAGCAGCGGCGGTCGCCAGTGCCGCCTACGGCTGGAATACCGC
CTACTCCGGATTGGGGCCAGCGAGGTAAATATCCCTATATATAGGATTTACAGAAGTTGAGTTGGGAATCATTCGTAAGAAAGAAACTTTAAAAT
GCTAGTGATCAATAAATCAAAGCTTATAGATCATCAAATTTGTGGTTATTAGGGATACACTAATTTCGATCTGAATTAGATCTCCTTTTAATAGA
ATAACTACAGGCTGATTGTATTTCGATCATGAGCGAGATAAAGACATATATCTTTTGCAAATTATACAGTTTAATACATAGGAATATATTAATCA
AATTATCCCGAAGATTGAAATGGATTAGCATACAAATAATCTCATAAACTTATAAAATGATAGGTACCACTTGAATACATTACAATTTAGTATTC
CGATAGCAGGTGTACCCATTAAGTAAATGATTAAAAAAAACCAAATTAACCATTCTCTGTCTTCATTTCTTTTCTCCATCTAGAAGTCAGTTTCC
ATATGCCCAGTACGCCTCCGATTATTACGGCAATGCGGTGGGCATGTCCTCCTCGGCCGCTTGGTTCTCGCATCAGGAGCGCCTCTATCAGCCAT
GGAGTTCACAGAGCTATCCGGGCTTCAATTTCGACGACATCGCCTTCCAGACGCAATTGCAACGCCGCTCCGTTCGCTGCACGTGTCCCAATTGC
ACCAACGAGATGAGCGGCCTGCCACCGATTGTGGGTCCGGATGAGCGCGGACGCAAGCAGCATATCTGCCACATTCCGGGCTGCGAACGGCTATA
CGGTAAGGCGTCGCATCTGAAGACCCACCTGCGCTGGCACACCGGCGAGCGGCCCTTCCTGTGCCTCACGTGCGGCAAGCGTTTCTCCCGATCGG
ATGAGCTGCAGCGGCACGGACGTACGCACACCAATTACCGCCCGTATGCCTGCCCCATTTGCTCCAAGAAGTTTTCGCGCAGCGATCACCTCAGC
AAGCACAAGAAGACCCATTTCAAGGACAAGAAGAGCAAGAAGGTATTGGCCGCCGAGGCCAAGGAGCAGGCGGCTGCGGCGATAAAGCTGGAAAA
GAAGGAGAAGAAGTCGGGTAAGCCACTGACGCCACCCGTGGAATTCAAGCAGGAGCAGCCGGATACGACACCGCTGGTCAACTATGCGCCCTATG
CCAATCTCTATCAGCATTCCACATCCGCCGGATCGAGTGTGAATCCTCCGCCGCCACCGCCGCCGCTCTTCCAGCAGCAGATGACGACGACAACA
TCATCGGCGGCGGCCAGCTTTGTGGAGCAGCCGTGGAGCAGTAGCAGCAGCCGTGCCATACAACCAGCCACTACCTCAGCCAGTTCATCCTCATC
CTCCAGCGCCAGTTCCCCAGCGGCAGCGGTCGTTTCTGCCATTGGATCTGCATCTTCCCCAGCCGCATCAGCCACGGCGCTGGCCCAGCATCATT
ATGCCGCACTTGCCATGCAAAGTGAGTCCCAGCTGGCGGCGGAATATGGGCTAACCATGAGCGGATTGGCCAGCGGAGCTAGCCAGGATTCCAGC
TCCAGTTGCCACATGAAGTCCGAGTATGCGGCCAGTTATCCGGCTGATTTTGGTGCGGGAACAGCCAGTTACGGTTATCCGCATCCACATCCGCA
CCATCACAATGCGTGGGCAGCGGCCTATCATCCACATGCCACCGCCTAGGATGTCCCCGATCCTTCCCAAAATTGTTACAGTTGAAAGTTGATGA
AACAAATGCCATAATGTCCCAAAACCCAGAACGGCAACAAAGCAAGCGTAGAACGAAAATCTAGTGTGTGTTTTTTTTTCAGTGTTTATTGTTGA
TATAAAAATATAATGTGAAAATCAAAAAAAAATTTGAATTCACAAAATACCGTATAAGGCATTATATAATATTATATAAATATATATATATATAT
ATACATACACATATATTAACTATACATGTAGAGACTAGAACTTGAATTTTTTTCATTTTTTTTCCCCCAATCTAGTAGCTAAGGCATTTTTTTTT
GCATGTCTGTACATACAAACATATATAGCGTTCTTTTTAAGCCATACCATATAGAATGAGAGAAACCATCTAGTTGTGTACCATAATAATTGTTA
ATTGTCTTTAAGATAAATTATATACAACAACAAAAAGTGAAAAATCCAAGGCGACAAAATCCCCACACTGAAATGAAATCCTAACAATAAAAAAA
AAAAACGAACAAAATAATATCGGAAAACAAAGCGAATCCAGTTTTTTATTATTCTCTCCGATCCCGACGCACCCTTGTTAATGGGTTCCTGGCTT
GGTTAGATTTCAGGGTTGTTTGATCTCCGCCAGGGGTTGCTTTCTTGCATATAAATCGAGGGATCCAGGAAGCTTCCCGACTTCCGGCGAACTTG
ATCTGCTTTTGGGTGCTGACCTTTGGCGGTATTTGGATAATAATAGAAACTTTTTCAATAGCAATCATTATAGCTGTCTGCATTTCTAGTTATAA
TTTCATCAACGTCGGCCATCGCTTTAAAATTGCAAAAACATTGTTAGCTTGGGAGATGTACATCATTTATAGATTGCTTTACTTTAAAATGTGCA
TAAATAAAGGTACGAATGTGATATGTATATATCCTTAAATACAATGATTTATTTAGTCAAGATACACATAGTTGTAGAATTTCATAACAATCGGA
TGTG
(SEQ ID NO: 1360)

Exon: 1001..1734
Exon: 2174..3374
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT35305
ATGATCGATGCGGCCTGCAATTACTTAAATCCCTATGCGCAACAGCATCAGGCGCAGCAGCAGCAACATGCGCAACATCAGCAACACGCGCAACA
ACAGCAACATCATCTGCACATGCAGCAGGCGCAACATCATCTGCACTTGTCGCATCAGCAGGCGCAACAGCAGCATATGCAACACTTGACACAGC
AACAGCAGCAGCAGCAACAACAACAGCAGCAACAGCAGCAGCAACAGCAGCAACAACAACAGCCGCAACAGCAGCAACATGACTTCCTCAGCGCC
GCCGCCCTGCTGTCCGCCCCACCATCCCTATCCGGCTCGAGTTCCGGCTCCAGCTCCGGCAGTTCTCCGCTATATGGAAAGCCGCCAATGAAGCT
GGAACTGCCGTATCCACAGGCCTCATCCACGGGCACCGCATCGCCCAACTCCAGCATACAATCGGCGCCATCATCGGCCTCCGTGTCGCCCAGCA
TCTTCCCATCACCTGCCCAGTCATTCGCCTCCATTTCGGCTAGTCCATCCACGCCCACCACGACCTTGGCGCCACCAACAACGGCGGCAGCGGGC
GCCCTAGCGGGATCACCCACATCCTCCTCACCATCCTCGTCAGCAGCATCGGCTGCAGCGGCGGCAGCAGCAGCTGCGGCGGCAGCAGCGGACCT
TGGAGCAGCGGCGGTCGCCAGTGCCGCCTACGGCTGGAATACCGCCTACTCCGGATTGGGGCCAGCGAGAAGTCAGTTTCCATATGCCCAGTACG

CCTCCGATTATTACGGCAATGCGGTGGGCATGTCCTCCTCGGCCGCTTGGTTCTCGCATCAGGAGCGCCTCTATCAGCCATGGAGTTCACAGAGC
TATCCGGGCTTCAATTTCGACGACATCGCCTTCCAGACGCAATTGCAACGCCGCTCCGTTCGCTGCACGTGTCCCAATTGCACCAACGAGATGAG
CGGCCTGCCACCGATTGTGGGTCCGGATGAGCGCGGACGCAAGCAGCATATCTGCCACATTCCGGGCTGCGAACGGCTATACGGTAAGGCGTCGC
ATCTGAAGACCCACCTGCGCTGGCACACCGGCGAGCGGCCCTTCCTGTGCCTCACGTGCGGCAAGCGTTTCTCCCGATCGGATGAGCTGCAGCGG
CACGGACGTACGCACACCAATTACCGCCCGTATGCCTGCCCCATTTGCTCCAAGAAGTTTTCGCGCAGCGATCACCTCAGCAAGCACAAGAAGAC
CCATTTCAAGGACAAGAAGAGCAAGAAGGTATTGGCCGCCGAGGCCAAGGAGCAGGCGGCTGCGGCGATAAAGCTGGAAAAGAAGGAGAAGAAGT
CGGGTAAGCCACTGACGCCACCCGTGGAATTCAAGCAGGAGCAGCCGGATACGACACCGCTGGTCAACTATGCGCCCTATGCCAATCTCTATCAG
CATTCCACATCCGCCGGATCGAGTGTGAATCCTCCGCCGCCACCGCCGCCGCTCTTCCAGCAGCAGATGACGACGACAACATCATCGGCGGCGGC
CAGCTTTGTGGAGCAGCCGTGGAGCAGTAGCAGCAGCCGTGCCATACAACCAGCCACTACCTCAGCCAGTTCATCCTCATCCTCCAGCGCCAGTT
CCCCAGCGGCAGCGGTCGTTTCTGCCATTGGATCTGCATCTTCCCCAGCCGCATCAGCCACGGCGCTGGCCCAGCATCATTATGCCGCACTTGCC
ATGCAAAGTGAGTCCCAGCTGGCGGCGGAATATGGGCTAACCATGAGCGGATTGGCCAGCGGAGCTAGCCAGGATTCCAGCTCCAGTTGCCACAT
GAAGTCCGAGTATGCGGCCAGTTATCCGGCTGATTTTGGTGCGGGAACAGCCAGTTACGGTTATCCGCATCCACATCCGCACCATCACAATGCGT
GGGCAGCGGCCTATCATCCACATGCCACCGCCTAG
(SEQ ID NO: 1361)

Start ATG: 1

MIDAACNYLNPYAQQHQAQQQQHAQHQQHAQQQQHHLHMQQAQHHLHLSHQQAQQQHMQHLTQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQPQQQQHDFLSA
AALLSAPPSLSGSSSGSSSGSSPLYGKPPMKLELPYPQASSTGTASPNSSIQSAPSSASVSPSIFPSPAQSFASISASPSTPTTTLAPPTTAAAG
ALAGSPTSSSPSSSAASAAAAAAAAAAAAAAADLGAAAVASAAYGWNTAYSGLGPARSQFPYAQYASDYYGNAVGMSSSAAWFSHQERLYQPWSSQS
YPGFNFDDIAFQTQLQRRSVRCTCPNCTNEMSGLPPIVGPDERGRKQHICHIPGCERLYGKASHLKTHLRWHTGERPFLCLTCGKRFSRSDELQR
HGRTHTNYRPYACPICSKKFSRSDHLSKHKKTHFKDKKSKKVLAAEAKEQAAAAIKLEKKEKKSGKPLTPPVEFKQEQPDTTPLVNYAPYANLYQ
HSTSAGSSVNPPPPPPPLFQQQMTTTTSSAAASFVEQPWSSSSSRAIQPATTSASSSSSSSASSPAAAVVSAIGSASSPAASATALAQHHYAALA
MQSESQLAAEYGLTMSGLASGASQDSSSSCHMKSEYAASYPADFGAGTASYGYPHPHPHHHNAWAAAYHPHATA*
(SEQ ID NO: 1362)

Name: buttonhead
Classification: transcription_factor
Gene Symbol: btd
FlyBase ID: FBgn0000233

Celera Sequence No. : 142000013383980
AAAGCAATTCCACACCCCATTCCAGTGCCCAGAAAGCCAAGGCATTACATAAAGGCGGTAAATATATATGACTAAATAAACCAAAGTCCCAGAAT
CAAAAGGGGCAAGGGGGGGGGGACAAAACAGCTGTCAAAGATTCCTCAGTTGAGAGTTAGGATTTGTGCTGACCTACGGCAATTAACCGTCGTCA
TTTGCCATCGCAAAGGAGGAAGCAGCCATTTCTTCCGGTTCGGTGGCGTATACGTAACGTTTGCTGGCCGTAAGGATAGCTCAATCGCCAGGACA
CTGACTTATGCTGGCTCCAGTTAGACGCACAGATGACTACGCATTTATTTCTCGCCATCCTTCGTCGTCCCTGCGAACTTTTCAGAACTTGTTTT
TTGCACCCAGTGTGCTTATTTTTATTTTATTTTTTTTTTTTTTTGTAGCCAGAGTTTGGAGCTGGCGCCGTCTACTGTCTGTTGATTCAGATTCG
GTTATAGATTCTGGATTCATTTACGGTTTCTGTGTCTGACTTTCGGGCATTGACTTGGCGGCAACTTGGCTCTGTTTCTGACCCCAAGCCAAAAA
CGTCGCATCTCCCTGCCATCTTTTGGCATTTTCCGCTGTTGCGAACATTACGCATTCGCCCTGTGGGACGGCTAAATCTCGGTGAGCAAGCTAAT
TATGCCCATGTGGCACTCGCTTATAATTCCTATCAATTTAATTTTGTCGAATGTATGAGAGGTGTTACACCAGTCTATTCAGATTTCAATCGACT
TGACTTGATTAAAGCATTTGTAAACCATTTCAAAATTTGGAAAGCAAATTAAAACAATTACGAATTCATTTTAAATGGCAAAGGTTTTAAATAAG
TTCAAGCTTTGTCAAATTTCGCTACGTTGCAACTAGTGTCACATGGGCATAAAATTAAATTTGCAACTTTGGTGCTTGAGGCGAGTAGAATCAAC
AAGGCGAAAAAGCATTGAGAAGCGATAAAGCAAAGCGGTATTCAAACTAATTAAAATACTATGTATTTGCAGGTATTCTTAATCGTTTTATTCAA
ATCGTTACAAGCAAGAAAATCAAACGAATTGCAGCAAATGGCGTAAATCAAATGGTAATAGAAGCACTTGTTTTGCCGCATAATTTTCATAGATA
TTTTGATATTTGTTTTTTTTTTTATCATTTTTTGTTTCGTATAGGTGAGGCTTAAGAGCGGTGGGTGCTTTTGGATTTTTGGTGATGGGTACTTC
TCATAGGGGTTGTCCTTCTTCTTGCTGGCCGCAGGTGTGCTCTTCCTGGGTCGATTCATCATTGGATCGTCCATGGTTCGCGATGATTGCTGTCT
CGTGTGCGCCGGCGGTCCAGGTGGCTTCTTTTTCTTCTTTTTCCCAGCTTCAGGTTGCAATGGATTGAAGGCGAACTGCAGATGTTGCTGCTGCT
GCGTCTGTTGCAGATGTTGCTGCTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTCGCGGCGCTCGAGGAAGGCGGCATTGGCCGAGGCTACC
GTTGCTATTCTCTGCTGCTGCTCCAGATCCTCTAGTTCCTTCTCCCGCTTCTTGGTCATTTGCACCAACTGCGAACTGCGCCGCCTGAGGGCGGC
TGCATAGGGTGTGGGCGTTGCCACCGGCGGCACCATGTCTCCCACACCGAATAGCCGCCTGATGCGCCGCCGACTGTTGATGAAGCCCAGCCCTA
GCTGCACGCCCAATCCCAAACCCGCACCCGCCGGCGCTGTCGTCTGGCTGAGGGAACTGCTCGCGCCACCCTCACTGCCGGCGCCCAGCATCTGG
CTGAAGTTACTGTCCAGATCGCAACTGCTGGCCGAGTCGGCGCCACAGGGAAAGAGATATGTATTCAGGGTGCTTAGGGTTGTGGATGTGGACGT
GCCAGTTCCGGTCATGGTTCCAATGCGACTAATGGCGCCCGTATTGCTGCCACCCAGCGGATTTTGCTGTTGCGAGTCGAGAGATGCTGATCCTG
CTGCTGCTCCTGCTGCCGATGGCTGATGTTGCAGGTTAAGCGGGAGACTCAGTGGCAGTGGCAGCATAACTGCCGTGGAACCACTCACGCTGCCG
GTGGTGCTGCTGTCGTAGCTGTGCGGATTCACATAAATGTGGTTGTTGTTGGTGGCGGTTGATGATGCAGTTGCTCCAGCTGTAGTGCTTCCTCC
TGCTGCCGTGCTACCAGCTGATGCAGTGCTGCTCGTGTTGACCACCAATGTGCTGTTGCTGCTCTCATGGTGATTGTTGTTGCTGGCTTGGTTAG
CGTTGTTGCTGCTGCTGCTGCAGCTGGTGGTGTTGTTGTTGATGCTGCTGTTCGTGTTGCTCAGGTTGACCCTGTAAAAGCTGGTGCTGCTG
GTGGCAATATTGTTGTTGTTGCTGCTGCTGCTGGAGCGTGCAGGCGCCGTTGCAGGTCGCGATGCCTGTGATCCCGATCCCGATCCTGATCCGGA
TCCAGGTGCACTAGCCTCCGGAGGGGCAGTGGTTGTTGCTGCTGCAGCTGGTGTTGCAACTGATGTGGCAGGCGTCGCCTGCTGCTGCTGCTGTT
GCGAATGATCGTTGCCATTGTTGCTGCTCATTGCTGTGGTTGTTTGACGCCTTTTTGCGTTAAGTTCTCGATTTTAAATATACTTCATTAATGTT
TATAGCTCATTTTTAATAACCCAATCATTATATTACATTTACTTCAATTATATGTGCTCGATAGCTCATTTACTTTTTAATAATGATAGTGAACA
CTTATTAACATTTTTAAGGGAGGTACTTCGTTTCACTAGTAAGCTATTTTGAGAAAAGTTTTATGTTCTCGTGGTGTAATATCACAAACTAGTGA
AATCTTTAAGATTTAATGAAATATAACATCTTTGGTTTTCTAAATTAAACTTAATAATTTATTTTTATTTCGTTAGATTTTAAGTTCACTTCATA
ACTTTTTCTTCGGTAAATTCTAGTTACGGTGCAGTGGCTATTAGTTTATTTGTTTTTAACCGTTTAACAGTGTTTAACTTTACATTTATTGATGT
TATTAAATTGCTTCTAGGTGTTTATTGTGCATAGATTTGTTTGATTTAGTTATATATACATTTATGCTAGTTCGTTTGCTATGACTCCTTTAAAG
ACCCTCCTTTTACATATTACAATTCATGTATCTTCTTTTGGATGGCATCCAAATGGAGTTGAATGCACTGCTCCGATTGCTGGTAAATGGCAAAT
GGCGACTACTAAACGGTTATGGCCAGACGTTAGCTAATCGCTCAGTTTTCCCGGACCTTTCACGCACTTTTCTCTCGCGGCACTCGAACAAAAAT
CACAGACAGTGGGGTCAGGAGGTCAATGAAGCTTATCACTGGCACGCACATTTACGCAGCACCGCAGGACACTTGCAAAAAAAAAATTACTTAAA
AAAATGGCTGTTTTTACGCGGCATTTTTTAAATGATTTTTATTAATTTTTATTTGATTTAGACAGACAGAGTTCTGTTATCAGTCAGAGCCACGT
GCTTAACGCGCCGCGTGTCACAATTGTATGAACTTTGTGCCGCGTTGTTGACAATGCCAAAAGCCAACAGCAGCAGCAGTT

(SEQ ID NO: 1363)

Exon: 2596..1001
Start ATG: 2596 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT35411

```
ATGAGCAGCAACAATGGCAACGATCATTCGCAACAGCAGCAGCAGCAGGCGACGCCTGCCACATCAGTTGCAACACCAGCTGCAGCAGCAACAAC
CACTGCCCCTCCGGAGGCTAGTGCACCTGGATCCGGATCAGGATCGGGATCGGGATCACAGGCATCGCGACCTGCAACGGCGCCTGCACGCTCCA
GCAGCAGCAGCAACAACAACAATATTGCCACCAGCAGCACCAGCTTTTACAGGGTCAACCTGAGCAACACGAACAGCAGCAGCATCAACAACAAC
ACCACCAGCTGCAGCAGCAGCAGCAACAACGCTAACCAAGCCAGCAACAACAATCACCATGAGAGCAGCAACAGCACATTGGTGGTCAACACGAG
CAGCACTGCATCAGCTGGTAGCACGGCAGCAGGAGGAAGCACTACAGCTGGAGCAACTGCATCATCAACCGCCACCAACAACAACCACATTTATG
TGAATCCGCACAGCTACGACAGCAGCACCACCGGCAGCGTGAGTGGTTCCACGGCAGTTATGCTGCCACTGCCACTGAGTCTCCCGCTTAACCTG
CAACATCAGCCATCGGCAGCAGGAGCAGCAGCAGGATCAGCATCTCTCGACTCGCAACAGCAAAATCCGCTGGGTGGCAGCAATACGGGCGCCAT
TAGTCGCATTGGAACCATGACCGGAACTGGCACGTCCACATCCACAACCCTAAGCACCCTGAATACATATCTCTTTCCCTGTAGGCGCCGACTCGG
CCAGCAGTTGCGATCTGGACAGTAACTTCAGCCAGATGCTGGGCGCCGGCAGTGAGGGTGGCGCGAGCAGTTCCCTCAGCCAGACGACAGCGCCG
GCGGGTGCGGGTTTGGGATTGGGCGTGCAGCTAGGGCTGGGCTTCATCAACAGTCGGCGGCGCATCAGGCGGCTATTCGGTGTGGGAGACATGGT
GCCGCCGGTGGCAACGCCCACACCCTATGCAGCCGCCCTCAGGCGGCGCAGTTCGCAGTTGGTGCAAATGACCAAGAAGCGGGAGAAGGAACTAG
AGGATCTGGAGCAGCAGCAGAGAATAGCAACGGTAGCCTCGGCCAATGCCGCCTTCCTCGAGCGCCGCGAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAG
CAGCAACAGCAGCAACATCTGCAACAGACGCAGCAGCAGCAACATCTGCAGTTCGCCTTCAATCCATTGCAACCTGAAGCTGGGAAAAAGAAGAA
AAAGAAGCCACCTGGACCGCCGGCGCACACGAGACAGCAATCATCGCGAACCATGGACGATCCAATGATGAATCGACCCAGGAAGAGCACACCTG
CGGCCAGCAAGAAGAAGGACAACCCCTATGAGAAGTACCCATCACCAAAAATCCAAAAGCACCCACCGCTCTTAAGCCTCACCTATACGAAACAA
AAAATGATAAAAAAAAAAAACAAATATCAAAATATCTATGAAAATTATGCGGCAAAACAAGTGCTTCTATTACCATTTGATTTACGCCATTTGCTG
CAATTCGTTTGATTTTCTTGCTTGTAACGATTTGAATAAAACGATTAAGAATACCTGCAAATACATAGTATTTTAA
```

(SEQ ID NO: 1364)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

```
MSSNNGNDHSQQQQQQATPATSVATPAAAATTTAPPEASAPGSGSGSGSGSQASRPATAPARSSSSSNNNNIATSSTSFYRVNLSNTNSSSINNN
TTSCSSSSNNANQASNNNHHESSNSTLVVNTSSTASAGSTAAGGSTTAGATASSTATNNNHIYVNPHSYDSSTTGSVSGSTAVMLPLPLSLPLNL
QHQPSAAGAAAGSASLDSQQQNPLGGSNTGAISRIGTMTGTGTSTSTTLSTLNTYLFPCGADSASSCDLDSNFSQMLGAGSEGGASSSLSQTTAP
AGAGLGLGVQLGLGFINSRRRIRRLFGVGDMVPPVATPTPYAAALRRRSSQLVQMTKKREKELEDLEQQQRIATVASANAAFLERREQQQQQQQQ
QQQQQHLQQTQQQQHLQFAFNPLQPEAGKKKKKKPPGPPAHTRQQSSRTMDDPMMNRPRKSTPAASKKKDNPYEKYPSPKIQKHPPLLSLTYTKQ
KMIKKKTNIKISMKIMRQNKCFYYHLIYAICCNSFDFLACNDLNKTIKNTCKYIVF*
```

(SEQ ID NO: 1365)

Classification: receptor

Celera Sequence No. : 142000013385196

```
GCATATTTAATGACCCCAAAGTTAAGTCTCACATGTTCGCACCTGGAATCTGCGAGGCGCGACCGAGACCAAACCGGCGGTGGATTGGATAAGGC
ATGACATAGCCGATGAGCAGCAAGAGCGGAAAAACCAGAACGGCCGAAAGTGGGTTGGCTTGCATTTCGAGCCGTTTACTTCCGCATCTTCCTGT
CCCGCGAGCGGTGATCTTTCTTAATGAACGTGATACGGGCAAATTGGCCAAGCAGAATCAGGCCAAACAGCTCGGCGGTAGTTTAAGTTTGTCCC
GAAAACCACGTAGAAAAGCGAGGAAAGCTTAACAGTGGACCTGTAGCCATTGGTCATAAAGCATCGCAATTAAAGTACTTAGGAAATCAAAGGCC
CATTGATGAGTATGGAAATATGTTATTTGTTGCATTGTATTTCGAGTTAGCAGATTTTTCATAAAGTGGTTTTCCTCTTGGCATTCAAAAATAAC
AGTCAAAGTTTACAATAAGTAAATAAAGTAATTGTGAGCATACTCCATCAACTGATCAGCAGAGTTAGAAACTAATTAAAAAGAGTGACCACAAG
AAAGTTGCTCCAAATCGTAAATAGACAACAATTGCGTTGATTACTTGATTCTGCGAAGTCATCGCCCTGAACAGTTTATATCGATTCGCATCCAA
ATCGTCCAGCTTTAAGTCCAGTTAAGGCTGGAATTTGAATCTAAGCTGAATCTAACAATATATGCACAAAATTAAGTCTGCTATCTGAAAGTGAG
TAACAGTTGTGCTCTGTTAAGCCCAATTTATTGCCCTGCATCATGATGAATCAGTTGCTGGAGCATCCCAAATATTTGTTGAGTATTCTTTCGCC
TTTAGCGGTAGCTTAAGCTTAGGTTGTGGTTTGAACTTTGTACAATGTTTAGGGTTAAATATTACGGCATAAGTTAGCTTTTAACATTAGAGTTT
AGGCGTTAGCCCGCCATAGGTTGCCTCCGTCCCTGGCTATCTCCGCAGGCTTAGAGCGGCTCCAGGGCCGCCGGTCCATGTGGACTGCCCTCCAG
TTTGCGCCAGACCACGTTGCACATCTCGCGGACCAGCGCCTTCTCGCCGTCATCCATCTGGTCGAGTGCGCTTCCAGCTAGGTTGCCAAGCCGAT
CGCGCTCCAGCTGCTCCCGCACCTCGAGCACCTGGAGGGCTCGAACCACCGCCTCTGGTCGTCCGGCAATCGGCTCCGGCAGTTGGATAGCAGCT
GCTGCCGCCGCTGCAGCGGCCACGATGTCTTGCTGCTGCTGTTGATGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGGTGGGGCGATGCTGCTGATTTGGC
TGGAGTGGCTGCAGATGTGACCGTTGGCGTGGGCGTGGCCTGCGGCGTGGGCGTCGTCGGCTGTTGTAGATGGGCCGTGGGCGTGGTGCGCTCCT
CCTCCAGTTGCTGGATGCGGCGCTCCAGTGAGCGCACATACTGAAGCGTCTGGTCGTTCAGCGTGTGGGCATGACGTAGATCCTGTTGGGAATCA
AATTGAAATCGCCATTAGGTCAAGTTCTTATTGCTGTTCGTTTTTTTTTTTTGCTCACCTGGGGTAGTTGCCGCTGCTCTGCATAGTTCCTCAAG
GCGGTGATGGTCTCATCTGCATTCGTGCTGGAGCTGGAACCATCGCCGTCATCTCGAAGCGCATTCCTAGTGGCTGCTCCGCAACCGGCGCACAG
CGCATTTGCCGCCACATGGGCACGCTCCTCGTCCAAGTAGAGGCAGAGCTCCTTGAGCTCTAGATTATCGGTGATTAGCTCTTGCTGCTTATCAT
CCAGCTGACGTAGTTTGTTCTGCAAAGAGTATGTCAAGTCAATTAGTATTCAAAGATCTGGAGTTTCGTTCGGGGCTGGACCCACCTGGTACGCG
GCCACCTCCTGCCGCATCACGCTGGCCGTGTATCGCCCAAATCTTTGCCATTCCCGCGCCAGCTTGCGTCCCTTCTGCCGGTCGTCGTCCAGGAA
GCAGCACAGATCCCGCAACTCCTGGTTGTCGTCCAGCAGGCGCTGATTCTGCTCCTTCAGCGCACGCAGTTCGTTGACCAACGACTGCAACTGCC
GGTTCTGCTCGGCGGTCAGGCGACCTCCGCCATTGGCCGTGGGTATTCCCGTGCCGCTGGACGTGACCGAGGCATTGGGCGATGGGTGTTCCTGG
TCTGGCTTGCGCACAAACTTCAGCATATCCTTCGCTCCCGGCTGGTGTGCTGGTAGATATCGCGACTGTTGCTGCTGTTGTTGTTGTTGCTGCTG
CTTGATGGAGTCGGGAATGTAGATGCTAGATAGCTGGGGGATATCCGGCGGATACTTGAGTGGCAAGTGCGGCTTTAGGATCCCGGTGGCCGGCT
GCGGCGGTGGCTGGTATCTCGGCGGGATGGAGTGGGCGGGTGCCGGTGCCTTCAGCTGCGGGCTGCGCAGAGATTGCTGCTGATTTTGCAACTGG
TAGTGGAAGCTGCGGCGCTGCTGGCCGGCTAGATTGGGCAATTCTTTAGTCGATTGCTGCTGGATGGGCAGGCGGGAAGTCAATGCCTGCTGCTG
CGTGGAGTGCGGCTGGTGTATCGTGGCCACCGTCTGCAATTGATGTGATTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGTTTTTGGGCTGCCGACTGAGCTGTTG
GCGTTGGCGTTCCGCTTTGTTGCTGCGATGAGTGTGGCTGGTGGGGATTCGTTGCTCCTCCTGTTGCTGGCAGCAATGAGCGACGCTGGTGGATT
TGTTGTTGTTGGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGTAGTTTGTTAATTGCCTGCGTTGCTGCCTGACTTTTGCCTACTATTTTGTCAACGCTATT
TATTTTTATCAAATTATGGCCCAAAGTGGTTGCTTCGTTTGTTGCTGCTGCTGCCGCGTTGTTAGTTAATGACTTCTGTTGCTGTTGCTGCTGCT
GTTGATTGCCGGACATTTTCGTGTTGGTTCCTTGTTCGCCTTGTGTCGTTTCGGTGTTCCGTCCGTCCTCTGCCCGTCCCTCGCCCTGATTTCCC
```

GGTGTCTATGACCTCGCAGTCATATTGTCAAGTCACTGCAAGATAGCACAAAAAAAAATGGGCAGGGCATTAGCGAAAATCTTAAGTGGAAAAAG
CTATAGGCCAGCCATAAATCAAGCCATTGCTCGATGTAATTTATGCGACAGCCGAGGGCACGCCGCCGGAGCAGCATAATTAAACCTCCATTAGA
CTGCCGCGAGACGCTGATAGAAAGTGAAATGAGCATTTATCGCACCACTGGAGCCATGACATGGCACACGAGGCGGGCACACACGTCCACATCCA
CATCCACATCCACATCCAAGTCCACGTCCTCGCCACGGAGTGCTCAACAAAGTGCAGCGAAGCGTCGCCAAAATGTCGCCAGTACACGGAGAAAA
AAGGTCCCCCCAACTAATATTATATATAATGATTTTTCATATGACTCATGGAATTTTTATGTTTTTGTTTTTAGGACACGCCATCATAGAAATTC
TTAATCAACACTCTGACATACAATAACTTGTTTAGCCTTGGAGGCTCTTATTTCTTTCGGTGTGGCAAAGGGAACATGTCGTCGGTCTCCGCTTT
CTGGCTGGGATCGGATGGGCTGGCGCTGAAGCGTCTAATCACCAGATGTGCGTCAACTAAACGGAGGCTTCCGCTTCTGGTTTGGAAACCGAAAG
CCAGCCCGATGCACTGAATCAACACATATCACCGCATTTGTATCTGGAAAGTGAAATTGTTCATGCTTTGATGGATGGCGGCTCTCTGGGGCAGG
AAAATTGAAATGTTGCAGAGTTCGGAGATTGACGTGATTATGGTAGTTAGGTAGAGCAATTTGTGGTAATAACAAGATTGGTATTGCAACAGAAC
GTTTCACCAAAATATGTTTGGCATAATATATTTATATAATAGGGTGCTAGTCATATCAATGATCCA
(SEQ ID NO: 1366)

Exon: 2961..1891
Exon: 1824..1579
Exon: 1507..1001
Start ATG: 2961 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT35453
ATGTCCGGCAATCAACAGCAGCAGCAACAGCAACAGAAGTCATTAACTAACAACGCGGCAGCAGCAGCAACAAACGAAGCAACCACTTTGGGCCA
TAATTTGATAAAAATAAATAGCGTTGACAAAATAGTAGGCAAAAGTCAGGCAGCAACGCAGGCAATTAACAAACTACAGCAGCAGCAGCAGCAGC
AGCACCAACAACAACAAATCCACCAGCGTCGCTCATTGCTGCCAGCAACAGGAGGAGCAACGAATCCCCACCAGCCACACTCATCGCAGCAACAA
AGCGGAACGCCAACGCCAACAGCTCAGTCGGCAGCCCAAAAACAGCAGCAGCAGCAACAATCACATCAATTGCAGACGGTGGCCACGATACA
CCAGCCGCACTCCACGCAGCAGCAGGCATTGACTTCCCGCCTGCCCATCCAGCAGCAATCGACTAAAGAATTGCCCAATCTAGCCGGCCAGCAGC
GCCGCAGCTTCCACTACCAGTTGCAAAATCAGCAGCAATCTCTGCGCAGCCCGCAGCTGAAGGCACCGGCACCCGCCCACTCCATCCCGCCGAGA
TACCAGCCACCGCCGCAGCCGGCCACCGGGATCCTAAAGCCGCACTTGCCACTCAAGTATCCGCCGGATATCCCCCAGCTATCTAGCATCTACAT
TCCCGACTCCATCAAGCAGCAGCAACAACAACAACAGCAGCAACAGTCGCGATATCTACCAGCACACCAGCCGGGAGCGAAGGATATGCTGAAGT
TTGTGCGCAAGCCAGACCAGGAACACCCATCGCCCAATGCCTCGGTCACGTCCAGCGGCACGGGAATACCCACGGCCAATGGCGGAGGTCGCCTG
ACCGCCGAGCAGAACCGGCAGTTGCAGTCGTTGGTCAACGAACTGCGTGCGCTGAAGGAGCAGAATCAGCGCCTGCTGGACGACAACCAGGAGTT
GCGGGATCTGTGCTGCTTCCTGGACGACGACCGGCAGAAGGGACGCAAGCTGGCGCGGGAATGGCAAAGATTTGGGCGATACACGGCCAGCGTGA
TGCGGCAGGAGGTGGCCGCGTACCAGAACAAACTACGTCAGCTGGATGATAAGCAGCAAGAGCTAATCACCGATAATCTAGAGCTCAAGGAGCTC
TGCCTCTACTTGGACGAGGAGCGTGCCCATGTGGCGGCAAATGCGCTGTGCGCCGGTTGCGGAGCAGCCACTAGGAATGCGCTTCGAGATGACGG
CGATGGTTCCAGCTCCAGCACGAATGCAGATGAGACCATCACCGCCTTGAGGAACTATGCAGAGCAGCGGCAACTACCCCAGGATCTACGTCATG
CCCACACGCTGAACGACCAGACGCTTCAGTATGTGCGCTCACTGGAGCGCCGCATCCAGCAACTGGAGGAGGAGCGCACCACGCCCACGGCCCAT
CTACAACAGCCGACGACGCCCACGCCGCAGGCCACGCCCACGCCAACGGTCACATCTGCAGCCACTCCAGCCAAATCAGCAGCATCGCCCCACCA
GCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACATCAACAGCAGCAGCAAGACATCGTGGCCGCTGCAGCGGCGGCAGCAGCTGCTATCCAACTGCCGGAGCCGA
TTGCCGGACGACCAGAGGCGGTGGTTCGAGCCCTCCAGGTGCTCGAGGTGCGGGAGCAGCTGGAGCGCGATCGGCTTGGCAACCTAGCTGGAAGC
GCACTCGACCAGATGGATGACGGCGAGAAGGCGCTGGTCCGCGAGATGTGCAACGTGGTCTGGCGCAAACTGGAGGGCAGTCCACATGGACCGGC
GGCCCTGGAGCCGCTCTAA
(SEQ ID NO: 1367)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MSGNQQQQQQQQKSLTNNAAAAATNEATTLGHNLIKINSVDKIVGKSQAATQAINKLQQQQQQQHQQQQIHQRRSLLPATGGATNPHQPHSSQQQ
SGTPTPTAQSAAQKQQQQQQQSHQLQTVATIHQPHSTQQQALTSRLPIQQQSTKELPNLAGQQRRSFHYQLQNQQQSLRSPQLKAPAPAHSIPPR
YQPPPQPATGILKPHLPLKYPPDIPQLSSIYIPDSIKQQQQQQQQQQSRYLPAHQPGAKDMLKFVRKPDQEHPSPNASVTSSGTGIPTANGGGRL
TAEQNRQLQSLVNELRALKEQNQRLLDDNQELRDLCCFLDDDRQKGRKLAREWQRFGRYTASVMRQEVAAYQNKLRQLDDKQQELITDNLELKEL
CLYLDEERAHVAANALCAGCGAATRNALRDDGDGSSSSTNADETITALRNYAEQRQLPQDLRHAHTLNDQTLQYVRSLERRIQQLEEERTTPTAH
LQQPTTPTPQATPTPTVTSAATPAKSAASPHQQQQQQQQHQQQQQDIVAAAAAAAAAIQLPEPIAGRPEAVVRALQVLEVREQLERDRLGNLAGS
ALDQMDDGEKALVREMCNVVWRKLEGSPHGPAALEPL*
(SEQ ID NO: 1368)

Name: putative delta antigen interacting protein A ortholog
Classification: nucleic_acid_binding

Celera Sequence No. : 142000013384668
GGGTGAGCTGAAACAGCAAATTAGCTGACTCGCAGAAGAGCCAGAAGTTCAGGGCGACAGCCACCACCAGCAGGATAGATTCCTGTGATAAGGAG
ATCCCGATGGCCTCCACGGCCTGTCCCACGTGACGCACGACAACCGGATATAGTGGATAGAAGGCCAACGTGTTTTCGTAGCTGTACAGATTCTC
GGCTATATGCAGAAAGTATTCTCCATCCCAGTGCCGTAATCCTCCCAAGCAGCGCTTAATCACCTTGTCTATCCAGGAGGCATTCTGATCTGACG
AAACCGGCATCCGGAATACATCTGGTTTGTGCTCTGGCAGGGCTCCGTTGGCGACCAATTGTACCAGGAGGACGATAAGGCGACTGGCCAGCGCC
AGTTTAGTCACTTTCTCTGTCATTTCAGATTTCTAGGTCTTGGGTGGAGTCGATTATCATTCGGCGGGCATGTGATTCATATCAGGTCGAGGGCA
TACCTCACAGCTAAAACGATGTGGACGGATCTTCTGGCCTGGACACTGCTGCGGAGGGAAAAAGGCAAATCAGCTCCTCGGTTGCTTCTTGAACT
GCCTTCTCTTTTGGTGACATTTACTTTGTGAAGCGGTTTTATTATTATATATTATTTTTGGGCAGAAGCCCGGAAAAGCAGAGCATGGTGTGACC
AGAGGGTTTGAGGAAGCATTAGACACTTTCGATATATTATCGATACGAGAATAATATATTTAATAAACAGAATTAAATTAATATGTAAACTTAAT
TCTCGTTGCTCTCGAACTATTAATTTAGTGTACAATACAGCCTTATAATTTAATTTAAAAATAAACAGTTAATACGTCACGTGAATTGCAATCGA
TACTATCAAACTAATATCGTTGATTGCCCCACCTCAAATCGATATGGCACATTATAGTGGCGGCATTTCCTAAATAAACTGCCGCTTTTATTTGG
CAGTTGGGTTGAATTTAAGCTAAAATTTCACTCATAAATGAAGTGTCGCAATGCCGAGCAGTGCAAAGAAGTCGGACTCTGCAAAGAGCAATAGC
TCGACGCCACGAAGACCGCGAAAGCGCAAACGAGTGGATCGCCAGAGCCTGGACTCGCAGGTCGATGAGGATGCCAAGGAGATCGATCGCCGGCT
ACGGAAAGTGGCCAAGAAGAACTCCATCAGTGCCGAGGACATGCAAAAGGTGGTCCGGAAGGTGGTGCGCAACGATCATGTTCTGGCATTAGTCA
CTTTGAAGGCGGAGGACGAGCTGGCGCGGGAGAAGTTGGAGTCGGCGGAGCAGCAAAAGCGGGGTGCCATCATCATAACGGACACTCCATCTGTG
CCCAAGCTAACGCGAGCGAAAGCACGGGAACTGAACTGCACGCCTGGGATCTCGCTGCCCCAGCTCAATGAAACTTCCACCGACAATAATGGTAT

AGAGGCTCTAATACGTGAGGATTTGCACTCTGATGAGGAGGACGAGGAGTATACCTTCAAGGAGGAGGACTTTCATGTGAGTATAAACATTGAGG
CCAATTGATCGTTGTTCAATAATTGTTATTATTCCTTTATTATCAGTCCGATGATGATCCTAACACTACAGCATCGGATTTCGACTCCAATCCCT
GCACGCCTCAAACTCCTCTTACTGCCAATGAGGAATCTCCTATCAAATTCTCTGATGACGGTTGTTTCAAGGTGCCGTTGGACAGAAATTTTCAG
GATAAAGAGGATCTTAGGATTGCCACTAGAACGCGCTCCAAATTTTGTTTGCAGCAAACTACCATTGAGGATTTGCAGTCGGAATTTGTCCCGCC
GGACGTGGAGCCTAGCGATGTGGTGGAGAACGAAATGACCGCCAACGATGCGGATTGGATGCAGTTCCTCAATGACTTTACAAAGCCTTTAAGTA
TGTAGTATCAATGGATGCTTTTATGCTCTCCCTAACTTTAATATCTTACAGACAATACGGTCCAGGGCGACGATGATGATCCTATTAACGATCCA
GAATATGTGGCCGCTGATCACTTGGAATCGGAATATGAGAACGCCGAGGAGCTGCGCGATGTAAATATATCTAAAAAAGAGTTAACTGACCTGGT
CTCTGAGCTGTTTGCTGGTTTGCTGGAAGAAGGAGTCTCTCTGGAATCGATTGAATTGGAAACACCTCAAAAATTCGTTGAAAGTGCCAACGTTT
CGATGATTCCCATTGATCAAGTGTCCCGTAACATCGATTTTGATGGCCAGCAGATAAATGCTAATCAGCAGGAGCTGTCCGTTTTTCAACCTAAT
CTAATGCCGCCTCCTTGCGAAGGGAACGAAATGGGCATGGGTGTGCCTGTCCCTGTGGCTGTGCTGCAGGAGGAAACTGGTGGATCCGCTTGCAA
TGTGGTAAACATACCTTCCGAGGCGCTGACTGTTCCCCCCGAACTAATAGCTGTTCCAATACCTGGGCAACCTAATTGCTTCCAAATCGCCAAAG
TTGTAGGCAATGATTCAACTGTTGGTCTTCCATTAACTGAAGAGACACTGCAGAACTTTTCTAGCTTGCATCCAATGGAACCCCCCGTGGTAGCT
GCAAGCAATGGAGATCGATATAAAAAACCATTTGATACGAACTTCACCTGGGAATACATCTCGGTTAGGAAACATATATATTCGGAGTATGAGGA
AAAGTTTGAGAGCCTGCGAAACGTAGAGCCAGTAAACCTCAATCATCTCGCCAGGAGCAGGGGATTTACCCAGTCTCAGCATGATATGCTTCAGC
AGCAGCTTCGCATTCACACGCAGTTGCTCAGTCAAAGCTATCTGCAAACCTACTCCCATCCTACGTTGTACCCCATGGCCAAGAAGCCCAGAGAA
ATGTTGGAAGAATTGCACAAAATGGCAACTAAAGATCCCAGTTTTAATTGCTGGAATCTGCAGGAGGCTGTTCAGCTGGTTAGAAAATGGGAACA
TGATCTGTCCAGTGATGAGTTTAAGGAGGAGAACGAGAAGATGATGGACTTCATCAATAAGGAAACGGATCTGACGTAAGTTGGTGAAACTTTAA
ACAAAACATGCTGCTGTACAACTTGTATTTACTATTTTAGTGATGGCCACACGCGCCAGGTTCCCAGGCTGGCGCCTCGTATTATGGATCTCATG
CTGGATAGCCGGGTGTTTATGTATCCGCAGTACCTACCCCGTATGGCGTTTCAACCGAAACTGACTCAAACCACCGCTTACGCACCATCCGAATA
TCAGCTTATTGCCATTGGCCTAGAGAAGCACTTGGCATTAATGGTAAAAGCCAAGAGACAACTACGCAAAGGTGCAGATCCCATTCGCGTTGCCT
GTAAGCGAATGATTAAGGATACGATTTGTGGAAAGACTGCCCGCCGAATTTTCTTGAAAATCGCGGAGCTACGCAACTCAAAACAGTACAATCCA
GTGAAGTATTTCTTTGAACATCGTCGAGCACCGCCCGCTAACGCCATCCTTTGGGGATTCGCTGGTGGGCTGGTGAGAACTCCGCGGGAACGACA
CATGGAGCTTCCCAGTGGCTGGCAATACTACATTGAGGTAAGGAATACAATGGGTTATTATCGGATACATTGTTTAACATTTAATAAGCATCAAA
AAGGGGGAAAATCTCAAAGGGTAAATAAGATGGGATTAGGAAAACTAGCTTAGTTGGTGGCCCACTCGATCTCTGGGTATGAGGCGCAGCTCGGA
TCCGTGCTTTAGGAACACATTACCAGCAGTCTGCTGTGGGCTGATGCCAATTCCATCGTCCGTGATGATGGCACTCGTCTCCGCCGGAACCTTGA
ACTCTTCAGAGGCGAATTTCAGCACAGCCGTAAAGGGAGTTCCCTCCGGAACACTAAGCACCTTAAAGGGCAGCTTGGGGTCCGAAGTTAGCGTG
ATTTTGAAGGTTACTTTGCTCATAGTGGAATGTGCAGACGTGGTCAGTTTTGATACTCTATGGGAATAAACGGGTTTCCGATGTTTTCCACAGGC
AGAGTGTTTGAGCCCTGGTGGTTAAAGTTTAAACAAGTATAAATTAGTTGGTTTGAAAATAGTTTTAAGGGGTATTTTATTTAAAAACAATAAAA
TATGTTGACGCTCTTACTTTAGTGCGGTCAATATTACGATAGGCAAGGCAGCGAGTTATCGTCTGTGATGAGTAATATTTGCATAAATGTACCTA
TGTCCGTACCTAATTAGGAATACATGTTTAGAACTTTATTAATTTTTCTCTTAAATTTTAAGTAATATACTTGCTAGTGATTGTTGGCAGAATTA
TTTTACGAAATAAATCACTGGTCATCGGTGGCTAGGTACCATCGACCAAAGTTATCGATATCAATATACATAGCTTGTGCCATCGCTGTGTTTAT
AAATCGCGGACAATTTTCAATCTATTATTTTTCAGAAAACTTGGGATCAAAAGCGCACACGTCGCAATTTTAAAGCATCGAAAGCATCGTCGGTG
GCTAGTGCTTCTTATTTGGAGTTTGTACGCGAGGCGGTCGGCGAGGACCTGCTGCTGCCAGAGACTTTTGGTCAGGCTGCGGTCCCCAATGGCAG
TGCTGCTGGTTCGGAACCGCCCAAGGAGAGCAAACCGAAGAAAAGGCCAGCGCAAAGGAGACCCCGCCCTGCGGAAAACCCACCACAGCTTACCA
TCAATGTGAATTATGTTTTTGGCGGGAATACGAGCGCGGGAAACATACCCGGGGTCTCTGGGGTTTCGGTGCCCTTGGTGGCCGGCGGAAATCTG
GCCGAGAACGTACTGAACATCAATCGCAGCTTATACACCGCCGCCGAGTGCAGTAGTCTGCTGGCCTTGCCGCCTGCTCCTCCACCATTGGATGA
AAATGCTCCGCCAGCCATCAACTTCACAGTAGACAAGTTCACTAACACACTACAAATCTGCGAATTGGAGGAATCCAGCAAGGCCGTACAGCCGG
ATCTGTTGCCTGCGCAGGATACCCCTTCCGTCCCAGGCAGAAACGCCAAAAGGGCGCGATACCAAATCTTTAAGCCAAAGGTTCAATCCGCCAAT
AAATCGCGAAAAGGGTCAACACCAACCCGCAGTCGATACCATATATTGCGCGAACGTTTGCGCCATAAACTAAGCCAGCGCTGTCATTCCCTAAT
CACCACCTATGAATCCTACCTGCGTCATCACATCGAAAAATATAAAGACTGCGAGTTGGTACAGGTCGTGCACAATCGTTTTTTCGCCCTCGAAC
TGTACACTCAACTTCTGGTCGATCTGAGGATGTTCTGCAGCAATACAAACTCTAAAACGGCAGCGCAGCCAAAGAGATCTAGGAGTGATGATGAG
GCGGCGAAGCTGAGAAGAGCCAACCGGCAGGAGGAGATGCTTCGCCAAATGCTCCAGCCGGATACTACAGAAGAGCGCAATCGCAAAGATGCCAG
TAAGTTTTAGTTCAATCCCATTTAATGAAATTCAACTTGAATAATTTTATTATTTTGCACGTTCAGTTTTTGCCATGAATTTTTATGAAAAGGTA
GAGGAGGCCTTGCTGAGTGCCAATCGCCTAGATGATTGCAAAAAATTCAACAGTATTTTGCAAAACTTCGACCCCAGGCAGGAGAAAGTTTCATC
TTTGTATTTGGTATGTATCACTTAAGTGTCTTACTCTTATTGCATTCTAATTTTTTTTTGGGGTTCTTAGAAAGTGGAAGAAATTTTGCTACCCA
CTCATCCCGAACTGGCTGAAGTATTCCTCAACTTTTTGCTACCTGCCGAGGCCGCTGAGATGGGAAAATTCTTTGAGCACTTTATGATATGCAAT
GCTACCAACTTTATCAACAAACTTAACATTTACTTCAGTAAGCAGCCAGCTCAAATCAGGAAGATTTATGCCTGTCTAAACGAGTTGGCCGAAAT
GCCTAATGTCAGCATGAAAAAAGTTGAAAATAAGATAATGCCCTTGCTCAAGGGCAATCAATTTCTGATCGATTGGTTTGTGCAACAATTCCCAC
AGGGAAAACCACCAAAAAGGTAAGAATGGTAAACAAAATACTCGAGATTGATTTAATGTAACATTGTCTTTTATTTCCAGAATCCTTTCTCCTGT
AGAGACCATAAATTTGCATGACGTTCAAAACAATACAACGGGAGAATATACGGAAACTATTCAAGAGTTTACAGATGTACCTACGCCAAGTAAAC
CAGGTTGTCACTTAAAGTATATCAATGGTCGCATATTTTATGGAGCCAAGATCCTATTGCCTGCCAAACTGTCTTTTATGGCTGCCAGTATTTAC
AATGAACAATCTCATGACGTGCCACCCGTCTCCAGTGACTCGATAAACTGCGCCCATGGTATTCGTGCCCAGGGAGAAAAACTTCTTAGTATGGC
TTCCAATACAGATAGCGACGATGGCGCGGATCGGAGTGAGGAAGATGATGCCAGCCGCGCCTTGATTATTGATACCACGAGTGATGAGCAGAACA
GCTGCTCATCTATTGAGATGTGCGATGAGACAGGCTTAAGAGCACATGCAATCAGATTGAATCCCGGCTTGTATACCAACTCAAGCTTTAACAAT
GCAGCGACCAGTACGCCCAATCTGGGCAACTCTCACCAATCCCATCATCCGCACGCCAAAAAAACTGCCATAAACTTTGGTGAAATATCCCCACG
CAAGCAATCGGCATTTAACAACTCGGGATTGAGTCCCTTATCGGCGGCCCCCAACAGTTCCCCTCAAGTCGACAAACGAAAGTCACCTACTAAGA
AGATCCGATCTCCTCTTAATCAAACTCAGAGCAGACAACGTGCCAATAATCAGCCAATGGTTGTTATCCATGAGTCTCAGCCTTCATCTTCGCCA
GCCATTGAGTGTGCAAAGCGCTTGCGCACGCTGATCGATCAGGAGAGCGTGCGGGATGCAGCAGATACAAAGGCGGGCATTCGAATTATTGCGCA
AGCCAAGCAGCAACCTCCAAACCAATGCAGCTCTGAAGCTATTACGAAAGTCGAGGTAGTCAGCCTGGATGAAAGTGCCGAGAATATGCCTTTCT
GTACAAATCTCAAAATGGACACAGATCAATCGGAGGAGGAGCTGGAGCCACTGCAATTAAGTGCTGGCAACACACCACAGCACGTGATCACAACA
CAATTCGATAGCGATGAGGACTGCAAGCTGGATGTTGTGGCCACGCTGGCGAACTGCACCACCACCGAAGATAGATCGGAATCGGCAGCGGCATT
ACCTGCCACCACATCGCACTCTGAGTCTGGTAGTTCCCACTCGGCACCTTGGACTCGTGAAGAGGACAAAGTAATCCTGATCGAAATGAAAATAG
GGGCACGGGATCGAGAGCAGCTCATTCGGCGTATGCGCGCCAAGCTAAAGAATCGCAGTATAGAAGAACTACGTAGTAGGCATCAGTTTCTTATG
GACTTTCTGTCCAAATTGCAGGGAAAGTGAGGTTTCTCTAAGATGGTCTTTTGTGTATTATAATCCAAGCTGAAATAGGATACTAATAATAACTG
TATATAAACGAAATGGTTTACCCCATACCTACAAACCAAACTTTTTGAAGGGAATTCTTTGTTGTACTGATTACCTATTTAAGCATACAAAAATT
CCCTTCAGAATACTTAGTTTTATTATTAAAAATTTGAATATTTTGAAATCTACTGTACGTTGAAATTGACTATTAATAGATATATTGAAACCATG
AATTTAATATTTTTGTGTCCGTCTAAGTTTACTTTTCTATATGATAAGAAGGTCGCATTGTTTGAATTTGATTATTCTATTCTATAGTTTTGGTT
AACGAGCACATTGTTTTCCATTGTCTTAAAGATTGTAAATATATAAAAATATAACATTTTTTAAAATCTCTAAAATGTATCTGATATTGTCAAAC
CAGCTTGTTCGGGAACTTCAAACGTATTCGCATTTGAGAACTTAAACAAACCTGGAATTGTTCCTTTAAGAAGTACGACGTAAGACTAAAATATG
GAGCTCTCGTTGGATGAACCGCAATGCGCATCCTTCTTTTGCATCCTGGGTGCCGTGTGCGCCATTGTCTTTTCGACATTGGGAGCCGCCTACGG
AACAGCGAAGGCTTCTGTGGGAATCTCTTCGATGTCAATCAAGCATCCGCAGCTGATCATGAAGGCGATTGTTCCAGTGGTTATGGCTGGCATTA

Confidential - Do not distribute

FIGURE SHEET 731

TAGCCATTTATGGACTGGTGATCGCGGTCCTGCTTGCTGGATCACTTAGCAGCCCCTATAGCGCCTACAAGGGTTTCCTAAACCTCAGTGCTGGA
CTGGCGGTGGGAGTCTCTGGGATGGGGGCTGGAATTGCTATTGGCGTGGTGGGCGAAGCTGGAGTCCGTGCATCTGCCCAGCAGCCAAAACTCTT
TGTGGCCATCATTTTAATATTGATATTTGCCGAGGTCTTGGGTCTGTATGGTCTCATAGTGGCCATTTATTTGTTTTCCA
(SEQ ID NO: 1369)

Exon: 1001..1501
Exon: 1567..1897
Exon: 1952..3020
Exon: 3081..3552
Exon: 4406..5414
Exon: 5482..5615
Exon: 5676..6004
Exon: 6066..7440
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT35746
ATGCCGAGCAGTGCAAAGAAGTCGGACTCTGCAAAGAGCAATAGCTCGACGCCACGAAGACCGCGAAAGCGCAAACGAGTGGATCGCCAGAGCCT
GGACTCGCAGGTCGATGAGGATGCCAAGGAGATCGATCGCCGGCTACGGAAAGTGGCCAAGAAGAACTCCATCAGTGCCGAGGACATGCAAAAGG
TGGTCCGGAAGGTGGTGCGCAACGATCATGTTCTGGCATTAGTCACTTTGAAGGCGGAGGACGAGCTGGCGCGGGAGAAGTTGGAGTCGGCGGAG
CAGCAAAAGCGGGGTGCCATCATCATAACGGACACTCCATCTGTGCCCAAGCTAACGCGAGCGAAAGCACGGGAACTGAACTGCACGCCTGGGAT
CTCGCTGCCCCAGCTCAATGAAACTTCCACCGACAATAATGGTATAGAGGCTCTAATACGTGAGGATTTGCACTCTGATGAGGAGGACGAGGAGT
ATACCTTCAAGGAGGAGGACTTTCATTCCGATGATGATCCTAACACTACAGCATCGGATTTCGACTCCAATCCCTGCACGCCTCAAACTCCTCTT
ACTGCCAATGAGGAATCTCCTATCAAATTCTCTGATGACGGTTGTTTCAAGGTGCCGTTGGACAGAAATTTTCAGGATAAAGAGGATCTTAGGAT
TGCCACTAGAACGCGCTCCAAATTTTGTTTGCAGCAAACTACCATTGAGGATTTGCAGTCGGAATTTGTCCCGCCGGACGTGGAGCCTAGCGATG
TGGTGGAGAACGAAATGACCGCCAACGATGCGGATTGGATGCAGTTCCTCAATGACTTTACAAAGCCTTTAAACAATACGGTCCAGGGCGACGAT
GATGATCCTATTAACGATCCAGAATATGTGGCCGCTGATCACTTGGAATCGGAATATGAGAACGCCGAGGAGCTGCGCGATGTAAATATATCTAA
AAAAGAGTTAACTGACCTGGTCTCTGAGCTGTTTGCTGGTTTGCTGGAAGAAGGAGTCTCTCTGGAATCGATTGAATTGGAAACACCTCAAAAAT
TCGTTGAAAGTGCCAACGTTTCGATGATTCCCATTGATCAAGTGTCCCGTAACATCGATTTTGATGGCCAGCAGATAAATGCTAATCAGCAGGAG
CTGTCCGTTTTTCAACCTAATCTAATGCCGCCTCCTTGCGAAGGGAACGAAATGGGCATGGGTGTGCCTGTCCCTGTGGCTGTGCTGCAGGAGGA
AACTGGTGGATCCGCTTGCAATGTGGTAAACATACCTTCCGAGGCGCTGACTGTTCCCCCCGAACTAATAGCTGTTCCAATACCTGGGCAACCTA
ATTGCTTCCAAATCGCCAAAGTTGTAGGCAATGATTCAACTGTTGGTCTTCCATTAACTGAAGAGACACTGCAGAACTTTTCTAGCTTGCATCCA
ATGGAACCCCCCGTGGTAGCTGCAAGCAATGGAGATCGATATAAAAAACCATTTGATACGAACTTCACCTGGGAATACATCTCGGTTAGGAAACA
TATATATTCGGAGTATGAGGAAAAGTTTGAGAGCCTGCGAAACGTAGAGCCAGTAAACCTCAATCATCTCGCCAGGAGCAGGGGATTTACCCAGT
CTCAGCATGATATGCTTCAGCAGCAGCTTCGCATTCACACGCAGTTGCTCAGTCAAAGCTATCTGCAAACCTACTCCCATCCTACGTTGTACCCC
ATGGCCAAGAAGCCCAGAGAAATGTTGGAAGAATTGCACAAAATGGCAACTAAAGATCCCAGTTTTAATTGCTGGAATCTGCAGGAGGCTGTTCA
GCTGGTTAGAAAATGGGAACATGATCTGTCCAGTGATGAGTTTAAGGAGGAGAACGAGAAGATGATGGACTTCATCAATAAGGAAACGGATCTGA
CTGATGGCCACACGCGCCAGGTTCCCAGGCTGGCGCCTCGTATTATGGATCTCATGCTGGATAGCCGGGTGTTTATGTATCCGCAGTACCTACCC
CGTATGGCGTTTCAACCGAAACTGACTCAAACCACCGCTTACGCACCATCCGAATATCAGCTTATTGCCATTGGCCTAGAGAAGCACTTGGCATT
AATGGTAAAAGCCAAGAGACAACTACGCAAAGGTGCAGATCCCATTCGCGTTGCCTGTAAGCGAATGATTAAGGATACGATTTGTGGAAAGACTG
CCCGCCGAATTTTCTTGAAAATCGCGGAGCTACGCAACTCAAAACAGTACAATCCAGTGAAGTATTTCTTTGAACATCGTCGAGCACCGCCCGCT
AACGCCATCCTTTGGGGATTCGCTGGTGGGCTGGTGAGAACTCCGCGGGAACGACACATGGAGCTTCCCAGTGGCTGGCAATACTACATTGAGAA
AACTTGGGATCAAAAGCGCACACGTCGCAATTTTAAAGCATCGAAAGCATCGTCGGTGGCTAGTGCTTCTTATTTGGAGTTTGTACGCGAGGCGG
TCGGCGAGGACCTGCTGCTGCCAGAGACTTTTGGTCAGGCTGCGGTCCCCAATGGCAGTGCTGCTGGTTCGGAACCGCCCAAGGAGAGCAAACCG
AAGAAAAGGCCAGCGCAAAGGAGACCCCGCCCTGCGGAAAACCCACCACAGCTTACCATCAATGTGAATTATGTTTTTGGCGGGAATACGAGCGC
GGGAAACATACCCGGGGTCTCTGGGGTTTCGGTGCCCTTGGTGGCCGGCGGAAATCTGGCCGAGAACGTACTGAACATCAATCGCAGCTTATACA
CCGCCGCCGAGTGCAGTAGTCTGCTGGCCTTGCCGCCTGCTCCTCCACCATTGGATGAAAATGCTCCGCCAGCCATCAACTTCACAGTAGACAAG
TTCACTAACACACTACAAATCTGCGAATTGGAGGAATCCAGCAAGGCCGTACAGCCGGATCTGTTGCCTGCGCAGGATACCCCTTCCGTCCCAGG
CAGAAACGCCAAAAGGGCGCGATACCAAATCTTTAAGCCAAAGGTTCAATCCGCCAATAAATCGCGAAAAGGGTCAACACCAACCCGCAGTCGAT
ACCATATATTGCGCGAACGTTTGCGCCATAAACTAAGCCAGCGCTGTCATTCCCTAATCACCACCTATGAATCCTACCTGCGTCATCACATCGAA
AAATATAAAGACTGCGAGTTGGTACAGGTCGTGCACAATCGTTTTTTCGCCCTCGAACTGTACACTCAACTTCTGGTCGATCTGAGGATGTTCTG
CAGCAATACAAACTCTAAAACGGCAGCGCAGCCAAAGAGATCTAGGAGTGATGATGAGGCGGCGAAGCTGAGAAGAGCCAACCGGCAGGAGGAGA
TGCTTCGCCAAATGCTCCAGCCGGATACTACAGAAGAGCGCAATCGCAAAGATGCCATTTTTGCCATGAATTTTTATGAAAAGGTAGAGGAGGCC
TTGCTGAGTGCCAATCGCCTAGATGATTGCAAAAAATTCAACAGTATTTTGCAAAACTTCGACCCCAGGCAGGAGAAAGTTTCATCTTTGTATTT
GAAAGTGGAAGAAATTTTGCTACCCACTCATCCCGAACTGGCTGAAGTATTCCTCAACTTTTTGCTACCTGCCGAGGCCGCTGAGATGGGAAAAT
TCTTTGAGCACTTTATGATATGCAATGCTACCAACTTTATCAACAAACTTAACATTTACTTCAGTAAGCAGCCAGCTCAAATCAGGAAGATTTAT
GCCTGTCTAAACGAGTTGGCCGAAATGCCTAATGTCAGCATGAAAAAAGTTGAAAATAAGATAATGCCCTTGCTCAAGGGCAATCAATTTCTGAT
CGATTGGTTTGTGCAACAATTCCCACAGGGAAAACCACCAAAAAGAATCCTTTCTCCTGTAGAGACCATAAATTTGCATGACGTTCAAAACAATA
CAACGGGAGAATATACGGAAACTATTCAAGAGTTTACAGATGTACCTACGCCAAGTAAACCAGGTTGTCACTTAAAGTATATCAATGGTCGCATA
TTTTATGGAGCCAAGATCCTATTGCCTGCCAAACTGTCTTTTATGGCTGCCAGTATTTACAATGAACAATCTCATGACGTGCCACCCGTCTCCAG
TGACTCGATAAACTGCGCCCATGGTATTCGTGCCCAGGGAGAAAAACTTCTTAGTATGGCTTCCAATACAGATAGCGACGATGGCGCGGATCGGA
GTGAGGAAGATGATGCCAGCCGCGCCTTGATTATTGATACCACGAGTGATGAGCAGAACAGCTGCTCATCTATTGAGATGTGCGATGAGACAGGC
TTAAGAGCACATGCAATCAGATTGAATCCCGGCTTGTATACCAACTCAAGCTTTAACAATGCAGCGACCAGTACGCCCAATCTGGGCAACTCTCA
CCAATCCCATCATCCGCACGCCAAAAAAACTGCCATAAACTTTGGTGAAATATCCCCACGCAAGCAATCGGCATTTAACAACTCGGGATTGAGTC
CCTTATCGGCGGCCCCCAACAGTTCCCCTCAAGTCGACAAACGAAAGTCACCTACTAAGAAGATCCGATCTCCTCTTAATCAAACTCAGAGCAGA
CAACGTGCCAATAATCAGCCAATGGTTGTTATCCATGAGTCTCAGCCTTCATCTTCGCCAGCCATTGAGTGTGCAAAGCGCTTGCGCACGCTGAT
CGATCAGGAGAGCGTGCGGGATGCAGCAGATACAAAGGCGGGCATTCGAATTATTGCGCAAGCCAAGCAGCAACCTCCAAACCAATGCAGCTCTG
AAGCTATTACGAAAGTCGAGGTAGTCAGCCTGGATGAAAGTGCCGAGAATATGCCTTTCTGTACAAATCTCAAAATGGACACAGATCAATCGGAG
GAGGAGCTGGAGCCACTGCAATTAAGTGCTGGCAACACACCACAGCACGTGATCACAACACAATTCGATAGCGATGAGGACTGCAAGCTGGATGT
TGTGGCCACGCTGGCGAACTGCACCACCACCGAAGATAGATCGGAATCGGCAGCGGCATTACCTGCCACCACATCGCACTCTGAGTCTGGTAGTT
CCCACTCGGCACCTTGGACTCGTGAAGAGGACAAAGTAATCCTGATCGAAATGAAAATAGGGGCACGGGATCGAGAGCAGCTCATTCGGCGTATG
CGCGCCAAGCTAAAGAATCGCAGTATAGAAGAACTACGTAGTAGGCATCAGTTTCTTATGGACTTTCTGTCCAAATTGCAGGGAAAGTGA

Date Recue/Date Received 2020-04-20

(SEQ ID NO: 1370)

Start ATG: 1

MPSSAKKSDSAKSNSSTPRRPRKRKRVDRQSLDSQVDEDAKEIDRRLRKVAKKNSISAEDMQKVVRKVVRNDHVLALVTLKAEDELAREKLESAE
QQKRGAIIITDTPSVPKLTRAKARELNCTPGISLPQLNETSTDNNGIEALIREDLHSDEEDEEYTFKEEDFHSDDDPNTTASDFDSNPCTPQTPL
TANEESPIKFSDDGCFKVPLDRNFQDKEDLRIATRTRSKFCLQQTTIEDLQSEFVPPDVEPSDVVENEMTANDADWMQFLNDFTKPLNNTVQGDD
DDPINDPEYVAADHLESEYENAEELRDVNISKKELTDLVSELFAGLLEEGVSLESIELETPQKFVESANVSMIPIDQVSRNIDFDGQQINANQQE
LSVFQPNLMPPPCEGNEMGMGVPVPVAVLQEETGGSACNVVNIPSEALTVPPELIAVPIPGQPNCFQIAKVVGNDSTVGLPLTEETLQNFSSLHP
MEPPVVAASNGDRYKKPFDTNFTWEYISVRKHIYSEYEEKFESLRNVEPVNLNHLARSRGFTQSQHDMLQQQLRIHTQLLSQSYLQTYSHPTLYP
MAKKPREMLEELHKMATKDPSFNCWNLQEAVQLVRKWEHDLSSDEFKEENEKMMDFINKETDLTDGHTRQVPRLAPRIMDLMLDSRVFMYPQYLP
RMAFQPKLTQTTAYAPSEYQLIAIGLEKHLALMVKAKRQLRKGADPIRVACKRMIKDTICGKTARRIFLKIAELRNSKQYNPVKYFFEHRRAPPA
NAILWGFAGGLVRTPRERHMELPSGWQYYIEKTWDQKRTRRNFKASKASSVASASYLEFVREAVGEDLLLPETFGQAAVPNGSAAGSEPPKESKP
KKRPAQRRPRPAENPPQLTINVNYVFGGNTSAGNIPGVSGVSVPLVAGGNLAENVLNINRSLYTAAECSSLLALPPAPPPLDENAPPAINFTVDK
FTNTLQICELEESSKAVQPDLLPAQDTPSVPGRNAKRARYQIFKPKVQSANKSRKGSTPTRSRYHILRERLRHKLSQRCHSLITTYESYLRHHIE
KYKDCELVQVVHNRFFALELYTQLLVDLRMFCSNTNSKTAAQPKRSRSDDEAAKLRRANRQEEMLRQMLQPDTTEERNRKDAIFAMNFYEKVEEA
LLSANRLDDCKKFNSILQNFDPRQEKVSSLYLKVEEILLPTHPELAEVFLNFLLPAEAAEMGKFFEHFMICNATNFINKLNIYFSKQPAQIRKIY
ACLNELAEMPNVSMKKVENKIMPLLKGNQFLIDWFVQQFPQGKPPKRILSPVETINLHDVQNNTTGEYTETIQEFTDVPTPSKPGCHLKYINGRI
FYGAKILLPAKLSFMAASIYNEQSHDVPPVSSDSINCAHGIRAQGEKLLSMASNTDSDDGADRSEEDDASRALIIDTTSDEQNSCSSIEMCDETG
LRAHAIRLNPGLYTNSSFNNAATSTPNLGNSHQSHHPHAKKTAINFGEISPRKQSAFNNSGLSPLSAAPNSSPQVDKRKSPTKKIRSPLNQTQSR
QRANNQPMVVIHESQPSSSPAIECAKRLRTLIDQESVRDAADTKAGIRIIAQAKQQPPNQCSSEAITKVEVVSLDESAENMPFCTNLKMDTDQSE
EELEPLQLSAGNTPQHVITTQFDSDEDCKLDVVATLANCTTTEDRSESAAALPATTSHSESGSSHSAPWTREEDKVILIEMKIGARDREQLIRRM
RAKLKNRSIEELRSRHQFLMDFLSKLQGK*
(SEQ ID NO: 1371)

Name: putative DNA binding protein
Classification: DNA_binding

Celera Sequence No. : 142000013384591
TGTTATCAATTCACTAATTACTAAGCAAACCAATGCCAAGCGTATCCTAAAATTAATGTTCTTTGCTCTACATTCACATACTCCTTGTTCGGCGC
CGTTTATCTGCTATTAAAAAAACTGCCAATTCTATTTGCCATCTTTGTGCTCAATAATCCCAAGACCTTGAAAAGAGCCCTTCCATGCCAATTAA
ATCAACTATTAATTGTTTATCCCTTCTGCCTCGGATGATAGATGATGCACGAACTGGCTTAACACCTGCACCGATATATAAAATTTGTGTGGATA
AATGGTTAACTTAGCTAATTAAAAAAGTTCCTAACTTAAATCATTGTAGGCAGTATGTCATTATGTTTTCTCGGTTTTCTCTTGCTGTGTGGATT
TGAAAATAATTGCTGACAGTGTGTTAATTTGTTATTTGAACACAATTGCTTGATTATGTCATAAAATACATAGATAACTGAGTTGCAAATTAAAT
ACTGTGAGTGGGTTTCGTTAAATGTAAATATCATGTTCAACTTAGTCCATTAAAACTTTTTAAACTGTTGGAACGACTTGCAGCAAAGATTACCA
TCCAAAAAAAATTCCGAATACACTCAACGGTAATCCTTCGCATTAATGGAACAATTCTAATATTCTAAAACTTTTGCGTGCTATATTTGCATGCA
TGCTATGCGGCACACTGAGAAGCGTCTACACATTTAAAAAGGATTGGCAAAGCTTTTACAAAATTACGAAACTACGGTTACAAACTACTTTGCCA
AAAAAAAAATTAGCAATACCATGTGCAATACTGATTTGAGCCCGATCAATCGATTTGGCCTGGCAGGTATATTCGAAAACTAGACGTCTCGAAAG
CAAATCTAAAAACTAACCACTGTGCTCATGCCAAATGGCGCTCCTCCTCGCAGATGGCACTGCGCGTCGCCTCGCACTGGGCACAGTGCTTCTCC
AGAAACTTCATGGACAAGTGGAACGTATACCGGTGCCGGGTGCAACGCCTTTACATCTTGTACTCGACGATTTTGTTGGGATTGAGGAACTGCTC
CCGTTGCGACGCATCCAAATGGGCTACGGTGCGCGTCAGTGCCGAGCCCGAACCCGATCCCGATCCCGATCCCTGTCCCTGACCCTGACCCTGAC
CCGATCCTGTTCCAGTTGCTGATCCCGAGGAGGACTTGTGCTTGCCATCGCCGCCGCCGCCACTGGTGCGTCCAGTATCCGTGCCAATGGGCTGG
TAAACGCCCTCTGCACTGATCACACCCACATTGACGCCGGCGACCACTGGCTGTTGGAGATATCCGGAATACTGTGGCGGCAGCTGGTAATTGCC
CGGCGGCTGCTGCTGCTGCTGTTGGTGGCTGCCCGCCCGCGGCTGCTCCGTGTGGGCAATGGGATACTGCTGCTGATGGGCGTAGTCCTGGCTGC
TGCCCACAGCGCCAGCGCCAGCCACCGAGCCGCCAGCTGCTCCTCCGCCACCGGCTGATCCTCCAGCACCGCCACCGCCCATCCGGGAACCGGAA
TCATCGTTCAGGCCCTCACCCATTTCACCATCCCGATTGCGCCGTCCGCGGATGCACAGTTTGGTGAAGAGCCAGACTCGTCCGCGGTAAAGGAG
GTAACAACAGAAGTGAACGAAGAACGTAAAGATGATCGCACAGGCCGTCACTATGATCGCCTTGCCCGGCTTGGTCCAGTCCATCATGGGATAGA
TAGCAGTTTGATTTTTCCTGCAAACACAATCGTCATTATCATCCAAATTTGATCAATCATTTTCAGTGCGTATGAAAATCACCTGTCTGTTCCGC
CGGCCAAGAAATAGATTCCCGTGAATATGGCGTAGGCCAGGCCAATGCCAGTGGTAAAGTAGGCGTGGCTCATCTTTATCGGATGCCCCACAATG
GCCAAATCGATGAGCATTATAATCGTGTTGAGCACATGGACCATTATGTTTAGCGCATCGATCTTATGGATTTCTGAAAGATAAAAGATGTATAA
AAGATATGTTCTCTAATTAAATGGTTTCCCTTTTCTAAAGAACTCGATTAAAATGCACTTCGTTCTATTCATATATTTGGCCCTGCAGGGGAGGC
TTTTTCACAGGTGTCCAATTTAGGAAATCCCTAATCCATGAACATCTCCCACTGGCTCTTAACGGATCTGGACAAAAACTTTTGATTTGCCGTCT
GGCCAGCGTAGTAGAACTCAAAACCAACGTCATTGGCGGAGTCAAGAAAGATGTAGCAGGCGAGAAAGTCGAACAGGAGCATCGTGGAGCACAGC
GGCCTATCCAGAATTGGCGGTAAATTCTCCCAATAGCCGGATATGACCTGCGCCTGGAACACAATCAATGGGCATATAACTTGCCAGAGCACAAA
GTGGGTGGCTACTTCATAGGAGAATATCTGATCTGAAACGTGTACACAAACGGCGGCCATTAGGACGGAGGAGAGCACAACGAATATGAACCAAG
TGAGGAACAAGTAGGCCATTGCAGGGCATTCGGGCAATAGATATGAGCCGACCAGCAGGAGCAGCGCCATCATGACAAGAATCTCCATGCTCAGC
AGCAGGACGTGTCCCGTCCGCTGGTTTGAAAGGATACACACCGTTCCCAGTGCCAGACAGGCTGCTATGCAGCAGCTGACTATCCAGTTGAAGGG
GAACTTCCGGCGCAGCCAAGTGACGTTGACATAGACGCACAGGGTGACCAATCCGATGACAAAGAAGCAATAGGTAGCCACTACATCCGGAACCA
GGAGGTATCGTCTGAACAGGCCCGGCAAGATGAGCAGCCCAATGGCCAGGACAATGAACAGCGCCGCAATGCCGTAGATCCACTGGGCCACCTTG
AGACGAAGGCGCACGACGCCATCGACTGGCTGATCATTCATCGATGTGGGGGATTTCCTCGTTTTCTGCTTGTTTCCCGGCGCCCGTGTCAAGTG
TCAAAGGCGACAGTTCGGCCTGACAGCCAGTATGTTAAGTGTAACCAGATCGGCATCAGCCCCAAATTTCAGCGTGCGATCCGTTGTAACCTATA
GCTCCACGAGCCACTTCGAGGCAAATCATAGTGTGAGTGATAGTCCGTTCTCGGAAGTGGATCGTTTTGTGGAGGCTGCCACCAGCATCAACCGT
TTTCCAAAGAGGCGGAAACTCTCCTCCTGCATTTTCCGAACCTACGTCTGCCTGCTGTTGGTCATCCAGGTCATCCTGGCATCGCTGCAGTGGCT
CGGATCCACGTACCGCTGGAAACCGCAGCTGAGTGCGGCCAACCGCGGCCTGTCCGTCCTGCTACTCCTGATTTCGTGGATCAACCTGACGCTGG
CCTTCATGGGCTTCCGGCGGCTGCAGTTCACCTTCCCGCTCAATTGGATTGTCTTTGGGTGCATCTTCGAGAGCCTCACGCTGCTGGTGGTATGT
CTGCACATTCTGGAACAGGACCTAACGTGGCCGTTTGTGCTAATTGGCATTGGCGTGCTGGTTGTCTATACGCTGCTGGGGCTGTGGGTACCTGG
ATTCCTCACAGCCAACTTGTGGATCCTAATCCTGGCAAGCATTGTGGTCTTCCTGGTCTCGACAGTGGCCTTGAGCGTTCGCCTGCAGATGCGAT
ACTACGTGCCCGCTAGCGTCTGTTTGGTTTTCTTCGGACCCTGGACCATGTACAACTCCCAGAAGTTGTTCCTGCACCACAAGCGGTCTGGTTAC
GTAGCTCACCAGTATTTGGAGGCGTCCGCCAAGATGTTCATCAATTATGCCTTCACTGTGAGTGGCATTATATTTGCCCACCGCTTCTCGGTGGA
CACATTGGATGCCCACAGTTAGGATATGGTGATTTCTTGGCTGCCATTTTTGTGGTTTAGATTTTTTATAAGTCTTTCTAAGTGCTGTGCA

(SEQ ID NO: 1372)

Exon: 2891..2210
Exon: 1973..1793
Exon: 1727..1001
Start ATG: 2891 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT35813
ATGAATGATCAGCCAGTCGATGGCGTCGTGCGCCTTCGTCTCAAGGTGGCCCAGTGGATCTACGGCATTGCGGCGCTGTTCATTGTCCTGGCCAT
TGGGCTGCTCATCTTGCCGGGCCTGTTCAGACGATACCTCCTGGTTCCGGATGTAGTGGCTACCTATTGCTTCTTTGTCATCGGATTGGTCACCC
TGTGCGTCTATGTCAACGTCACTTGGCTGCGCCGGAAGTTCCCCTTCAACTGGATAGTCAGCTGCTGCATAGCAGCCTGTCTGGCACTGGGAACG
GTGTGTATCCTTTCAAACCAGCGGACGGGACACGTCCTGCTGCTGAGCATGGAGATTCTTGTCATGATGGCGCTGCTCCTGCTGGTCGGCTCATA
TCTATTGCCCGAATGCCCTGCAATGGCCTACTTGTTCCTCACTTGGTTCATATTCGTTGTGCTCTCCTCCGTCCTAATGGCCGCCGTTTGTGTAC
ACGTTTCAGATCAGATATTCTCCTATGAAGTAGCCACCCACTTTGTGCTCTGGCAAGTTATATGCCCATTGATTGTGTTCCAGGCGCAGGTCATA
TCCGGCTATTGGGAGAATTTAACCGCCAATTCTGGATAGGCCGCTGTGCTCCACGATGCTCCTGTTCGACTTTCTCGCCTGCTACATCTTCTTGA
CTCCGCCAATGACGTTGAAATCCATAAGATCGATGCGCTAAACATAATGGTCCATGTGCTCAACACGATTATAATGCTCATCGATTTGGCCATTG
TGGGGCATCCGATAAAGATGAGCCACGCCTACTTTACCACTGGCATTGGCCTGGCCTACGCCATATTCACGGGAATCTATTTCTTGGCCGGCGGA
ACAGACAGGAAAAATCAAACTGCTATCTATCCCATGATGGACTGGACCAAGCCGGGCAAGGCGATCATAGTGACGGCCTGTGCGATCATCTTTAC
GTTCTTCGTTCACTTCTGTTGTTACCTCCTTTACCGCGGACGAGTCTGGCTCTTCACCAAACTGTGCATCCGCGGACGGCGCAATCGGGATGGTG
AAATGGGTGAGGGCCTGAACGATGATTCCGGTTCCCGGATGGGCGGTGGCGGTGCTGGAGGATCAGCCGGTGGCGGAGGAGCAGCTGGCGGCTCG
GTGGCTGGCGCTGGCGCTGTGGGCAGCAGCCAGGACTACGCCCATCAGCAGCAGTATCCCATTGCCCACACGGAGCAGCCGCGGGCGGGCAGCCA
CCAACAGCAGCAGCAGCAGCCGCCGGGCAATTACCAGCTGCCGCCACAGTATTCCGGATATCTCCAACAGCCAGTGGTCGCCGGCGTCAATGTGG
GTGTGATCAGTGCAGAGGGCGTTTACCAGCCCATTGGCACGGATACTGGACGCACCAGTGGCGGCGGCGGCGATGGCAAGCACAAGTCCTCCTCG
GGATCAGCAACTGGAACAGGATCGGGTCAGGGTCAGGGTCAGGGACAGGGATCGGGATCGGGATCGGGTTCGGGCTCGGCACTGACGCGCACCGT
AGCCCATTTGGATGCGTCGCAACGGGAGCAGTTCCTCAATCCCAACAAAATCGTCGAGTACAAGATGTAA
(SEQ ID NO: 1373)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MNDQPVDGVVRLRLKVAQWIYGIAALFIVLAIGLLILPGLFRRYLLVPDVVATYCFFVIGLVTLCVYVNVTWLRRKFPFNWIVSCCIAACLALGT
VCILSNQRTGHVLLLSMEILVMMALLLLVGSYLLPECPAMAYLFLTWFIFVVLSSVLMAAVCVHVSDQIFSYEVATHFVLWQVICPLIVFQAQVI
SGYWENLPPILDRPLCSTMLLFDFLACYIFLDSANDVEIHKIDALNIMVHVLNTIIMLIDLAIVGHPIKMSHAYFTTGIGLAYAIFTGIYFLAGG
TDRKNQTAIYPMMDWTKPGKAIIVTACAIIFTFFVHFCCYLLYRGRVWLFTKLCIRGRRNRDGEMGEGLNDDSGSRMGGGGAGGSAGGGGAAGGS
VAGAGAVGSSQDYAHQQQYPIAHTEQPRAGSHQQQQQQPPGNYQLPPQYSGYLQQPVVAGVNVGVISAEGVYQPIGTDTGRTSGGGGDGKHKSSS
GSATGTGSGQGQGQGQGSGSGSGSGSALTRTVAHLDASQREQFLNPNKIVEYKM*
(SEQ ID NO: 1374)

Classification: receptor

Celera Sequence No. : 142000013384768
GAAATGAGTTTTGTTTTGTTTTGTTTCTTCCGAGTGTTTGTGTGTTTATGTGTGTGGGGAGGGGGTGTATTCTGTGTGCGGCGTGTTTTGAGTGA
GAGAGATAGAGAGAGAGCGCGAGTTGCTGCGGGTCGACGGTCGAAGGGGGTGGTGGTGGAGTTGGTGGTGGGGGGCTTGGTTTATACGACAAGTT
TTGATTTATTATTAAATTTAAATACCTATGTATATAAATTACGTTTCTTGTTTATTATAATTATTGTTGTTTCCATCTTAATCATTTTGTTTTCTT
TCGCTTTTTATTTTTCATATTTTTTTTTTTGTTTTTTGTATGTAGTGGGCAACTGCGGCATTTGTAAATTTCTTTATATTTAAATGTTCCTTTTGA
CTGTGTAAAAATATCGATTTCCATCTGATCTTGTTTTGTAGTTACTATTCATGTATGCATTTGCTTTTCGTTTTAGTTAAATTACGTTAACGCTG
CATTCTGAACTCTCTGTTGCTGCTGATTCTGCTGCTTGTTCTTCGGATTCTTGATCGGATTCTTCTGATTCTTCATCTTGGCGCGCTTTCTATGC
TATTGAAATGTTGTTTGTGGTGCTGCTTACTGCCTTCTGGATCGGGATCCTATATTCCGCTCTGATCTGATCGGTTATGTTCATGTTATGTCGGG
TTGTGTGTGTCTGTGTTGTGTGTATGAGAGTGGAGTGTGTTGGGTGTTCGCATCTCGTTATATGTTGTATATATATATATATATATGTGTATATA
TATATATATATAATATATTATATGTATGTATAGTTAGTTGCTTAATAGTAGAATTTCTTGAATGTTGTTGTGGTAAAGTGTAGGTAATGTTGCTC
TATGTCTCTATGTCGACTCAACTGCACTACATACATATGTCTTTCCACCGGATACGCGGCGAACCGAAACGTGCCGAGCCGAACCGATCCCCGTT
TCTGACCCGCATCCGCATCCGTATCCGTATTTCGTTTCCTCACCTCCGCCTCATTCGCTGCGCAGTTTCTTTAGATCCGGTGACTTCTCCCCCAC
GCCCACACCCACTCCGCCGGCGTTCTTCAGCTCCATATCGCAGTGCAGGGCAGTACGCTTCTGTCCAATGGCTGGTGCCGAGTCTGCACCCGCTG
CTACCGGTGAAACCGCATCCACCGCCTTGTTCGCCGCCAGCTGCTGCAGTTTACTGTCCCTCACAATGCCGTTGCTGCTATTGCTCTCGTCAGCC
TCTAGCTCCGCCTCATTATCCTCCTCCTCGTCCAGCTCATCTTCCTCCTCGTCCTCCGCCTCATCCTCATCCTCGTCGCCCAGGACGCCGTTCCC
GTTACCATTTCCATTGGCTGGTGCTGCAGTCGCTTTGCTGGCTGGCTGTGGTGCTGCTGTAACCGCTTCCTCTTCTGCCAAAGGAGCAGGCTGAC
CGTTGTTGGTGATCGAATTGTTAGTTTTGTGGGGCTGGCTCGGCGACTGCTTTTGATTCTGATTCTGGCTCGAGTGCTGTGTGGGAGTCAGGATG
GGCAGGCTGTTGGTCTTGGGCGGCGCCTCCTGATTGCTTTCAGAGTCCGAGGCGAGCGGTGTTCCACTCGAACCGATGCCAATGCCAATGTCTAG
GGCGATGGGCTCACCGTCCTCTGTGGAAGTGGTGGCCGTTGTCTGTGTGGTGCCATCGTTGTCATCGATGATCGGCTCCTGGGAGGTGGAATCGT
TCGAAACAAAGTTGGAGTCACCGTCCTGCAGGGCGGCGCCAACGGCAGCTGCGTTGTTCTTGGCCTCGCCCGACTGTAGAGGCGTCAGAGCAGCC
GGGTTGGTGTTCTCATTCTCTGTCTCCGATTCTGTAGCAGTGTTGCGACCGCCTGGGGGATAGAAAGCATTGGATTAGCCATCAATGGTCAATTT
GTTAACTCGGCGAACTGCGGTCAGAGTAATCAAACAAAGAAACTCTGTGTTTGAAATTATTAGACATCCTAACACTTTTGAAAAGCTGCCAACAA
GTATAAGCTACTGATAATATGTTAAAAGTTAACTATTTTACAGTAGTAACTTTACAATTCCTCCTTTTTATTTAACATGACGCCACGAGTAACGA
ATAAATTGTAAATTGTAAATTGACCACTAGGCTACTACAAACATAATGTTTAATGGAAAATTCCGGATAGGAAAAATACTTGGTTTCTGGAAAAG
ACCACTCGGTTTGAGTGTTTTGTTGCAAGGGTGTATACTCAAGCCGCAGTTATCGGATCATCTTAGCTGCTTACCTGCTCCTTGGCTTTCGTCGT
CCAAATCAACACCCACACCATCGTTGGTATCGTCGCCATCGAGCACCTTGCTGCTGTTGCCGTTTGTGCTGAGTGAACCGGTGCCAGTGGAGGCG
CCGGATCCAGGCGGCGGCATATCGTCGAGCATCTCGGGACTGAGATCATTGGCCACATAGTGTGACCAGAGGGCCAGCTCCACGCGATGAGGCGA
CCAGTGCGGCGTATCCCCGCCCACCTCCGCATTGAGGCGCTCCACGGTGGCCTGAATGTGATTGACGAAGTTGAGGTACTCCTTGGTGGTGTAAT
CGATGCCCTCGATCTCTGGTATGGCCATCAGGCACTCGTCGGCCATGAATGGTGCCGAATCGGGAGCTGCGGCTGCCAGCAGTGCACTGGCCATT
GTGGTGCCAACGCCCTTGAGGTTCGATAAAGCTGTGATCGCCTGCTCCAGATTGGGCAGCTTGCGGAAGGCCTTCTTTGTCTCCTGGATGACGGC
GCGCGGTGTGTTGACCTTGACCAGGTAGGATAGCTGCGGATAGAATTTGCCGCGCGACTGCTTCCACTTCATCGACTGGACGAGCTCATCGTATA

CCATATGCGCGTCCTTGCCGCGTGCCTTAATCAATTTGGGCAGTTCATTCTGATACCACTGATCCAGGCGGATCAGCTCTTGCGGCTTCTTGCAG
CGCTTCTCGGCCTTTAGCTTAAGAACCTGGGGATAGAGCTGGTAGCAGTACTCGAACTGTTTGGTGCTCCCGGTCTCGAAGAACGAGACCGTCGC
CTTGCCGTTGGACATCTTCTGCGGATGCGGATGTGTCGTTGTCGCCTGCTAATGATTGGTGGTATCGCTGTATCTCCTTATCGTGGTATCTATCG
CCTTGGGGCCCAGGACGTTGGCTGATCCGCAAGTGACCGGCTGGCTATATATGCGGCAATATATGTACTTTGGTGTAAGCTACTATACGCCAAAT
CAATTTATTGCTTACTGTTTAGTCTCCTGCTTTTCCTGTCCGTTCCGAGCTGCTCCTGTCAACGTACTGCTATTCGTGCGTTGAGAGTTCCCGGC
GAGAAAGAAGCGAGTACGTGAGAGACAGAGAGAATGCGAGTGCGAGAGAGGGAGCACGAAGAAGCAGCAACGCAAAGGAGAGTGGATGAAAAGAG
AAGAAAAGAGGCACACAATTAGGTTTACAGTTACGATTACATATGCAAGGGGGATCGGTGCGGTGGCATAGGGAGGTAGTTCGATTGATTACTGT
TAATGCTGCTGCTGCTGCGGCCGTGTCTCTGTTGTTTGTTGTATTTACTCAATCCGATAATCGCTCACTATTTGCCAAAAATCTGCTCGCTTCCG
CCGCCGTTTGCACAGCACACAAATCGAATTTTTACAGTGCTGTCGTCGGGTTCTTTTTAGTCCGCCATGCACTCACACAGTCAAACTGACAGGCA
CACGGATGGACACACACACACTTACTCAGCACACTCGCTCTCGCACACCCAAAGAGAGCCAGGCGCTCATACACAGGCAAAAACACGCACACAAC
ACACACACTGACTTAAACACGCACACACTTATATACTGAGGCAACAACAGCAGCAGCAGAAAATTTCTTTTTCATCTAGGTTTTCAAAAAAAATA
CGAACGCGAGCATTAAATAAACGAATGCTACTATTTTTCGCTGTTGTTGTTGTTTGTGCTTTTTTCGTACCTCTTGTCTTTTTGGCAAACGGTGA
GAACAGCTTTTCACTAGCGCACTGCACGCACACAGATGAGTGGGTGAACAACAAATACCTTTTAGTTAGTCGCCGCCAGTCTTCCTTTCCGTCCA
CATCCAAACAACTACTCCAATGCTTTGCTGTTTTTCTGTGTTGCCTCTGCTTTGCTTTGCTTCGCTTCGCCTCTGTGCTTGTGCTGTGCTGCGTG
CTTCGTGCTGTGCCCGTGCTGTGCTGCTTCTCTTCTTCCTCTGCTGTTTCAGTTTCTGCTTTCTGCCTGCAGGGGCGCCGTTGACAACTGACAA
ATAAAAAGGGGTTACTCTGTTCTCGAAATGAGCACGCCACCGAAGGCACAACAAAAAATTAAAAAGGATCGGAGCGGAGCGATGCAGCTGTGCGA
TGTGCTGCTAACTCGTGTGACGGGAATTGGGAATTGGGATTGCGAATGGGAATGGGAGGGAATACGAGAAGCGAATATGGGAATGACGAACGACG
ACGAACCGGGAACAGGAGTTGTCGTTCTATCTCGCCCGCACTCGGTGCCCGAATGTATCTGTATCTCTCTGGCACCCTCGGCGTTCCATTTCATT
TTGCCGGCGACGTCCGTGCTCTCTGCCGCCGCTCTGCCATCGCCTCTGCCGCTGCGTTTATGCGCAGTGCGTCATTACACGAATACCTGTTTAAA
GCGGAGGCATAAACGCGGCTTTGTCGATCAACATCCATGTTACCGAAACCCATGTTCGAGTTATAGAAACTTCGAGTAACAAATATCTATATTCT
AGCAATGTTTACCCTTATTAGCTTAGTTAGTGCAATTATGTTTCATGTTTTTACAAACAGCAGAATGTTTTTAACAATAGTTATCTCTATATTCA
GGTCCTTCAATTAAATCAAAAAGGAATGGGTTTTGTGAGTGGGTTGGGCTCCAGTGAGACTTGTTAATAATTTAAGAATTCGCGATATTCTAGTG
TAAACAGCGCGTCACTGCATGTTCGCTGCTTTTGTTGTGCCAGTTGCCAGCGACAGCGGCGTCGT
(SEQ ID NO: 1375)

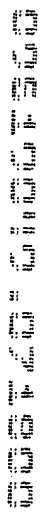
Exon: 4005..3966
Exon: 3299..2260
Exon: 1857..1001
Start ATG: 3055 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT43088
AGTGAAAAGCTGTTCTCACCGTTTGCCAAAAAGACAAGAGCAGTACGTTGACAGGAGCAGCTCGGAACGGACAGGAAAAGCAGGAGACTAAACAG
TAAGCAATAAATTGATTTGGCGTATAGTAGCTTACACCAAAGTACATATATTGCCGCATATATAGCCAGCCGGTCACTTGCGGATCAGCCAACGT
CCTGGGCCCCAAGGCGATAGATACCACGATAAGGAGATACAGCGATACCACCAATCATTAGCAGGCGACAACGACACATCCGCATCCGCAGAAGA
TGTCCAACGGCAAGGCGACGGTCTCGTTCTTCGAGACCGGGAGCACCAAACAGTTCGAGTACTGCTACCAGCTCTATCCCCAGGTTCTTAAGCTA
AAGGCCGAGAAGCGCTGCAAGAAGCCGCAAGAGCTGATCCGCCTGGATCAGTGGTATCAGAATGAACTGCCCAAATTGATTAAGGCACGCGGCAA
GGACGCGCATATGGTATACGATGAGCTCGTCCAGTCGATGAAGTGGAAGCAGTCGCGCGGCAAATTCTATCCGCAGCTATCCTACCTGGTCAAGG
TCAACACACCGCGCGCCGTCATCCAGGAGACAAAGAAGGCCTTCCGCAAGCTGCCCAATCTGGAGCAGGCGATCACAGCTTTATCGAACCTCAAG
GGCGTTGGCACCACAATGGCCAGTGCACTGCTGGCAGCCGCAGCTCCCGATTCGGCACCATTCATGGCCGACGAGTGCCTGATGGCCATACCAGA
GATCGAGGGCATCGATTACACCACCAAGGAGTACCTCAACTTCGTCAATCACATTCAGGCCACCGTGGAGCGCCTCAATGCGGAGGTGGGCGGGG
ATACGCCGCACTGGTCGCCTCATCGCGTGGAGCTGGCCCTCTGGTCACACTATGTGGCCAATGATCTCAGTCCCGAGATGCTCGACGATATGCCG
CCGCCTGGATCCGGCGCCTCCACTGGCACCGGTTCACTCAGCACAAACGGCAACAGCAGCAAGGTGCTCGATGGCGACGATACCAACGATGGTGT
GGGTGTTGATTTGGACGACGAAAGCCAAGGAGCAGGCGGTCGCAACACTGCTACAGAATCGGAGACAGAGAATGAGAACACCAACCCGGCTGCTC
TGACGCCTCTACAGTCGGGCGAGGCCAAGAACAACGCAGCTGCCGTTGGCGCCGCCCTGCAGGACGGTGACTCCAACTTTGTTTCGAACGATTCC
ACCTCCCAGGAGCCGATCATCGATGACAACGATGGCACCACACAGACAACGGCCACCACTTCCACAGAGGACGGTGAGCCCATCGCCCTAGACAT
TGGCATTGGCATCGGTTCGAGTGGAACACCGCTCGCCTCGGACTCTGAAAGCAATCAGGAGGCGCCGCCCAAGACCAACAGCCTGCCCATCCTGA
CTCCCACACAGCACTCGAGCCAGAATCAGAATCAAAAGCAGTCGCCGAGCCAGCCCCACAAAACTAACAATTCGATCACCAACAACGGTCAGCCT
GCTCCTTTGGCAGAAGAGGAAGCGGTTACAGCAGCACCACAGCCAGCCAGCAAAGCGACTGCAGCACCAGCCAATGGAAATGGTAACGGGAACGG
CGTCCTGGGCGACGAGGATGAGGATGAGGCGGAGGACGAGGAGGAAGATGAGCTGGACGAGGAGGAGGATAATGAGGCGGAGCTAGAGGCTGACG
AGAGCAATAGCAGCAACGGCATTGTGAGGGACAGTAAACTGCAGCAGCTGGCGGCGAACAAGGCGGTGGATGCGGTTTCACCGGTAGCAGCGGGT
GCAGACTCGGCACCAGCCATTGGACAGAAGCGTACTGCCCTGCACTGCGATATGGAGCTGAAGAACGCCGGCGGAGTGGGTGTGGGCGTGGGGGA
GAAGTCACCGGATCTAAAGAAACTGCGCAGCGAATGA
(SEQ ID NO: 1376)

Start ATG: 285 (Reverse strand: CAT)

MSNGKATVSFFETGSTKQFEYCYQLYPQVLKLKAEKRCKKPQELIRLDQWYQNELPKLIKARGKDAHMVYDELVQSMKWKQSRGKFYPQLSYLVK
VNTPRAVIQETKKAFRKLPNLEQAITALSNLKGVGTTMASALLAAAAPDSAPFMADECLMAIPEIEGIDYTTKEYLNFVNHIQATVERLNAEVGG
DTPHWSPHRVELALWSHYVANDLSPEMLDDMPPPGSGASTGTGSLSTNGNSSKVLDGDDTNDGVGVDLDDESQGAGGRNTATESETENENTNPAA
LTPLQSGEAKNNAAAVGAALQDGDSNFVSNDSTSQEPIIDDNDGTTQTTATTSTEDGEPIALDIGIGIGSSGTPLASDSESNQEAPPKTNSLPIL
TPTQHSSQNQNQKQSPSQPHKTNNSITNNGQPAPLAEEEAVTAAPQPASKATAAPANGNGNGNGVLGDEDEDEAEDEEEDELDEEEDNEAELEAD
ESNSSNGIVRDSKLQQLAANKAVDAVSPVAAGADSAPAIGQKRTALHCDMELKNAGGVGVGVGEKSPDLKKLRSE*
(SEQ ID NO: 1377)

Celera Sequence No. : 142000013384528
TGCAAGCGATGCAGCGCTCCTCTCCACTGGGATAACGACGAAGGGCATGTTCTCCGCGGAATCGCGGGCTCAGTGGTCCCTTTTCAAAGGGATAG
TTGATAGTGGCCGGTTCCTTGAAGATGTGCGCCAGGGTGACGGCAAATCCACGTAAGAGTTCACCGAAGAACATGGTGGATGCAGCACGGTCCGT
GATGTCGGCAAACTCCATGCTCAGTTCCTTGTTGTTTACATACACATAGCCCTTGGGAACCTCGACGATATCTTTGGGTTCTGCTCGCTGGGCGG
CCAGCAGCCGGGCTCCATGGCTGCCAAACAGGCGCTGTCCTGTGGGGAGAACATTTTACCATTAAATAACATGCTTAAGTCGAAAAGTTATACTG



AATTAAGCGAGTTTAGACTTTTGTTTTGGTATGACATAAGCTTACATAACCTCACTCGCCGCGATTTCCACGAAAATGGGAAATTTCCCGGAAAA
CAACGGATGTGAGGGGATGGGTCGCCACCTACCGTTGCGCGATGCGGTGAAAATTCGCATAGTTAGCGACATTTTTGCGACCAAATTAAACTAAA
ATTGCCAAAGAAGTTGTTTTGCTATTGAATTTGCCCGAACAAATTAGAGCTGGGTTTCTTTCGATTACCCACATAAATTCAATGCTCAAATATCG
TATTCAAATATATCGTAGTTTCTTAATGACATAAACCAAAAATAAAATATGAGATATAAAATATAAATAATGTAACAAAGAATTAAATATTCGTG
TAAAAATAATAAATAATATTAACAAATAATCCAGAAAGACTGTGAGAAAAAAAAGAAAACATTTTTTTTATACGAATACCCCTAATAAAAACCTT
AAAGCTTCGATAATGGCACTATCGATATAAATTCGCACTTTTACACTTTTCAACATTGACTTTGAAAATCCCCACCACTACAATTTACAGTTTAA
CTTTTCCCGCTACGCGGAATTGTGAAATTTTTCATTGTTTATGTCGGAAAATGGATCAGGAGGTTATGGATTTCTTTGACTTCTCGAAGGAGTTG
AAGCGCGTGGCCGCCGCCCCGCAAGGCTACATCAGCAGCGATCCGAGGCTAATGGCCACGAAGTTCAAATCATCCGAAGTGCCCAACCGCGAGTT
GATCGGCACCGACTATGTCAGCAAAATCGTCGCCAAGGAAAAGTGTCTCCTGAACGGGGTGAGAACTGGAAGCTTGCGTCAGCACTTCTGTTTGT
TTATGTGTAATTCGATCCAGACGCTGCTCAACGAACAGCCTCAAGGCAAACGCATTCGAACGCTGGACGATTTGGACACCGACGATGAGGGGGAA
GAGACCGAAATTCGCCGGGATGACGAGTACTACAAGAAGTTCAGATTCAATCTGAATCGCGACAAGAACTTGTCCATCTACGCCAAGCGCGAGGA
AATATTGGCGGCCATCAATGCTCATCCGGTAGTCATTATTAAGGGCGAAACAGGATGTGGCAAGACCACGCAGGTGAGCAAAACTTAAATAAAAT
CCTAACTTTTTTATTAAGTCTATATTTTAATAAAGCCAACGCAAGCGAATTATAATTAAACCTTTTATCCTCGACTTTTGAAATTCAAATCCAAA
CTAGTCGAGAGTATTTAATATTATATAATAAATAATAATCTTCAATATACTTTTCAACTCTTTATATAAGAATAGCAAAGCCTAGGAAACTTATA
TCCTATATAGTTATATATCCTATCCTACATACTTAAATACAATGAATATTTTATGTGCAACAGATAAACAAGATCACATCGCGCAAAAATGCTAG
TTATTTAATTATGTAAAAGTTTTATAAACTAACTCAAGTATCCAAAATAGCTTTGAGTTCTTCTTCCGTGACCTCCTCGCTTTCACCCACTTCCA
TTTCCTCGTCGTCACTAAACTCAATCATCTCATACTCTTGCTGCACGTCTGCTGGAAGTTCCCTCTGAAAAACGGTGGCCGAGGACATGCGGCGT
TGATAAGTCTCGTTGACCTCCAGCTGCACTTCTAGTTCATCCGCCTGGTTTTGCGGCTCCCGTTCCTCGACGCCGTACATGGCCTTGTTCCGCAC
CCTCTGGCGCACTTCCAACTGGTTGCCTGTAGATGTTGTGGTACAATTCTCATCTGGAGTACTCTTTCTAGCTCCTAGAACACTTTGGATATCGG
CAAAGACTTCTCGCAAATGGCCGAATATTTGAGAGGGCGGCAAAGCGTGCTCATGACCAGCCGCCAATTGCTTCTTTTGGGCATTGTATGCCGCT
TCCAGTTCACACAATGGCTGGCTTGCCTGGTCCAGTGCTCGCAGACCCTCCAGTTCGTATGTGAGACTGACGCCGTTCGCACGCTGTTGCTTCTG
CATCAAGGCACTCTGCCTCTGTTCCTTGGCACCCGCTACGGTCTCCACACGGTCGTAGTCCACCAGATTGTCCAACCCCTGGCAATAGTCGAGCG
CGGTGAAGCGGAAGGCCTGCTCCTGGGTCAGGCGCCACAGCATGTAGGCGATCTGATGAGTGTCCTTCCGCTCCGGACTATCCTTGCGCAGATCT
AGAGCGTAGTCTGTTAGTTCTTGCCAAGTGCGCGGTGAGACCTCGATCTTAATAAAGTTGTGCGTGGGCTGCTTGTAGTAGATTACGTAGAGCAG
AAAGAAACCTCCGATCCTTTGAGCGCGAGATGCCGGGAAAACGTCCCCGGTGGTGCGTCGGGAGCACGACAGTCGCTTGGCCACATGCAGGGCCG
CCAGTGTGGTGGCTATCACCTCTGTGTGGTTCGTCTGGGCAGTGAAGAGGTGCTGCAGCTGCAGTTCTCGCCAGCACCGGCAGAACACCTCGAAC
TCGCAGTTTTCGCCATCATTAACCAATCGCTGAAATCGTTGCACCAGCTCCCAGCAGTCGTCAAAGATATTCAGCTCCATTCTGAATCTTAATTA
CGCGAAATATATGCGCATCTCTCATTCAAAAGAGCCTCAAAATATAAACAATAACATTCGCCGGGAATAAGCTTTTACAACACTAGCCGGGGAGT
TCATCGATAAATATGTAGTGTTCATAACTGCTTAGCTATTTTCAAAAAAAAAGCGCAAAACTATAAAAACTGTTTGAAAAATGTGTAAAAAATAC
AATTACATTTTTGTTCTGCTTTGTAAATATTTAGATATTTTCTTATAATTATTATTAGTATTCAATCAATTATTCTTACAGGTGCCCCAATACAT
TTTGGATGAGGCCTATAAAAGCGGTAAATACTGCAACATTGTGGTGACACAACCCCGGCGCATAGCTGCCATCTCCATAGCGAATAGAGTTTGCC
AGGAGCGCGAGTGGCAGCAGAACACGGTGTGCAGCTTCCAGGTGGGCCTGCACCGCCCGAACTCTTTGGAGGACACTCGTCTGTTGTACTGCACC
ACCGGGGTGCTGCTGAACAATTTGATTAACAACAAGACGTTGACCCACTACACCCACATTGTGCTGGACGAGGTGCATGAAAGAGACCAGAACAT
GGATTTTCTTCTGATCGTGGTGCGTCGCTTGCTGGCCACGAACTCGCGGCATGTAAAGATTATCCTGATGTCGGCCACCATCGATGCCAAGGAAC
TGTCCGACTACTTTACCACCACTAACTCAATTCCGCCAGTGATCACCACCAATCATCGACGTAAGCACTCGATCGAGAAGTTCTACCGTGACCAG
CTCGGCAGCATTATTTGGAATGAGGAAGATGTGGGACACCAGCAGGTGCCAGAAATCAACAAACACGGTTACAGGGCAGCGGTAAAGATCATAGT
GATTATTGACAACATGGAACGGAAGGCTGCAATCCAGTCGCGGCAGAGCTATGACGAGGCCCTGCGCTATGGAGCTGTGCTCATCTTTCTGCCAG
GCATCTACGAAATCGACACGATGGCAGAAAATCTTACTTGTATGCTGGAAAACGAGTAAGCATTGTTATCCGTGAGAATTGCTCACTGTACAAAT
TTTGAAGTAGCTAAAATTGTATCATTATAATTTCCAATCTTTATTGTTTAATTGCAGCCCCAACATTAAGGTCTCTATTGTTCGCTGTTTTTCGT
TAATGACACCGGAAAACCAACGGGATGTCTTCAATCCCCCGCCTCCCGGTTTCCGCAAGATCATTCTGACCACAAACATTGCTGAGAGCTCCATC
ACGGTGCCAGATGTCTCATACGTTATTGACTTTTGTCTTGCCAAAGTAAAGGTAACCGATACGGCTAGCAGCTTCTCTTCGCTCCGCTTAACCTG
GGCGTCCAAAGCCAATTGTCGTCAGCGTGCCGGCCGCGTTGGTCGTCTTCGTAGTGGACGCGTTTACCGTATGGTTAATAAACACTTCTATCAGA
GGGAAATGCCCGAGTTTGGAATACCAGAAATGTTGCGCTTGCCCTTGCAAAACTCGGTGCTCAAGGCCAAAGTGCTGAATATGGGATCACCGGTG
GAAATCTTGGCATTGGCTCTATCTCCGCCGAATCTGTCGGACATACACAATACAATATTGCTTCTGAAAGAGGTGGGTGCTCTGTACTTAACAGT
AGACGGCATCTACGACCCGTTGGATGGCGATCTTACCTACTGGGGCACAATCATGTCTCGGCTGCCGTTGGACACACGTCAGTCCCGGCTTATCA
TATTGGGTTATATTTTTAACATGCTCGAAGAAGCTATTATTATAGGTAAGCGGGCAACAGTAGTTAAGCTTTAGGATAACGGGGGGAATATTCTT
TGTCTTGCATTAATGATTTTTTTTTTAAATATGTTGTAGCTGCTGGCTTATCGACGCCTGGCTTGTTTGCGCACGAAGGTGGTAGGTCTCAATTA
GGCGATTCATTTTGGATGCACTATATCTTCTCCGATGGATCTGGCTCCGACTTGGTGGCCATTTGGCGCGTGTATCTGGTAAGTTATGCGATGCA
TTACTAATAGCGTAATAACTTGTTTCTTCGGCAGACATATTTGAACATTGTGGAAAATGGTCACGACCAGGAGTCTGCTATCCGTTGGGCCAAAC
GTTTCCACGTCTCCTTGCGGTCACTTAAGGAGATACACTTGTTGGTGCAGGAACTGCGTGTGCGATGCACGCATCTCGGTCTGATTCCGTTTCCT
GTTAATCCTAACCAAATGATGGACGATCGTGAAAAGCGATCATGCTCAAAGTGATCATTGCAGGTGCCTTCTACCCAAACTACTTTACGCGTTC
CAAAGAGTCGTGTGCAGACACAGATCGCAATATATACCAGACAATATCGGGCCACGATCCCTGCCGCACCGTATATTTTACCAATTTTAAGCCTG
CCTACATGGGCGAGTTGTACACTAGGCGCATTAAGGAGCTATTTCAGGAGGTCAGGATTCCGCCGGAAAACATGGACGTTACTTTTCAAGAGGGT
TCGCAAAAGGTCTTTGTCACTTTCAAACAGGATGACTGGATTGAAGGTTCATCTAAGTATGTTCCTGTGTCGGGCAGAGTTCAAAGTGAGGTGTA
CAAGGCAGTTATGATGCGACAAAATCGTGTCGAACGGCCAATCCACATAATGAAGTGAGTTATCAAGGCTTTTACTATCGATTATGAAGCTTATG
TTTAATCATTTACAGTCCGAGTGCATTTATGAGCTACGTACAGCAGCGAGGGATTGGAGATGTGATTGAGGGCCGTTGGATTCCACCCACAAAGC
CTTTAAACGTCGAGCTTCTTGCGCTGCCATCTGTCTTTGACAAAACTATTTCAGGGTCGATTACTTGCGTAAGCTGCTGCACCACACAAATCTAG
AGAATTTCAAAGTATTTTTTTTATTTTTCCTATCTTACAGATCGTCAACTGTGGCAAGTTCTTTTTTCAACCCCAATCTTTTGAAGAGTGCATTC
GAAATATGTCTGAAATTTTCAATGCTCCACAGCAACTAAGAAATTACGTAACTAACGCGAGTGCCATCGCAAAGGGCATGATGGTGTTGGCCAAA
CGCGATAGTTATTTCCAGCGCGCCACAGTGATCCGGCCAGAGAATCAGAGCAATCGCCAACCAATGTTCTACGTTCGCTTCATCGACTATGGTAA
TTGCACTTTGCTGCCCATGCAGCTAATGCGTTTGATGCCGAGAGAGCTAACTGAACAGTACGGCGACCTTCCGCCACGTGTTTTTGAGTGCAGGC
TGGCAATGGTTCAGCCCTCTTCAGTGGTCAGTGGAAACAATAGGTGGTCCACCGCGGCTAATGATATGCTCAAGACAGTGGCCCAATGCGGTCTA
ATCGATATTGAGGTGTATTCGCTTTTCAATAATGTAGCAGCTGTTCTCATTCATATGAGAGATGGCATAATCAACGATAAGCTAGTAGAGCTTAT
GTTGTGCCGTCGATCCGACGAAGATTATATGTCTAGAAAAGATCATGATTTCCGTTTGCGACGTCAAGAATCTGCCCGGAACTTGAGCACGGCGC
AGCGTCAACAGATCAATGAGGAATATCTGCGATCCTGTCAGCTGCCGCAAGACCACGATCTACCACCGCCTCCGCTGGAAAAGTGCAAGACCGTT
GTAATGTTGAAAGGACCCAACAGTCCTTTGGAATGTACTATGCGATCCATTACTCGTGTGGGCTTAAGTAAACGGGTGAATATAGACCATTTGTC
CGTTAATGCACTTCTCCTGGATGCTGATCCTCAAGATCACCACGATCATTTGATAGTGGCCCACGAAATCGCGGAGAGTAGAAACGGGCAGACAC
TGACAGCCCGTGGAACCACCCTGATGCCCAATGTGCAGGGATTCGGTGCTCTAATGGTTATGCTATTTAGTCCCACTATGCAACTTAAATGCAAT
AAAGAAGGCACATCATATGTCTCTGTTCTGGGAGGATTGGGTTGTGACCCGGACACAAACGAGCCCTACTTCGCAGAGCATGACGTGTTGATTAA
TCTGGATGTCAACATTCTCGAAGATGATGTGATTTTGGTGAGCACGCATAGTACGAATATATACAGAATTGCATTAATTTTCTGATATTTATTTT
AGATTAATCAAATTCGCTACTATATAGATAGTGTCTTCTTCAACTTTAAGGAAGAAAACAATCCAGCTGTTAGCGTAAATGAACGTGTTTCTATA

FIGURE SHEET 736

TACACTCAGCTGCGTAGCCTTATAAATAGGTAAGATTGCTGCGCTTAAAGTCATGCTAATTAAATGATTTCACTAAATTTGATTTCGCAGGCTCC
TTTGCAAGGATCGTAGATATATCGAAAGAAATATGAGCAATGCGGATTTTGAATGGGAAACCAATCCCGAACTACCACTGCCGAATGAACCTTTT
GGCAAGAGGGCCATATTTCCGATGCACTCACTTACTGAGCTCCAAGAGGAAGACACGGGTCGCTTGGTGCAACTGAGAGAGAACTGCAGCATGTT
GCACAAATGGCGCAACTTGTAAGACTGGTGCTTGTTTACAAGAATATATTGCATTACTTATATTTTAACTTATATTTTTAGCGAAGGCACTTTAC
CCCATATGACTTGCAAACTGTGCAATCAGTTGTTGGAATCGGTTCCCCAGCTCCGTTTGCATCTCCTGACCATATTGCATCGTGATCGTGAAAAG
CAAATCGACTATTGCAACCAATAAGAATGGTTACATCGTTTAATATGAAAACAGCTGATTTTGAACTTTTTGATTTCTCATTTCTTTTCTTAAAG
GACACACTTCACTTGTTTGGTTTAAAAAAATGACGTATTCATGGAATGAAAACAAGTTTTGAATTGAACTCAACCTACAGAAATCTTCATTACG
TTAAATATTTTCTATGTTATGTTGAATGATCTCTCTTCGTTCAATTACGAAGTGTAAAATGTGAAATATAATTTTTTGTTAATTACATCTTTAAA
GATATCATTAAATACGAAGACAGCTATACTAACCAGTTCATTACAAGCAAAAATCCATAAACTGCTTGCTGTTTATAAAAATCAAAGCCCTGGGG
CGTGCATGTTCTCCCTTTTTGGGCTCTTTTTTTTATTTTAGATTAAACTCACACATTATATTTATGCAACTACAACTACATCGGAGGAATTCTGC
AGCGGCACAGGAGTTGGAGTGTTTGCCTCCAGCTCGCAGATCGTATAATTCTGCATGCGGTTTAGGGGCTTGCTGCACAGCCCACACATCTGGTG
CTTATACACGCCGTATATCTCGAAATTCAGGATGTTGTACAGATCGAACTGGATGGTGGAGGACAGCTGCGTACACTCCACAATTAAAATATTTT
GCTCGTTAAGTTCCACGCTGAAAGGGCATATGGCGTTTATAAAATTGTATATAAAAGCTAAAAAGCATTCTTACCGGAAGTCGTAGTCACTAGTC
TCAATTGGCCATTGATATGGCTTTTTGCGCACGTTGTGCGGTGTTTGATCCTGGTTAAGATATATGAGCACTGGTTCATCCGTGGGCAGGCTGCT
GTTGTCTGTGCGGGCGCGGAAGTTGAAGTAGTTTTGCCCGATATGGACTCGTAATCCATAGTTGGTGGACAGTCCTTGAACAGGCGAAGGCGTAA
CAAACACTGCAATCTGTGGCAATGGCGAACAGTCAGCCACCAGCAGCGTGAGACAGTCGGGACGCACCGCAATCTCTCTGAGATTGATTAGGTAA
TCATCGAAGGTATTGACTATGCCATTGATTACTGAGCAGGAGCGCTTAAGTCCTGAGTCGAAGGTAAGCTCGTGGGAAGCGTCGAACTTCGAGTC
CAGCTTGTAGAAGAAGGGGATCTGATGGAAACGCCACTTCACTCCGTTGACCTCCACAGCCAGCCTGAACTGGTCCTGAGGAGTTTGCATTGATA
TATTTATCTCCTGGCTCATATGCAGACTGTCCACCTTGTCGGCGGATAAGGCGGACACTAAGTGGTCCAGTCGATTCGACCACAGCTCGAACCAG
GCGG
(SEQ ID NO: 1378)

Exon: 1001..1198
Exon: 1256..1498
Exon: 3217..3950
Exon: 4048..4700
Exon: 4790..4923
Exon: 4975..5564
Exon: 5621..5768
Exon: 5836..6972
Exon: 7033..7154
Exon: 7216..7428
Exon: 7492..7934
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT10340
ATGGATCAGGAGGTTATGGATTTCTTTGACTTCTCGAAGGAGTTGAAGCGCGTGGCCGCCGCCCCGCAAGGCTACATCAGCAGCGATCCGAGGCT
AATGGCCACGAAGTTCAAATCATCCGAAGTGCCCAACCGCGAGTTGATCGGCACCGACTATGTCAGCAAAATCGTCGCCAAGGAAAAGTGTCTCC
TGAACGGGACGCTGCTCAACGAACAGCCTCAAGGCAAACGCATTCGAACGCTGGACGATTTGGACACCGACGATGAGGGGGAAGAGACCGAAATT
CGCCGGGATGACGAGTACTACAAGAAGTTCAGATTCAATCTGAATCGCGACAAGAACTTGTCCATCTACGCCAAGCGCGAGGAAATATTGGCGGC
CATCAATGCTCATCCGGTAGTCATTATTAAGGGCGAAACAGGATGTGGCAAGACCACGCAGGTGCCCCAATACATTTTGGATGAGGCCTATAAAA
GCGGTAAATACTGCAACATTGTGGTGACACAACCCCGGCGCATAGCTGCCATCTCCATAGCGAATAGAGTTTGCCAGGAGCGCGAGTGGCAGCAG
AACACGGTGTGCAGCTTCCAGGTGGGCCTGCACCGCCCGAACTCTTTGGAGGACACTCGTCTGTTGTACTGCACCACCGGGGTGCTGCTGAACAA
TTTGATTAACAACAAGACGTTGACCCACTACACCCACATTGTGCTGGACGAGGTGCATGAAAGAGACCAGAACATGGATTTTCTTCTGATCGTGG
TGCGTCGCTTGCTGGCCACGAACTCGCGGCATGTAAAGATTATCCTGATGTCGGCCACCATCGATGCCAAGGAACTGTCCGACTACTTTACCACC
ACTAACTCAATTCCGCCAGTGATCACCACCAATCATCGACGTAAGCACTCGATCGAGAAGTTCTACCGTGACCAGCTCGGCAGCATTATTTGGAA
TGAGGAAGATGTGGGACACCAGCAGGTGCCAGAAATCAACAAACACGGTTACAGGGCAGCGGTAAAGATCATAGTGATTATTGACAACATGGAAC
GGAAGGCTGCAATCCAGTCGCGGCAGAGCTATGACGAGGCCCTGCGCTATGGAGCTGTGCTCATCTTTCTGCCAGGCATCTACGAAATCGACACG
ATGGCAGAAAATCTTACTTGTATGCTGGAAAACGACCCCAACATTAAGGTCTCTATTGTTCGCTGTTTTTCGTTAATGACACCGGAAAACCAACG
GGATGTCTTCAATCCCCCGCCTCCCGGTTTCCGCAAGATCATTCTGACCACAAACATTGCTGAGAGCTCCATCACGGTGCCAGATGTCTCATACG
TTATTGACTTTTGTCTTGCCAAAGTAAAGGTAACCGATACGGCTAGCAGCTTCTCTTCGCTCCGCTTAACCTGGGCGTCCAAAGCCAATTGTCGT
CAGCGTGCCGGCCGCGTTGGTCGTCTTCGTAGTGGACGCGTTTACCGTATGGTTAATAAACACTTCTATCAGAGGGAAATGCCCGAGTTTGGAAT
ACCAGAAATGTTGCGCTTGCCCTTGCAAAACTCGGTGCTCAAGGCCAAAGTGCTGAATATGGGATCACCGGTGGAAATCTTGGCATTGGCTCTAT
CTCCGCCGAATCTGTCGGACATACACAATACAATATTGCTTCTGAAAGAGGTGGGTGCTCTGTACTTAACAGTAGACGGCATCTACGACCCGTTG
GATGGCGATCTTACCTACTGGGGCACAATCATGTCTCGGCTGCCGTTGGACACACGTCAGTCCCGGCTTATCATATTGGGTTATATTTTTAACAT
GCTCGAAGAAGCTATTATTATAGCTGCTGGCTTATCGACGCCTGGCTTGTTTGCGCACGAAGGTGGTAGGTCTCAATTAGGCGATTCATTTTGGA
TGCACTATATCTTCTCCGATGGATCTGGCTCCGACTTGGTGGCCATTTGGCGCGTGTATCTGACATATTTGAACATTGTGGAAAATGGTCACGAC
CAGGAGTCTGCTATCCGTTGGGCCAAACGTTTCCACGTCTCCTTGCGGTCACTTAAGGAGATACACTTGTTGGTGCAGGAACTGCGTGTGCGATG
CACGCATCTCGGTCTGATTCCGTTTCCTGTTAATCCTAACCAAATGATGGACGATCGTGAAAAAGCGATCATGCTCAAAGTGATCATTGCAGGTG
CCTTCTACCCAAACTACTTTACGCGTTCCAAAGAGTCGTGTGCAGACACAGATCGCAATATATACCAGACAATATCGGGCCACGATCCCTGCCGC
ACCGTATATTTTACCAATTTTAAGCCTGCCTACATGGGCGAGTTGTACACTAGGCGCATTAAGGAGCTATTTCAGGAGGTCAGGATTCCGCCGGA
AAACATGGACGTTACTTTTCAAGAGGGTTCGCAAAAGGTCTTTGTCACTTTCAAACAGGATGACTGGATTGAAGGTTCATCTAAGTATGTTCCTG
TGTCGGGCAGAGTTCAAAGTGAGGTGTACAAGGCAGTTATGATGCGACAAAATCGTGTCGAACGGCCAATCCACATAATGAATCCGAGTGCATTT
ATGAGCTACGTACAGCAGCGAGGGATTGGAGATGTGATTGAGGGCCGTTGGATTCCACCCACAAAGCCTTTAAACGTCGAGCTTCTTGCGCTGCC
ATCTGTCTTTGACAAAACTATTTCAGGGTCGATTACTTGCATCGTCAACTGTGGCAAGTTCTTTTTTCAACCCCAATCTTTTGAAGAGTGCATTC
GAAATATGTCTGAAATTTTCAATGCTCCACAGCAACTAAGAAATTACGTAACTAACGCGAGTGCCATCGCAAAGGGCATGATGGTGTTGGCCAAA
CGCGATAGTTATTTCCAGCGCGCCACAGTGATCCGGCCAGAGAATCAGAGCAATCGCCAACCAATGTTCTACGTTCGCTTCATCGACTATGGTAA
TTGCACTTTGCTGCCCATGCAGCTAATGCGTTTGATGCCGAGAGAGCTAACTGAACAGTACGGCGACCTTCCGCCACGTGTTTTTGAGTGCAGGC
TGGCAATGGTTCAGCCCTCTTCAGTGGTCAGTGGAAACAATAGGTGGTCCACCGCGGCTAATGATATGCTCAAGACAGTGGCCCAATGCGGTCTA
ATCGATATTGAGGTGTATTCGCTTTTCAATAATGTAGCAGCTGTTCTCATTCATATGAGAGATGGCATAATCAACGATAAGCTAGTAGAGCTTAT
GTTGTGCCGTCGATCCGACGAAGATTATATGTCTAGAAAAGATCATGATTTCCGTTTGCGACGTCAAGAATCTGCCCGGAACTTGAGCACGGCGC

AGCGTCAACAGATCAATGAGGAATATCTGCGATCCTGTCAGCTGCCGCAAGACCACGATCTACCACCGCCTCCGCTGGAAAAGTGCAAGACCGTT
GTAATGTTGAAAGGACCCAACAGTCCTTTGGAATGTACTATGCGATCCATTACTCGTGTGGGCTTAAGTAAACGGGTGAATATAGACCATTTGTC
CGTTAATGCACTTCTCCTGGATGCTGATCCTCAAGATCACCACGATCATTTGATAGTGGCCCACGAAATCGCGGAGAGTAGAAACGGGCAGACAC
TGACAGCCCGTGGAACCACCCTGATGCCCAATGTGCAGGGATTCGGTGCTCTAATGGTTATGCTATTTAGTCCCACTATGCAACTTAAATGCAAT
AAAGAAGGCACATCATATGTCTCTGTTCTGGGAGGATTGGGTTGTGACCCGGACACAAACGAGCCCTACTTCGCAGAGCATGACGTGTTGATTAA
TCTGGATGTCAACATTCTCGAAGATGATGTGATTTTGATTAATCAAATTCGCTACTATATAGATAGTGTCTTCTTCAACTTTAAGGAAGAAAACA
ATCCAGCTGTTAGCGTAAATGAACGTGTTTCTATATACACTCAGCTGCGTAGCCTTATAAATAGGCTCCTTTGCAAGGATCGTAGATATATCGAA
AGAAATATGAGCAATGCGGATTTTGAATGGGAAACCAATCCCGAACTACCACTGCCGAATGAACCTTTTGGCAAGAGGGCCATATTTCCGATGCA
CTCACTTACTGAGCTCCAAGAGGAAGACACGGGTCGCTTGGTGCAACTGAGAGAGAACTGCAGCATGTTGCACAAATGGCGCAACTTCGAAGGCA
CTTTACCCCATATGACTTGCAAACTGTGCAATCAGTTGTTGGAATCGGTTCCCCAGCTCCGTTTGCATCTCCTGACCATATTGCATCGTGATCGT
GAAAAGCAAATCGACTATTGCAACCAATAAGAATGGTTACATCGTTTAATATGAAAACAGCTGATTTTGAACTTTTTGATTTCTCATTTCTTTTC
TTAAAGGACACACTTCACTTGTTTGGTTTAAAAAAATGACGTATTCATGGAATGAAAACAAGTTTTGAATTGAATCTAAACCTACAGAAATCTTC
ATTACGTTAAATATTTTCTATGTTATGTTGAATGATCTCTCTTCGTTCAATTACGAAGTGTAAAATGTGAAATATAATTTTTTGTTAATTACATC
TTTAAAGATATCATTAAATACGAAGACAGCTATACTAACCAGTTCATTACAAGCA
(SEQ ID NO: 1379)

Start ATG: 1

MDQEVMDFFDFSKELKRVAAAPQGYISSDPRLMATKFKSSEVPNRELIGTDYVSKIVAKEKCLLNGTLLNEQPQGKRIRTLDDLDTDDEGEETEI
RRDDEYYKKFRFNLNRDKNLSIYAKREEILAAINAHPVVIIKGETGCGKTTQVPQYILDEAYKSGKYCNIVVTQPRRIAAISIANRVCQEREWQQ
NTVCSFQVGLHRPNSLEDTRLLYCTTGVLLNNLINNKTLTHYTHIVLDEVHERDQNMDFLLIVVRRLLATNSRHVKIILMSATIDAKELSDYFTT
TNSIPPVITTNHRRKHSIEKFYRDQLGSIIWNEEDVGHQQVPEINKHGYRAAVKIIVIIDNMERKAAIQSRQSYDEALRYGAVLIFLPGIYEIDT
MAENLTCMLENDPNIKVSIVRCFSLMTPENQRDVFNPPPPGFRKIILTTNIAESSITVPDVSYVIDFCLAKVKVTDTASSFSSLRLTWASKANCR
QRAGRVGRLRSGRVYRMVNKHFYQREMPEFGIPEMLRLPLQNSVLKAKVLNMGSPVEILALALSPPNLSDIHNTILLLKEVGALYLTVDGIYDPL
DGDLTYWGTIMSRLPLDTRQSRLIILGYIFNMLEEAIIIAAGLSTPGLFAHEGGRSQLGDSFWMHYIFSDGSGSDLVAIWRVYLTYLNIVENGHD
QESAIRWAKRFHVSLRSLKEIHLLVQELRVRCTHLGLIPFPVNPNQMMDDREKAIMLKVIIAGAFYPNYFTRSKESCADTDRNIYQTISGHDPCR
TVYFTNFKPAYMGELYTRRIKELFQEVRIPPENMDVTFQEGSQKVFVTFKQDDWIEGSSKYVPVSGRVQSEVYKAVMMRQNRVERPIHIMNPSAF
MSYVQQRGIGDVIEGRWIPPTKPLNVELLALPSVFDKTISGSITCIVNCGKFFFQPQSFEECIRNMSEIFNAPQQLRNYVTNASAIAKGMMVLAK
RDSYFQRATVIRPENQSNRQPMFYVRFIDYGNCTLLPMQLMRLMPRELTEQYGDLPPRVFECRLAMVQPSSVVSGNNRWSTAANDMLKTVAQCGL
IDIEVYSLFNNVAAVLIHMRDGIINDKLVELMLCRRSDEDYMSRKDHDFRLRRQESARNLSTAQRQQINEEYLRSCQLPQDHDLPPPPLEKCKTV
VMLKGPNSPLECTMRSITRVGLSKRVNIDHLSVNALLLDADPQDHHDHLIVAHEIAESRNGQTLTARGTTLMPNVQGFGALMVMLFSPTMQLKCN
KEGTSYVSVLGGLGCDPDTNEPYFAEHDVLINLDVNILEDDVILINQIRYYIDSVFFNFKEENNPAVSVNERVSIYTQLRSLINRLLCKDRRYIE
RNMSNADFEWETNPELPLPNEPFGKRAIFPMHSLTELQEEDTGRLVQLRENCSMLHKWRNFEGTLPHMTCKLCNQLLESVPQLRLHLLTILHRDR
EKQIDYCNQ*
(SEQ ID NO: 1380)

Name: DEAH-box helicase
Classification: RNA_binding
Gene Symbol: spn-E
FlyBase ID: FBgn0003483

Celera Sequence No. : 142000013384633
TGTCCCGCTCCCGTATCCAAGCATTGTCGCTTGATAGTTCCCCCAGGAGCATGTTGCCCCCTGTGTGCTGGAGGAGCCTTCAGGATAATCTACTC
CAGAAAGCAATTCGATCGCGCCATGTACGGACTAAGGGCACAGAGCAGCACTCTTTTGACATTGCAAGGAGTGCTGCAGCAGCTGGATGGACTGG
TGCAGGTTAGCGAATGTCAACTGACTGGATTTCTCACCATGGAAGTGGGCATTTTTGTGGCCATAGTACCGTCCAGCAGTATCAAGAGACCGACT
CACCTTCAATTGGAGGCCTGCGCCCGGGAGGCGGAGAAGATATCCTCCCTAATCAATGCCCAATCACCCAGAATTACAACCAATCTAGCTCTATC
CTGTTTGACAGTATCGCATCTACTAGAACCCACGCCAAATGGAGCTACATCTTATGGTCCCCACGCCATTTGGATACTCCCCTTACTTTTGTTAG
TTTCTAGAGTAATCATAGCTTAAGATAGTCCTAGAAGGAGTGTGTATGATCTGACTCAATCAAGTGAATTCTTGGTGCCAATTAACCCGTTATTC
TAAGGAGATGGAAAGTGCCTTCAACTGTAAGGAATTGACCCTCTGTACCATGTGATATTAGCTAAATTAATTCTTAAGCTTTAATGTTCTTTTAT
AGTTATTATTTAATTTATGCCAGGGTCCGTAAATCACCAAAACCCCCTTTTTGTTTTACCTAATTTAAATGTATTTAATAATTCAAATCATTGCT
CCATGGTAATATTTAAATTTAAAATAATTATTTAAAATCTGGATCGTAAAAGTACAAAGAGATTGATGGACCAAAACTCGACACTGTGCCCTAAC
CATGTGGAAACATTCTTAAATTTGGAAAACATTGTAATATAATTATTTTTTGGTCCCTGGCTAGGAGTTCGTTAATGACCAAAGCATTGTCCGCC
TAGGAGTATCGCTAGTCTAATAAAAACCCCAGAAAAAAACACAGCAACTTAAGATGAAGCATGGCTTCCTTTATTGAACCACTCCATATAGATCC
TGCCGAAGCTTTATTATAATAAATGTACGAAAAGGGTAGAAAGGGGAATCGCTTTAAGAAATCTCCATGGGCACCGCCTGGACGCGTTCGGTGAC
GAGTAGGTCCTTAATGTTGGTGTGCAGCACGGTTGAGGTTCCGGTCTTGAAGCGGTAGTCCAACTGGCGCTTGCCCTTCTTGTTAGCCAGCTCAT
AGTTGCGCAGATACTCAACACTGCCCTTGCGGATAACACACAGATCGATGTTGGATCCCGAACCCAGATCGTTAAACACTCCGGAGGCGATGGCA
TCGCGCACCAGTTTCTTGCCCTCCTCTTCGGACAAGTCAGGTTTCCAGCGACTTTCGAAAACGGTCATGGCGGCCAGGGAACCCGATCCCATGGT
GGCGTACGGCAGCTTATCCGAACTTCCATGTGGGTGAATGGAATAGATGTGGGGTCCAGTCTTATCCACTCCACCAAGCACCAGAGCGGCACTGA
TATGACCCTGGTAGCGGAAAAGCATCTGCTTCAACATCGTATTGGCGGCCACAACGCGCACCTCACGATCTGTCTGCAAGCGATGCAGCTCCAGC
TGGGAGGAGATGAGATCCGTAGTCATCTCAGTGTCCGCAGCGGTTCCAGCTCCACAGCAGCTGAAGGTAAATATTTTCGTTAGGTATTGGGAGAT
ACTTGCATGTTAGAAAGTACACATATTTTTAAGTTAGAGCAACATAAGCTACACCCTAAGATCCTCAACTTAAAACACGGGCCCCTTAAAATTGG
AGACAAATTGATCTAAGCCGGCGAGGACAAGGAAATAGGCCCACATTTGAAATGCAGGAAAAAATACCGTAATCCCTCTTATAGTATTATTAGGT
TCCCTGTGCACTTAAAGGCGCATACCGTCGGTGGACTTACTATATGTTTTTGGCCAGGTAATGGATCTTGGCGCAGTTCTTGTCCGAGACAATGG
GTCCCTCGGTGGCTCGCGTATCGGCGCCCAGAATAACACCATCCTTGTAGATGATGCCAACGATTGTGGTTCCCGTCTTGGTGGTGGTCGGTGGC
TTGAAGCCTCGATTCAAAAGAGTTGCATTGCTGAAAGCAAATAAAACACCAATTAATAAAAGCCGATGGGGTATTGCTGAACAACTTGGACGATT
CTTACCGCTTGCAGTTGTCGAAATTGAAACCAGCGCGGGGCAGATCGCGTGCGTTATCCAAATCCATTATATATATTCTTCAATTCAACTATATT
AGCAAGGAAAACTAAGGTTTTAATTCTGCCGAGCGCGATGACAAACAAAATTGTTAAATGCTTGCTAGAGCTGGAAGTACAATCGATATTGTATC
GATATATATTCATGGACTCAACTAGAGCGATAGTATTGAAGAAATAAATTATTAATAATTTGACGTTATTAATAATTTGACTTATGTAACTTAAA
TTATTCAATGTTGTATTATTTTAATATTTTAATGTTGCATTGTATAATTTTAAAACTTTTTAATGTTTGGAAATATTCCCCGCAGTATACATGCA
ATAAGTGCTTAGGAAGGCCCCTTATCTTTTGTAAGCGAATAGTCATGTTTGAAAAATATCGATATACTGTTTCCACCTGACCATCTTGGCATAGT

ACCATCACTTTTGTGAACTGCATCCCTGAAGAGTATTTTGGTAATTTACCATGTCTGCGGCCACCAAATTACATAAAACAAGCTGGTGCGCCCTG
CGGCAGCTTCAACAATACAGAACTAAGGGTAAGTAACACTAATTAGGAGTCCTTTTATTGACCAAAGATGGAGGAAGTGGTTTACATAATGCCGG
CAGTCATTCACGTTCCGCGGAGCTCTTCGGCTAGTGATGGCAGTTCGTTGATGTCTTGGCGGAAAAATCGCTAGAATTTCTATAGATCCCAGTTA
TTATTTTAGATAGTCAACCATAATTTAAATTCAATTTGTTGAAACTGTACTATAAAATATGTCTTTTAACTTATTAATTATCCCTACAGCCAACT
TTAGTGGCAGTTCTGCATCGTTAGCCAAGCGGAATGACCTGTTCAACCAGGAGCAGCGCCGTCAACGGGATGCAGTGGGTCGAATCGATAAGATC
GAGGTGCGGTATCTGGGACTTCCCGAGGATGTCACTCTGGTGATGAACGGCAACATCTCAACGCCCTTCAATTGCGCCCAGCATCTGAGTGAGGG
GCACTGTAAGCGATCGGCACTGGCCTTGATCGACGGCAGTGTTCCCTGGGATATGCACAGACCCTTGCAGGAATCCTGTACTCTGCAGCTGCTTA
ACTTCCATGTTTCCGAGCC
(SEQ ID NO: 1381)

Exon: 2344..2191
Exon: 2120..1941
Exon: 1675..1001
Start ATG: 2252 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT10524
CAAGCATTTAACAATTTTGTTTGTCATCGCGCTCGGCAGAATTAAAACCTTAGTTTTCCTTGCTAATATAGTTGAATTGAAGAATATATATAATG
GATTTGGATAACGCACGCGATCTGCCCCGCGCTGGTTTCAATTTCGACAACTGCAAGCGCAATGCAACTCTTTTGAATCGAGGCTTCAAGCCACC
GACCACCACCAAGACGGGAACCACAATCGTTGGCATCATCTACAAGGATGGTGTTATTCTGGGCGCCGATACGCGAGCCACCGAGGGACCCATTG
TCTCGGACAAGAACTGCGCCAAGATCCATTACCTGGCCAAAAACATATACTGCTGTGGAGCTGGAACCGCTGCGGACACTGAGATGACTACGGAT
CTCATCTCCTCCCAGCTGGAGCTGCATCGCTTGCAGACAGATCGTGAGGTGCGCGTTGTGGCCGCCAATACGATGTTGAAGCAGATGCTTTTCCG
CTACCAGGGTCATATCAGTGCCGCTCTGGTGCTTGGTGGAGTGGATAAGACTGGACCCCACATCTATTCCATTCACCCACATGGAAGTTCGGATA
AGCTGCCGTACGCCACCATGGGATCGGGTTCCCTGGCCGCCATGACCGTTTTCGAAAGTCGCTGGAAACCTGACTTGTCCGAAGAGGAGGGCAAG
AAACTGGTGCGCGATGCCATCGCCTCCGGAGTGTTTAACGATCTGGGTTCGGGATCCAACATCGATCTGTGTGTTATCCGCAAGGGCAGTGTTGA
GTATCTGCGCAACTATGAGCTGGCTAACAAGAAGGGCAAGCGCCAGTTGGACTACCGCTTCAAGACCGGAACCTCAACCGTGCTGCACACCAACA
TTAAGGACCTACTCGTCACCGAACGCGTCCAGGCGGTGCCCATGGAGATTTCTTAAAGCGATTCCCCTTTCTACCCTTTTCGTACATTTATTATA
ATAAAGCTTCGGCAGGATCTATATGGAGTGGTTCAATAAAGGAAGCCATGCTTCATCTT
(SEQ ID NO: 1382)

Start ATG: 93 (Reverse strand: CAT)

MDLDNARDLPRAGFNFDNCKRNATLLNRGFKPPTTTKTGTTIVGIIYKDGVILGADTRATEGPIVSDKNCAKIHYLAKNIYCCGAGTAADTEMTT
DLISSQLELHRLQTDREVRVVAANTMLKQMLFRYQGHISAALVLGGVDKTGPHIYSIHPHGSSDKLPYATMGSGSLAAMTVFESRWKPDLSEEEG
KKLVRDAIASGVFNDLGSGSNIDLCVIRKGSVEYLRNYELANKKGKRQLDYRFKTGTSTVLHTNIKDLLVTERVQAVPMEIS*
(SEQ ID NO: 1383)

Name: 20S proteasome beta2 subunit
Classification: endopeptidase
Gene Symbol: Prosbeta2
FlyBase ID: FBgn0023174

Celera Sequence No. : 142000013384528
AGATATATACTAAATGTGCATGTGTATATATAATATATATAAACATATTTGAATGATCGCAAAACGCTTTAATCAATGTTGCTTCTAGGTTTCTT
TTTGATGCGCGCCTCGTCAATGAATAATTACGTCATATTCTTTTATTAGTTTCTGATACAGTTGGGATTATCAACTAGGTTACTCTCACGTACAC
ACAAACACGGAACACTTGAGTAGCCTCATGGCCTGCTACTTGCTACTAGCTACTTCCTTCCGAGGTCGTGGCACTCGCTTTTCCACAGATCTTCC
GACGCTTTTCACTTCGCGCACAGATTTCTCAATGTAGTATCAGTGAATATATGTATATATATTATATATAATATATATATCAACGCGACTGTATA
TTATCAGATTTTTCAAAGAAGCCGACGCTTTTCCTCCTTTATCGCCAACGCGTCTAATTCCCGGATCACAGCTCGACACGTCCGCTCTGTTCGCG
ATCCAAGCTCAAACTGAGCGGACATAACAGCCGGATGGTTGGCCTTGCTGGAGGTTTCGTTGATAAGAATCATGCTGCGAAGAGCAGCTTGGCAG
CTGGGCTCTCTTACGATCTCTTGGGAAATGTCCTATAAATAGATTTTTGCCGCGTCCACTGGAACAACGTCTTACGGACCAGAAAACGGATTCTC
AAATCTGATACATTCTGTTTAGAGGATTTTAAGATATCTTGCATAACATTATCTTACAATATTCCCAAGGACAATTTCGTATCCCTTCAAGACTT
AATAATTTAATAAGGACTAGAAATACACAATATTGCGCTATTTATTTGGTACCAGACACATTTAAATTATATTAAATCTCGCGGATTGTCTATAA
AAATCTACGTTATTTATTAGTATAAGAGTAGCATATAAGGTTACTTATAGACGAACTAAGACTTTGACGAGCTGCTCTCATACGTATAACAATAC
ACCACAAATCACATGGAATCAGGAATATCAGAAACTACTCTGTATGTCACTTAAGGCTAGCGTGCTCCCCCATGAGCATGTCCTGCCCTGAAGTG
GGCACCACCCGTTCCAGTACCACTTGGTCCTCCTGCTCCTCCTGCCCTGCGTTTCTCCGATCCCGATTCTGCACTAGCGTCTCCGTTATCAGAAC
CACCACTCTGTTCTGCATCTAGATTCTTGAGTTGCTGTTGCCACATGTCCGCGTAGATGCCATCTTCGCGCAGCACAAGCTCTTCGTGTCGCCCA
CGCTCCGCTATGCTTCCCTGCTGCAGGACCAGAATCTCGTCCGCATGGATGATGGTGGAAAGACGATGGGCAACAATGATGGTGGTACGATTTGC
GCACACCCTGGCCAAAGCAGCCTGAATATTGCGTTCTGTGTGGGTGTCCAAAGCTGAGGTGGCTTCATCCAGGAGCACAATAATGGGCGCCTTAA
GAAGCGTTCTGGCGATGGCTACGCGTTGCTTTTCACCTCCACTGAGCCGCAGACCTCGTTCGCCCACCTTTGTCTCATATTTCTCCGGAAAGCCG
AGAATCCTTTCGTGAATGTCGGCGGCGCGAGCAGCCTCATAGACAGCTTCGTCCGAAGCGCCCAACTTGGCATATTCAATGTTGTAGAAGATGGT
GTTGTTAAAGAGAACCGTATCCTGGGGCACCACTCCAATGGCCTTTCGCAGACTCTGCTGCTGCACAAGCTTGATGTTTTGTCCGTCAATCAGGA
TAGCACCAGTCTGCACATCGTAAAAGCGGAAAAGCAGCCGCATGATGGTGCTCTTACCGGCTCCAGAGGGTCCAACAATCGCTACCGTCTTACCG
GCCGGAACTGTGAAGCTCACATTGCGCAGCACTATCTTCTCCGGTGAATAGCCAAAGGTCACGTTTGAGAACTCAATGCCACCGCCGGCAGTTAG
AAGGGGCGAACAGCCTGGGGCATCCACAATCTCTTCCTCCTCTTTCAGCAGATCGAACATGTTCTCCATGTCCACGAAGTTCTTCTGTATGGCTC
GGTAATAGGTGCCGAACCAATTCAGTGGCATGTACAATTCCATCAGATAGGTGGAGAAGAGCACAAAATCGCCCACGGTGAGGGTTTGATGGTGA
ACTACCAAGTATACACAGAGCAGCGATCCGGCCAGTAGGCCCAAGCACAAAATAATATTCTGGGCTGTGTTCAGCATGTTGAGTGTCAGCATTGA
GAGGAACTCTTCCTTTTGGTACTTGAGAATGGCCTCCCTGTAGCAATCCACCTCGTAGTGCTCCGCTCCGTAGTACTTGACTGTTTCGAAATTGA
GAAGGGAGTCCACGCTGCGAGCTCGCTGCTCATTGTCCGCCAGGTTCATTCTCCTCTGGTACTTGGTTCTCCATTCAGTGATTGCAATGGTAGAG
GCTGTAAAACGGAAGGATATTTTGAAATACGAATGGAATTAATCGAATAATTTTTATCACTTACCTATATACAGGAACATGGTGAGGAAGACGAT
TAGGCCAAACCACCAATTGAAGGCGTAAACAAAGTATGCCACGGCAACGAGTAGATCGAGAATGGTTGGTGCGATCGAGAAGACAATATAGTTGA
GGAGGTTGTTGATCGAGTCCGTGCCGCGATCCATGACACGCAACACCTCTCCCGTTTTGCGTTGCAAGTGCCATCTAAGCGAAAGCTGGTGCAGA

TGCCGGAACAGCTCAATCTCGATCTCCCGGGTCGTGTACTGTTGAACCCGTATCCAGAGGAAGGTGCGAAGGTTATTAAATAATCCCATGCTACC
AGTGCCGCCACCCTGGAGGAAGGACAATGCCACATAGATCAGCACAAAGTCCCAGCGAAAGACGATCGGTGCAATGGTAAGACTGTCAACTGTCG
AAACAGGAGATTAGCAATGAATTACTTAACGAATTACGTTCATAATTCTTGACCTACCCAACTTCTTGCGATAAATCGGCAAAAACAGCTTTATG
ACTCGACCGGCAAGCAGCAGTATAATGCAAACGATGACGGCTATCTGCAGAGCAATATTCTTTTTAGGCCAGAGGTACGGAAAGACGGTGCGCAG
CTTGCGCCATCCGTTCCTGAAAGCAGATCCTGTCTGCACGTTTCCCTGCGATTCGTTGGCGGTATCATTGTCCAGCCGCTGATGTGGATTGTACG
GGGCCATGATGCCAGGAGCTTTCAGACCCAAAACGAAGATGAGCAGGGAGCACAGGAACCGGGTGACAAACAAGCCCATCTCAATTTGATCCTTG
TTCCTGCGAGTAGTAAAGGCGGTACTATAGATTATCCGTTTTACAGCCGTTTGCATTACTTACGTTTTTAGGTGGAACCACCAGTCCTCGTGGCG
CAAATTTATGAAGGCCAGCGACTCGTTAATGAAAGCCAACGTCCAGAATAGCAATAGAACAAGTCCATGTCCTCGGGTGGGCATTGAGGGCAGCT
GGTAGTAGCGCTCCTTGAGTATCAAACAGATGCTGAACGGGTAGGAGAAGCACACAACGCAAGTGGAGAAGATCTGCAGAAAAGATTTCGATCAG
TAATTGTTTCTTCTTGATCATTTTCATACTTACCATATAGCCGTACACCGCACTATCTGGATAAATACGTGCATTCATCAGAAACCGCAATAGAG
CCAAAACCGGGAGCAGGAGCAACAGAAAGAGTTGCATCGCGAACAGTCGTGACTTGGAGATTTGCGTGGGATCCGTAATCCTGGTGGCATACTTC
CGGTACATCAGCAACTGAATGCTGCCGAAGAGCAGAAGGAATCCACCGTATACCGCCGGTCCCACGGTGTCCATGAAGCAATGCGAGATGCCATG
CTGCGTCCACACCTCGCTGAGGGTCACGTTGGGCGGGCAGTACAGCATGGTGAAGTCGGTGTACCTGCGCGGCGACGAGGAAAGGCAATTGCGGA
ACGATAAGCTCTGATAGAAACGTGCCAGATAAAGTGGAGCTGTCACTGGGAAACAGCTCGGTGAACACAATTGCTTTGTTTTATGGGCTGGCGGC
AATTTCGCAATTATTCACCCAAATTATCAGACGCCCCCAAAGGGGAAATCACTATTTTTTTCCTCCGGGTAAGCGGAGTGCAGATTGTGAATTGA
TAATTGGTGCCCTTGCAGCACGGCACCAAGAGATCCGAAATACCCTGGAGTCCGGCAACCGTGGAAACTGCAACTCATCCAGCCCATTGGATATG
CTAAATTATGCAATGTTGCGTATGCTCGATTCGCCGGCGGGTCTAGTGCTCCCCTCTTACCCGCTATAAGAAGTCGCGATCTGGTGGAAACACCG
CAATCAGTCGTGTGACAGGTGATAACTCAACTAATGGACAACTGGCGGGCAACTCCGACCCAATCACCACCAACTACGATCAACATAAATAATTT
TGACCCAAGGGTTCGGTATGGCCGTTTCTGCTTACACACAACATACCACATACACATTGTACAGTGGAAACAGGTGAGATTCATTTAAATGAACA
TAGCTTAATATATAACATTTTCGATTGCTATAATAAATTCAGGGAGAGTTTGTTTAAGTGATTTAATTTTAAGCTATCAAAGGTTTAAAGTAATT
CTCTTATCAAATTGAAGGTAACAAATTTTCTGGAAACGGTCACGCTAGCTTTCAGCCCTGGTTTTCAGCTTGGCGCCCAGTTTTCAAACCATTTT
CTTATCAGAATTTGCGATTACTTTACCATTCCTGGTTTTCAACACACCATCTTATCAGAAATTGTGATTATTTCAATATTCCTTGTTTTTAAAAC
CCTATTTCGACATACTGCGGGTAAAATATACAGATTATATAGATTTCTTTATTCGTCAATTCTCAAAATAAATATTCAATGTTCATCTAATACTT
TACATTCAAGAAATTTTCACAAATTGTCTACGCTTAACCTTAGGTAATAACTAAGCTAAGTTTTTGAGTTTGTAGAGAATGAATATTCAAAGCAC
AAGGAACAAATTGATTGGGAGTAAGTTTCTATTTACATCTAGAGTTGCCTTTTTTGTTTTTATTTTTGTTTAATTTGAGGTTTGGTTAAATATAA
AATTCGCTACTTATGAGTAAGGGGATGGGGCGATTAAAACCTAGGAAACATTTTAGAAGATTTCCCGTACGAATTTCGAATTTGATTCGGTCGAC
TATTGACTAACCACTAACTTGTTCAACTTGGGTTTAACTTATTATCACAAACAAGTACATTTAATATGCATATGATTACAGTGAAGAGGGAGTCG
ACTCCCCCCCCATACAGCTATGAGTTGATCTTGGCCAGCAGTGGCTGGGTGACGGCACTGCCCGCCACCGGTGGGCACTGCTGCTTGTAGCTCTTC
ACCAGGAAGCCGTAGTGGCTGCTGTCCGCCGGAATGTTCTGGCCACTGCCGCTCCGTTGCGGA
(SEQ ID NO: 1384)

Exon: 4383..4238
Exon: 3865..3549
Exon: 3493..3294
Exon: 3233..2908
Exon: 2844..2440
Exon: 2376..1001
Start ATG: 3848 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT10897
AACCCTTGGGTCAAAATTATTTATGTTGATCGTAGTTGGTGGTGATTGGGTCGGAGTTGCCCGCCAGTTGTCCATTAGTTGAGTTATCACCTGTC
ACACGACTGATTGCGGTGTTTCCACCAGATCGCGACTTCTTATAGCGGGTAGGTACACCGACTTCACCATGCTGTACTGCCCGCCCAACGTGACC
CTCAGCGAGGTGTGGACGCAGCATGGCATCTCGCATTGCTTCATGGACACCGTGGGACCGGCGGTATACGGTGGATTCCTTCTGCTCTTCGGCAG
CATTCAGTTGCTGATGTACCGGAAGTATGCCACCAGGATTACGGATCCCACGCAAATCTCCAAGTCACGACTGTTCGCGATGCAACTCTTTCTGT
TGCTCCTGCTCCCGGTTTTGGCTCTATTGCGGTTTCTGATGAATGCACGTATTTATCCAGATAGTGCGGTGTACGGCTATATGATCTTCTCCACT
TGCGTTGTGTGCTTCTCCTACCCGTTCAGCATCTGTTTGATACTCAAGGAGCGCTACTACCAGCTGCCCTCAATGCCCACCCGAGGACATGGACT
TGTTCTATTGCTATTCTGGACGTTGGCTTTCATTAACGAGTCGCTGGCCTTCATAAATTTGCGCCACGAGGACTGGTGGTTCCACCTAAAAACGA
ACAAGGATCAAATTGAGATGGGCTTGTTTGTCACCCGGTTCCTGTGCTCCCTGCTCATCTTCGTTTTGGGTCTGAAAGCTCCTGGCATCATGGCC
CCGTACAATCCACATCAGCGGCTGGACAATGATACCGCCAACGAATCGCAGGGAAACGTGCAGACAGGATCTGCTTTCAGGAACGGATGGCGCAA
GCTGCGCACCGTCTTTCCGTACCTCTGGCCTAAAAAGAATATTGCTCTGCAGATAGCCGTCATCGTTTGCATTATACTGCTGCTTGCCGGTCGAG
TCATAAAGCTGTTTTTGCCGATTTATCGCAAGAAGTTGGTTGACAGTCTTACCATTGCACCGATCGTCTTTCGCTGGGACTTTGTGCTGATCTAT
GTGGCATTGTCCTTCCTCCAGGGTGGCGGCACTGGTAGCATGGGATTATTTAATAACCTTCGCACCTTCCTCTGGATACGGGTTCAACAGTACAC
GACCCGGGAGATCGAGATTGAGCTGTTCCGGCATCTGCACCAGCTTTCGCTTAGATGGCACTTGCAACGCAAAACGGGAGAGGTGTTGCGTGTCA
TGGATCGCGGCACGGACTCGATCAACAACCTCCTCAACTATATTGTCTTCTCGATCGCACCAACCATTCTCGATCTACTCGTTGCCGTGGCATAC
TTTGTTTACGCCTTCAATTGGTGGTTTGGCCTAATCGTCTTCCTCACCATGTTCCTGTATATAGCCTCTACCATTGCAATCACTGAATGGAGAAC
CAAGTACCAGAGGAGAATGAACCTGGCGGACAATGAGCAGCGAGCTCGCAGCGTGGACTCCCTTCTCAATTTCGAAACAGTCAAGTACTACGGAG
CGGAGCACTACGAGGTGGATTGCTACAGGGAGGCCATTCTCAAGTACCAAAAGGAAGAGTTCCTCTCAATGCTGACACTCAACATGCTGAACACA
GCCCAGAATATTATTTTGTGCTTGGGCCTACTGGCCGGATCGCTGCTCTGTGTATACTTGGTAGTTCACCATCAAACCCTCACCGTGGGCGATTT
TGTGCTCTTCTCCACCTATCTGATGGAATTGTACATGCCACTGAATTGGTTCGGCACCTATTACCGAGCCATACAGAAGAACTTCGTGGACATGG
AGAACATGTTCGATCTGCTGAAAGAGGAGGAAGAGATTGTGGATGCCCCAGGCTGTTCGCCCCTTCTAACTGCCGGCGGTGGCATTGAGTTCTCA
AACGTGACCTTTGGCTATTCACCGGAGAAGATAGTGCTGCGCAATGTGAGCTTCACAGTTCCGGCCGGTAAGACGGTAGCGATTGTTGGACCCTC
TGGAGCCGGTAAGAGCACCATCATGCGGCTGCTTTTCCGCTTTTACGATGTGCAGACTGGTGCTATCCTGATTGACGGACAAAACATCAAGCTTG
TGCAGCAGCAGAGTCTGCGAAAGGCCATTGGAGTGGTGCCCCAGGATACGGTTCTCTTTAACAACACCATCTTCTACAACATTGAATATGCCAAG
TTGGGCGCTTCGGACGAAGCTGTCTATGAGGCTGCTCGCGCCGCCGACATTCACGAAAGGATTCTCGGCTTTCCGGAGAAATATGAGACAAAGGT
GGGCGAACGAGGTCTGCGGCTCAGTGGAGGTGAAAAGCAACGCGTAGCCATCGCCAGAACGCTTCTTAAGGCGCCCATTATTGTGCTCCTGGATG
AAGCCACCTCAGCTTTGGACACCCACACAGAACGCAATATTCAGGCTGCTTTGGCCAGGGTGTGCGCAAATCGTACCACCATCATTGTTGCCCAT
CGTCTTTCCACCATCATCCATGCGGACGAGATTCTGGTCCTGCAGCAGGGAAGCATAGCGGAGCGTGGGCGACACGAAGAGCTTGTGCTGCGCGA
AGATGGCATCTACGCGGACATGTGGCAACAGCAACTCAAGAATCTAGATGCAGAACAGAGTGGTGGTTCTGATAACGGAGACGCTAGTGCAGAAT
CGGGATCGGAGAAACGCAGGGCAGGAGGAGCAGGAGGACCAAGTGGTACTGGAACGGGTGGTGCCCACTTCAGGGCAGGACATGCTCATGGGGGA
GCACGCTAGCCTTAA
(SEQ ID NO: 1385)

Start ATG: 164 (Reverse strand: CAT)

MLYCPPNVTLSEVWTQHGISHCFMDTVGPAVYGGFLLLFGSIQLLMYRKYATRITDPTQISKSRLFAMQLFLLLLLPVLALLRFLMNARIYPDSA
VYGYMIFSTCVVCFSYPFSICLILKERYYQLPSMPTRGHGLVLLLFWTLAFINESLAFINLRHEDWWFHLKTNKDQIEMGLFVTRFLCSLLIFVL
GLKAPGIMAPYNPHQRLDNDTANESQGNVQTGSAFRNGWRKLRTVFPYLWPKKNIALQIAVIVCIILLLAGRVIKLFLPIYRKKLVDSLTIAPIV
FRWDFVLIYVALSFLQGGGTGSMGLFNNLRTFLWIRVQQYTTREIEIELFRHLHQLSLRWHLQRKTGEVLRVMDRGTDSINNLLNYIVFSIAPTI
LDLLVAVAYFVYAFNWWFGLIVFLTMFLYIASTIAITEWRTKYQRRMNLADNEQRARSVDSLLNFETVKYYGAEHYEVDCYREAILKYQKEEFLS
MLTLNMLNTAQNIILCLGLLAGSLLCVYLVVHHQTLTVGDFVLFSTYLMELYMPLNWFGTYYRAIQKNFVDMENMFDLLKEEEEIVDAPGCSPLL
TAGGGIEFSNVTFGYSPEKIVLRNVSFTVPAGKTVAIVGPSGAGKSTIMRLLFRFYDVQTGAILIDGQNIKLVQQQSLRKAIGVVPQDTVLFNNT
IFYNIEYAKLGASDEAVYEAARAADIHERILGFPEKYETKVGERGLRLSGGEKQRVAIARTLLKAPIIVLLDEATSALDTHTERNIQAALARVCA
NRTTIIVAHRLSTIIHADEILVLQQGSIAERGRHEELVLREDGIYADMWQQQLKNLDAEQSGGSDNGDASAESGSEKRRAGGAGGPSGTGTGGAH
FRAGHAHGGAR*
(SEQ ID NO: 1386)

Name: ATP-binding cassette transporter
Classification: transporter

Celera Sequence No. : 142000013384529
GCTTTGAACTTCATCACGCGCAGGCTGCCCGGGAACTCGAGGGACAGCTGCTTGGTACACTTGGTGGCGATGTCAAAGCGAGCCGTATCCAATGC
CGCGATGATCACCTGCTCCAGGATGAGATGCCGCTCGTTGCCGGTCTTGTGCACCTTGTCCTCTAGCACAGCAACCCACAGCTGGACCACCTCCT
CGCTGTGGCGACCCGTCTCCTCGCGCCACGTTCTGAACTGATCCCGTACATCTGAAAGGATGATCATACGCTTATGATACGGCACTTTTCATTCA
TGGCAATTGGGAGCAACCCACTGACGTGGTCTGCACCTGTCTGGAGCCGGGAAAAGCCGAAAACTTACCCGACCAGCTCATCTTCTCATAATCTA
GCGACATATTCACTTAGGCGGACTTAAATATCTCATCAATTTAATTTAATTTCCCAATTGTAATCATTAACTAGCGATTTCCTTCTTGGCAAAAT
AAAAGTGTGGCAGCGTAATGAGCCGTTAGATTATACCAAATAACACTAGCGTGGCGCTGCCAACCTGCTTTTTGAATATCGTAAAGTCTAGAAAT
GAAGTCAGAGGTAATTTTTTAAAACTTTTTATTATAAAGAGACTTCTAAAGTTAAGTTTTTCTACATATACCTTGTTTCCGATATTTGCAAAGTT
AATTAAACTGTTAATACTTCTGAAATACTTGTAGGTCCTTGAAAAGGATTCTTTAATGAATTATTTTACCATGCATTAATCTTATTTTGTCCAAA
CTTTGTGCATTGCTTATCCATTTTAACAGATTTCTAAGTCAAGTGCACATTTGAAAAGCGCGCCAACGAAAACATGAAACATGATAGTTTTTCTT
CCAGCGACGGTCACACTAACAAATCAAATAATTGTGGTACCGTCAACAAAAGCCAAGTCTCTCGTGCTCTCCGGGTATTAAAGCCGTGGAATCGG
GCAGTGCCGCATGCGGTGCTGTGTTTAATTTCCCCAACTCCCAACAGATCCGGAAGCAGTTTGAACATGGGTCCGCCAAAGCAGCTGAAACGAAC
CTTTCTTGGCTTCGACTTGAGCACGCAAAAGGTGAGAACTGGAACTGCCTACGTAGTATCTTTGCATCTGAGATGTGGAGGCGTCTCCAAATCGA
CTACATCTGGGCCAATTGCGTGCGAATGGTGTTACTGGAAAAGGTCAAACGGTACTCGGGAACTTGAAACACGAACTACTCTTATCAGTTGCGGT
GACCGGGGCTCGATTTTCGCTTATCTGCTAAAGACGCGAGCGCCAACCGATTTAACTATTATGGTTTGATTATTGAAATTCATGTTCGGAGGTAT
TGGCCCCCGACATTATCTTAATAGAGCCGCAATAACTTTCACAATCCCTGAATGACGCTGGCGGTGACTCCTAGTTGCCCTCTATGTTTGATCGT
TATTTTCGAGGTGTGTCTCCATATCGCTAATTGCTGCCCCATTTACTCCTCTCAGCTCAAAGCCGTCCTGCTGGGCTCCAGTTTGGAGGTGGTTG
CCGCGGCTGAAGTGAAATTCGACACCGACTTGCCGGAGTTCCGGACCACCGGTGGAGCCAACGCTGGATCCATCAAAAATGAGTGAGTCTGTTTC
ACCACTATCCATTACTCCAATTGAAGATTTTAATGGGATGATTGTTTGCGTAAAGCAAATAGGGGGATATATTTTACGTTTTTATATCTTGCGCT
GTGGGGTATTTGTCCGATAATACTTAGGGCCCTATTTCATAGCAGTTGTTTTATTACACCACAATGGGTCTCTATCACTTCAAGTTTTTTTTAAC
CTTCCTATAACAGGGACCATATATACAATGGGTACTATAAAATATATATGTGCTAACCTGACTCCACCTTTACTTGTTCTTCTTTAGATACTTTG
TACAACCAGTGATGTGGGTGAAGGCCATGGACATTGTCCTGGACCGACTGGTTATGCAGCAAGCGGATCTTAGCACCGTAGCTGCCATCAGTGGC
TCCGGACAGCAGCACGGATCGCTCTACTGGTCCAAACATGGAATCAACACGCTGCAAAACCTCGATTCCGAGAAGTTCCTTCACGCACAAATCGA
CGACTCCGCCTTTGTGGTAAATCGTACTCCGATTTGGATGGACGCCACCACCACCAAACAGTGCCTAGAGATGGAGATGGCTGTTGGTGGCAAAC
TTAACATGGTGGAACTGACGGGCTCGAAGTGCTACGAACGTTTTACGGGTCCCCAAATTAGAAAGATATATCAGCAACGCTGCCACGCCTACGAA
GAGGCCAACCGAATCTCATTGGTCAGCAGTTTTATATCATCGCTATTTCTGGGCTCCGTCGCTCCAATTGACTTCAGTGATGGTTCCGGCATGAA
TCTGCTGGACATCCGCAAGAAGAACTGGTCCAAAGAATGCCTAAATGTTTGTGCACCCGATTTGGACAAGCGCCTGGACATTCCGGTCAGTCCAA
ATTCGATTTTAGGCAACGTCTCTCCGTACTTTGTGGAGCGCTTTAGTTTTTCGCCCGATTGCAAAGTGGCTGCTAGCACGGGGGACAATCCTTCG
GCGCTGTCTGGAATGTTGGTGGGCAGCAGCTGGCTTACCATTTCCATGGGCACAAGTGACACCCTAATGATGAGCTTGAAGGAGCCGCTAAACTG
GGAGGAGGGTCATATACTCTGCCATCCAACTGAAACGGAAGAATTCATGGGCCTTCTATGGTAAATTATTCCTGGGACATTATATCTTAAAATTA
GTTTATTTAAATGTCTTTTTCAGTTTTAGAAATGCTTCATTGGTCCGTGAGGAAATGAACAAGAAGACAACCGGCGGCGATTGGGATAAATTCAA
TGAGTATCTCGACTCCACGCCCCGTGGAAACTTTGGGAACATGGCCGTGCACTTTAACGACATGGAAATCATTCCCAAGGCGCAGGGTATTCTGC
GATGGAACAGGGAAATGGATCCCAGTTCCCCGGACGCGGCTAGGGGTGTAATCAAGTAAGTCTGATTGAAAATTTAGCTGTTTTAGGTCCGACAT
GAAAGCAATGACTCATAATCAGTTAACAGACATCTGTAAATAGTTATTTTTAGAAATGACTTTTTACCAACATGATCATGTTTTTTGTCGTTTAT
ACTTTTTCTTAATGCCTATTTCCCTTCTACTGAATTCTTTAAAATGTATAAAATATTCCTGACCTCTTTCGCTTTATAGATTCAGCTCGCCCCAA
ATCGAAATTCGAGCCCTAGTTGAAGGTCAGATGCTGCATCACCGGGCTGTGGCTGAAGACCTTGGCTACAAATTCGGACCCGAGACACAAATCCT
TGTCACAGGAGGCGCATCTGTTAACAAATCAATCCTGCAAACAATTGCCGATGTGTTCAATGCTCCCGTCCATATCCAGGTTAGTTCATACCAAC
TGTTTCTCAAGTGCAAGCAATTTAAGCAACATGTTTCTTGCAGGATGAAGGATTTGAGGCTGCCCTACTGGGAGCCGCTTATCGATCCGCCTACG
CTCTGTACCTTCAAGAGGCAGGTGATGGGGTGACGCCTCTCTGTTACCGAGATTATATCCTAAGTCTGACAAGTAACAAACTGAGCCTTGTATGC
GAACCACACAAGGACAGCGAGGAAATCTACGCTCCAATGCTACAACGATATCGCGAAATGGCGCGCGTCCTGTCCAATCCTAACACATAAACTCT
CCGAAAGCCCAACGTAACATTCCAGTTTATACTCCGTACATTCACAAACTGATTCCTTCTTAAACGTCTCCTGTAATTGACAGAACTTAAGTGCA
ATTAACAAATTCTGTGATTGACGATTTATTACAAATTTATGCGAAACCATATACAAATAAATTTTTATATATGGCCCACTCCTTATTGTGTCTGG
TATGCCTTTAATCTTTGATCCGCCTACTTTTTGCGTCCACCACGCTCCTTGACCTGTAAATGCACCGTGGTTCCGTTTACCAGATTGTAAAAAGC
CATGGTATTGCTGTCTTTGAAGAACATTCCCTGAAGGATAGATGTTATTGAAATAATAGTTTTCGAAACATTAGTTGTATTTCTTACCTCATAAA
ATATCTTCTGCTTGGCCGGTGGCATGCCAGTTTCGTCCTGCAGCTTCGTCTTCAGATTGGCAATGGGTTCAGAAAGTGCCATGGTCACGGCTATC
ATCTGTCCATTAAGCTTCCACTCTGATTTGTCGGAATTGGGTACCAAAACCTGAATGGTCACAGGGCTCTGAAATAATTTAAGATGGGTTATATA
CCAATAGATAGCCAGATATCAAAATCAAACTTACCTTGTGGGTGGCAATAAAGTCTGCTTCTGGAATCAGGTTGTCCTCGCTTCGAATCTTTTTA
GAAGGCGGCTCCTCCTCCATTATATCAACAGGTGGAGCAGGTGCAATTTGCTGAGGGATTCCACCAGGCTGCATGTTCATGTAGCCTCCACCACC
AGCTCCAAAAGGCGGCTCTGCAAAATAAAAACGCTAAGCCCTCGACGAGATTTGCATACTATTTGTTACTTACGCATCATGGTTGGACGCAGTTG
CATCAGCTGCATCACCGGTTGAGGCTGCTGCGGCGGGTGATGGTGGTGCGACTGGTGAGGTGGCGCCTGCTGATGCGGTGGATGGTGATGATGAG
GATTATGATGCCCGTGGTGACCACCTCCGCCACCTTGGTGGTGTTGACTCTGGCTGGAGTGACTGTGCTGCGACTTGGTTGACGGCTGCGGCGGA

GCTGAAAGCGTCGCCTTGTTGCCCACCGGTTTGGGGCCGATTTTCTCCTTCTCCTCGTCGGGCAGCAGTCCCTTAACCTTGTGGATTTGATGAAT
TTGTTCCTCCAGAGTGATATTTGCACGTGCTG
(SEQ ID NO: 1387)

Exon: 1001..1076
Exon: 1481..1602
Exon: 1893..2720
Exon: 2779..3000
Exon: 3215..3404
Exon: 3464..3877
Start ATG: 1017

Transcript No. : CT11741
CGGAAGCAGTTTGAACATGGGTCCGCCAAAGCAGCTGAAACGAACCTTTCTTGGCTTCGACTTGAGCACGCAAAAGCTCAAAGCCGTCCTGCTGG
GCTCCAGTTTGGAGGTGGTTGCCGCGGCTGAAGTGAAATTCGACACCGACTTGCCGGAGTTCCGGACCACCGGTGGAGCCAACGCTGGATCCATC
AAAAATGAATACTTTGTACAACCAGTGATGTGGGTGAAGGCCATGGACATTGTCCTGGACCGACTGGTTATGCAGCAAGCGGATCTTAGCACCGT
AGCTGCCATCAGTGGCTCCGGACAGCAGCACGGATCGCTCTACTGGTCCAAACATGGAATCAACACGCTGCAAAACCTCGATTCCGAGAAGTTCC
TTCACGCACAAATCGACGACTCCGCCTTTGTGGTAAATCGTACTCCGATTTGGATGGACGCCACCACCACCAAACAGTGCCTAGAGATGGAGATG
GCTGTTGGTGGCAAACTTAACATGGTGGAACTGACGGGCTCGAAGTGCTACGAACGTTTTACGGGTCCCCAAATTAGAAAGATATATCAGCAACG
CTGCCACGCCTACGAAGAGGCCAACCGAATCTCATTGGTCAGCAGTTTTATATCATCGCTATTTCTGGGCTCCGTCGCTCCAATTGACTTCAGTG
ATGGTTCCGGCATGAATCTGCTGGACATCCGCAAGAAGAACTGGTCCAAAGAATGCCTAAATGTTTGTGCACCCGATTTGGACAAGCGCCTGGAC
ATTCCGGTCAGTCCAAATTCGATTTTAGGCAACGTCTCTCCGTACTTTGTGGAGCGCTTTAGTTTTTCGCCCGATTGCAAAGTGGCTGCTAGCAC
GGGGGACAATCCTTCGGCGCTGTCTGGAATGTTGGTGGGCAGCAGCTGGCTTACCATTTCCATGGGCACAAGTGACACCCTAATGATGAGCTTGA
AGGAGCCGCTAAACTGGGAGGAGGGTCATATACTCTGCCATCCAACTGAAACGGAAGAATTCATGGGCCTTCTATGTTTTAGAAATGCTTCATTG
GTCCGTGAGGAAATGAACAAGAAGACAACCGGCGGCGATTGGGATAAATTCAATGAGTATCTCGACTCCACGCCCCGTGGAAACTTTGGGAACAT
GGCCGTGCACTTTAACGACATGGAAATCATTCCCAAGGCGCAGGGTATTCTGCGATGGAACAGGGAAATGGATCCCAGTTCCCCGGACGCGGCTA
GGGGTGTAATCAAATTCAGCTCGCCCCAAATCGAAATTCGAGCCCTAGTTGAAGGTCAGATGCTGCATCACCGGGCTGTGGCTGAAGACCTTGGC
TACAAATTCGGACCCGAGACACAAATCCTTGTCACAGGAGGCGCATCTGTTAACAAATCAATCCTGCAAACAATTGCCGATGTGTTCAATGCTCC
CGTCCATATCCAGGATGAAGGATTTGAGGCTGCCCTACTGGGAGCCGCTTATCGATCCGCCTACGCTCTGTACCTTCAAGAGGCAGGTGATGGGG
TGACGCCTCTCTGTTACCGAGATTATATCCTAAGTCTGACAAGTAACAAACTGAGCCTTGTATGCGAACCACACAAGGACAGCGAGGAAATCTAC
GCTCCAATGCTACAACGATATCGCGAAATGGCGCGCGTCCTGTCCAATCCTAACACATAAACTCTCCGAAAGCCCAACGTAACATTCCAGTTTAT
ACTCCGTACATTCACAAACTGATTCCTTCTTAAACGTCTCCTGTAATTGACAGAACTTAAGTGCAATTAACAAATTCTGTGATTGACGATTTATT
ACAAATTTATGCGAAACCATATACAAATAAATTTTTATATATGGCCC
(SEQ ID NO: 1388)

Start ATG: 17

MGPPKQLKRTFLGFDLSTQKLKAVLLGSSLEVVAAAEVKFDTDLPEFRTTGGANAGSIKNEYFVQPVMWVKAMDIVLDRLVMQQADLSTVAAISG
SGQQHGSLYWSKHGINTLQNLDSEKFLHAQIDDSAFVVNRTPIWMDATTTKQCLEMEMAVGGKLNMVELTGSKCYERFTGPQIRKIYQQRCHAYE
EANRISLVSSFISSLFLGSVAPIDFSDGSGMNLLDIRKKNWSKECLNVCAPDLDKRLDIPVSPNSILGNVSPYFVERFSFSPDCKVAASTGDNPS
ALSGMLVGSSWLTISMGTSDTLMMSLKEPLNWEEGHILCHPTETEEFMGLLCFRNASLVREEMNKKTTGGDWDKFNEYLDSTPRGNFGNMAVHFN
DMEIIPKAQGILRWNREMDPSSPDAARGVIKFSSPQIEIRALVEGQMLHHRAVAEDLGYKFGPETQILVTGGASVNKSILQTIADVFNAPVHIQD
EGFEAALLGAAYRSAYALYLQEAGDGVTPLCYRDYILSLTSNKLSLVCEPHKDSEEIYAPMLQRYREMARVLSNPNT*
(SEQ ID NO: 1389)

Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384516
CATCAGGTTCTGCACATTCTGGTTGTCGATGCGCACTTGGCCGCTGTAAACATAGTTGATCAGACTCTCCAGGGCACTTGGCTCTATGGCGCTCT
CCTTCATGGTGATCTCCTTGATCCGACTCTCTGCCATGTTGTTGGTGAACATCGCATAGAAATACGGGATGGTGGCCGCCAGCACAACGCGGTGC
GCTGAGAAGGTCTGATCTTCAACCTGCAATAATTGGGATGGCATTTTATATTTAGACGCTAGATAATGAACGTATCTCTGAGCTGCGGGTGATTG
AATGCCCCAGTCTGCACGCAAACAACCTTTAGGGTGACATCGCACAGCTTGCCCATCCTGCGGATTTCCTTGAACAGGGGGAAACTCTCGCCGAA
TAGCTTATCATGCTTGTAAACAAAGTATTGATCCTCCACTTGGCTATTATCACTCAAATCCATCACTTTAACGGATCAAGAAAATGATAAACAGT
AGAGATGCCAAATGTTGCTTGTACTGCAGAGCTAGTGGTGGTCAGTGGTGAGCGGTCACATTAATCGATAGTTGAGGTTCCTTCGATAGTTGAAC
AACACCAATAGTAGTGAAACAAATTTATTGAATCATATTGTTTAATTTTAAAGGTAACGTTCTTGGACCAAAATGTAATTTCATAATACTTATTA
AAAAGTTGAGCCCTTTTTATGCAACAGTGATAATTAAATCCTTAAAAAGCACATATTTTTAAGACAATATTATTCTTTCATTTAATTTTAATTAG
TAATTTTTCCGTTTTTGCGTCACCTTCTTAAAAAAAGACGCTCATCACTAATTGGGCGGTGATGACAGCCCTATCAGCTGTTAGTGTGGCTGGAG
TGTTTTCTTCGCTCGGATTGATTAAGGGTCCAAAAACATTTTCGAGTAATCTGGGTCGCTTGCTAATTGGAAAACCACTGATCTGAGTTAAGACA
TAAATGTTTGGACCGCTATTAAATGCAAGGATACGAAAATAGCAAGTAACATGGAAGCCGCATCACCGAGGGAAACCCAGGTGAGTAAAAAGGTG
TCGCTAGAATTGATGATGACGTCTCATCTTGTTATTTGCATTTGCAGAAGAACCCGAATCCGATCGAGGCGCTGAGCAAAGATGAAATCATCAGC
AAATACAAAGGCCTGCTCAACATCGCTAAAAAGGCGAAACAGGCAAAAGATGGTAAGTTTGATGGAGAGTTTCAGGGAATCTTCCAGAATAATGC
AAGCCACTCTCTTTCAGAACTCACCGAGGAAAATCACCGACTCAAGGATGCCCTTAAACGGGCGGCGGAGAAGCAGAGCAGCCTGCCAGCCATGC
AGGAAATGGTCCAGGACTTCACCGATAAGAACCTCATCCTCACCGAGGAAGTGAATAATCTGAAACGAAAGACCAAAGAGGATGCCGATCGACTG
ACGCAATTCGAGATCGAGAACGAGAGCCTAAAGCGCCAACTTGGGCGACTGAGTGATGAAAACGATGCCCTCCTTGCCAATGTGGATCGCATGGA
AAAGGCTATGCAACAGGTCAATGCTCTGGGTAACGAGCAGCGCAAGAATCTGGAACTTTTGGAAGTGGACATTGCCAAAATTAAGGAAGCGGAGG
CGGAAAACGCTAGTCTTCGCCAGCAAGTCGCCACGATGGAAGAAGAGTCGAGTGTGCTGCAGCAAAAGTACCAAAACATCAAGGAACTTAACTCT
GAGCAACGCAAGAAGTTTAATTCTCTAAAGGACCGCTTCATTGATGTACACCGCAAGTTGAAGAACCTCAAGGAGTGCAAGTGCGTGCTGCTGGA
AACGCAGCACGAGTACGCCGCATCCGTTTCCAAATGGCAGGTGGAGATTATCAAAGCTTCGCAACTGTTGTGCGCAAAGATGGCATCCCTGCAGG
CCGAGAATGAAAAACTGAAGCTGAACAATGGAAAGTCAGACAATAATCCTCAAACAATTGACACTGGAATTGACCGCAAGCGCTTGCTGCAAAGA
GTTCAGGAAATGGATCGGCTAGCCAAAATAGTGAAGCAGAAGCAAAAGAACCAAAGGAGCAATTTGAATGTGGAGTACCTACTTAAGAAGATAAC

CGCTCTCGAAGAGCTTGCAGTCATTATAAAGCAGCAGCATAGAATTGACAAGGAACAATTGATAAGTGTAACGAAGGAGCAGGAAAACACCAAAA
ATCACGCCAGGAACCTTAATGTAAGCTTATTCCAGACCAAGCTTGATCAAATGCAAAATCTGGTCAAAGTCATTGCAAAGGAGCGTGATAATCAG
CAGAGGAAGTTGCAGGAGTTGGAAGCCATCTGCATAGAACTGCGCCAACACAACGAGGATTTGCTTACGCGATACCACCTCAAGGAGCAAGAGCA
TGGAGAGTTGCTAACGGAGATGCGGGAACTGAACGAGGCGCTCAAAGGACGCGGTGATGCCATTTCACGCCTTCAAGAACAGCACGAAGCGGAGG
TCAAGCGACAACGAGACTTGGAGGCTCAACTATCTAATAGTCAGCAGGCGGCGCAGGAGAAGTTACAGAAGATCAAACAACTCCAGAGCCGTGTT
GAGGAATTGGAGCAGGCGAATGCTGATGCCCAGAGTGATGTTCTGTCGACATCCACAATATCACGAGCCGAAGAACTAAGCCGCCTGCGTGAACT
GGACGAAGGCTACGAGGAGAAGTACCATAAGCTCAGAGCCATAGCTGCCAAGCTGAAAAAGAAACTGCAGGAGCAGACGCAGCAGCTGAATGAAA
TGGAACAGAGCGGTGCCCTAAAGGAGGAGTTGGAGGCAATCAAGTTGGCACAGGCCCAACTGCAACAGGATTTAAATGCAGCTCGAGCTGAAAAC
CAGAAGCTAAAGTCCAAGGAGAAAGTAAAGCACTCCAGTGTCCTTAATTTGGAAATTGAAGCAGCTGAAAAATCCCTGAGCGAAGTTAGTGCGAA
GCTGACAGCTAAGTCTAGCGAACTAGAAGCCGTTAAGGAATCACTGGCCAGCAAGGAAAACACCATCGTCCAGCTGCGCAAGGAGATCGCTATCC
TAGAGGAGGCCAAAAACGGCGAAGCGGCCCACTCCCTAGAACTTAAGGAGCAGATTGATCGCATGCAGGTCCAGGTCAAAGACGCAGTTCACAGC
AAGCAACAGGCGCTCACTCAGAACAAGGATTTGGAACATGGCGTTGAACAGGCCAAGCTCGAGGCGGAGCAATTGCGTCTCCAGCTGTCGGAGAG
CGCCCAACAATACGAATCGAAGCTAAACACGGCCACCCAACAACTACTAAGCCAAACCCAGGAGCTGGAAATGCACCTGGCAGAGCAAAAGCGAT
TGGAGACGGCGCTTCGAAATGCGGAACGAGCTCTGGAGGACCTGCGAGTAGAGTACACCGAATACAAGTTGAAGGCACAGTCTGTGCTGCGCAAA
AACCAAAATAAGGGCTCCAACCGCGAACAGGAGTTGGAAGAAGAGTTGGTTGCGCTTCGAGAGAGTGAACGCAATCTGCGCGCCAGCAACGATGG
AAGAGCTGCCCGCCTGGCCCAGTTGGATAGTCAAATAGAGGAATTGCGACAGGATAACACTGATCTGCAAAAGCGTAGCAAAGAGCTCGTCTCTC
TAGTTGACGAACTGCGTCAGCAAAACGACCTGCTGTCGCTAGAAAACCAACGCCAGTTGCAATTCCAACACGACCTGATGCAGCAGCATCGCCAG
CAAGTTGATGAGCTGGACGCCGGGCACCAGTTGCAATTAACGCAGGTGCAGGAGCAACTGGAGGAAGCGCAAAAGATGCAAGCAAACGTCTCTCA
GCATACCACTGCATCCGCCGCGAGCGTGGACACCAGTCCAGAGCAGGCAAAGATCGATTACTTGCTTATGGACCACGAAACAGGCTTGGATGGCC
ACGCTGGAGACGTCTCTCTGGCCCAACTGGCTGCTCAGCGAAAGATATCTACTGCCTCGAGACGTTCCCACGACTTCATGCCGCTTGACGAGCTG
CTCAACACATCAATGAACCAAATAACCAGCGATACCGTGACTACCATCTCTAATTTCGGACGCAGCGTTTCGCAGCAGGAGGACGAGGAAGCGGA
AATGGCCGCACGGGGAGACTTTTCCGTCCAAAGTGCCCAGCTTCAGGCCACAAAAGAACGCCTAAGCATCCAGGAAAGTCGTGTCAAGCACTTGA
CTGCCCTGTTGGCCGAAAACGAACAGGATTTGGCTAAACTGACCCAAATGAACGACATGCTCAAGGAAGAATTGCGCCGCCAAGAGCGCTCCGAG
GAACGTGAACAACACATGCACAACTCCGAGTACTTGAAGAACGTCTTCTTAAAGGTGAGATCAGGAACGCAATAACTATATCCACGGGCTTAATC
TATTTACTTTATAAACTTGCAGTTCCTTACGTTAAACAATGTCGATGAGCGGCAGCGCTTGGTTCCCGTGCTAAATACCATTCTCCGCCTGAGTC
GCAACGAAATGGAAATGCTGAACTGTGTGGCCAAGGGACAGAAAGGTAACTACTAGCAGAAAAATTTAAATTTTAGTATGGTTTCTTGTATTAAG
ATATTGCTTTTAGTTTCTGCAGATGGTAGCAGTCGCAGCTGGACGGGATTCCTCACTGCGTGGAGTGGAGGAGGCAGTCCCAATAATAACAACTA
GCGAACATCATAGGATATATAATATATAAATATTCGTCTTGTTGGATGCGGATAGTCGTCAGTCGTTGGGCAGTTGCATAGCATTCATTCTGTAA
ATCTTGTACAATTTCCCTTTTATATATAATGTATTTTAAAATTGCTCGTTGCTGTTTGGCACATCGTACTTTGTACACTCTTGTAATTTGTCCAC
ACCCGTTGTGTTGAGTGCCCTATACAGCACCACCGGCAATATGCGCGTTGTAGATTGAAGAAAGCCTTTGCATATATTTAAAAACAATGTTTTTC
AATGGTTTGTTTAATTTGAAATTCTATTACCATATAGATCAGACTATAAATCAGATGCATTGTCTATAAATTAGTATTCCATTATTTGTATTGTA
TGTACTATATATAAATAGGATCGGTATTTATGCTTACATTTACACTTTTAAACGGTGTATATTGTTTACACACAATATAAAATATCATTAACATA
AATCTTACATAAATTTCATTAAAACCAAAAGTGAGTAATCAAGTTAAATAAAAATTCTGTCTTGGCGGAATACATATGCAGGTGAACGATTTGAA
TCGAAATGCGCCAAAAGATTAAAGATCACAAGTCGAATAACTACTTAAATACTAATCAGTATTGTGAGCCCGGATCGGATCCTATGCCAATCTAT
TGCCAAACGCCCGCATAGTTGCCCACCAAAGTCGCCGGCAGTGGTCCTCCTGCAGCGAAGAGGCGCATCCTAGTGCTGTCATAGCAGTGGGTGTA
GATGGCGGGCACATACTTCACCTGCTGGAAGCCATCCATCTCATCCTCCGGATACTGAAATGTACAAAACAGTTAGGTGAATTGGTGTATTTTGT
GGAACTGTAAC
(SEQ ID NO: 1390)

Exon: 1001..1030
Exon: 1093..4329
Exon: 4393..4521
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT11878
ATGGAAGCCGCATCACCGAGGGAAACCCAGAAGAACCCGAATCCGATCGAGGCGCTGAGCAAAGATGAAATCATCAGCAAATACAAAGGCCTGCT
CAACATCGCTAAAAAGGCGAAACAGGCAAAAGATGGTAAGTTTGATGGAGAGTTTCAGGGAATCTTCCAGAATAATGCAAGCCACTCTCTTTCAG
AACTCACCGAGGAAAATCACCGACTCAAGGATGCCCTTAAACGGGCGGCGGAGAAGCAGAGCAGCCTGCCAGCCATGCAGGAAATGGTCCAGGAC
TTCACCGATAAGAACCTCATCCTCACCGAGGAAGTGAATAATCTGAAACGAAAGACCAAAGAGGATGCCGATCGACTGACGCAATTCGAGATCGA
GAACGAGAGCCTAAAGCGCCAACTTGGGCGACTGAGTGATGAAAACGATGCCCTCCTTGCCAATGTGGATCGCATGGAAAAGGCTATGCAACAGG
TCAATGCTCTGGGTAACGAGCAGCGCAAGAATCTGGAACTTTTGGAAGTGGACATTGCCAAAATTAAGGAAGCGGAGGCGGAAAACGCTAGTCTT
CGCCAGCAAGTCGCCACGATGGAAGAAGAGTCGAGTGTGCTGCAGCAAAAGTACCAAAACATCAAGGAACTTAACTCTGAGCAACGCAAGAAGTT
TAATTCTCTAAAGGACCGCTTCATTGATGTACACCGCAAGTTGAAGAACCTCAAGGAGTGCAAGTGCGTGCTGCTGGAAACGCAGCACGAGTACG
CCGCATCCGTTTCCAAATGGCAGGTGGAGATTATCAAAGCTTCGCAACTGTTGTGCGCAAAGATGGCATCCCTGCAGGCCGAGAATGAAAAACTG
AAGCTGAACAATGGAAAGTCAGACAATAATCCTCAAACAATTGACACTGGAATTGACCGCAAGCGCTTGCTGCAAAGAGTTCAGGAAATGGATCG
GCTAGCCAAAATAGTGAAGCAGAAGCAAAAGAACCAAAGGAGCAATTTGAATGTGGAGTACCTACTTAAGAAGATAACCGCTCTCGAAGAGCTTG
CAGTCATTATAAAGCAGCAGCATAGAATTGACAAGGAACAATTGATAAGTGTAACGAAGGAGCAGGAAAACACCAAAAATCACGCCAGGAACCTT
AATGTAAGCTTATTCCAGACCAAGCTTGATCAAATGCAAAATCTGGTCAAAGTCATTGCAAAGGAGCGTGATAATCAGCAGAGGAAGTTGCAGGA
GTTGGAAGCCATCTGCATAGAACTGCGCCAACACAACGAGGATTTGCTTACGCGATACCACCTCAAGGAGCAAGAGCATGGAGAGTTGCTAACGG
AGATGCGGGAACTGAACGAGGCGCTCAAAGGACGCGGTGATGCCATTTCACGCCTTCAAGAACAGCACGAAGCGGAGGTCAAGCGACAACGAGAC
TTGGAGGCTCAACTATCTAATAGTCAGCAGGCGGCGCAGGAGAAGTTACAGAAGATCAAACAACTCCAGAGCCGTGTTGAGGAATTGGAGCAGGC
GAATGCTGATGCCCAGAGTGATGTTCTGTCGACATCCACAATATCACGAGCCGAAGAACTAAGCCGCCTGCGTGAACTGGACGAAGGCTACGAGG
AGAAGTACCATAAGCTCAGAGCCATAGCTGCCAAGCTGAAAAAGAAACTGCAGGAGCAGACGCAGCAGCTGAATGAAATGGAACAGAGCGGTGCC
CTAAAGGAGGAGTTGGAGGCAATCAAGTTGGCACAGGCCCAACTGCAACAGGATTTAAATGCAGCTCGAGCTGAAAACCAGAAGCTAAAGTCCAA
GGAGAAAGTAAAGCACTCCAGTGTCCTTAATTTGGAAATTGAAGCAGCTGAAAAATCCCTGAGCGAAGTTAGTGCGAAGCTGACAGCTAAGTCTA
GCGAACTAGAAGCCGTTAAGGAATCACTGGCCAGCAAGGAAAACACCATCGTCCAGCTGCGCAAGGAGATCGCTATCCTAGAGGAGGCCAAAAAC
GGCGAAGCGGCCCACTCCCTAGAACTTAAGGAGCAGATTGATCGCATGCAGGTCCAGGTCAAAGACGCAGTTCACAGCAAGCAACAGGCGCTCAC
TCAGAACAAGGATTTGGAACATGGCGTTGAACAGGCCAAGCTCGAGGCGGAGCAATTGCGTCTCCAGCTGTCGGAGAGCGCCCAACAATACGAAT
CGAAGCTAAACACGGCCACCCAACAACTACTAAGCCAAACCCAGGAGCTGGAAATGCACCTGGCAGAGCAAAAGCGATTGGAGACGGCGCTTCGA
AATGCGGAACGAGCTCTGGAGGACCTGCGAGTAGAGTACACCGAATACAAGTTGAAGGCACAGTCTGTGCTGCGCAAAAACCAAAATAAGGGCTC
CAACCGCGAACAGGAGTTGGAAGAAGAGTTGGTTGCGCTTCGAGAGAGTGAACGCAATCTGCGCGCCAGCAACGATGGAAGAGCTGCCCGCCTGG

CCCAGTTGGATAGTCAAATAGAGGAATTGCGACAGGATAACACTGATCTGCAAAAGCGTAGCAAAGAGCTCGTCTCTCTAGTTGACGAACTGCGT
CAGCAAAACGACCTGCTGTCGCTAGAAAACCAACGCCAGTTGCAATTCCAACACGACCTGATGCAGCAGCATCGCCAGCAAGTTGATGAGCTGGA
CGCCGGGCACCAGTTGCAATTAACGCAGGTGCAGGAGCAACTGGAGGAAGCGCAAAAGATGCAAGCAAACGTCTCTCAGCATACCACTGCATCCG
CCGCGAGCGTGGACACCAGTCCAGAGCAGGCAAAGATCGATTACTTGCTTATGGACCACGAAACAGGCTTGGATGGCCACGCTGGAGACGTCTCT
CTGGCCCAACTGGCTGCTCAGCGAAAGATATCTACTGCCTCGAGACGTTCCCACGACTTCATGCCGCTTGACGAGCTGCTCAACACATCAATGAA
CCAAATAACCAGCGATACCGTGACTACCATCTCTAATTTCGGACGCAGCGTTTCGCAGCAGGAGGACGAGGAAGCGGAAATGGCCGCACGGGGAG
ACTTTTCCGTCCAAAGTGCCCAGCTTCAGGCCACAAAAGAACGCCTAAGCATCCAGGAAAGTCGTGTCAAGCACTTGACTGCCCTGTTGGCCGAA
AACGAACAGGATTTGGCTAAACTGACCCAAATGAACGACATGCTCAAGGAAGAATTGCGCCGCCAAGAGCGCTCCGAGGAACGTGAACAACACAT
GCACAACTCCGAGTACTTGAAGAACGTCTTCTTAAAGTTCCTTACGTTAAACAATGTCGATGAGCGGCAGCGCTTGGTTCCCGTGCTAAATACCA
TTCTCCGCCTGAGTCGCAACGAAATGGAAATGCTGAACTGTGTGGCCAAGGGACAGAAAGGTAACTACTAG
(SEQ ID NO: 1391)

Start ATG: 1

MEAASPRETQKNPNPIEALSKDEIISKYKGLLNIAKKAKQAKDGKFDGEFQGIFQNNASHSLSELTEENHRLKDALKRAAEKQSSLPAMQEMVQD
FTDKNLILTEEVNNLKRKTKEDADRLTQFEIENESLKRQLGRLSDENDALLANVDRMEKAMQQVNALGNEQRKNLELLEVDIAKIKEAEAENASL
RQQVATMEEESSVLQQKYQNIKELNSEQRKKFNSLKDRFIDVHRKLKNLKECKCVLLETQHEYAASVSKWQVEIIKASQLLCAKMASLQAENEKL
KLNNGKSDNNPQTIDTGIDRKRLLQRVQEMDRLAKIVKQKQKNQRSNLNVEYLLKKITALEELAVIIKQQHRIDKEQLISVTKEQENTKNHARNL
NVSLFQTKLDQMQNLVKVIAKERDNQQRKLQELEAICIELRQHNEDLLTRYHLKEQEHGELLTEMRELNEALKGRGDAISRLQEQHEAEVKRQRD
LEAQLSNSQQAAQEKLQKIKQLQSRVEELEQANADAQSDVLSTSTISRAEELSRLRELDEGYEEKYHKLRAIAAKLKKKLQEQTQQLNEMEQSGA
LKEELEAIKLAQAQLQQDLNAARAENQKLKSKEKVKHSSVLNLEIEAAEKSLSEVSAKLTAKSSELEAVKESLASKENTIVQLRKEIAILEEAKN
GEAAHSLELKEQIDRMQVQVKDAVHSKQQALTQNKDLEHGVEQAKLEAEQLRLQLSESAQQYESKLNTATQQLLSQTQELEMHLAEQKRLETALR
NAERALEDLRVEYTEYKLKAQSVLRKNQNKGSNREQELEEELVALRESERNLRASNDGRAARLAQLDSQIEELRQDNTDLQKRSKELVSLVDELR
QQNDLLSLENQRQLQFQHDLMQQHRQQVDELDAGHQLQLTQVQEQLEEAQKMQANVSQHTTASAASVDTSPEQAKIDYLLMDHETGLDGHAGDVS
LAQLAAQRKISTASRRSHDFMPLDELLNTSMNQITSDTVTTISNFGRSVSQQEDEEAEMAARGDFSVQSAQLQATKERLSIQESRVKHLTALLAE
NEQDLAKLTQMNDMLKEELRRQERSEEREQHMHNSEYLKNVFLKFLTLNNVDERQRLVPVLNTILRLSRNEMEMLNCVAKGQKGNY*
(SEQ ID NO: 1392)

Celera Sequence No. : 142000013384367
CAGATCTTTCGTTTAAACTTACGTGAATTAGGTTTAAAAATGCTCCAATTAATCGATGTCAGTGCTTTTATCACGAGTTTTGGCTTATTAAGTTC
GGGCTCAAGCCGCTCGTTGCTTCCGTGCACGCGGCAGTTGTTGGCGTGGACGCCGGAGTTGCTGCTATTACAAGTGTTTAGCAACTTTGAACACT
GCGATTTCGTGCTGCTGCCAACAAGTGATGCAGTTGTAAATGAATGTTGCAATTTCAAATAGCAATTGTTCTTGATTTTAAAGCACATGAGCACT
AGACTGATTCGAATTGGACATTTGAATCTTTAACGGGCGGAGAATATAAAACACCGGCAAAATAAATAAAGAAAGGAGCCACAACAAACGGAAAG
CCAGAGGCGTAGTCATTCTCTTCGCAAATCAGCGGGGGTTACCATTCGAGCAGCATACAACCCTCTCTGAGAGAGAATTGACATGCCACTGGATC
TCACACATACAATGAAAGGCACACTCACTCAAAGTAGACAGCACTGCCAGACTTAATGCAATAGTATAGCAGTTGGTGTTGGCAGTGCCATTTGA
TCGCTGGAGGTGCTGCCAACGCATTTACCAATTAATTAATGACCACCCCTAAATGTTGTAAATTATAAAAATTATTCAAGAATATTACGATTTTG
GTTAAATTAATGTACAAAATAAAATATTTCATATTTGTATTGGCTGTCAAATGAAGTTATTTTATTTTAAGATAAATGCTAACAAATCTTAGAGA
AACTGGAAAACAAGGTTGAGCGGTTTTGAGAATTATGAACAACGCGTAAAAAACATTATTTATAAACGTAAAAAAATATTATAGTCTAGCCCGAC
AGGTAAAAAATAAATTTATCCGGGGCCACCTTGGTCAACCCTCGTCAACGACCGTTCGGCCTGCCAACTCGCTTTTCCCTGCAACGCAAGGCGCC
GCTCTCTGCTCACACTCTCACTTGGCTGTGTGTGTGTGCTCAATACTCGCTTTTAGTTTTCGCTGCAGTCGGTCGCCGTTTTTAGTCTCAGCTGC
TGCGCGCGTGTGTTGTGATTGTGTGAATTGCGTTTGCGTTTGTAGCATAACACAAAACCGATAAATTCCTGGCGAAGCGAGCTCTCTCGATTGGA
TTCTTGCAAAGTGAACTAGCGATGAGCGCCGCCTCTGAGGTGAACCTGATGTTGCTGCGGTCAGTGGAGAAGCAGACTGCGCTTTATGATCGTAC
CGACGAAAACTATAGGAAGCGCCTGCCGAGTGAGAACGCCTGGGACATGGTTGCCTCCGAAGTTGGAGAGTCGGGTGAGTCGTGAGTGCGAGCGG
GATAGCAATCGACGTTGCGTAGTTTTCTGCCAGTGCTGCACAGCGTCAACGCGCGCACAACAGTCAGTCGTCCCCGAATTATCGGCCGTCGATAG
TTGTGTGCGAGTTGGCAGCGCCATGTATGCCATCACAAAGCAGCTGGCATCGATTAATTCGAATATAACGAGTCTCCTGTTGAATGCGTAGTCGT
TTGGGATGAAATTGCTTCTTGCTGTGACATAATTTTTGTAAATAGCTGGAAAGTAATTTATATTAGTTATTTGGCAACTGCAATAATTGCATGGT
AAAAACTAAACAAAGTTATTTCGTTTGTTGTTATTATTATTTTTTTAATTTAACATTTTATAATTTATAATTCTCCAACAAGCTTGTTATTTCAT
ATTAAAAAAATGTCTTATTTGAATATTACATTATTTTAGAAGGATTTAAAAATAAATAAATTAAATACAGAAAAACCAAAATATGACAAATAATA
ATATCTAGTCTATTCAGTAGCCAAATCCATTTCATTTAATTCTTATTAGCTTTATAAATTTTTTTTAAATGATTTGAATCCTTCTGCACGTTTTG
GTAACACTGGTAACACTAATCGCCCATTAGCTGAGTAAAATTTAACCTTAGAAAATTGGTATATTGTATTATATTGGTATATTATGAGTGGGTAG
TTCCATTTATCCATGCATCTCTGATTTTGTTGTCGGTGTATATCGATTGACCCATATATATTTCCCTGGAAAGATCTTTTGGCCAAACTTTTCGA
GCAGTACAATATAAGTTGGCTCTTTTTCATTTGAGAACTGAAAAAATATTGCCAATGATGGGGGACTTCTTATTCGAGAATTCTTGCTGTAAGTT
TTATTTATATATCGCAAAAGAAAGAAAAATCCTTTTTAGTGTACATATGTACATACACACGTGCATGTACATATTTAAGTATGATTCTCAATTTG
ATTGCGATTATTTCCACGTGGTTTCTGACACCTTTTACTAAACTTTACACGATTCCTTAACACAACTATTTTTTAAGTAATGTGTTTGGATATCA
GATAAAGGGTGTTTCAGCAATGTCTACAGGTTTTGTTAACTAACAAATTAAAACGTATCTTAGAAGTTTGGGCGTCGGAAACCTGCACGCCTTAT
AAATATGTATGATATGTACATCCATGTACGTTCCCATGTATGTCGGAAATCTGCATATATATATATTTTATATAAATATATATGGTCATGTA
TGGTCATGCAGATAAATGGACGCTTCTAATTTGTATACCCCTTACTCGTAGATTTAAAGGGTATACGTTGGAAGGGATTCGTTGCAAAGTATGTA
TGCAACTGGTATGAAGGTCGATCTCAGGAACTATAGAAACAAAAAGGTTCAAATTAAACATATAGATTAAAGGGACTTAGACGCAGCGAAAGTTT
GTTTTTTCATAATTTTTAATTAGTTTTGTAAATTTATATTGACTTTTTGAACAGTTTTTTTAAAATTTTCTCATTTGACTCCCCAATATCTATCT
ATATGCCATATCTATATGCATTATAAAGCTTCCCACTTCCATTATTCATTCTCTTATTATTTGTTTTTGTGGTGATTTATTGCACTGTAAATTAA
TTTTTTGCAAAAATGCTTTGTCTTAAAAATATAAAGTAATTTCCTACAATTTTTCTTGTATATGTTATAGCTGATATTATTTTATCACTTTAAAA
AATTGTTATGTTTGGCTAGAAAAAAGCTTATTTTTTATGACCCGATTTTTATTTGAACTATCCTTATGCAAGGACAAGAATTGAAATGGCACCGA
ACACAAAATTTCATGTGTCAGTTTTGTCAGATTTTGGCCGCGGTAATTGGAAAATAACCTTCCGCAGCGTAGTTAGTTACATACTGTTACAAACCA
TATTAATCGGCGAGTATAAAGGCAGATAACTAAGAAGCAGTTTTGGCACGTAGAAGCTAAGAATTTCTTGTCTATTACTCCAAATCAATTTTGCC
ACTTCCTCCAATGGAAAGAGCCATACGAATTTGATCAATTAAAAAATAATATGGAAATATCTAATACCGAAGACCATATTTAGACCATTAAGACC
ATTAATTAGCTAATCATTTTCCGACTGTTGGTATTGAAAATATAGTTTTTCGATTTTAATAAATGTAATCCAAAATTTATATATATTTCCAAGAT
CTAGTGTATTCTTATTAAAAACAAGTAATGTGCCATCCGGGTTGTAGGACCCGTGATTCAGGGTTCGCGGTGCGTACTGGATGCCCCGATTTTGT
GACTAGCAGTTACACACTGCAGTGCTTTTATTTTTATTTTTAAAAATTTACATACATGTATAGCTTAATTATTAAATACTGCTACCTTCAGGCAG
CTAAAAAATTATATATAAACTGCAGTGCATGTACTCGCCACCGAATACTCATTTATACTCATTTAGATATTCATACATAGCATACTTTCAAGCGA

AACTTGCATTTACGGAACCATGTACAATGTTGGTTTTTTGAAATTAAAAATAATTTAACTAGTGTCTCTTCCCATTATTAATAAGCATTCCTGAG
CTCTTATTACCTGTTCATGTAAAATGCACACAAAGTTTTATGAGCTAAGATTAAAGTGGAATTTTCCGGGCAATCAGGGGGTGTTATGCTATTGA
GAAGTAAAGGTTGGGCCGCTACCTGTTGCCTGATATATATTACGTATCATATCTTCTTACCTAGCCTTATCATTTCCCTCTTGTTCCCTCTTGCA
GTGGAAAAATGCAAGCGACGCTGGCGTCAGCTGCGAAATGACTATACCCGCTGGTGCAACGCCGACGCCAACCGGCGACGAAATGGCCAGCGTCG
TTTGGCTTATCCGCTGGCCGATGAGCTGCGCTTTTTGGACCGCCATCTAAACATAGCTGACGACATGGCTGCCGACGATGACCGCAGCGTATCAT
CGGACAAGGACAGGGATAACAATAGAGACAGCGAGGGCGTGGATCATCATGCTCAGGCGTCATTAAAAGAACGCGCATCATCGACAAGCAAGTTA
GTTAAGGAGGTCAAGCTGGCAAGTCAAGTTCGTAAGGAAAAATCGTCCCAAGACAAGAGAGAAAATTGGGAAAATCCTGGAGATAAACAGCGATC
TAGGAAGAAAAGTGCTGAAGAGAAGCTGAATGATTTGGAGGAATCGGACGAACCAGAGAAGGTTCCTGAACTCGATAGTTTTCTGCAGTCTGATA
ATGAAGACGACGAGTGCATGGACGAGGAGCACCTAGAAGATCTGGAAGGTTTCGATTTTGACTTGGAACAATCGAATCAGGAAAAGGAGTTAACG
CCGGAGAAGTCTCTAGAGAAGAATAACACCGACTCAACTGTTAGCCAGCCGGAGTTCTTTGTCAAGCAAACCAGAGATCCTCGTTTGCTAATTAT
TGGCAGAAAGAATTCGACGTCTTCGTTTGCTGAATCCAAGGCTTCAAAATCTATTTCCGGGGATCCTCTGGAAACGGCTATGGAAGATAGTGGCG
ATGAATATGGTAGGGATGGTGAAAAACGCGTCACAGGCAGCGACACTACTTCTCCAACCCGACGTCCACGTCGCGCAGCCCGTGCATCAATAAGT
TTCGCTGGCATAAGGGATTTACCGATCCAGAAACCAGGCCAAGCACAACGAATGACGCGATTGCAGCGCAGGAAATCTATGAGTTTAGCGGCTGT
ACACAGTGTAAGGAGCTCCACATCGCCTGTGAAAATGACTCCAGTCCCCAGGTCTCAGCCGATCAACAAGCCGCCATCCGGGCCAGTCCAGATCA
CGAAAATCAGTCATCGGGATGACATCTTCCCGAGACCTGCGGTGCCATCTGGAGTTGTGAATATAAATCAAAACCAACTCAAGACTCAACAACAG
CAGAAGACGCTGATCTTTCCGACGACCGATGAAGCGATCGCTAACCCGCAGGGATCTGGTCCACCACAAAGGAGGTCCGTGGGTAGGCCGCCCAA
GAAGCTACCTATGGTGCAGCGAATAGTTGCGCCGGAAACGCAGACCAAGCCACAGTCGCCCATAAACACCAAAGTCCTGACCATTGGCAAGCCCA
CCAGCTCCGTCGCGAGTGGTAACATAAATAATATTGCTATCAAAAGCAACGTCGTTACTAGCATAAGCAGCAGCACCGCTACTACTAATACCATT
ACCAAAGGTACCAGTAACAACAGCATCAAAACTACTGAAAACGTTAATGTAATAAGCTACAGTCCGAATTCATCTAGCACCAGCAGCAGCAGCAA
GGCCACCACTGGTGCCTCTGGTGCGGTGATAACTAATATACCCACAACCACCACAGCTGGAACATCCGTTCCGGTCGGAAAGAGTATAACCCAAT
TGAAAATGACTGAGCGAGGCACTCAAACCGGAGTCCAGAATCCTTTCTCCGATAATTACTTTCTCGAAATGATCAAGCCCCAGATGCAGGAAATG
AACCCCCGTCAGAAGATGCACTTTAAGAAGAAAGTATTCCAAGCGCTGATGGAAACCTTTGATGATGCTACCGATTTCCCAACGTCTAAAGAACT
GCAGCATTTTAATATAAACACTCCTTCAGGATTTGAGCACATTACAGATCCGGAACTTCGATTGGTCAGGGAGCTAGTCAGCATGGTGAGCGCGG
CTAAGGTTACCCTAATTAGACCGCCAGGAGAAGCTACAGCTATAGCTACAGCTTCCCGCAGTGGAATTGCTCCTGAGGTACAGCGAGGACCCCGA
ACAAATATGACACGCCAAGTCATTCAGAGGGTATACAAGCCAGGCACTGGACAAGAGATCGCCCCCACCAGCCCGGCGGGTGGACTAGATAAGAG
GTTGTTCAGGTTAGCGGCTATGGGTGGTAAACCGAATGGCAACTTGAGTGCCACTCAGGAAATTTTGCGCAAGGATAGTGTTGACAGTAACCATA
GTGTGGTCAAGGTGGCCAACCACGCCCCAACAGGCAGTCCCAAAGGAGCTGCTGTAGTGGCTGCTATAAGGCCGCAGGGTTCATTGATCAACAGT
TTCTTTGGACAAGGCAATGGACCGACGACGGCCAAGGGAGCTGCCTCCGAGAATATCCGCGCCATGTCCAGGAGGTATTCCGTGTGCGGTAGCAG
CAATCCACCCAATGCCCAAAACGCTAGCCAAGGTTCCGCCAATGGCAGCACCATAAACTCCAATGCTAGCGCTATGGAAGCGTCTATGCTTAAGC
GGCGATTGATAGCAGCTGGGCATGGAATGGTGCCACCTACCCAACGCCCTCGGTATTCTGCCGTAGGTGCTAGTCAAATGACCACTGCATCGCAA
GGCAGCAGTTTACTAGTGAGGAAGTCTGTGGGCTGCGTTCCTGCTTACCAAAAGCAAATCTCACCCACTGGCGGTGCCTCCCTGCTTCAGAAAAC
TCCGCAGATTGCCAGTGTGCAAGGATCTGCCTTCAATGACTTTGCCCAGCCCAAGCCCGCTGCAACGGCCTCTGTAAACGGCGAAGAAAGTTCGC
CTACCTCGGCGCTGAAGCGCAGCTTGGTGGTGGCTAATACCAAAACCTCCTTTCAGGACCTTCTTCAGCAGGCCAGTCAGACGGTGCAGAGAAAT
AAAATTGAATCCTCGGAGACAGCAGCCACTATTGCTGCGGATGATTTTTCGCTGGACAACCTTAAGCGAGAGCCAGTGGATCCCGCGGAGGATCA
CAATGACATACTCGGTGTTTAAGACCAGGCCAAAGAAATTTCCGAGTATTGATTAAAGAGTAAAGAATTAAGACAGATTCATTAAATCGTAAATA
ACACGTTGAAAAATTGTTAAGCTATCTAATGCACTTATAATGTTGCGTTAAACATTTTTTATAGTTCCCTATAATTTTAAGAATTTCGAATTTTT
TTTTTTTGGAAAAAGTTTTTAACTTTTCTATTTTGTTCATAATTTTTTAGACGATAGAAAACCGACAGTTTTGTTCAAAATTTGCACAAGAAAA
ATGATTAATGAGAAATCGAATCTTAACTTTATTTCACATTTTCTAGTTATATATATCGAATAAAAATTGCCCTTATAAGTTAAACAAAAAGGACA
ACTGAAAAAATATTTAAATATGTTTTTATGGAAATATATTTCTATACATAGTTAGGTCAAAGTCACTAGAATATTATTCTAATGTCTTTGGTTAG
GTAGTGAAATATATTGCAGTACATTTATGCGAAACAACCATCACGAAAATTTGAAAATTAGTTTGGTTGGTGAACCAAACTGGAGGGTGGGTGCT
CCAGACGTTGTTCTAGCAGAGACATAAGTAAAATTATGAAAATTAATTAATTCTAATAATTATGACAATATCTTTGGTTCGGGTACCGATTCTGG
AGTATTTCCAAAGCTTCAGAGTATTTAGATACTGATCAATAATATTAAATTGTTTTTATCAATACATCAGTGAGTCGGTGGAATTAACAGTTCCA
AAGCACACAAACTGATGCAATTACCACTATCAGGATATATACGTGGACCTAACTACGAAGTAACACATCATCGATAACAGAAGATTAGATATGAA
AACGCTGACGCAGCTAAGAAAAGCCTAAACATAACAATTCAGTAATAACATAAAACCTTCTTGTATTTATAAATAGAATAAAAAAATAAATTTGC
AAATTTGATCAAACGTAATTCCAACGTTATTGAAATACTTCCCGTTTTGGGTGAACCACCGGTAAAGATTTACAAGGTACCAGTACCATTCAATA
TGCTGTTCTTTTTGCACATTTGGCTGGGAATCTAATCTGGAGAGGTCTACCGCGAATGGGCCGTAAATAAGGGAGTCAGTGCCCAGATAAGGCAG
CTATATAACCTCTCTTCAAGTGGCCGCGAGGTTCAGTCGAATTCGAGACATCACCATGAAACTCTTTGCCATTTGTGCCCTCCTCATCCTTCCGC
TGGTAAGCGGTGGAATCGTGCCACGCACACCTACTAGGCACTTTGTGGCCTACGAGATCCATTCTACCCATAATCTCCCCCAGATGGAAGGTAAG
AGACAGTATTAGTTATACCAGATGGTACAATTCGCTGGATGGATTACGCTTAGC
(SEQ ID NO: 1393)

Exon: 1001..1309
Exon: 4087..7414
Start ATG: 1162

Transcript No. : CT12739
TTTTAGTTTTCGCTGCAGTCGGTCGCCGTTTTTAGTCTCAGCTGCTGCGCGCGTGTGTTGTGATTGTGTGAATTGCGTTTGCGTTTGTAGCATAA
CACAAAACCGATAAATTCCTGGCGAAGCGAGCTCTCTCGATTGGATTCTTGCAAAGTGAACTAGCGATGAGCGCCGCCTCTGAGGTGAACCTGAT
GTTGCTGCGGTCAGTGGAGAAGCAGACTGCGCTTTATGATCGTACCGACGAAAACTATAGGAAGCGCCTGCCGAGTGAGAACGCCTGGGACATGG
TTGCCTCCGAAGTTGGAGAGTCGGTGGAAAAATGCAAGCGACGCTGGCGTCAGCTGCGAAATGACTATACCCGCTGGTGCAACGCCGACGCCAAC
CGGCGACGAAATGGCCAGCGTCGTTTGGCTTATCCGCTGGCCGATGAGCTGCGCTTTTTGGACCGCCATCTAAACATAGCTGACGACATGGCTGC
CGACGATGACCGCAGCGTATCATCGGACAAGGACAGGGATAACAATAGAGACAGCGAGGGCGTGGATCATCATGCTCAGGCGTCATTAAAAGAAC
GCGCATCATCGACAAGCAAGTTAGTTAAGGAGGTCAAGCTGGCAAGTCAAGTTCGTAAGGAAAAATCGTCCCAAGACAAGAGAGAAAATTGGGAA
AATCCTGGAGATAAACAGCGATCTAGGAAGAAAAGTGCTGAAGAGAAGCTGAATGATTTGGAGGAATCGGACGAACCAGAGAAGGTTCCTGAACT
CGATAGTTTTCTGCAGTCTGATAATGAAGACGACGAGTGCATGGACGAGGAGCACCTAGAAGATCTGGAAGGTTTCGATTTTGACTTGGAACAAT
CGAATCAGGAAAAGGAGTTAACGCCGGAGAAGTCTCTAGAGAAGAATAACACCGACTCAACTGTTAGCCAGCCGGAGTTCTTTGTCAAGCAAACC
AGAGATCCTCGTTTGCTAATTATTGGCAGAAAGAATTCGACGTCTTCGTTTGCTGAATCCAAGGCTTCAAAATCTATTTCCGGGGATCCTCTGGA
AACGGCTATGGAAGATAGTGGCGATGAATATGGTAGGGATGGTGAAAAACGCGTCACAGGCAGCGACACTACTTCTCCAACCCGACGTCCACGTC
GCGCAGCCCGTGCATCAATAAGTTTCGCTGGCATAAGGGATTTACCGATCCAGAAACCAGGCCAAGCACAACGAATGACGCGATTGCAGCGCAGG
AAATCTATGAGTTTAGCGGCTGTACACAGTGTAAGGAGCTCCACATCGCCTGTGAAAATGACTCCAGTCCCCAGGTCTCAGCCGATCAACAAGCC
GCCATCCGGGCCAGTCCAGATCACGAAAATCAGTCATCGGGATGACATCTTCCCGAGACCTGCGGTGCCATCTGGAGTTGTGAATATAAATCAAA

ACCAACTCAAGACTCAACAACAGCAGAAGACGCTGATCTTTCCGACGACCGATGAAGCGATCGCTAACCCGCAGGGATCTGGTCCACCACAAAGG
AGGTCCGTGGGTAGGCCGCCCAAGAAGCTACCTATGGTGCAGCGAATAGTTGCGCCGGAAACGCAGACCAAGCCACAGTCGCCCATAAACACCAA
AGTCCTGACCATTGGCAAGCCCACCAGCTCCGTCGCGAGTGGTAACATAAATAATATTGCTATCAAAAGCAACGTCGTTACTAGCATAAGCAGCA
GCACCGCTACTACTAATACCATTACCAAAGGTACCAGTAACAACAGCATCAAAACTACTGAAAACGTTAATGTAATAAGCTACAGTCCGAATTCA
TCTAGCACCAGCAGCAGCAGCAAGGCCACCACTGGTGCCTCTGGTGCGGTGATAACTAATATACCCACAACCACCACAGCTGGAACATCCGTTCC
GGTCGGAAAGAGTATAACCCAATTGAAAATGACTGAGCGAGGCACTCAAACCGGAGTCCAGAATCCTTTCTCCGATAATTACTTTCTCGAAATGA
TCAAGCCCCAGATGCAGGAAATGAACCCCCGTCAGAAGATGCACTTTAAGAAGAAAGTATTCCAAGCGCTGATGGAAACCTTTGATGATGCTACC
GATTTCCCAACGTCTAAAGAACTGCAGCATTTTAATATAAACACTCCTTCAGGATTTGAGCACATTACAGATCCGGAACTTCGATTGGTCAGGGA
GCTAGTCAGCATGGTGAGCGCGGCTAAGGTTACCCTAATTAGACCGCCAGGAGAAGCTACAGCTATAGCTACAGCTTCCCGCAGTGGAATTGCTC
CTGAGGTACAGCGAGGACCCCGAACAAATATGACACGCCAAGTCATTCAGAGGGTATACAAGCCAGGCACTGGACAAGAGATCGCCCCCACCAGC
CCGGCGGGTGGACTAGATAAGAGGTTGTTCAGGTTAGCGGCTATGGGTGGTAAACCGAATGGCAACTTGAGTGCCACTCAGGAAATTTTGCGCAA
GGATAGTGTTGACAGTAACCATAGTGTGGTCAAGGTGGCCAACCACGCCCCAACAGGCAGTCCCAAAGGAGCTGCTGTAGTGGCTGCTATAAGGC
CGCAGGGTTCATTGATCAACAGTTTCTTTGGACAAGGCAATGGACCGACGACGGCCAAGGGAGCTGCCTCCGAGAATATCCGCGCCATGTCCAGG
AGGTATTCCGTGTGCGGTAGCAGCAATCCACCCAATGCCCAAAACGCTAGCCAAGGTTCCGCCAATGGCAGCACCATAAACTCCAATGCTAGCGC
TATGGAAGCGTCTATGCTTAAGCGGCGATTGATAGCAGCTGGGCATGGAATGGTGCCACCTACCCAACGCCCTCGGTATTCTGCCGTAGGTGCTA
GTCAAATGACCACTGCATCGCAAGGCAGCAGTTTACTAGTGAGGAAGTCTGTGGGCTGCGTTCCTGCTTACCAAAAGCAAATCTCACCCACTGGC
GGTGCCTCCCTGCTTCAGAAAACTCCGCAGATTGCCAGTGTGCAAGGATCTGCCTTCAATGACTTTGCCCAGCCCAAGCCCGCTGCAACGGCCTC
TGTAAACGGCGAAGAAAGTTCGCCTACCTCGGCGCTGAAGCGCAGCTTGGTGGTGGCTAATACCAAAACCTCCTTTCAGGACCTTCTTCAGCAGG
CCAGTCAGACGGTGCAGAGAAATAAAATTGAATCCTCGGAGACAGCAGCCACTATTGCTGCGGATGATTTTTCGCTGGACAACCTTAAGCGAGAG
CCAGTGGATCCCGCGGAGGATCACAATGACATACTCGGTGTTTAAGACCAGGCCAAAGAAATTTCCGAGTATTGATTAAAGAGTAAAGAATTAAG
ACAGATTCATTAAATCGTAAATAACACGTTGAAAAATTGTTAAGCTATCTAATGCACTTATAATGTTGCGTTAAACATTTTTTATAGTTCCCTAT
AATTTTAAGAATTTCGAATTTTTTTTTTTTTTGGAAAAAGTTTTTAACTTTTTCTATTTTGTTCATAATTTTTTAGACGATAGAAAACCGACAGTTT
TGTTCAAAATTTGCACAAGAAAAATGATTAATGAGAAATCGAATCTTAACTTTATTTCACATTTTCTAGTTATATATATCGAATAAAAATTGCCC
TTATAAGTTAAACAAAAAGGACAACTG
(SEQ ID NO: 1394)

Start ATG: 162

MSAASEVNLMLLRSVEKQTALYDRTDENYRKRLPSENAWDMVASEVGESVEKCKRRWRQLRNDYTRWCNADANRRRNGQRRLAYPLADELRFLDR
HLNIADDMAADDDRSVSSDKDRDNNRDSEGVDHHAQASLKERASSTSKLVKEVKLASQVRKEKSSQDKRENWENPGDKQRSRKKSAEEKLNDLEE
SDEPEKVPELDSFLQSDNEDDECMDEEHLEDLEGFDFDLEQSNQEKELTPEKSLEKNNTDSTVSQPEFFVKQTRDPRLLIIGRKNSTSSFAESKA
SKSISGDPLETAMEDSGDEYGRDGEKRVTGSDTTSPTRRPRRAARASISFAGIRDLPIQKPGQAQRMTRLQRRKSMSLAAVHSVRSSTSPVKMTP
VPRSQPINKPPSGPVQITKISHRDDIFPRPAVPSGVVNINQNQLKTQQQQKTLIFPTTDEAIANPQGSGPPQRRSVGRPPKKLPMVQRIVAPETQ
TKPQSPINTKVLTIGKPTSSVASGNINNIAIKSNVVTSISSSTATTNTITKGTSNNSIKTTENVNVISYSPNSSSTSSSSKATTGASGAVITNIP
TTTTAGTSVPVGKSITQLKMTERGTQTGVQNPFSDNYFLEMIKPQMQEMNPRQKMHFKKKVFQALMETFDDATDFPTSKELQHFNINTPSGFEHI
TDPELRLVRELVSMVSAAKVTLIRPPGEATAIATASRSGIAPEVQRGPRTNMTRQVIQRVYKPGTGQEIAPTSPAGGLDKRLFRLAAMGGKPNGN
LSATQEILRKDSVDSNHSVVKVANHAPTGSPKGAAVVAAIRPQGSLINSFFGQGNGPTTAKGAASENIRAMSRRYSVCGSSNPPNAQNASQGSAN
GSTINSNASAMEASMLKRRLIAAGHGMVPPTQRPRYSAVGASQMTTASQGSSLLVRKSVGCVPAYQKQISPTGGASLLQKTPQIASVQGSAFNDF
AQPKPAATASVNGEESSPTSALKRSLVVANTKTSFQDLLQQASQTVQRNKIESSETAATIAADDFSLDNLKREPVDPAEDHNDILGV*
(SEQ ID NO: 1395)

Name: stonewall
Classification: transcription_factor
Gene Symbol: stwl
FlyBase ID: FBgn0003459

Celera Sequence No. : 142000013384367
TAAGGTTAATTTGTCATCCTTCCTTTAAAGCGATTATTAATGAAGGTTGTGTTTCTTAACCAGGTGGTGCCGCCCAGAAGACCAACCAGGTGCGC
AATGGCGACGAAATCCTTAGCATCAATGGTGCCTCCACGTCGCGGATGACACGTGTGGATGCCTGGAACTATATGAAGCAACTGCCGCTGGGACC
GGTCAAGATTTGTTTCGCCTAGATGAAATGGTCTAAATGAAATACCAACGATGGGGAAGAATGCGCCACAATTTCATAGATTTAAGCCAATTAG
CTTGGTTACCCCTTAACCGGTCTAACCTTGGGGGTCTTGCCAATTCGATGGATCAATGCTGCGAGCGATTTGTTTTGCATTTAAACGAACCTTTA
ATTGTATGCCTAATTTGATAGATATTTAATTTAAAGTGCAATTGTTTAAACCCTTACAACGTTTTCATGCCCTGCTTACCTACCTATAACTGATC
GATGATTGTACATATTACTAATCGAGACTAATTTACGTATTTAAACCTTTAATCAAATTGAAGCCAGCTATCGGGCAGCCCTATTTCCTTATACA
CAACTTATTATTCAAAAAAACATAACGAAAAAAAAAACAATTATATTTTATGCCATAAATTATACGGGAACGTTATACATGTATATTATTTTAAT
AATTATTATTTTATTTAAAGAACAACAAAAACAATGTTTACGTATACAAAAGTATTTGCTAAAAATAAACATACAACATATATGAAATTAACCTG
AATGTAATTTTTTTAAATTGTCTGGATTGTTTTAATTTCCTTCACAAAAAAATTTTAGTTTTCACAAAAAAGTCTAGTTTTAAATTTAGAAAAAT
TTATTTATTTAGTTTCAACTTCACATTTTTCTGTTTATACATTATGGGAACATTTCTAAAAACAACTTAAAATGTTATTTGTCCTATGTACTGTA
CATAAATTTGATATCAGTGTATTAAAGCTGTTCAATGAGCAGTTCGCAAGCTACAAATCTTTGGATGCCTTGGACACCAGCTTTGGCAGCTGCAG
CATAAGTCCCATGTGCTGTAGTGGATTCGCCGAGGAGAGACTCGAGGTAGTGGATAGCGTTCCATTGACATTCTCCCTGGGATGCGGCTGCGCTG
GGTGGGTTGATGAGGCTGACTGCTCGGAATGGAATATCTCGCCAAGCAGGTCGTACACACGTCGCTTGAAGTACAGCTTCTGGTGGAAGTTCATG
TGCTTGATTTCGGGACGCAGTCCCTGCAGGAATGCGTCATCGAAATCCATGATTGGCAATGCTTCAATACAGCGGGTTGATGTCTGAAATAAGAA
AATAACAAATCATAAATAAACGCTGTACAAATTAAATTTTGCACTTAATAGATTGTTACTTTGGGGAATTCAAGCAATGGCACTCTATATAAAGT
AATTTCTCCCACCTTGGCCTCCTTCTCACTGCTGTCGCTCTCTGTGCGCATTTCTGCCGGGACCGTGTCCTCGAAATCCATGATTGATGATGGTT
CATTATTAAATTGTGTTGCCTGAAGAATTAAAGGAAACTGCATCATTAAAATTATAAATGCAAATTTCAGCTTTGAAATAAAAACGGGCACACAG
TATAAAACTAAGCTAATTTGCACAGCTTTAACTTTTGACCAAAAATATAGCATACATCATTTTTTTACTTTAAAGTATAGTTCATAACGCTAAAC
AAGGTTGTAATAATTTAAGGCCTCAGCAAAATGCATCTGAGTATTGCTCCCACCTCAACGTCCGTCGCCGATGCAGGGTCGGTGCTGTGACGGCT
CTGCGCATGCTCCGAATTCAGAAAGCTCGGGGAGTGCACCATCTCGAGGATTGCCTCTACGGGAGTTTCGGGATCCCCTTCGTCGTGCTCCTCCT
GTCCCTTGGGTCTTGACCTACGACCTCTGAGCGGAACGGGCACTCCGGGAGTGATGTGCTTTTGCAGGAACTTCAGCTCGCTGTTAAGATAGTAC
GTATTCGCACCGTGATGCAACTTTATTGAGCGGGCATAGCTGGAGCGAATGTTGCGCCAACGTTCCTTGCAGCTTTTAACTGAAATGATCAATAG
CAGTCAATAAGATTGTAAGATAATATTATATAATATTTATATAATATAAATTGTAAGATTTTATAAGAGATTATATTTTATTTTATATTATGTAT

CGACATAGTAAAATCGTGCTTATAAAAATATAAACATCTCCTAATGAAATGTAAATTTAATAATTAAAGTAAATTTAGTTAATATGCAATATGTC
GAAATATAGATAAAAACCCACCCGAATTTCGCATCTCATTGGATATTTCCTTCCACGCATTTTTCACAGTCGATTTCCGCAAGTAGTTGTCATCG
TGACGATCGTAAAGACAAGGATGTAGTTTCACCAAATGACATATTTTGGCATTGATGGCGTAAACGTTCGGTGGTGGAGCTATGGACCGACGGCG
TGTATTCATTTCATATATAAAAACTAAATATGCAAATTTAATTAATTAATATAATTAATAGAGTTAAAGTAGAAGACCCGAAATCGAATCTGAAA
CATGTGTCGCCTGACCGTGCAACAGCTGTTTGCCGCTACTTTGCTTCTCTGCTCCGCTTTCAACAACAGTTATTTTCTCTGAAACCAGATCTTTC
GTTTAAACTTACGTGAATTAGGTTTAAAAATGCTCCAATTAATCGATGTCAGTGCTTTTATCACGAGTTTTGGCTTATTAAGTTCGGGCTCAAGC
CGCTCGTTGCTTCCGTGCACGCGGCAGTTGTTGGCGTGGACGCCGGAGTTGCTGCTATTACAAGTGTTTAGCAACTTTGAACACTGCGATTTCGT
GCTGCTGCCAACAAGTGATGCAGTTGTAAATGAATGTTGCAATTTCAAATAGCAATTGTTCTTGATTTTAAAGCACATGAGCACTAGACTGATTC
GAATTGGACATTTGAATCTTTAACGGGCGGAGAATATAAAACACCGGCAAAATAAATAAAGAAAGGAGCCACAACAAACGGAAAGCCAGAGGCGT
AGTCATTCTCTTCGCAAATCAGCGGGGGTTACCATTCGAGCAGCATACAACCCTCTCTGAGAGAGAATTGACATGCCACTGGATCTCACACATAC
AATGAAAGGCACACTCACTCAAAGTAGACAGCACTGCCAGACTTAATGCAATAGTATAGCAGTTGGTGTTGGCAGTGCCATTTGATCGCTGGAGG
TGCTGCCAACGCATTTACCAATTAATTAATGACCACCCCTAAATGTTGTAAATTATAAAAATTATTCAAGAATATTACGATTTTGGTTAAATTAA
TGTACAAAATAAAATATTTCATATTTGTATTGGCTGTCAAATGAAGTTATTTTATTTTAAGATAAATGCTAACAAATCTTAGAGAAACTGGAAAA
CAAGGTTGAGCGGTTTTGAGAATTATGAACAACGCGTAAAAAACATTATTTATAAACGTAAAAAAATATTATAGTCTAGCCCGACAGGTAAAAAA
TAAATTTATCCGGGGCCACCTTGGTCAACCCTCGTCAACGACCGTTCGGCCTGCCAACTCGCTTTTCCCTGCAACGCAAGGCGCCGCTCTCTGCT
CACACTCTCACTTGGCTGTGTGTGTGTGCTCAATACTCGCTTTTAGTTTTCGCTGCAGTCGGTCGCCGTTTTTAGTCTCAGCTGCTGCGCGCGTG
TGTTGTGATTGTGTGAATTGCGTTTGCGTTTGTAGCATAACACAAAACCGATAAATTCCTGGCGAAGCGAGCTCTCTCGATTGGATTCTTGCAAA
GTGAACTAGCGATGAGCGCCGCCTCTGAGGTGAACCTGATGTTGCTGCGGTCAGTGGAGAAGCAGACTGCGCTTTATGATCGTACCGACGAAAAC
TATAGGAAGCGCCTGCCGAGTGAGAACGCCTGGGACATGGTTGCCTCCGAAGT
(SEQ ID NO: 1396)

Exon: 2948..2673
Exon: 2493..2302
Exon: 2074..1764
Exon: 1539..1438
Exon: 1318..1001
Start ATG: 2479 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT13005
TTCGAATCAGTCTAGTGCTCATGTGCTTTAAAATCAAGAACAATTGCTATTTGAAATTGCAACATTCATTTACAACTGCATCACTTGTTGGCAGC
AGCACGAAATCGCAGTGTTCAAAGTTGCTAAACACTTGTAATAGCAGCAACTCCGGCGTCCACGCCAACAACTGCCGCGTGCACGGAAGCAACGA
GCGGCTTGAGCCCGAACTTAATAAGCCAAAACTCGTGATAAAAGCACTGACATCGATTAATTGGAGCATTTTTAAACCTAATTCACTTTTTATAT
ATGAAATGAATACACGCCGTCGGTCCATAGCTCCACCACCGAACGTTTACGCCATCAATGCCAAAATATGTCATTTGGTGAAACTACATCCTTGT
CTTTACGATCGTCACGATGACAACTACTTGCGGAAATCGACTGTGAAAAATGCGTGGAAGGAAATATCCAATGAGATGCGAAATTCGGTTAAAAG
CTGCAAGGAACGTTGGCGCAACATTCGCTCCAGCTATGCCCGCTCAATAAAGTTGCATCACGGTGCGAATACGTACTATCTTAACAGCGAGCTGA
AGTTCCTGCAAAAGCACATCACTCCCGGAGTGCCCGTTCCGCTCAGAGGTCGTAGGTCAAGACCCAAGGGACAGGAGGAGCACGACGAAGGGGAT
CCCGAAACTCCCGTAGAGGCAATCCTCGAGATGGTGCACTCCCCGAGCTTTCTGAATTCGGAGCATGCGCAGAGCCGTCACAGCACCGACCCTGC
ATCGGCGACGGACGTTGAGGCAACACAATTTAATAATGAACCATCATCAATCATGGATTTCGAGGACACGGTCCCGGCAGAAATGCGCACAGAGA
GCGACAGCAGTGAGAAGGAGGCCAAGACATCAACCCGCTGTATTGAAGCATTGCCAATCATGGATTTCGATGACGCATTCCTGCAGGGACTGCGT
CCCGAAATCAAGCACATGAACTTCCACCAGAAGCTGTACTTCAAGCGACGTGTGTACGACCTGCTTGGCGAGATATTCCATTCCGAGCAGTCAGC
CTCATCAACCCACCCAGCGCAGCCGCATCCCAGGGAGAATGTCAATGGAACGCTATCCACTACCTCGAGTCTCTCCTCGGCGAATCCACTACAGC
ACATGGGACTTATGCTGCAGCTGCCAAAGCTGGTGTCCAAGGCATCCAAAGATTTGTAG
(SEQ ID NO: 1397)

Start ATG: 291 (Reverse strand: CAT)

MNTRRRSIAPPPNVYAINAKICHLVKLHPCLYDRHDDNYLRKSTVKNAWKEISNEMRNSVKSCKERWRNIRSSYARSIKLHHGANTYYLNSELKF
LQKHITPGVPVPLRGRRSRPKGQEEHDEGDPETPVEAILEMVHSPSFLNSEHAQSRHSTDPASATDVEATQFNNEPSSIMDFEDTVPAEMRTESD
SSEKEAKTSTRCIEALPIMDFDDAFLQGLRPEIKHMNFHQKLYFKRRVYDLLGEIFHSEQSASSTHPAQPHPRENVNGTLSTTSSLSSANPLQHM
GLMLQLPKLVSKASKDL*
(SEQ ID NO: 1398)

Name: stwl-like
Classification: transcription_factor

Celera Sequence No. : 142000013384637
CTTGCCTACGAAGTGGGTCTGCTGGTCCAGAAACTGGCCGGCGGAGTTGGCCCCCCATTGACGAAGCCCAACAGCAGTGCCCACCTGTAGAGCGG
AATGACGAACTAACCTCTCACGGGAATCGACAATTGACACAGATCCTGGATGGAGCAATAAATCTCTTTACTCTAAGGTGCTCAATAACTTAAAA
AAAAAACAACTTAACTCTCAAACGCATTTATTCTGCAAATGTTCACTGTCTTTTGTGTTCTAAAGATGACATATTTTTTGCCATTATTTATAAAG
TTCTTTTCAAGTTTATTTATACATATGTACATTGTGAAAGTTGCAATTTTATGTCCTTCGCTATTTTGTAATTGAAGAATTTAATGAAAATGCAA
CCGCTACGTTGATTTTTTTGTTGAGCTGCTAGCGGTAACTATTGAAATTATAAAAGAATTGATAGTAGAGATTAATGAACCTAATCAAGTTTGTA
TTGCTATTTTCTATAAAAGTATTTTTTAAACAATCTAAAGATCCTTTTACTTTAGGTCGAATATAAATCAGTTTTCACTTCATTTGGAATTTACT
ATGCTGTACGCACAATTTATGGCAAATTTAAATCACTGTCCCGGCAAATAAATTAAAATTTTGCCAACTTTTATTTTTAAACTTAACATTTTAAT
AAATGTTAATGGAGCTGGCAGAATTGAAACGCGCCATCTGGCGGTCAGTAGCGGAGACATGTAGGACAGTAATTGATAAGGACTACTGTTAACTG
TTACAATGTAAGCAAATACTTCAAAACTGTTATACTTGTGTTAATTAAAGCATACGTTCAAAAGTCGAGTTGAGTTATTGAATGTTAACTGTTCG
TAGTTCGAAAGTTATCTAATTTAGCTAACTAATTTAGCAATTGTTTATAAAAAAGTTTTACTTGAATATTATTAATACTCGGTATATCTATGCAA
ATGGTATTAAAAGTATATTTTCGCATGCCGGATGGTTTACTCGTCTAAAACTCAGCCGGTCACACCGTCTGATTGCCGTGCTGTCACTTTGGCTG
ATGCAATTGCAGTTTTTTTAGTTAAAACAAAATTAGTTTCCAGTCAACTAGTATTCAAACAGCCCAGACACAATGGACGCGGAAGACGTAAGTTC
CCGGAACACCGGCTAGTGCGTTTCATACGCGGAAAACTTGCGTGGAAAATTCGCATATTATCGTACATGTGCGCCCTTGTTTGCGTATGTGTATG
TGTGTATTTACACATTTGTGTATGAGAACTGGGCGAACATTGAGGTTATGTTTGCTTGATCCGGATTTAAACCATATTGAAATTCCAATGATTTT

CGCAGGGTTTTGATCCCACTTTGCTGAAAAAGAAGAAGAAGAAGACCACGTTCGATCTGGACGCGGCATTGGGTCTGGAGGATGACACCAAG
AAGGAGGATCCCCAGGATGAGGCATCGGCGGAAGGAGGTGCCGCCGCCGAGGAGGATAATCTAGATCTGGAGAGTTTCGGCAAGAAGAAGAAAAA
GAAGAAGAAGCCCTTCAACATGGACGAAATCGAAGCGGCCATACCCAGCTTTGGCGGCGATGATGTGGCCGCCAGCGAGGAGCCCGAGGAGGAGG
AGATCAATCTGGACATGGACTTCTCGATGGCCAAAAAGAAGAAGAAGAGCAAGAAGAAGGAACTGGACGAGCTGTTTGCGGACCAAGCGGACGAC
GACAAGAGCGAAGACAAAGAGAACGGTACGGTGACGAATTGCAGAGCAGCCAGGGAAGCTTAGGGTTATAGAATCATCCCAACCAAGATTGGCAG
CCATATAAGCTTGTTGTCACTTGACAAAGGCAAAGCTATACGATTCTTAAAGTGTATAACTTGGCTTTCGCCTTTTCCGAAGCATTAAAACTCAG
TGTATGAAGTGAACTAGAAATGCTTAGCCAGTGAGTTAGCATGTAGCTGTTCCAACTTTAAATAGACTCCAGATTTCAAAGCTCTCACTTAGCAA
ATAAGCTTATACCATACCCTTTTAAATAACGTTTTCATCCGTTTACAGACGAGGACAACAGCTCAACCTGGTTTGGCTCCGACCGCGATTACACA
TACGACGAGTTGCTGAAGCGGGTCTTCGAAATCATTCTCGACAAGAATCCGGACATGGCCGCCGGCCGAAAGCCAAAGTTCGTGATGCGACCGCC
GCAGGTGCTGCGCGTGGGAACCAAGAAGACCTCCTTTGCCAACTTCATGGACATTGCGAAAACGCTGCATCGCCTGCCCAAGCATCTGCTCGATT
TCCTGCTGGCCGAGTTGGGTACCAGTGGCTCCATGGACGGCAACCAGCAGCTGATCATCAAGGGCCGTTTCCAGCCCAAACAGATCGAGAATGTG
CTGCGTCGCTACATCAAGGAGTACGTCACCTGTCACACCTGCCGCTCCCCGGAAACGATATTGCAGAAGGACACGCGTCTCTTCTTCCTGCAGTG
CGAATCCTGTGGCTCCCGCTGCTCGGTGGCCAGCATTAAGTCAGGTTTCCAGGCTGTCACCGGCAAACGTGCCGCCATACGAGCAAAAACAACCT
AAATTCTCCTTATTTAAAACTTTTTGAATTTTTATTACCAGTAAAATTTCAATACAAAAAACCAACGATACTATTTATTTGTTGTATTCTGCATT
GTTTTATGCCTTCGTTGCCAGTCGGTTAGGTAGTCTACGAAGCCAATTTCCATATTCCGCGATCGGCCGCTGTCTATGAAGAACTGAAAAGCGTC
CAGACCCATCTTGCCGCGGAACCTATTCGGACGACCGCGCAGGAATAGGCTGTGGCCCCTCGAGATGCGCGTGGGATCAATGTACTCCATGGAGA
CCTGCAGCAGCCGCATCATGCTCACGGCAATGCTCTTGTAGGCCTCGGACGAGGCCAGCGAACTGGCTTCACTGTACAGGCTGCTGATCACGCGT
CCATTGAAGGGTTTTTTGGTGATGCTGGCCTCCAGGGAGCCGGTGCCATCATCGATCATGAACTTCATGAACGACTCGTTGTGCGTTCCATTGCC
AGTTACAAAGGCGTAGATGATGCAGGTGCAGAAGTGAATCGGATGCACGTCGTCTGTGATGAACACATTCTCGTTCTCCGGATCCTGAGTTGCGC
GCTCAATCTGGGATATGGTCAGCGGCACGTTGTCGTGGACCTCCGGACCACATTTGCCCGTGGACTTTTCACTCTGTTGATTCTTGCGTATCACG
AAGTTATCCAGCTGGCTTTCTATGTCCTCGAAACTCTGATTAAAATCCATTCTATTTGCTTAGTCTGCGATTTCAAAGGGGATTTCTTTATTGCA
GTGCATTTTGCATTAGCGCCAAAAAAAAAAACAGTTGTGAGCATGGGCGTAGACTTCGTATTTTCTTACAAATAATATTAATTAAAATTAATTTT
GTGAGCAATTTTCACACAATTGTATTATAAGTTAAAACCAGGGTCACATTAATTTGCAGAACCGCGCAATATTTTCTTTTTAACCCCCTTACAAA
TTTTCAGTTGTTTTGACTACGCCCCTGCTAATTTTTACTTATTAAATTCAAAGTCTAAAAACATTGTCACCAGATAATACGAGTATACACTATAT
GGACAAACGTAAAATCGT
(SEQ ID NO: 1399)

Exon: 1001..1132
Exon: 1336..1735
Exon: 2044..2628
Start ATG: 1118

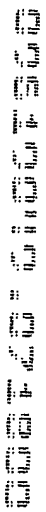
Transcript No. : CT13682
CTCAGCCGGTCACACCGTCTGATTGCCGTGCTGTCACTTTGGCTGATGCAATTGCAGTTTTTTTAGTTAAAACAAAATTAGTTTCCAGTCAACTA
GTATTCAAACAGCCCAGACACAATGGACGCGGAAGACGGTTTTGATCCCACTTTGCTGAAAAAGAAGAAGAAGAAGAAGACCACGTTCGATCTGG
ACGCGGCATTGGGTCTGGAGGATGACACCAAGAAGGAGGATCCCCAGGATGAGGCATCGGCGGAAGGAGGTGCCGCCGCCGAGGAGGATAATCTA
GATCTGGAGAGTTTCGGCAAGAAGAAGAAAAAGAAGAAGAAGCCCTTCAACATGGACGAAATCGAAGCGGCCATACCCAGCTTTGGCGGCGATGA
TGTGGCCGCCAGCGAGGAGCCCGAGGAGGAGGAGATCAATCTGGACATGGACTTCTCGATGGCCAAAAAGAAGAAGAAGAGCAAGAAGAAGGAAC
TGGACGAGCTGTTTGCGGACCAAGCGGACGACGACAAGAGCGAAGACAAAGAGAACGACGAGGACAACAGCTCAACCTGGTTTGGCTCCGACCGC
GATTACACATACGACGAGTTGCTGAAGCGGGTCTTCGAAATCATTCTCGACAAGAATCCGGACATGGCCGCCGGCCGAAAGCCAAAGTTCGTGAT
GCGACCGCCGCAGGTGCTGCGCGTGGGAACCAAGAAGACCTCCTTTGCCAACTTCATGGACATTGCGAAAACGCTGCATCGCCTGCCCAAGCATC
TGCTCGATTTCCTGCTGGCCGAGTTGGGTACCAGTGGCTCCATGGACGGCAACCAGCAGCTGATCATCAAGGGCCGTTTCCAGCCCAAACAGATC
GAGAATGTGCTGCGTCGCTACATCAAGGAGTACGTCACCTGTCACACCTGCCGCTCCCCGGAAACGATATTGCAGAAGGACACGCGTCTCTTCTT
CCTGCAGTGCGAATCCTGTGGCTCCCGCTGCTCGGTGGCCAGCATTAAGTCAGGTTTCCAGGCTGTCACCGGCAAACGTGCCGCCATACGAGCAA
AAACAACCTAAATTCTCCTTATTTAAAACTTTTTGAATTTTTATTACCAGTAAAATTTCAATACAAAAAACC
(SEQ ID NO: 1400)

Start ATG: 118

MDAEDGFDPTLLKKKKKKKTTFDLDAALGLEDDTKKEDPQDEASAEGGAAAEEDNLDLESFGKKKKKKKKPFNMDEIEAAIPSFGGDDVAASEEP
EEEEINLDMDFSMAKKKKKSKKKELDELFADQADDDKSEDKENDEDNSSTWFGSDRDYTYDELLKRVFEIILDKNPDMAAGRKPKFVMRPPQVLR
VGTKKTSFANFMDIAKTLHRLPKHLLDFLLAELGTSGSMDGNQQLIIKGRFQPKQIENVLRRYIKEYVTCHTCRSPETILQKDTRLFFLQCESCG
SRCSVASIKSGFQAVTGKRAAIRAKTT*
(SEQ ID NO: 1401)

Name: eIF2-beta
Classification: translation_factor
Gene Symbol: eIF-2beta
FlyBase ID: FBgn0004926

Celera Sequence No. : 142000013384528
GAATCTAAGTGGCATCAGAAATCTGATCACGACTACATAATGGCGGGATCTGGAGTTGCCAAGCAGATATTTGCCCTCGATTTCGAGATCTTTGG
ACGAGTGCAAGGTATGCAATGCATTTTTCTGATTCGGCTTGTTAAACAGCGTATTAAATTTTGCAGGTGTGTTCTTCCGCAAAGTAAGTACTGGG
AGGCCTATATATATATCTGGAAATCAACATTTAACTTATGTACATTTTTGGCTTAGCACACGTCGCATGAGGCTAAAAGATTGGGAGTTAGGGGC
TGGTGCATGAATACCCGGGATGGGACCGTCAAGGGACAACTGGAGGCTCCTATGATGAATTTAATGGAAATGTAGGTACCGCTGCACTCCACTAA
TTCAATCATTTAACCATCGCCCACTAATTTGAAGGAAACATTGGCTGGAGAACAACCGAATTCCCAACGCTAAGGTCTCAAAGGCTGAATTTTCG
CAAATCCAGGAAATCGAGGACTATACGTTCACTTCCTTTGACATAAAACATTAAAAACGAATTATTAGCTCTTTCGTTGTCCATCCAATTCCGAA
ACAAAGTCTAAATAAATTACCAGGGCTGCAACTTGCGTAAGCAGGCATATCTGCATTGCTATCGACTGAGTCGATAACATTCGATAGTATGAACA
TAAGAAATATTACGTTTCGCAAAACTGAACCCAGTACTGAAGTACAACAATAAATAAATAATAAATTATTTAAAACAAGGCGGAAAATTATTCCG
AGAATCGATAGTCGCTAGTCGAAAGTGCGCACCACTCCAGTATCTACTCGATATATTGCTATCACAGCCGATAGTTTGCAGCTCCCTGCCATAGA



CACTGGTCATCTCGCTCGCACACACAACAGTGGGCCGCGCCACCGCCATAGGCGGCGCACGTGCAAGAGCGAGACAACCAGCTGGGCGACAGCGC
ACTTTGGTCTGGCACAGAAACGAGTACAGCTTCGATACACGTCGTTTTGCCAAAAGCGTAGCAGAGCAGTCTAAGCGATGAAAAAAATAAATGAG
GAAAAAAGTCCGTGAAGCGAAAACCGTAATTCCTACAGTGCGAGTCACGCCATTGTGTTTGCAAAAAATATTTGCCAATTGTGCTACGGGCAATT
TTTCGGAACGGCCGAATTGTGCGTATAATGAAAAAAAATACTACTTAATTTTTAAGCAATTTACAAATTCTTGCGTGCTGCCTGCCTGCTGTCGG
TGTGTTCTTGCTTGCATGTGTTAGTGAGTACGATTACTTTCGCGCTGAAAACCTTTTTCCACTGCCCTTTCGCTGGAATCTGGGCGAATATAGAT
AGGACACAAAGCACATATAACTGATTTTTACTGCAGAATTGATCGAGACATGTGGAATACAATAAATGAGATTGTGTAAATAACTGAATATAGTG
GCGCATACAGTTGCACGTGTGTGTGTGCTAGCATGTGCGTGTGTGTGTAAAGGCGCGAGTTTCCGTTTGCCTAGGCTAATTGTAGTGGAAAAA
CTCAATAAACGGAATTACATAAAAACATGGTGGCATGATCGGCAGTTTCCCGCCGGCAGAAGATGCCCAATCTTGGAAAATTGTAATTTTCGAAA
GTAACCGCAATGATTTCGTCAGTATGTAAAGTAGTCTGTCAGTCCCTGCATATGTTTGTGTGTGTGTGTTCTATACAGTTTTTTTTATTGCGCAT
CATGGTGTGCAATAGCGCGCTTTCTGACCTCTCTCTCGCTCTCATGGGTTCTCTTGTTGGCCAAAGCGACGCTGTGTGTGTGTTGTGTACGCATA
TGTAGCATATGTACATAACACGCCGGAAAAGACAAAAAAAAAAAACCATTCCAAATTTTGAAATCTTACGGAGGCGGGCGGTTTAAACGAGATAA
AAAATAAATACACCAATATTGTTCTTTTATATGATAACGCAGTAGTCTCGGACCGAATAGTATGCCTTTATTTTGTCGTCCTAACGCTGAATTGC
CGAAAAATAATAGCCCGTTTTTGGAAAATTCTCGACAGGATTAGCATAAAGAGACGCCTTAGGAGTCGAACGAACCAAATGCCGCAGCAGCCGGC
CAACGTATTAGCATCAGAACGATGGCCCCAGCGCTCACAGCCGAGCCACTAAGTCCAAAGGAGAAGCTAACCAGCACCGCCTCGCCCTCGGCCCG
CAGCTCCTCGGAAAGCGGAGGAGTTGGATGTGCAGTTGGCTTGGTCAAGAAGCCGGCAACACCCACGCCGGCCACGGCCACCACGCGGATTACCC
GCTCATCAGCGGCAGCGGCCTCAGTTACCGCTTCCCCGCATCTACAACAGCAGCGATCCTCGCTAGCAATCAATAACAAGCGAAAGTCGGGCAAC
GCTAAAGCCAGCAATGAACCAATGGGGCTGAGCACAGCCCCGACTCCACACAGCACCACTTCACCAAATCCCTCGACGGATACTGCGGCAGCCTC
CACCTCTGCCGTGGAGCACAACAATAACGACAGCAACAGTACCTCCGCCGGCAACAGCACCTCCGCCGACAACAGCTCCACGCCCAAGGACAACT
CCACCGCTCAGCTACTGGCGGATCTAACCATCAACTTTGAGGAGACCATATCCGCGGAGATTTGCCTGAGGAAAACCCTACCCGATGTGAGTCTG
GGGAAAGAGCCGGTTCCGCCTGCCTCGGTGCTGGCAGTGGCCACAAGTTCAACGAGTGCTGGCAGCGCTCTATCCTTATCTGCAGTGGATGAGGT
GACCAAGATAGAAATAGATAATATAGAAGGTGGGTCTAAGGAATCACTCCAAATAAATAGTCTTGACTCAAAATTTCTCTCGCCCACTGTTTCAG
AGCGTCTCAGCCAGCTAGATGGGAATGCCACTGGAAGGCCCGAGGAGCATGTGGCACCACCTTCTGTTCCGGTACCCGTGCAGGAGGCGCCAAAC
ACGCCCACCAGGCCACAGGCGCCACCAAGTGCCCATCTTGAGTCTCCGCAGCCGGCGCGAACACAGCAGCAGTCCATTCAACAGATGACGCCGCA
AAGCACCACCAGTTCCAACAATTTTCTCAAAGACGGAGCAGCTGGTGCTGTTCTAGAGGATCAGGATATCGAGGAGGTGCTTAAAGCGCTCAAAA
CATTTGACGGTGGCCATGTTAATCCAGATACCATTTGCGAGTTTTTCGACGAAGTTTGGGAAGAGGCAGCACCGGCAGCGCCATTGCCGCCCGCG
CCACCCGAAAATGTGGTGGATGTGCCGGGCGCGAAGCCCAGCTGCAGTGGCATCCTCGTTAGCGGCAGCAACATTTCCCAGCCGAATGTGATTAT
TAAGCAGGAGCAGCGGCCCTGGCAGGAGAGTCATGCTGAGTTGGAGCAGCAGCAGCACGTTATCTCGCGCAGGATCGAGTTTTTGCTACGCAGGA
TGCGCAAGCTCCAGGCGCGAGCGATGTGCCGTCACGCGAGCGAGGAGGTGGTTGGTATCATGGAGTGGTCTGCCCGCAGTTCCCATAAGGCTCCA
GTTCCAGCGAGAAGTTCCACGCTGACTGAGCAGGAGGCCACTGTCCTATCGATTGTCTCAGGGCGTCCGAGCTCAACCTTCTGGGAGGAGCAGAA
CAAGCATCCGCTGCCTGCTAGCCAGATGAGTAATGTGATCCGGCATATTGCGACGGCGGCAAAGCATCAGCAAATCTGCCACTCAGCCAGCGGAA
GCTCTGCTACTCTGGCGCCATCCTCCAGCTGGTACAACAGCTGCAACAGCTCTGCGCTGCCGATGAAGCGTCCACGAAAGAATCAACTTGATGCT
TCGGTTGCAACGGGTGCCACACCCACTGCACCTGCGCCAGGAGCGGTAACATCTAGACAGGCAGCTGGCACGACGGGATCCGCAACGGGTTCGAA
TACACCGCGGGCGGATGATATCGTGCCCGGCTACGACACCTATGTGACTAATGAACTCACCCATGTGTCTGGCCTGCTGCACACGGAGCTTCGAG
AAGTACAGAATGCCATCGACTCGGACGCCACGGAGTCAAGTTCTGGTGGAGAATCCGCTGACGAGATGGTAACCTACAACAACAACCAGCAGCTC
TCGCTACCAATGTGAGTACTTCGTATTATTTATGTACATACTTAGGTTATCGGGAATATTTTACAAGTAAACTTTCTTCCATCTTTTTTTGAGGG
GGGTTTTCAGCTTCTGTCATCTTTTTAAGATCATTCTTTTGCTATAGAATTTGTCCGATTAATGTTGGCTCGGTAGTTTTCTTTCAAAATTGTTT
TGCTTTGACAGGCATTTTAAACATGATTTAACGTCGTCCTTAGCAATTGAAAAGTTGTAATAGGCTTTGATTAGAGTTGTTGTACCTAATTATCG
CATTTACAATGCGATATTTCAACTATTTCAACAGTTTTTATTAAAATTGTTAATTAGCGATTATATATTTCTTTTAGCTTTTTTTTTGTGGTATT
CTCTTTCCTAATGCTCTTGAAATTTGATTCTTTGCAGCACTCGACGCGCTGTCTGGCGATATTCGAGAGATCGTGCAGCCATTGCCCTGCGCTGG
TCCTGGCTCTGCTCCCAGCTGACCGATTTGGAGATGAAGATCCGTCAGCACAGCGACCTTTACATGGATCTAACTCAGTCCAAGGGCGAGATCCA
GCTGGAGTCCACAGCTAAGACCTCACCGTCGCTAGCACAGCCGGCAAATGGCATTAAGGAGGAGCCCGGATCCGACTACCTCTGCAGTCGGGCAC
GTCCATTGGTGCTGTCCGAGTTCCGCAAACGCAAGCTCTTCCAGACCACGAACATGCACACGATTTCCAAGAAAGCCGCACGCCCCAGCAACATT
AAGTGTGGCTGCCAGTGGCCGCAGGTGCCATGCACACTGTGCACGGGTCGGACAGACCCTACGGCGCCCAGGGATCTGGTCGAGACGATGATGCC
GCAAAACCGGGTGGCATTGCTCGATGCTGGCTACCATCCAGTGCTCAGCTTCGCCAGCGGTGAGTGGGAGGTTACACTGAGTGGACCCATTTGGT
TTTCGTCCATGATTATTTCTTATCATCTGTGATGGTTTAACATTATTTATTCTACACTTGAGATTTGAACTGAATTGATTAAAAAGTAAAACTTT
AAAATGCAATACTTGCAAATAATTTTTATTCGAAACTAAAACATTAAAATCCTCGTATTCTTTACATTGGATTCCAAAATGAAAAGAAATAGTCG
GATGATGACAGCTAAAGTGGAATTATGTTTGAATATATTCTTATCCCTATCATTCTTGTTTCCCAGATGTCAGTCAGTCGGTTCACTTGGAGGCC
GTTGCCCGCCAGCCGGACTGGCAGTACCGCGTCATGCGCAGCCAGCCCAAGGCCATTGTCAAGGCCATGTGGAAGGCGGAGCGCGAGACGATAGC
CTCAGGCGGTGTCGGCGGACAAGGTGGCAGCCGGCGGTCGGGCGATGCGGCGAAGCGGCGTTATATACGACGCAAGGAGCGCAACAACAACTCAA
ATAAGGAGGCTGGGAGCGGAGCTAAAGCTGCTGCTGTCGCCGCAGGAGGAGCAGGCGGAAACGGAAGCAGTAGCGTCGGGGGAGGGGATAGCGGA
AACGGTACTGGTACTGCTACTACTTCTTCTTCTACTACGCCTACTACAACGCCACTTGTGGCCAACAGTAAATTATTGTAAACATGACGAAATTC
GATAATTGTTATTAACATAAAACAACAACAATCTTTTGCATCTCTTCTTCTTCTTTTTCTTTGCATCGATCAACCAAAACACGAAATTCCACCAA
CACCATCAACAAACACCACCACCAACAACAACAACGAAAAACCCCACCAATTGTTTTATTTTGCCATTCCGTTCTTGTCTCCGTTTCGTCCCCGT
TCCGCATCCAAATCACGGACTTGACGCAACATCAGCAGCGGCCAGGGGCAAGCGGCAACCACAACACCCAACTGGAGCGAACAGTTCCAGCTCGC
TGTGGCCAGACTCTCGCCAACGCCAACGACAACGCCACCACAGTCCCTCCTCAACCTCGATCTCGGCACTGAGCGGCGCTAAGAAGGCACGCAAA
TCCGCAACCAACAGCAGCAGCAGCAATTCCACACAGCAGCAGCAGAATCACCACGGCACCAAAATCAACAATCATCATCTCAATGGCTACGGCGA
TCAGTGGGGGGAGCAAAGCAGGAGTCGTCGCAACTCTTCGCCCTCCAACAGTCATAAAAATGAGAGGTATGTTTCGGATTCAATAACTGATCCCA
GGGATTCGCGATAAGTAGTCCTGCTTTTTTTTTATAAGATAGATTGTTATATATAATTTATATGTATGTTTCCCTTGCAGAACCTCTGAGCGTCG
CGTTCGTCCCATCTACGACATCAATAACATCGTTATACCCTACAGTATGCTAGCCCAGTCGAAAATGGAGATAATTCCCTACAAGGAAATACCCA
TACCCAAGTAAGTATTCAATTTTGCGCTAAGTCCTTATTTTATATATATATGTCGCATAATGTAAAATACCAAGATTTGTGTATATCTATTAAAA
TCACCCATTCCATCTTTGCTTTCAGGTGGCGCATTGTAGACAGTGATAACGATAAGGGAAAACATTCGTCAGATGAGTCAATGGAGCGCAAACTG
AGCAATGGCTGTGTCGCATCAAAGTCAGAGGAGCTAGCCAAACAACAGCTACCACCACCACCAGATCAAGATCAAGAGCAGCCGGCCCTGCAGCC
TCCGAAGGTTAATGGTTTAAAGGAAAATCAAGCAGTCAAGCACAATAACAATAATAATACAAACAATAATAATAATAAAAATGGACTGGTAAATG
GTAACGCCAAAAAGGATGAACTTAAGGCTGCAGAGGATCACGATACGCAATCAAAAGAAGACGACGATCCAAAGGAAAAGGTGGTCAAACCCAAG
CTCAACGGAAACTTGATAAAGAATCCGATTGACAAAACTGCCGAAACGCAAGACAAAATTGCTCAGCCAGCACCAGAACCACCACTGCCAAAGCG
ACCCAAGCTGGAAACTCCAACCTCCAACGAGGTCACCAAGGCTAATGGGCAGTTGGTGCAGCAACAGCTGGAATCCCGTGAGAGCGAGGAGGAGC
CACAGCATGTCGACGAAGATCTTTCGGATGAAGCGTTTATTATGCGACATCAGCGAGCTCTTCTCGAGGAGCGACGCCGCTTCGAGACTTTCCTT
AAGTTCCCCTGGAGCACCCGATCGCGTGCAAATAGGCGCGTCGATAGTCGTGCCGAATCTAGTGGCGCCAACACACCGGATCCCGCCTCACCAGC
TCCTCATCTAGGCGGCCCTGGTCACGACAACGAAAGCATTCCCTCGCCGCTGGCGTACCCACTGGACGCTTTTAACGAAAGCGGTGAGCTGCTGA
CTGGCGGACAGGCACGCCAAGCTCGTCGTCGGACTACGTCTAGCAAGCTTAAGGATCAGCTGGAACGGCGCAGCACCACGCCCGATCTGCGGGAG
GTAAGTCGATGTCCAAGTTTCACATTTGTTGAACTCATATATAAAATAAATTCTGGTTGTGCCTATTACTTTTGCCGAATTTTGTTTTCAAACTG

CTTTGAATGTTCAAATACTGATTGTATAGAATAGTTTTCTAATTGAAACCCTTTTCCTTTTTGTATAGTCTTACACTGTGATGCCATCTCCCTTT
GAGCCCTTGAACTTTCCGCTCTCCGACGAGGTCTACCAGCGATTGCTAGCCGAGACATATGCGCCGCCCAGGTCAATGACCGTCTCAAAGCGGGC
CAAAAGCAAGTCGATATCCTCGAACTGTGATGGTGGGAACACCTTCACAGGAGGCAGCGGCAGTCGGCGCAGCAGCAAGTGCAAGATTAAGCCAA
ATGGTCAGCTAAATGGCCAGCTCAATGGCCACCCTGCGGCGGCGAAGTTGAACGGAATAGATGCGGCAAATGAAGGTGGAATTTCTGAGCCGGAA
GAGGAAGAGATGCTGCTAGAAGACGAGGATGACGACTATCCCAAGCATCATCTGGCGCCGCTGGATGACGAGGAGCCGTCGACACCAGATGTCGA
GCATGAGCTTTACGACTCGGCGATCGATGCCTATCTCGCTGATCCGGAGGCGCTAGAGGAGGATATGGGCGAGGATCCCTTCGAGGACGACGATC
CCAACGATCCGGAGTGGAAGACACGGACCGAGGGTGTTCGCAGCAGACGCATCTAAGACCAAAATCCAAAGTTTTCGTTATTTAAGACTTTTAAA
CGATTTGTCAATTTTTAAAGCCACAACACACACACCCACAAATCAGCCGGAGCAGACCAACAAATTTTAATTTGTTTCAAACGGTTTGGTTTG
CACTCACAACAGCATTGCGTACTCTAAGCAATCGTCTAAGTTATTTAGTTCTACGAGCCCACAACAAAAAAAAAAAACACAGATACGCTACACAC
AAGTACACAACAAAACAAACACGAAGCAGAAGCGAAAATCTTGAAACAATGTAAATACAAGCTAAACGCATAGAGCTAAGCAGTTACTGATAATT
GTACACTAACCAACGATCAAGAAATCATCGAACGCACCCACCACGTCGCGTGGACGTGGTGGATGCGGTCGGTTGGAGCACTGGTCAGCGGTTAA
GTAGGCACCACAACAAACCCACTTGGGCTTCAAGCCGAAGTGCGCTAATGATAAAAATATTAAGCTAATCTAAATATATATATATATACGAAAAC
ATTTAAATATATACCATATGCATACATTAACGTGTAAATGCCGAAGAGAGCAGTTAGCTGAAGATTTGAAATGTATTCGCACCTGCACACAAACG
ATATAACAACTAAGCTATAGAAGGCAAATTATCTGTAAATTGATCAAGCTTAACCATTAGCTAACCAACCATTAGCCTTTAGCCCAGCAAGTAATC
AGTCGGCGTTGGGGCCGTGTTTTTCTTATATTTTAAAAAGTTTATCAGCTGTAAATGTATAGAGCGGAATTCGAAAGGCGGTGTGTGAAAATGGA
TCGAACGATAAATGTATGTATATGTATTTTAGTTGCTTAGGCGTTTTCATTTCTACCTTATAAACACGTTAGCGGCTAATTGTAGCAATTAATAC
TATAAAACACAAAAAAAAAAACAAAAACAAAAAACAACAACCATAAGGAAACCTAGCGCGGCTATGTCCGTGAAAATGTTTATTCTAATTTCGTT
TTTACTATCTACTGCGTATGTTTCACCGCAAAGCTAGAATCCAGTTTAATTCGTTAAAACTTGAAAAGAAATACAACAGAAATGTGAAGATTAAC
TAAGGACCGCAAAAATACAGAATTATATATTCTTAAAAATGACACATGGAGCGCCAGAAGTGATATGCTGGGACCACCATCGCCAGATGGTGGAA
TCTGGCCAACATGTGTGTCG
(SEQ ID NO: 1402)

Exon: 1001..1052
Exon: 2034..2784
Exon: 2851..4096
Exon: 4503..4999
Exon: 5292..5672
Exon: 5926..6241
Exon: 6351..6467
Exon: 6581..7505
Exon: 7669..8425
Start ATG: 2112

Transcript No. : CT14929
CAAAAGCGTAGCAGAGCAGTCTAAGCGATGAAAAAAATAAATGAGGAAAAAAGATTAGCATAAAGAGACGCCTTAGGAGTCGAACGAACCAAATG
CCGCAGCAGCCGGCCAACGTATTAGCATCAGAACGATGGCCCCAGCGCTCACAGCCGAGCCACTAAGTCCAAAGGAGAAGCTAACCAGCACCGCC
TCGCCCTCGGCCCGCAGCTCCTCGGAAAGCGGAGGAGTTGGATGTGCAGTTGGCTTGGTCAAGAAGCCGGCAACACCCACGCCGGCCACGGCCAC
CACGCGGATTACCCGCTCATCAGCGGCAGCGGCCTCAGTTACCGCTTCCCCGCATCTACAACAGCAGCGATCCTCGCTAGCAATCAATAACAAGC
GAAAGTCGGGCAACGCTAAAGCCAGCAATGAACCAATGGGGCTGAGCACAGCCCCGACTCCACACAGCACCACTTCACCAAATCCCTCGACGGAT
ACTGCGGCAGCCTCCACCTCTGCCGTGGAGCACAACAATAACGACAGCAACAGTACCTCCGCCGGCAACAGCACCTCCGCCGACAACAGCTCCAC
GCCCAAGGACAACTCCACCGCTCAGCTACTGGCGGATCTAACCATCAACTTTGAGGAGACCATATCCGCGGAGATTTGCCTGAGGAAAACCCTAC
CCGATGTGAGTCTGGGGAAAGAGCCGGTTCCGCCTGCCTCGGTGCTGGCAGTGGCCACAAGTTCAACGAGTGCTGGCAGCGCTCTATCCTTATCT
GCAGTGGATGAGGTGACCAAGATAGAAATAGATAATATAGAAGAGCGTCTCAGCCAGCTAGATGGGAATGCCACTGGAAGGCCCGAGGAGCATGT
GGCACCACCTTCTGTTCCGGTACCCGTGCAGGAGGCGCCAAACACGCCCACCAGGCCACAGGCGCCACCAAGTGCCCATCTTGAGTCTCCGCAGC
CGGCGCGAACACAGCAGCAGTCCATTCAACAGATGACGCCGCAAAGCACCACCAGTTCCAACAATTTTCTCAAAGACGGAGCAGCTGGTGCTGTT
CTAGAGGATCAGGATATCGAGGAGGTGCTTAAAGCGCTCAAAACATTTGACGGTGGCCATGTTAATCCAGATACCATTTGCGAGTTTTTCGACGA
AGTTTGGGAAGAGGCAGCACCGGCAGCGCCATTGCCGCCCGCGCCACCCGAAAATGTGGTGGATGTGCCGGGCGCGAAGCCCAGCTGCAGTGGCA
TCCTCGTTAGCGGCAGCAACATTTCCCAGCCGAATGTGATTATTAAGCAGGAGCAGCGGCCCTGGCAGGAGAGTCATGCTGAGTTGGAGCAGCAG
CAGCACGTTATCTCGCGCAGGATCGAGTTTTTGCTACGCAGGATGCGCAAGCTCCAGGCGCGAGCGATGTGCCGTCACGCGAGCGAGGAGGTGGT
TGGTATCATGGAGTGGTCTGCCCGCAGTTCCCATAAGGCTCCAGTTCCAGCGAGAAGTTCCACGCTGACTGAGCAGGAGGCCACTGTCCTATCGA
TTGTCTCAGGGCGTCCGAGCTCAACCTTCTGGGAGGAGCAGAACAAGCATCCGCTGCCTGCTAGCCAGATGAGTAATGTGATCCGGCATATTGCG
ACGGCGGCAAAGCATCAGCAAATCTGCCACTCAGCCAGCGGAAGCTCTGCTACTCTGGCGCCATCCTCCAGCTGGTACAACAGCTGCAACAGCTC
TGCGCTGCCGATGAAGCGTCCACGAAAGAATCAACTTGATGCTTCGGTTGCAACGGGTGCCACACCCACTGCACCTGCGCCAGGAGCGGTAACAT
CTAGACAGGCAGCTGGCACGACGGGATCCGCAACGGGTTCGAATACACCGCGGGCGGATGATATCGTGCCCGGCTACGACACCTATGTGACTAAT
GAACTCACCCATGTGTCTGGCCTGCTGCACACGGAGCTTCGAGAAGTACAGAATGCCATCGACTCGGACGCCACGGAGTCAAGTTCTGGTGGAGA
ATCCGCTGACGAGATGGTAACCTACAACAACAACCAGCAGCTCTCGCTACCAATCACTCGACGCGCTGTCTGGCGATATTCGAGAGATCGTGCAG
CCATTGCCCTGCGCTGGTCCTGGCTCTGCTCCCAGCTGACCGATTTGGAGATGAAGATCCGTCAGCACAGCGACCTTTACATGGATCTAACTCAG
TCCAAGGGCGAGATCCAGCTGGAGTCCACAGCTAAGACCTCACCGTCGCTAGCACAGCCGGCAAATGGCATTAAGGAGGAGCCCGGATCCGACTA
CCTCTGCAGTCGGGCACGTCCATTGGTGCTGTCCGAGTTCCGCAAACGCAAGCTCTTCCAGACCACGAACATGCACACGATTTCCAAGAAAGCCG
CACGCCCCAGCAACATTAAGTGTGGCTGCCAGTGGCCGCAGGTGCCATGCACACTGTGCACGGGTCGGACAGACCCTACGGCGCCCAGGGATCTG
GTCGAGACGATGATGCCGCAAAACCGGGTGGCATTGCTCGATGCTGGCTACCATCCAGTGCTCAGCTTCGCCAGCGATGTCAGTCAGTCGGTTCA
CTTGGAGGCCGTTGCCCGCCAGCCGGACTGGCAGTACCGCGTCATGCGCAGCCAGCCCAAGGCCATTGTCAAGGCCATGTGGAAGGCGGAGCGCG
AGACGATAGCCTCAGGCGGTGTCGGCGGACAAGGTGGCAGCCGGCGGTCGGGCGATGCGGCGAAGCGGCGTTATATACGACGCAAGGAGCGCAAC
AACAACTCAAATAAGGAGGCTGGGAGCGGAGCTAAAGCTGCTGCTGTCGCCGCAGGAGGAGCAGGCGGAAACGGAAGCAGTAGCGTCGGGGGAGG
GGATAGCGGAAACGGTACTGGTACTGCTACTACTTCTTCTTCTACTACGCCTACTACAACGCCACTTGTGGCCAACACAGCGGCCAGGGGCAAGC
GGCAACCACAACACCCAACTGGAGCGAACAGTTCCAGCTCGCTGTGGCCAGACTCTCGCCAACGCCAACGACAACGCCACCACAGTCCCTCCTCA
ACCTCGATCTCGGCACTGAGCGGCGCTAAGAAGGCACGCAAATCCGCAACCAACAGCAGCAGCAGCAATTCCACACAGCAGCAGCAGAATCACCA
CGGCACCAAAATCAACAATCATCATCTCAATGGCTACGGCGATCAGTGGGGGGAGCAAAGCAGGAGTCGTCGCAACTCTTCGCCCTCCAACAGTC
ATAAAAATGAGAGAACCTCTGAGCGTCGCGTTCGTCCCATCTACGACATCAATAACATCGTTATACCCTACAGTATGCTAGCCCAGTCGAAAATG
GAGATAATTCCCTACAAGGAAATACCCATACCCAAGTGGCGCATTGTAGACAGTGATAACGATAAGGGAAAACATTCGTCAGATGAGTCAATGGA
GCGCAAACTGAGCAATGGCTGTGTCGCATCAAAGTCAGAGGAGCTAGCCAAACAACAGCTACCACCACCACCAGATCAAGATCAAGAGCAGCCGG

CCCTGCAGCCTCCGAAGGTTAATGGTTTAAAGGAAAATCAAGCAGTCAAGCACAATAACAATAATAATACAAACAATAATAATAATAAAAATGGA
CTGGTAAATGGTAACGCCAAAAAGGATGAACTTAAGGCTGCAGAGGATCACGATACGCAATCAAAAGAAGACGACGATCCAAAGGAAAAGGTGGT
CAAACCCAAGCTCAACGGAAACTTGATAAAGAATCCGATTGACAAAACTGCCGAAACGCAAGACAAAATTGCTCAGCCAGCACCAGAACCACCAC
TGCCAAAGCGACCCAAGCTGGAAACTCCAACCTCCAACGAGGTCACCAAGGCTAATGGGCAGTTGGTGCAGCAACAGCTGGAATCCCGTGAGAGC
GAGGAGGAGCCACAGCATGTCGACGAAGATCTTTCGGATGAAGCGTTTATTATGCGACATCAGCGAGCTCTTCTCGAGGAGCGACGCCGCTTCGA
GACTTTCCTTAAGTTCCCCTGGAGCACCCGATCGCGTGCAAATAGGCGCGTCGATAGTCGTGCCGAATCTAGTGGCGCCAACACACCGGATCCCG
CCTCACCAGCTCCTCATCTAGGCGGCCCTGGTCACGACAACGAAAGCATTCCCTCGCCGCTGGCGTACCCACTGGACGCTTTTAACGAAAGCGGT
GAGCTGCTGACTGGCGGACAGGCACGCCAAGCTCGTCGTCGGACTACGTCTAGCAAGCTTAAGGATCAGCTGGAACGGCGCAGCACCACGCCCGA
TCTGCGGGAGTCTTACACTGTGATGCCATCTCCCTTTGAGCCCTTGAACTTTCCGCTCTCCGACGAGGTCTACCAGCGATTGCTAGCCGAGACAT
ATGCGCCGCCCAGGTCAATGACCGTCTCAAAGCGGGCCAAAAGCAAGTCGATATCCTCGAACTGTGATGGTGGGAACACCTTCACAGGAGGCAGC
GGCAGTCGGCGCAGCAGCAAGTGCAAGATTAAGCCAAATGGTCAGCTAAATGGCCAGCTCAATGGCCACCCTGCGGCGGCGAAGTTGAACGGAAT
AGATGCGGCAAATGAAGGTGGAATTTCTGAGCCGGAAGAGGAAGAGATGCTGCTAGAAGACGAGGATGACGACTATCCCAAGCATCATCTGGCGC
CGCTGGATGACGAGGAGCCGTCGACACCAGATGTCGAGCATGAGCTTTACGACTCGGCGATCGATGCCTATCTCGCTGATCCGGAGGCGCTAGAG
GAGGATATGGGCGAGGATCCCTTCGAGGACGACGATCCCAACGATCCGGAGTGGAAGACACGGACCGAGGGTGTTCGCAGCAGACGCATCTAAGA
CCAAAATCCAAAGTTTTCGTTATTTAAGACTTTTAAACGATTTGTCAATTTTTAAAGCCACAACACACACACCCACAAATCAGCCGGAGCAGA
CCAACAAATTTTAATTTGTTTCAAACGGTTTGGTTTGCACTCACAACAGCATTGCGTACTCTAAGCAATCGTCTAAGTTATTTAGTTCTACGAGC
CCACAAC
(SEQ ID NO: 1403)

Start ATG: 131

MAPALTAEPLSPKEKLTSTASPSARSSSESGGVGCAVGLVKKPATPTPATATTRITRSSAAAASVTASPHLQQQRSSLAINNKRKSGNAKASNEP
MGLSTAPTPHSTTSPNPSTDTAAASTSAVEHNNNDSNSTSAGNSTSADNSSTPKDNSTAQLLADLTINFEETISAEICLRKTLPDVSLGKEPVPP
ASVLAVATSSTSAGSALSLSAVDEVTKIEIDNIEERLSQLDGNATGRPEEHVAPPSVPVPVQEAPNTPTRPQAPPSAHLESPQPARTQQQSIQQM
TPQSTTSSNNFLKDGAAGAVLEDQDIEEVLKALKTFDGGHVNPDTICEFFDEVWEEAAPAAPLPPAPPENVVDVPGAKPSCSGILVSGSNISQPN
VIIKQEQRPWQESHAELEQQQHVISRRIEFLLRRMRKLQARAMCRHASEEVVGIMEWSARSSHKAPVPARSSTLTEQEATVLSIVSGRPSSTFWE
EQNKHPLPASQMSNVIRHIATAAKHQQICHSASGSSATLAPSSSWYNSCNSSALPMKRPRKNQLDASVATGATPTAPAPGAVTSRQAAGTTGSAT
GSNTPRADDIVPGYDTYVTNELTHVSGLLHTELREVQNAIDSDATESSSGGESADEMVTYNNNQQLSLPITRRAVWRYSRDRAAIALRWSWLCSQ
LTDLEMKIRQHSDLYMDLTQSKGEIQLESTAKTSPSLAQPANGIKEEPGSDYLCSRARPLVLSEFRKRKLFQTTNMHTISKKAARPSNIKCGCQW
PQVPCTLCTGRTDPTAPRDLVETMMPQNRVALLDAGYHPVLSFASDVSQSVHLEAVARQPDWQYRVMRSQPKAIVKAMWKAERETIASGGVGGQG
GSRRSGDAAKRRYIRRKERNNNSNKEAGSGAKAAAVAAGGAGGNGSSSVGGGDSGNGTGTATTSSSTTPTTTPLVANTAARGKRQPQHPTGANSS
SSLWPDSRQRQRQRHHSPSSTSISALSGAKKARKSATNSSSSNSTQQQQNHHGTKINNHHLNGYGDQWGEQSRSRRNSSPSNSHKNERTSERRVR
PIYDINNIVIPYSMLAQSKMEIIPYKEIPIPKWRIVDSDNDKGKHSSDESMERKLSNGCVASKSEELAKQQLPPPPDQDQEQPALQPPKVNGLKE
NQAVKHNNNNNTNNNNNKNGLVNGNAKKDELKAAEDHDTQSKEDDDPKEKVVKPKLNGNLIKNPIDKTAETQDKIAQPAPEPPLPKRPKLETPTS
NEVTKANGQLVQQQLESRESEEEPQHVDEDLSDEAFIMRHQRALLEERRRFETFLKFPWSTRSRANRRVDSRAESSGANTPDPASPAPHLGGPGH
DNESIPSPLAYPLDAFNESGELLTGGQARQARRRTTSSKLKDQLERRSTTPDLRESYTVMPSPFEPLNFPLSDEVYQRLLAETYAPPRSMTVSKR
AKSKSISSNCDGGNTFTGGSGSRRSSKCKIKPNGQLNGQLNGHPAAAKLNGIDAANEGGISEPEEEEMLLEDEDDDYPKHHLAPLDDEEPSTPDV
EHELYDSAIDAYLADPEALEEDMGEDPFEDDDPNDPEWKTRTEGVRSRRI*
(SEQ ID NO: 1404)

Celera Sequence No. : 142000013384528
AATGGCGGGATCTGGAGTTGCCAAGCAGATATTTGCCCTCGATTTCGAGATCTTTGGACGAGTGCAAGGTATGCAATGCATTTTTCTGATTCGGC
TTGTTAAACAGCGTATTAAATTTTGCAGGTGTGTTCTTCCGCAAAGTAAGTACTGGGAGGCCTATATATATATCTGGAAATCAACATTTAACTTA
TGTACATTTTTGGCTTAGCACACGTCGCATGAGGCTAAAAGATTGGGAGTTAGGGGCTGGTGCATGAATACCCGGGATGGGACCGTCAAGGGACA
ACTGGAGGCTCCTATGATGAATTTAATGGAAATGTAGGTACCGCTGCACTCCACTAATTCAATCATTTAACCATCGCCCACTAATTTGAAGGAAA
CATTGGCTGGAGAACAACCGAATTCCCAACGCTAAGGTCTCAAAGGCTGAATTTTCGCAAATCCAGGAAATCGAGGACTATACGTTCACTTCCTT
TGACATAAAACATTAAAAACGAATTATTAGCTCTTTCGTTGTCCATCCAATTCCGAAACAAAGTCTAAATAAATTACCAGGGCTGCAACTTGCGT
AAGCAGGCATATCTGCATTGCTATCGACTGAGTCGATAACATTCGATAGTATGAACATAAGAAATATTACGTTTCGCAAAACTGAACCCAGTACT
GAAGTACAACAATAAATAAATAATAAATTATTTAAAACAAGGCGGAAAATTATTCCGAGAATCGATAGTCGCTAGTCGAAAGTGCGCACCACTCC
AGTATCTACTCGATATATTGCTATCACAGCCGATAGTTTGCAGCTCCCTGCCATAGACACTGGTCATCTCGCTCGCACACACAACAGTGGGCCGC
GCCACCGCCATAGGCGGCGCACGTGCAAGAGCGAGACAACCAGCTGGGCGACAGCGCACTTTGGTCTGGCACAGAAACGAGTACAGCTTCGATAC
ACGTCGTTTTGCCAAAAGCGTAGCAGAGCAGTCTAAGCGATGAAAAAAATAAATGAGGAAAAAAGTCCGTGAAGCGAAAACCGTAATTCCTACAG
TGCGAGTCACGCCATTGTGTTTGCAAAAAATATTTGCCAATTGTGCTACGGGCAATTTTTCGGAACGGCCGAATTGTGCGTATAATGAAAAAAAA
TACTACTTAATTTTTAAGCAATTTACAAATTCTTGCGTGCTGCCTGCCTGCTGTCGGTGTGTTCTTGCTTGCATGTGTTAGTGAGTACGATTACT
TTCGCGCTGAAAACCTTTTTCCACTGCCCTTTCGCTGGAATCTGGGCGAATATAGATAGGACACAAAGCACATATAACTGATTTTTACTGCAGAA
TTGATCGAGACATGTGGAATACAATAAATGAGATTGTGTAAATAACTGAATATAGTGGCGCATACAGTTGCACGTGTGTGTGTGCTAGCATGTGC
GTGTGTGTGTGTGTAAAGGCGCGAGTTTCCGTTTGCCTAGGCTAATTGTAGTGGAAAAACTCAATAAACGGAATTACATAAAAACATGGTGGCATGA
TCGGCAGTTTCCCGCCGGCAGAAGATGCCCAATCTTGGAAAATTGTAATTTTCGAAAGTAACCGCAATGATTTCGTCAGTATGTAAAGTAGTCTG
TCAGTCCCTGCATATGTTTGTGTGTGTGTGTTCTATACAGTTTTTTTTATTGCGCATCATGGTGTGCAATAGCGCGCTTTCTGACCTCTCTCTCG
CTCTCATGGGTTCTCTTGTTGGCCAAAGCGACGCTGTGTGTGTGTTGTGTACGCATATGTAGCATATGTACATAACACGCCGGAAAAGACAAAAA
AAAAAAACCATTCCAAATTTTGAAATCTTACGGAGGCGGGCGGTTTAAACGAGATAAAAAATAAATACACCAATATTGTTCTTTTATATGATAAC
GCAGTAGTCTCGGACCGAATAGTATGCCTTTATTTTGTCGTCCTAACGCTGAATTGCCGAAAAATAATAGCCCGTTTTTGGAAAATTCTCGACAG
GATTAGCATAAAGAGACGCCTTAGGAGTCGAACGAACCAAATGCCGCAGCAGCCGGCCAACGTATTAGCATCAGAACGATGGCCCCAGCGCTCAC
AGCCGAGCCACTAAGTCCAAAGGAGAAGCTAACCAGCACCGCCTCGCCCTCGGCCCGCAGCTCCTCGGAAAGCGGAGGAGTTGGATGTGCAGTTG
GCTTGGTCAAGAAGCCGGCAACACCCACGCCGGCCACGGCCACCACGCGGATTACCCGCTCATCAGCGGCAGCGGCCTCAGTTACCGCTTCCCCG
CATCTACAACAGCAGCGATCCTCGCTAGCAATCAATAACAAGCGAAAGTCGGGCAACGCTAAAGCCAGCAATGAACCAATGGGGCTGAGCACAGC
CCCGACTCCACACAGCACCACTTCACCAAATCCCTCGACGGATACTGCGGCAGCCTCCACCTCTGCCGTGGAGCACAACAATAACGACAGCAACA
GTACCTCCGCCGGCAACAGCACCTCCGCCGACAACAGCTCCACGCCCAAGGACAACTCCACCGCTCAGCTACTGGCGGATCTAACCATCAACTTT
GAGGAGACCATATCCGCGGAGATTTGCCTGAGGAAAACCCTACCCGATGTGAGTCTGGGGAAAGAGCCGGTTCCGCCTGCCTCGGTGCTGGCAGT

GGCCACAAGTTCAACGAGTGCTGGCAGCGCTCTATCCTTATCTGCAGTGGATGAGGTGACCAAGATAGAAATAGATAATATAGAAGGTGGGTCTA
AGGAATCACTCCAAATAAATAGTCTTGACTCAAAATTTCTCTCGCCCACTGTTTCAGAGCGTCTCAGCCAGCTAGATGGGAATGCCACTGGAAGG
CCCGAGGAGCATGTGGCACCACCTTCTGTTCCGGTACCCGTGCAGGAGGCGCCAAACACGCCCACCAGGCCACAGGCGCCACCAAGTGCCCATCT
TGAGTCTCCGCAGCCGGCGCGAACACAGCAGCAGTCCATTCAACAGATGACGCCGCAAAGCACCACCAGTTCCAACAATTTTCTCAAAGACGGAG
CAGCTGGTGCTGTTCTAGAGGATCAGGATATCGAGGAGGTGCTTAAAGCGCTCAAAACATTTGACGGTGGCCATGTTAATCCAGATACCATTTGC
GAGTTTTTCGACGAAGTTTGGGAAGAGGCAGCACCGGCAGCGCCATTGCCGCCCGCGCCACCCGAAAATGTGGTGGATGTGCCGGGCGCGAAGCC
CAGCTGCAGTGGCATCCTCGTTAGCGGCAGCAACATTTCCCAGCCGAATGTGATTATTAAGCAGGAGCAGCGGCCCTGGCAGGAGAGTCATGCTG
AGTTGGAGCAGCAGCAGCACGTTATCTCGCGCAGGATCGAGTTTTTGCTACGCAGGATGCGCAAGCTCCAGGCGCGAGCGATGTGCCGTCACGCG
AGCGAGGAGGTGGTTGGTATCATGGAGTGGTCTGCCCGCAGTTCCCATAAGGCTCCAGTTCCAGCGAGAAGTTCCACGCTGACTGAGCAGGAGGC
CACTGTCCTATCGATTGTCTCAGGGCGTCCGAGCTCAACCTTCTGGGAGGAGCAGAACAAGCATCCGCTGCCTGCTAGCCAGATGAGTAATGTGA
TCCGGCATATTGCGACGGCGGCAAAGCATCAGCAAATCTGCCACTCAGCCAGCGGAAGCTCTGCTACTCTGGCGCCATCCTCCAGCTGGTACAAC
AGCTGCAACAGCTCTGCGCTGCCGATGAAGCGTCCACGAAAGAATCAACTTGATGCTTCGGTTGCAACGGGTGCCACACCCACTGCACCTGCGCC
AGGAGCGGTAACATCTAGACAGGCAGCTGGCACGACGGGATCCGCAACGGGTTCGAATACACCGCGGGCGGATGATATCGTGCCCGGCTACGACA
CCTATGTGACTAATGAACTCACCCATGTGTCTGGCCTGCTGCACACGGAGCTTCGAGAAGTACAGGAATGCCATCGACTCGGCAGGAGCCACGGAGTCA
AGTTCTGGTGGAGAATCCGCTGACGAGATGGTAACCTACAACAACAACCAGCAGCTCTCGCTACCAATGTGAGTACTTCGTATTATTTATGTACA
TACTTAGGTTATCGGGAATATTTTACAAGTAAACTTTCTTCCATCTTTTTTTGAGGGGGGTTTTCAGCTTCTGTCATCTTTTTAAGATCATTCTT
TTGCTATAGAATTTGTCCGATTAATGTTGGCTCGGTAGTTTTCTTTCAAAATTGTTTTGCTTTGACAGGCATTTTAAACATGATTTAACGTCGTC
CTTAGCAATTGAAAAGTTGTAATAGGCTTTGATTAGAGTTGTTGTACCTAATTATCGCATTTACAATGCGATATTTCAACTATTTCAACAGTTTT
TATTAAAATTGTTAATTAGCGATTATATATTTCTTTTAGCTTTTTTTTTGTGGTATTCTCTTTCCTAATGCTCTTGAAATTTGATTCTTTGCAGC
ACTCGACGCGCTGTCTGGCGATATTCGAGAGATCGTGCAGCCATTGCCCTGCGCTGGTCCTGGCTCTGCTCCCAGCTGACCGATTTGGAGATGAA
GATCCGTCAGCACAGCGACCTTTACATGGATCTAACTCAGTCCAAGGGCGAGATCCAGCTGGAGTCCACAGCTAAGACCTCACCGTCGCTAGCAC
AGCCGGCAAATGGCATTAAGGAGGAGCCCGGATCCGACTACCTCTGCAGTCGGGCACGTCCATTGGTGCTGTCCGAGTTCCGCAAACGCAAGCTC
TTCCAGACCACGAACATGCACACGATTTCCAAGAAAGCCGCACGCCCCAGCAACATTAAGTGTGGCTGCCAGTGGCCGCAGGTGCCATGCACACT
GTGCACGGGTCGGACAGACCCTACGGCGCCCAGGGATCTGGTCGAGACGATGATGCCGCAAAACCGGGTGGCATTGCTCGATGCTGGCTACCATC
CAGTGCTCAGCTTCGCCAGCGGTGAGTGGGAGGTTACACTGAGTGGACCCATTTGGTTTTCGTCCATGATTATTTCTTATCATCTGTGATGGTTT
AACATTATTTATTCTACACTTGAGATTTGAACTGAATTGATTAAAAAGTAAAACTTTAAAATGCAATACTTGCAAATAATTTTTATTCGAAACTA
AAACATTAAAATCCTCGTATTCTTTACATTGGATTCCAAAATGAAAAGAAATAGTCGGATGATGACAGCTAAAGTGGAATTATGTTTGAATATAT
TCTTATCCCTATCATTCTTGTTTCCCAGATGTCAGTCAGTCGGTTCACTTGGAGGCCGTTGCCCGCCAGCCGGACTGGCAGTACCGCGTCATGCG
CAGCCAGCCCAAGGCCATTGTCAAGGCCATGTGGAAGGCGGAGCGCGAGACGATAGCCTCAGGCGGTGTCGGCGGACAAGGTGGCAGCCGGCGGT
CGGGCGATGCGGCGAAGCGGCGTTATATACGACGCAAGGAGCGCAACAACAACTCAAATAAGGAGGCTGGGAGCGGAGCTAAAGCTGCTGCTGTC
GCCGCAGGAGGAGCAGGCGGAAACGGAAGCAGTAGCGTCGGGGGAGGGGATAGCGGAAACGGTACTGGTACTGCTACTACTTCTTCTTCTACTAC
GCCTACTACAACGCCACTTGTGGCCAACAGTAAATTATTGTAAACATGACGAAATTCGATAATTGTTATTAACATAAAACAACAACAATCTTTTG
CATCTCTTCTTCTTCTTTTTCTTTGCATCGATCAACCAAAACACGAAATTCCACCAACACCATCAACAAACACCACCACCAACAACAACAACGAA
AAACCCCACCAATTGTTTTATTTTGCCATTCCGTTCTTGTCTCCGTTTCGTCCCCGTTCCGCATCCAAATCACGGACTTGACGCAACATCAGCAG
CGGCCAGGGGCAAGCGGCAACCACAACACCCAACTGGAGCGAACAGTTCCAGCTCGCTGTGGCCAGACTCTCGCCAACGCCAACGACAACGCCAC
CACAGTCCCTCCTCAACCTCGATCTCGGCACTGAGCGGCGCTAAGAAGGCACGCAAATCCGCAACCAACAGCAGCAGCAATTCCACACAGCA
GCAGCAGAATCACCACGGCACCAAAATCAACAATCATCATCTCAATGGCTACGGCGATCAGTGGGGGGAGCAAAGCAGGAGTCGTCGCAACTCTT
CGCCCTCCAACAGTCATAAAAATGAGAGGTATGTTTCGGATTCAATAACTGATCCCAGGGATTCGCGATAAGTAGTCCTGCTTTTTTTTTATAAG
ATAGATTGTTATATATAATTTATATGTATGTTTCCCTTGCAGAACCTCTGAGCGTCGCGTTCGTCCCATCTACGACATCAATAACATCGTTATAC
CCTACAGTATGCTAGCCCAGTCGAAAATGGAGATAATTCCCTACAAGGAAATACCCATACCCAAGTAAGTATTCAATTTTGCGCTAAGTCCTTAT
TTTATATATATATGTCGCATAATGTAAAATACCAAGATTTGTGTATATCTATTAAAATCACCCATTCCATCTTTGCTTTCAGGTGGCGCATTGTA
GACAGTGATAACGATAAGGGAAAACATTCGTCAGATGAGTCAATGGAGCGCAAACTGAGCAATGGCTGTGTCGCATCAAAGTCAGAGGAGCTAGC
CAAACAACAGCTACCACCACCACCAGATCAAGATCAAGATCAAGAGCAGCCGGCCCTGCAGCCTCCGAAGGTTAATGGTTTAAAGGAAAATCAAGCAGTCA
AGCACAATAACAATAATAATACAAACAATAATAATAATAAAAATGGACTGGTAAATGGTAACGCCAAAAAGGATGAACTTAAGGCTGCAGAGGAT
CACGATACGCAATCAAAAGAAGACGACGATCCAAAGGAAAAGGTGGTCAAACCCAAGCTCAACGGAAACTTGATAAAGAATCCGATTGACAAAAC
TGCCGAAACGCAAGACAAAATTGCTCAGCCAGCACCAGAACCACCACTGCCAAAGCGACCCAAGCTGGAAACTCCAACCTCCAACGAGGTCACCA
AGGCTAATGGGCAGTTGGTGCAGCAACAGCTGGAATCCCGTGAGAGCGAGGAGGAGCCACAGCATGTCGACGAAGATCTTTCGGATGAAGCGTTT
ATTATGCGACATCAGCGAGCTCTTCTCGAGGAGCGACGCCGCTTCGAGACTTTCCTTAAGTTCCCCTGGAGCACCCGATCGCGTGCAAATAGGCG
CGTCGATAGTCGTGCCGAATCTAGTGGCGCCAACACACCGGATCCCGCCTCACCAGCTCCTCATCTAGGCGGCCCTGGTCACGACAACGAAAGCA
TTCCCTCGCCGCTGGCGTACCCACTGGACGCTTTTAACGAAAGCGGTGAGCTGCTGACTGGCGGACAGGCACGCCAAGCTCGTCGTCGGACTACG
TCTAGCAAGCTTAAGGATCAGCTGGAACGGCGCAGCACCACGCCCGATCTGCGGGAGGTAAGTCGATGTCCAAGTTTCACATTTGTTGAACTCAT
ATATAAAATAAATTCTGGTTGTGCCTATTACTTTTGCCGAATTTTGTTTTCAAACTGCTTTGAATGTTCAAATACTGATTGTATAGAATAGTTTT
CTAATTGAAACCCTTTTCCTTTTTGTATAGTCTTACACTGTGATGCCATCTCCCTTTGAGCCCTTGAACTTTCCGCTCTCCGACGAGGTCTACCA
GCGATTGCTAGCCGAGACATATGCGCCGCCCAGGTCAATGACCGTCTCAAAGCGGGCCAAAAGCAAGTCGATATCCTCGAACTGTGATGGTGGGA
ACACCTTCACAGGAGGCAGCGGCAGTCGGCGCAGCAGCAAGTGCAAGATTAAGCCAAATGGTCAGCTAAATGGCCAGCTCAATGGCCACCCTGCG
GCGGCGAAGTTGAACGGAATAGATGCGGCAAATGAAGGTGGAATTTCTGAGCCGGAAGAGGAAGAGATGCTGCTAGAAGACGAGGATGACGACTA
TCCCAAGCATCATCTGGCGCCGCTGGATGACGAGGAGCCGTCGACACCAGATGTCGAGCATGAGCTTTACGACTCGGCGATCGATGCCTATCTCG
CTGATCCGGAGGCGCTAGAGGAGGATATGGGCGAGGATCCCTTCGAGGACGACGATCCCAACGATCCGGAGTGGAAGACACGGACCGAGGGTGTT
CGCAGCAGACGCATCTAAGACCAAAATCCAAAGTTTTCGTTATTTAAGACTTTTAAACGATTTGTCAATTTTTAAAGCCACAACACACACACACC
CACAAATCAGCCGGAGCAGACCAACAAATTTTAATTTGTTTCAAACGGTTTGGTTTGCACTCACAACAGCATTGCGTACTCTAAGCAATCGTCTA
AGTTATTTAGTTCTACGAGCCCACAACAAAAAAAAAAAAACACAGATACGCTACACACAAGTACACAACAAAACAAACACGAAGCAGAAGCGAAAA
TCTTGAAACAATGTAAATACAAGCTAAACGCATAGAGCTAAGCAGTTACTGATAATTGTACACTAACCAACGATCAAGAAATCATCGAACGCACC
CACCACGTCGCGTGGACGTGGTGGATGCGGTCGGTTGGAGCACTGGTCAGCGGTTAAGTAGGCACCACAACAAACCCACTTGGGCTTCAAGCCGA
AGTGCGCTAATGATAAAAATATTAAGCTAATCTAAATATATATATATATACGAAAACATTTAAATATATACCATATGCATACATTAACGTGTAAA
TGCCGAAGAGAGCAGTTAGCTGAAGATTTGAAATGTATTCGCACCTGCACACAAACGATATAACAACTAAGCTATAGAAGGCAATTATCTGTAAA
TTGATCAAGCTTAACCATTAGCTAACCAACCATTAGCCTTTAGCCCAGCAAGTAATCAGTCGGCGTTGGGGCCGTGTTTTTCTTATATTTTAAAA
AGTTTATCAGCTGTAAATGTATAGAGCGGAATTCGAAAGGCGGTGTGTGAAAATGGATCGAACGATAAATGTATGTATATGTATTTTAGTTGCTT
AGGCGTTTTCATTTCTACCTTATAAACACGTTAGCGGCTAATTGTAGCAATTAATACTATAAAACACAAAAAAAAAAACAAAAACAAAAAACAAC
AACCATAAGGAAACCTAGCGCGGCTATGTCCGTGAAAATGTTTATTCTAATTTCGTTTTTACTATCTACTGCGTATGTTTCACCGCAAAGCTAGA
ATCCAGTTTAATTCGTTAAAACTTGAAAAGAAATACAACAGAAATGTGAAGATTAACTAAGGACCGCAAAAATACAGAATTATATATTCTTAAAA
ATGACACATGGAGCGCCAGAAGTGATATGCTGGGACCACCATCGCCAGATGGTGGAATCTGGCCAACATGTGTGTCG

Filed with the USPTO on 2 Jul 2025

FIGURE SHEET 752

(SEQ ID NO: 1405)

Exon: 1001..1120
Exon: 1996..2746
Exon: 2813..4058
Exon: 4465..4961
Exon: 5254..5634
Exon: 5888..6203
Exon: 6313..6429
Exon: 6543..7467
Exon: 7631..8387
Start ATG: 2074

Transcript No. : CT14980

AAATGAGGAAAAAAGTCCGTGAAGCGAAAACCGTAATTCCTACAGTGCGAGTCACGCCATTGTGTTTGCAAAAAATATTTGCCAATTGTGCTACG
GGCAATTTTTCGGAACGGCCGAATTGATTAGCATAAAGAGACGCCTTAGGAGTCGAACGAACCAAATGCCGCAGCAGCCGGCCAACGTATTAGCA
TCAGAACGATGGCCCCAGCGCTCACAGCCGAGCCACTAAGTCCAAAGGAGAAGCTAACCAGCACCGCCTCGCCCTCGGCCCGCAGCTCCTCGGAA
AGCGGAGGAGTTGGATGTGCAGTTGGCTTGGTCAAGAAGCCGGCAACACCCACGCCGGCCACGGCCACCACGCGGATTACCCGCTCATCAGCGGC
AGCGGCCTCAGTTACCGCTTCCCCGCATCTACAACAGCAGCGATCCTCGCTAGCAATCAATAACAAGCGAAAGTCGGGCAACGCTAAAGCCAGCA
ATGAACCAATGGGGCTGAGCACAGCCCCGACTCCACACAGCACCACTTCACCAAATCCCTCGACGGATACTGCGGCAGCCTCCACCTCTGCCGTG
GAGCACAACAATAACGACAGCAACAGTACCTCCGCCGGCAACAGCACCTCCGCCGACAACAGCTCCACGCCCAAGGACAACTCCACCGCTCAGCT
ACTGGCGGATCTAACCATCAACTTTGAGGAGACCATATCCGCGGAGATTTGCCTGAGGAAAACCCTACCCGATGTGAGTCTGGGGAAAGAGCCGG
TTCCGCCTGCCTCGGTGCTGGCAGTGGCCACAAGTTCAACGAGTGCTGGCAGCGCTCTATCCTTATCTGCAGTGGATGAGGTGACCAAGATAGAA
ATAGATAATATAGAAGAGCGTCTCAGCCAGCTAGATGGGAATGCCACTGGAAGGCCCGAGGAGCATGTGGCACCACCTTCTGTTCCGGTACCCGT
GCAGGAGGCGCCAAACACGCCCACCAGGCCACAGGCGCCACCAAGTGCCCATCTTGAGTCTCCGCAGCCGGCGCGAACACAGCAGCAGTCCATTC
AACAGATGACGCCGCAAAGCACCACCAGTTCCAACAATTTTCTCAAAGACGGAGCAGCTGGTGCTGTTCTAGAGGATCAGGATATCGAGGAGGTG
CTTAAAGCGCTCAAAACATTTGACGGTGGCCATGTTAATCCAGATACCATTTGCGAGTTTTTCGACGAAGTTTGGGAAGAGGCAGCACCGGCAGC
GCCATTGCCGCCCGCGCCACCCGAAAATGTGGTGGATGTGCCGGGCGCGAAGCCCAGCTGCAGTGGCATCCTCGTTAGCGGCAGCAACATTTCCC
AGCCGAATGTGATTATTAAGCAGGAGCAGCGGCCCTGGCAGGAGAGTCATGCTGAGTTGGAGCAGCAGCAGCACGTTATCTCGCGCAGGATCGAG
TTTTTGCTACGCAGGATGCGCAAGCTCCAGGCGCGAGCGATGTGCCGTCACGCGAGCGAGGAGGTGGTTGGTATCATGGAGTGGTCTGCCCGCAG
TTCCCATAAGGCTCCAGTTCCAGCGAGAAGTTCCACGCTGACTGAGCAGGAGGCCACTGTCCTATCGATTGTCTCAGGGCGTCCGAGCTCAACCT
TCTGGGAGGAGCAGAACAAGCATCCGCTGCCTGCTAGCCAGATGAGTAATGTGATCCGGCATATTGCGACGGCGGCAAAGCATCAGCAAATCTGC
CACTCAGCCAGCGGAAGCTCTGCTACTCTGGCGCCATCCTCCAGCTGGTACAACAGCTGCAACAGCTCTGCGCTGCCGATGAAGCGTCCACGAAA
GAATCAACTTGATGCTTCGGTTGCAACGGGTGCCACACCCACTGCACCTGCGCCAGGAGCGGTAACATCTAGACAGGCAGCTGGCACGACGGGAT
CCGCAACGGGTTCGAATACACCGCGGGCGGATGATATCGTGCCCGGCTACGACACCTATGTGACTAATGAACTCACCCATGTGTCTGGCCTGCTG
CACACGGAGCTTCGAGAAGTACAGAATGCCATCGACTCGGACGCCACGGAGTCAAGTTCTGGTGGAGAATCCGCTGACGAGATGGTAACCTACAA
CAACAACCAGCAGCTCTCGCTACCAATCACTCGACGCGCTGTCTGGCGATATTCGAGAGATCGTGCAGCCATTGCCCTGCGCTGGTCCTGGCTCT
GCTCCCAGCTGACCGATTTGGAGATGAAGATCCGTCAGCACAGCGACCTTTACATGGATCTAACTCAGTCCAAGGGCGAGATCCAGCTGGAGTCC
ACAGCTAAGACCTCACCGTCGCTAGCACAGCCGGCAAATGGCATTAAGGAGGAGCCCGGATCCGACTACCTCTGCAGTCGGGCACGTCCATTGGT
GCTGTCCGAGTTCCGCAAACGCAAGCTCTTCCAGACCACGAACATGCACACGATTTCCAAGAAAGCCGCACGCCCCAGCAACATTAAGTGTGGCT
GCCAGTGGCCGCAGGTGCCATGCACACTGTGCACGGGTCGGACAGACCCTACGGCGCCCAGGGATCTGGTCGAGACGATGATGCCGCAAAACCGG
GTGGCATTGCTCGATGCTGGCTACCATCCAGTGCTCAGCTTCGCCAGCGATGTCAGTCAGTCGGTTCACTTGGAGGCCGTTGCCCGCCAGCCGGA
CTGGCAGTACCGCGTCATGCGCAGCCAGCCCAAGGCCATTGTCAAGGCCATGTGGAAGGCGGAGCGCGAGACGATAGCCTCAGGCGGTGTCGGCG
GACAAGGTGGCAGCCGGCGGTCGGGCGATGCGGCGAAGCGGCGTTATATACGACGCAAGGAGCGCAACAACAACTCAAATAAGGAGGCTGGGAGC
GGAGCTAAAGCTGCTGCTGTCGCCGCAGGAGGAGCAGGCGGAAACGGAAGCAGTAGCGTCGGGGGAGGGGATAGCGGAAACGGTACTGGTACTGC
TACTACTTCTTCTTCTACTACGCCTACTACAACGCCACTTGTGGCCAACACAGCGGCCAGGGGCAAGCGGCAACCACAACACCCAACTGGAGCGA
ACAGTTCCAGCTCGCTGTGGCCAGACTCTCGCCAACGCCAACGACAACGCCACCACAGTCCCTCCTCAACCTCGATCTCGGCACTGAGCGGCGCT
AAGAAGGCACGCAAATCCGCAACCAACAGCAGCAGCAGCAATTCCACACAGCAGCAGCAGAATCACCACGGCACCAAAATCAACAATCATCATCT
CAATGGCTACGGCGATCAGTGGGGGGAGCAAAGCAGGAGTCGTCGCAACTCTTCGCCCTCCAACAGTCATAAAAATGAGAGAACCTCTGAGCGTC
GCGTTCGTCCCATCTACGACATCAATAACATCGTTATACCCTACAGTATGCTAGCCCAGTCGAAAATGGAGATAATTCCCTACAAGGAAATACCC
ATACCCAAGTGGCGCATTGTAGACAGTGATAACGATAAGGGAAAACATTCGTCAGATGAGTCAATGGAGCGCAAACTGAGCAATGGCTGTGTCGC
ATCAAAGTCAGAGGAGCTAGCCAAACAACAGCTACCACCACCACCAGATCAAGATCAAGAGCAGCCGGCCCTGCAGCCTCCGAAGGTTAATGGTT
TAAAGGAAAATCAAGCAGTCAAGCACAATAACAATAATAATACAAACAATAATAATAATAAAAATGGACTGGTAAATGGTAACGCCAAAAAGGAT
GAACTTAAGGCTGCAGAGGATCACGATACGCAATCAAAAGAAGACGACGATCCAAAGGAAAAGGTGGTCAAACCCAAGCTCAACGGAAACTTGAT
AAAGAATCCGATTGACAAAACTGCCGAAACGCAAGACAAAATTGCTCAGCCAGCACCAGAACCACCACTGCCAAAGCGACCCAAGCTGGAAACTC
CAACCTCCAACGAGGTCACCAAGGCTAATGGGCAGTTGGTGCAGCAACAGCTGGAATCCCGTGAGAGCGAGGAGGAGCCACAGCATGTCGACGAA
GATCTTTCGGATGAAGCGTTTATTATGCGACATCAGCGAGCTCTTCTCGAGGAGCGACGCCGCTTCGAGACTTTCCTTAAGTTCCCCTGGAGCAC
CCGATCGCGTGCAAATAGGCGCGTCGATAGTCGTGCCGAATCTAGTGGCGCCAACACACCGGATCCCGCCTCACCAGCTCCTCATCTAGGCGGCC
CTGGTCACGACAACGAAAGCATTCCCTCGCCGCTGGCGTACCCACTGGACGCTTTTAACGAAAGCGGTGAGCTGCTGACTGGCGGACAGGCACGC
CAAGCTCGTCGTCGGACTACGTCTAGCAAGCTTAAGGATCAGCTGGAACGGCGCAGCACCACGCCCGATCTGCGGGAGTCTTACACTGTGATGCC
ATCTCCCTTTGAGCCCTTGAACTTTCCGCTCTCCGACGAGGTCTACCAGCGATTGCTAGCCGAGACATATGCGCCGCCCAGGTCAATGACCGTCT
CAAAGCGGGCCAAAAGCAAGTCGATATCCTCGAACTGTGATGGTGGGAACACCTTCACAGGAGGCAGCGGCAGTCGGCGCAGCAGCAAGTGCAAG
ATTAAGCCAAATGGTCAGCTAAATGGCCAGCTCAATGGCCACCCTGCGGCGGCGAAGTTGAACGGAATAGATGCGGCAAATGAAGGTGGAATTTC
TGAGCCGGAAGAGGAAGAGATGCTGCTAGAAGACGAGGATGACGACTATCCCAAGCATCATCTGGCGCCGCTGGATGACGAGGAGCCGTCGACAC
CAGATGTCGAGCATGAGCTTTACGACTCGGCGATCGATGCCTATCTCGCTGATCCGGAGGCGCTAGAGGAGGATATGGGCGAGGATCCCTTCGAG
GACGACGATCCCAACGATCCGGAGTGGAAGACACGGACCGAGGGTGTTCGCAGCAGACGCATCTAAGACCAAAATCCAAAGTTTTCGTTATTTAA
GACTTTTAAACGATTTGTCAATTTTTAAAGCCACAACACACACACACCCACAAATCAGCCGGAGCAGACCAACAAATTTTAATTTGTTTCAAACG
GTTTGGTTTGCACTCACAACAGCATTGCGTACTCTAAGCAATCGTCTAAGTTATTTAGTTCTACGAGCCCACAAC
(SEQ ID NO: 1406)

Start ATG: 199

MAPALTAEPLSPKEKLTSTASPSARSSSESGGVGCAVGLVKKPATPTPATATTRITRSSAAAASVTASPHLQQQRSSLAINNKRKSGNAKASNEP
MGLSTAPTPHSTTSPNPSTDTAAASTSAVEHNNNDSNSTSAGNSTSADNSSTPKDNSTAQLLADLTINFEETISAEICLRKTLPDVSLGKEPVPP
ASVLAVATSSTSAGSALSLSAVDEVTKIEIDNIEERLSQLDGNATGRPEEHVAPPSVPVPVQEAPNTPTRPQAPPSAHLESPQPARTQQQSIQQM
TPQSTTSSNNFLKDGAAGAVLEDQDIEEVLKALKTFDGGHVNPDTICEFFDEVWEEAAPAAPLPPAPPENVVDVPGAKPSCSGILVSGSNISQPN
VIIKQEQRPWQESHAELEQQQHVISRRIEFLLRRMRKLQARAMCRHASEEVVGIMEWSARSSHKAPVPARSSTLTEQEATVLSIVSGRPSSTFWE
EQNKHPLPASQMSNVIRHIATAAKHQQICHSASGSSATLAPSSSWYNSCNSSALPMKRPRKNQLDASVATGATPTAPAPGAVTSRQAAGTTGSAT
GSNTPRADDIVPGYDTYVTNELTHVSGLLHTELREVQNAIDSDATESSSGGESADEMVTYNNNQQLSLPITRRAVWRYSRDRAAIALRWSWLCSQ
LTDLEMKIRQHSDLYMDLTQSKGEIQLESTAKTSPSLAQPANGIKEEPGSDYLCSRARPLVLSEFRKRKLFQTTNMHTISKKAARPSNIKCGCQW
PQVPCTLCTGRTDPTAPRDLVETMMPQNRVALLDAGYHPVLSFASDVSQSVHLEAVARQPDWQYRVMRSQPKAIVKAMWKAERETIASGGVGGQG
GSRRSGDAAKRRYIRRKERNNNSNKEAGSGAKAAAVAAGGAGGNGSSSVGGGDSGNGTGTATTSSSTTPTTTPLVANTAARGKRQPQHPTGANSS
SSLWPDSRQRQRQRHHSPSSTSISALSGAKKARKSATNSSSSNSTQQQQNHHGTKINNHHLNGYGDQWGEQSRSRRNSSPSNSHKNERTSERRVR
PIYDINNIVIPYSMLAQSKMEIIPYKEIPIPKWRIVDSDNDKGKHSSDESMERKLSNGCVASKSEELAKQQLPPPPDQDQEQPALQPPKVNGLKE
NQAVKHNNNNNTNNNNNKNGLVNGNAKKDELKAAEDHDTQSKEDDDPKEKVVKPKLNGNLIKNPIDKTAETQDKIAQPAPEPPLPKRPKLETPTS
NEVTKANGQLVQQQLESRESEEEPQHVDEDLSDEAFIMRHQRALLEERRRFETFLKFPWSTRSRANRRVDSRAESSGANTPDPASPAPHLGGPGH
DNESIPSPLAYPLDAFNESGELLTGGQARQARRRTTSSKLKDQLERRSTTPDLRESYTVMPSPFEPLNFPLSDEVYQRLLAETYAPPRSMTVSKR
AKSKSISSNCDGGNTFTGGSGSRRSSKCKIKPNGQLNGQLNGHPAAAKLNGIDAANEGGISEPEEEEMLLEDEDDDYPKHHLAPLDDEEPSTPDV
EHELYDSAIDAYLADPEALEEDMGEDPFEDDDPNDPEWKTRTEGVRSRRI*
(SEQ ID NO: 1407)

Celera Sequence No. : 142000012807541
ACACTGCCATCGCTGCCATCCCGTCGCTTGGTGGGCGTGGCAGGGGCACTGGCCGCGCCTGATTTGTAGGCGGGATGATCCCGCTCAGCATCGCC
GGCGGAGGAGAAGGAGGTGTCCAGTAGCGCGTCGCCCGACGAGGTCGGGGTGCCACGTGAATTAGTGCGCTTCTTCATCGCCTAACTACAAATTC
GATTATCAAATGTAGGCGGGTGGCGTGATGTGGTTGTTGTTAGGTGGTTGGTGGCTCGGAATCGGTTTGGTGGCTAAGTACATGCGGGGACTGAA
GGTTGCGCAACATTCGATTCGATTCCACCAAGACTTGCCACTCGGCTCTCCTCGCAGCGGTTTCTATGGCTCCCGGCTCGAGTGACCTCGATTGC
TATGGCGTGGGCACGGCTCCTGGATCCTCGACTCGCGTTCGATCGGCGCACGTTTATTTTATCATTTGCCAGCTACCGTCCGTTGTTGTCAATTA
ACATGCTGCGCGCGGCTTGGACCAATAAAAATCGACACTTGCCGGCGGTGGTGTTGCCGGAGGGTTGAAATGTGTGACTTGATAACAGGGGCGTT
GCCAGATGAATAGCGGAACGTTGGGGGTGATCCAGGTATCTTATGATGACAAATATTTTGTATATTTTCAGATCGTATTCGAAAAGCAGTCATCA
CCCTACTTTATAACAAGATTATATTGTCACTATTTTAGAGTTATATAGCGTTAGTTATATAACTTAGTTCTTTACCTTATTTTTTCTATATAATA
ACTTTCTAGGCAGCATTTATGGCATTCCCGAGGATAAAATGATTTTTTGTTTACAAACAGTCAAATAATAATGAGGTCACGCATAACATTATTCA
GATTGGATATTTCAACATAGTGGAATCCTGGAACACCCCTAATGCTATGACTGTAGCCCTGAACAGCTGATTGCACTTGTTGACTAAAACGCAAT
CCACGACTTTGCATTGGTTTCGGAATAAATTGCTTTTAAATCGCTTTATAATGCTGGACAAGGTTAAAAATGTTATCGTAGTGCTATCAGGCAAG
GGCGGAGTAGGAAAATCCACAGTGAGCACCCAATTATCGCTGGCACTGCGAAAAAACGGATTTAAGGTAAGCCAAACCATTTCACCACAAAAACA
TTACCGATGAATTTTGAATGGTACTCATATGAACAATCTATTAGGTTGGTCTGCTCGATATAGATCTGTGTGGACCGAGTGTGCCATATCTATTG
GGTCTGGAAGGACGGGATATCTTCCAGTGCGACGATGGATGGGTTCCTGTCTATACAGATGAATCCCAAACCTTGGCGGTGATGTCCATTGGATT
TTTATTGAAGAACCGTGAGGATCCGGTCATTTGGCGTGGTCCCAAAAAGACCATGATGATCCGGCAGTTCCTCACCGACGTCAGGTGGGATGAGC
TGGATTACCTAATTATCGATACGCCACCCGGCACTTCGGATGAGCACATCACCGTAATGGAGTGCCTGAAGGAGGTTGGTTGCCACGGAGCCATA
ATTGTGACCACACCGCAGGAGGTGGCCCTGGACGATGTACGCAAGGAGATCACCTTCTGCAAGAAGACCGGCATCAATATCCTGGGCATCGTCGA
GAATATGAGTGGGTAAGTTATTTGAGTTTGTTAAGCCGCAAGACAGACAACAAAATAGGATTCATTTTAATTTGTCCTCAAAAAATTGGAACTCC
AATGCAATGCAACGAGAACGATATCCATCCCTGACTGAAAAGAGTTTTACAAGCTTCTGATAAGCATTTCTACTGTATTTGATGCTGACTAATTG
AAAATGCAAATATACATAGATATTAATTGGACGCCTTTGCGTGTCAAGTTTACGGCAGGGCGACACCTGTGGACTTTAACCAGGTGATAATTATC
TCATGTTTGACTAAATTATCTTATATTTGATTGTCACAGGTTCGTGTGCCCCCATTGCACCTCGTGCACCAATATATTCTCGTCAAACGGTGGCG
TCTCACTGGCCACTTACGCCCAAGTACCACATCTAGGAACTCTGCCCATAGATCCCCGTGTTGGCATTTTGGCGGGCACCACTACGTCCGTCTTG
GATGAGCTTCCGGATTCCACGACAGCGGAGGTGCTGACGCATATAGTTGAGAAGTTGAAAACGATGTTGGTCTCCTAAATAAATACCAACATAAC
AATTTTGTAAATATGATAGCTTGTTTCATTATTCAGTTTATGAATATAACCATTTTCTTCAGGAAACGATTTAATTTGCCATGGTATTTAATTGG
TAAACTTAAATAGGGACTCCCATTGTTAAACACATTTTAGCTTTTGTTTAGCTTTGGTTTCTTTTTCTTTATTTTTGTATGCTTTGGAATGAATG
TAGTTGATGAGTTTTGGGTATAATAATTTAAAATTATATGAGTGCGAGCGTTTGATATGTAATCACTCTAATGCAACAATTCTGCGTGTGCAGTA
ATTATAATTTACAATCAAACTAATACTTTCCAATTATAATTAATAACGTATTCCTTAACTGCTTAACTCCTACTGCTAAACCTAATCGCTTTATT
TATTGATTTGAGCATAGTTTAAAGATCAAATTGTATGCTTATCTCTGGACTGACGACAAAGTATAGTTTCTTTTCCTAAGTAGTACTATCATGCA
GACTTCATCCACTGTTTTGGTATAATTTTTAAGATCAAAAATCAGTCTGCAGGAGGATGGAATTCACACAGAGAAAAAACGAACTGATAAACTGA
GATGGCAACCTGGAACTATAATTTTCTCTCTGTGCAGGAATCACAACTTTTGCTCCGTCTTCGCTTTCTCCGTTTCATTCAGCTTTCGAACTGGA
TTTAATGGTATGGCATGGTATTTTTTGTTTTTCGAATATCTCTTCACGATGGCATAAAGGGATATAAACACTATAAGTATAACAAAGCCCATTAT
AACCACGCATTCCAAAGGCCAATCGGTTTGGATGCGCTCCTGGGGCACCTCTGCGTAGGGATACCTTATTTGCTGGATCTCCATACTGTTGAGAT
CCTTAATCTGACTGGTCGATTCGGGCGCCACGACCGCCGGTTGATTCGTGATGGGATTATCGGTCACCACGGATAAGAAGTTAGTTGCATTGACT
AAGATCACGGTGGGCTCATCAGTTGCTTTCGGT
(SEQ ID NO: 1408)

Exon: 1001..1111
Exon: 1185..1627
Exon: 1940..2168
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT15597
ATGCTGGACAAGGTTAAAAATGTTATCGTAGTGCTATCAGGCAAGGGCGGAGTAGGAAAATCCACAGTGAGCACCCAATTATCGCTGGCACTGCG
AAAAAACGGATTTAAGGTTGGTCTGCTCGATATAGATCTGTGTGGACCGAGTGTGCCATATCTATTGGGTCTGGAAGGACGGGATATCTTCCAGT
GCGACGATGGATGGGTTCCTGTCTATACAGATGAATCCCAAACCTTGGCGGTGATGTCCATTGGATTTTTATTGAAGAACCGTGAGGATCCGGTC
ATTTGGCGTGGTCCCAAAAAGACCATGATGATCCGGCAGTTCCTCACCGACGTCAGGTGGGATGAGCTGGATTACCTAATTATCGATACGCCACC
CGGCACTTCGGATGAGCACATCACCGTAATGGAGTGCCTGAAGGAGGTTGGTTGCCACGGAGCCATAATTGTGACCACACCGCAGGAGGTGGCCC
TGGACGATGTACGCAAGGAGATCACCTTCTGCAAGAAGACCGGCATCAATATCCTGGGCATCGTCGAGAATATGAGTGGGTTCGTGTGCCCCCAT

TGCACCTCGTGCACCAATATATTCTCGTCAAACGGTGGCGTCTCACTGGCCACTTACGCCCAAGTACCACATCTAGGAACTCTGCCCATAGATCC
CCGTGTTGGCATTTTGGCGGGCACCACTACGTCCGTCTTGGATGAGCTTCCGGATTCCACGACAGCGGAGGTGCTGACGCATATAGTTGAGAAGT
TGAAAACGATGTTGGTCTCCTAA
(SEQ ID NO: 1409)

Start ATG: 1

MLDKVKNVIVVLSGKGGVGKSTVSTQLSLALRKNGFKVGLLDIDLCGPSVPYLLGLEGRDIFQCDDGWVPVYTDESQTLAVMSIGFLLKNREDPV
IWRGPKKTMMIRQFLTDVRWDELDYLIIDTPPGTSDEHITVMECLKEVGCHGAIIVTTPQEVALDDVRKEITFCKKTGINILGIVENMSGFVCPH
CTSCTNIFSSNGGVSLATYAQVPHLGTLPIDPRVGILAGTTTSVLDELPDSTTAEVLTHIVEKLKTMLVS*
(SEQ ID NO: 1410)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384010
TTTTGGTTACTTGAAACGCTAAGACTGAAATGGCTTGTTATGGAGAAGAAAACACGTCCTGCAATACATTATATAATAAAAAGAACCCAGCAATT
TTCGCATCACCACATTACAGACAACAAAGTACTTTGTCCTCATCGTTCTGTGTGATCCAGATCCCCGACTATATATGATATATACACCTAGCTAG
ATTTAAGCGATTTGTACATACAGAAGCAAAAGCAAAACAATATACCAGAAAATTGCCTGTTAAATACATTTATATACACATATGAATTTAGTTAT
ATCACGATGACTAGTTTTTAGTTCTTAGAGGTTATTTAGTTAGTAAGGAGCCCAACTGACGTAACGTGAATAAATCAACTATATATGTGCCCATA
TATAAAGCGTACTATTTAATTATTTAGTTTTTACTGGACTTATGACACAACGAGCCACTGTAATGTCTTATTCAGCTCAATGCTCATAAACAAAA
TAAATATTTTTGGAAAAAAATACTGTAGTTCTTCTTATTTAGCCAAGACGTCCAAACCTTTTTTTAATAAATTTAATTGAGATGAAGATTTGCATT
CGAATTCTATAGAAGCATCAAACAAATATTACAACAGTATCGAGTGGGTTATTAAAAATTAAATATGTAAAAATCGCTCATTGTGTTAAAATATT
AATTATAATAGATTAGCTCAAACATCTTAAATCGACATTTTGTGCAACACATAAAAATTCTCGCAGACAATTGGCAGCTGATTACGATTAAACAA
AACCGAAATTAGCCGTTTTCCTTTAAAGCAATCAGCATTCGTGATCTCTTGTTTGGTTACCTCACAATGCTAGTTAGTTATAGCGCCATAAAACC
CCATTTTCAATGTCAGGGAAATCATAAGGTCATAAGGTTATCCCCACGATCGTTCTAATGTGATCACAGCCACAATCTATAATAACCAGTTCCCA
ATAGATAGACAAGATTAGAAAACGCAGCTTGGTAGAGTTTTTTATATTTTATAATTTAATTTATTCAGAGTGCTTTCTTGGGTATCGGGTCAGAC
AATTGAAACAGCATTAATATCATATTCGCATGTGTGGCCTGTGGGGGCAGCGGAGAGGAGATAACAAGGGGCTGGCCATCAAAGGTACAACATAC
GGACATACTTTCCAGCGAAAGCTAGACACACATAGGATTAAATATAGCACATAGTATAACAGAATATATATGGAATTGAATACTTTGAACTTGAG
TGTAGCTTAGTTTCGTACGATAGAATGTTTGGCTTTTAAAGTTAGAAAGATGTGTTTATAAAAAAGTGTGTATAAGTGCTGTGTTAGAGAAATGC
GTAAAGTGTTGTTTTGGAATGTACATGTGCAATGGCACACACGCAACATTAATGTATTCTTGCTGAGAAACAAGTATAAAGCATTTTCGCTATAC
TGAAACCGAAATTCGTTAGAAAGTAAAAGTATGTTGCTCCTGTGTCTGCCCACAATCGCTCCAACTAGTGAACTCTGTCCTTAAGGTAACCAATT
GGACTAGCCCACTTAATGCTGCTTGGCCTTCAGGCTAGCTGGCATCTCTGGTGGTGGTGGGCGGGGAATGCCCAGGGCGACCTTCACACCATCGT
AGATGAACCACTGCAGAGCGGTCAGGGTACCGATCATGATAATACGAGGAGTCAATCCGTTCCACATGCCACTGAAGCCCAGCGACTTGGCCACG
CTGATGGCGCTAGCTCCCTTGGCCTGGTTCAGCTTGGACACCACCACATCAGCGGGATGCGACACCACGGCACAGAACACACCGGCGATGTAGCC
AGCGGCGAAGGTCACGATCAGCTGCTCGCCCTTGGTGCAGTCGGCACGAGGCTTGGGCACCACATACCTGGGAAAAGTTGCATCATTAGTATTGA
TTTAACGGGGTTCGTTGGGGCTTGACAACCCGAACTGTGAACGGTATTGCTCTAGTTTTTACATTTGAACTTTCAGTGGCTACCTGCTAATTTGC
ACTTCAAAAGGAATGCTTTGCTTTTTTTATTTTATCCATAGTAACAAACTAGTTCTGAAATAATATGATTTTCCTATATTTGAACAAGATAAGCA
TTCGTCGTTGGTTTTTATTCTGGCGTGCCATTTATTAGATACGAATGGCATTCTTATCTGCTGACGCGCTAAAAGTTTATTTTATTATGAATACT
TTCAGTTTTGATCAATTAGCATATCACTTTTGAAATTTCACAGATTAACAGTCTACCTTTAAACTATTGTAATAGCAAAACGCTAATACGAATAC
AGATATTGTGCACAGCACTGGTAAGTTTTTCCGCTGTAGAAACTAGAGGATACCTAAAGAGGAAATGTTACTTACTTGTAGAGCAGCTCCACGGT
GCGCTCGAAGCAAGCGAACTTCATCATGGTGTATGGGATCTGTCGCATCCACAGGGGAACCAGACCCTTGTAGAAGGCATTGACGCCCTCCTCCT
TTAGCATCTTGGGCACTGCCTCGCGGAAGTTGTTGGCGTATCCGGGAATAGTCTGGATCTTCACCTTGGCGGCCTCGAACGGCGCCAGAGCGATA
TCGGCGAAGAACTCGGCCGAAGCGGAAGCAGCCAGATACAAGGAGGTGCGGTACAGGTAGGCGTTCTCCTCGCCAATGATTTCGGCGTACTTCAC
CTTGAACAACTCGTACAGACCGAACTTGCACAGACCCTGAAAGATACAGAAACGCGGATTAGCCTGCTGTTTCTCAGAAGTTATTTTTCAGTTTG
CAGTAGTATCCAAGATTTTATCTTCGGTATCTGTTTCTCCCGTAACCATAAAGTTGTCAAAGGTGTGTTGTTATTCTGAGGTATACTAAGATATC
AGCCTAGGAATCAAACTTCCTAATGTTCGATTCGAATCACTTTTATCTGCTTCAAGCCCGGAACCGATGTAATTAAGGTCAGCCGACCTGGTCAC
GAGCATATAATTCGCCTCCAGACGATTATGCAACCCATAAAGTGAAGCCCAATCTCACCTGTGCCGAGTAGCCGAGCAGAGTGGGGAACCAGCCC
TTAGCCAGTCCGCGGGCGCCCTCCTCCGCCACGGTGACCTTGAATCCGTGCACCAGATTCTTGTACTTGGCCTGGTCGACCTGCAGACGGCACTT
CACCAGATCCAGTGGGACCACGAAGGTGTGGGTGGTGCCGCAGCTGAGAATGCCACCAATTCCGCACAGAGCGAAGTACTTGGTGCTGCCGAATT
CGCACGAATCCTGCTGGTTGGCCACCGGGGTAGCGGCGGCGGCGATCTGGCGACCCTCAACCGGCTGGGGTTCCACCACTGGGGCGGCGGCATCG
CATCTTGCCATCGACATGGGGGTGCGGAATGGCGAGTTCCGGGCAGTTTCAAAGAAGCTGGAGAACATCTTGATTCTGTTCTTGTTCTGGGGTCG
GCTGAAAGTAGAGAGACCATCCATTAGTTACGTATATATGTACCTCGGAGGCGACATGTGCTTTATCTAATTATATATATAGCTGGGTAATCAGC
TGCTTTTCGCTTTTGTAGGTTACATAACGGCGTGCCTCGAATTCCGAGCACCCGGACTTACGACACCAAATTTACCCGAAAAGCGAAGGATTTTA
AGCAACCACGTAAATTTAGTGTATGTTAAGGGAGCGATAGAGCACCGCTCGGCTACTTTGATTTCGATTTTACAAAACTTATGCAATTTTCGCTC
GGAATTTTCGCACTTACTATTCGTCAGCAACGTTAGCGGCTCGTTGGCGAGGATTCAAAGAATGAGGGGGGGCTCACGGAGGTGCAGCGATTTCT
CACGAATACCAAAACGCCTTAATGGTTTTGCCGTGGAGAGGTGTAACTAGCGGATTGAGGATAGTTGGCCACACTCATGTCAAAATCTTCGGCTA
TGGACTGCAACCTTGGTGCAAAACTTTGGTGGCGCCTGAGCGTGGACTCGAACCATCTGCATACGAGGTATCAGGTGAGATTATTTTAATGCCAT
TGCCTTCGTTGTGAATAAAATATTAATTATTAATATTAATTTCATATTGATAACATTAGTTGTAAATATTTTGAAAAAATAATAAATTCATTTGT
AAAATCCTCATATTTTTGCATAGTATTTGTGATTTGTTTTCTATTTTTACACAATAAAACAAATTTTAATCTAAAGCTTTATTGTATTTAGAACT
CTCTGTAAAATATATAACAATTTTCAATTATATGTACATTTTAAATTTATAAGTTATAGCCCCATGGTAAAACTGGATAATTTTATGAGTAAATA
TGTGAAAATAAAGTTCTGCCATGATTTCACATGGGGTTGGCCCAATCCTTCACTTTTTACGCACGGACAGGAAATTAGGCCTTTGTATTCCATTT
TATATTTCACTCTGCAAGTGAAGCAAAATTCACCCTGGTGATCTTCAGTTAATAAGATTTGACAACCGATTTCTGGTGACCAAACGCAGCAGACT
TTGGCATTCATAGTATCTGTAAAATTAAAAAATTAGTCTTTTATTACTATTCAAATGCTTCTTATACCGATATGCAGTCCGGGTGGAACGCAAAC
ACCCTCTTTATTGGTTGTTTTTGGGAATTCACCTTGTAGACGACCCAATCGCCTATAAAAGTTTCCTTCATAACAACTGAATCCTGTCTCTTTAA
TCCGACACATTTCCGTATTTTCCTTCCTACAATCTAAGCATCTCCCATTTTCTATTATAGATACGTTTTTTTCGGCACAGGTGATCAACAGTCTC
CCACTGAGTATAATAAGAAAATATATA
(SEQ ID NO: 1411)

Exon: 3777..3723
Exon: 3421..3004

Exon: 2696..2356
Exon: 1872..1001
Start ATG: 3393 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT15958
CCCCCCCTCATTCTTTGAATCCTCGCCAACGAGCCGCTAACGTTGCTGACGAATACCGACCCCAGAACAAGAACAGAATCAAGATGTTCTCCAGC
TTCTTTGAAACTGCCCGGAACTCGCCATTCCGCACCCCCATGTCGATGGCAAGATGCGATGCCGCCGCCCCAGTGGTGGAACCCCAGCCGGTTGA
GGGTCGCCAGATCGCCGCCGCCGCTACCCCGGTGGCCAACCAGCAGGATTCGTGCGAATTCGGCAGCACCAAGTACTTCGCTCTGTGCGGAATTG
GTGGCATTCTCAGCTGCGGCACCACCCACACCTTCGTGGTCCCACTGGATCTGGTGAAGTGCCGTCTGCAGGTCGACCAGGCCAAGTACAAGAAT
CTGGTGCACGGATTCAAGGTCACCGTGGCGGAGGAGGGCGCCCGCGGACTGGCTAAGGGCTGGTTCCCCACTCTGCTCGGCTACTCGGCACAGGG
TCTGTGCAAGTTCGGTCTGTACGAGTTGTTCAAGGTGAAGTACGCCGAAATCATTGGCGAGGAGAACGCCTACCTGTACCGCACCTCCTTGTATC
TGGCTGCTTCCGCTTCGGCCGAGTTCTTCGCCGATATCGCTCTGGCGCCGTTCGAGGCCGCCAAGGTGAAGATCCAGACTATTCCCGGATACGCC
AACAACTTCCGCGAGGCAGTGCCCAAGATGCTAAAGGAGGAGGGCGTCAATGCCTTCTACAAGGGTCTGGTTCCCCTGTGGATGCGACAGATCCC
ATACACCATGATGAAGTTCGCTTGCTTCGAGCGCACCGTGGAGCTGCTCTACAAGTATGTGGTGCCCAAGCCTCGTGCCGACTGCACCAAGGGCG
AGCAGCTGATCGTGACCTTCGCCGCTGGCTACATCGCCGGTGTGTTCTGTGCCGTGGTGTCGCATCCCGCTGATGTGGTGGTGTCCAAGCTGAAC
CAGGCCAAGGGAGCTAGCGCCATCAGCGTGGCCAAGTCGCTGGGCTTCAGTGGCATGTGGAACGGATTGACTCCTCGTATTATCATGATCGGTAC
CCTGACCGCTCTGCAGTGGTTCATCTACGATGGTGTGAAGGTCGCCCTGGGCATTCCCCGCCCACCACCACCAGAGATGCCAGCTAGCCTGAAGG
CCAAGCAGCATTAAGTGGGCTAGTCCAATTGGTTACCTTAAGGACAGAGTTCACTAGTTGGAGCGATTGTGGGCAGACACAGGAGCAACATACTT
TTACTTTCTAACGAATTTCGGTTTCAGTATAGCGAAAATGCTTTATACTTGTTTCTCAGCAAGAATACATTAATGTTGCGTGTGTGCCATTGCAC
ATGTACATTCCAAAACAACACTTTACGCATTTCTCTAACACAGCACTTATACACACTTTTTTATAAACACATCTTTCTAACTTTAAAAGCCAAAC
ATTCTATCGTACGAAACTAAGCTACACTCAAGTTCAAAGTATTCAATTCCATATATATTCTGTTATACTATGTGCTATATTTAATCCTATGTGTG
TCTAGCTTTCGCTGGAAAGTATGTCCGTATGTTGTACCTTTGATGGCCAGCCCCTTGTTATCTCCTCTCCGCTGCCCCCACAGGCCACACATGCG
AATATGATATTAATGCTGTTTCAATTGTCTGACCCGATACCCAAGAAAGCACTCTGAATAAATTAAATTAT
(SEQ ID NO: 1412)

Start ATG: 84 (Reverse strand: CAT)

MFSSFFETARNSPFRTPMSMARCDAAAPVVEPQPVEGRQIAAAATPVANQQDSCEFGSTKYFALCGIGGILSCGTTHTFVVPLDLVKCRLQVDQA
KYKNLVHGFKVTVAEEGARGLAKGWFPTLLGYSAQGLCKFGLYELFKVKYAEIIGEENAYLYRTSLYLAASASAEFFADIALAPFEAAKVKIQTI
PGYANNFREAVPKMLKEEGVNAFYKGLVPLWMRQIPYTMMKFACFERTVELLYKYVVPKPRADCTKGEQLIVTFAAGYIAGVFCAVVSHPADVVV
SKLNQAKGASAISVAKSLGFSGMWNGLTPRIIMIGTLTALQWFIYDGVKVALGIPRPPPPEMPASLKAKQH*
(SEQ ID NO: 1413)

Name: mitochondrial carrier protein; phosphate transporter
Classification: transporter
Gene Symbol: Mpcp
FlyBase ID: FBgn0026409

Celera Sequence No. : 142000013385184
CGACGGCCTCCTTGGTGGGCAGGGTTTTGAGGATAACCACCACATCGGCTACATTGTTGCCCGTCAGTATGGTGCCCTTCTTGAAGGAGCCAACC
TGACGCACTTCCTCCAGTTGCTGTGGAATAATCAGAACAGTTTAAACATGCAAATCACAAGGAGTTGTGTAATGTACTCACACAAGTTGTCAGAT
CCCCGGGTGCAACCACCAGATTGTCGAGAACAGCCTGCACCTTGGTCACTAGATTGCCAATAGCCGTCTGCTCGCTGGGAGTGGGACTCAGGTCC
TGGTTACGCTTCAGCAGCGCCTGAAATGCAATTGTTTTCCCATTGCAGACACCTTGGATACGCAAGTAATTTATTGATTTACCGCAGTCAAAGCA
GAATCGTCAACGGCGCCGGCGGATGGAACTTTGGGAAAGAAGACCTCCGCGAGGGTCAGATCGAAGGGGTGGCGCGGCACGAATGTCTTTTTGAA
CGGCGGACGTATGCCGCCGCGCATGGGGCGGCCACCTCGGAGAGCTCCGCGAACCATATTCCTGTGGGGATGAATTTTTAATAATTTTCGCAACG
CCGGAGCGTTCTGTTTTTTTTAACAGATAGGTAAACAGTGTGACCGAAGCTGGACCGGTAAGGAAACGACATCAAAGATGGGCTAAGCGCGTTTT
CAAAGTATACCGCATAAAATATTTTTAGAGGGCAAACATTTTGAACATTTAAACATTTTACTACATTAGAATGCATAAATTGATTGAATTAAAAT
ACGGAGACTGGTGTTTTTTAATCTGCATAATTTTGTAGTTGTAGCTAGTGCAACAAGGTTTCTATCAGTTCCAGGAAAACGCTTTGTTTACAAGCA
AAGTGCTGATTTTTATGTTGATGGTCTTACCCTTTTGTTGTACAAAATTCCGGTGCTAAAATCGGATTAAAAGCGCATGAAGTTATTCGTAAGTA
GTTGAAAATCGCACTAGAGATGAATCCTAATGTTTATAGTTTTCAGAACTATGGATCTGGCGAACGTAGATCAACGCCCCGTGAAGGACGAACCA
CCTCAAGAAGACACTTTCGAAGAAGAATTAATCTTCATTTCTAACAGCGACTTCGAAGAGCTTGAAAGCGAAATAAAGATTGAGAACTTCTGTAG
TTATGGCAAAGATTTGGAGCCAGTTAAAGGCGTCCCGTCGAAGCTGAAGACGTGTAAATCCAAAATAGCAAAGAAGCGCCCCTTGCGAAAGCAAA
CAGATACGTTTAAGTGTACCCAATGCCAAAAGACGTTTACAAGAAAGGAAAACCTCGAATCACACTTGCGACTTCACGCAGAAGAACGTCCGTTC
GAGTGTTCCCACTGCTCCAAGAGCTTTGGACGCAGGACGCATTACAAGCGACACTTGCTCAAACACGAAAAGCGACCTCATAAGTGTTCCCACTG
CTCAAAAACCTTTACCCAGAATTCATCGCTTAAACAACATCTGCATGAGCACACAGGAGAGCGCCCCTTTAAGTGTACCCAGTGCTCGACGTCGT
TCGCGCGAAAATCTCATCTTCAGGTACACTTACGTACGCATAGTGAAGAACGACCCTTTGAGTGTACCCATTGCGAAAAGGCATTTAAAAACAAT
TCACATCTCCAGGAACACTTGCGAACGCATCAGGAGGCACGGCCCTTTAAGTGTTCCCACTGCTCAAAGAGTTTTAAGCTAAGATCAATTCTACA
AAAGCACTTGCTGACGCACGCCGAACGATCCTTTAAGTGTACCCAGTGCCCGAAGACTTTTCTGCAGAATGATAGTTTGCAAATTCATTTGCGAG
TGCACGCGGGCGAAGACCCGTTCAAGTGTCCCCATTGCTCAGAGACCTTTGCAAGGAATTCGAGACTTCAACTACACTTACTTGAGCACGCTGGA
AAAGAGCCCCTGAAGTGTTCCCAGTGCTCAGCCACCTTTGCCATGAGGTCACTTTATCGAGTCCACGTGCGTTTGCATACAAGAGAGCGACAGTA
CAAGTGCGCCGAATGCTCGAAATCTTTCTTCAAGAAGTCACATCTTGTGGAGCATCAGCAAGTGCATACGGGAGAGCGGCCCTTTAAGTGTACCC
ACTGTTTCAAGGACTTCAAATGTCGTACGCATCTTCGGGTGCATATGCTTGATCATATTGGAGAAAAGGTACCCAAGTGTTCCTACTGCTCGAAG
GAGTTTAAACTAAGCTCGCAACTGCTGGTGCACCTGCAAGAGCATACTGGAAAAAACCAATTCGAGTGTCCCCACTGCTCGAAGTCCTATACAAC
TAGCTCGACTCTTCACATGCATTTGCGAACGCACACGGGAGAATTGCCCTTCAAGTGTTCGCACTGCTCAAAATTGTTTGCGAGAAGCGCAGAAC
ACCAGGAACACTTGCGAACGCATACGGGGGAAAAACCCTACAAGTGTTCACACTGCTCAACCCGATACACACAAAAGTCCAGTCTTGGGCGACAC
CTGCGGCGAACCCTATGCGGCACTAAATCGGATTAAAACCAATTAGTTTAGAATTAACTTAGAAATAATGTAATAAGAAGTAAAGTAGGCGAAAA
TAAATAAATGAGTTTAAATATTTTTTTAAGTTTAGAAATCGGTAGTGTGCCCATTTGTTTAGTCCCCCTGATCGACCTGTACCATATTTGGCATT
CAGCATTCGGTCACACTGCCGCCCAATTGCTGTGTCATTTTTGTTTCTGTGCGAAATAAGTCGGCTTTTTCATTTTACACATCAAATCACTGCAT
TTGCGGCCCAGGAAATATGGCTACCGAACGATACAGCTTTTCGTTGACCACGTTCAGGTGAGAGCATCGCTATAGCCGGAGCGGAGCATTCGCTT
CGCCCCGCGCAACACAAACTGCCGCCATGACTGGGCAATAAGTACAATTTTCTACCGTTTGCAGTCCTTCCGGAAAACTCGTCCAACTGGAGTAT

GCATTGGCGGCCGTATCTGGCGGAGCTCCCTCCGTGGGCATTATAGGTTAGCATGCCGCACAGCCAGTCAGCCTGTCAGCCAGTACTGTGCATTC
AACTAACACACTATTATTTATTTTTCTTGGCTGTAGCTTCCAACGGCGTCGTCATTGCCACAGAGAACAAACACAAGTCACCGCTGTATGAGCAG
CACAGTGTACATCGCGTGGAGATGATCTACAACCACATCGGCATGGTGTACTCGGGAATGGGTCCGGACTACCGCCTGCTGGTCAAGCAGGCCCG
CAAGATCGCCCAGACGTACTACCTGACCTACAAGGAGCCGATTCCAGTGTCACAGCTGGTGCAGCGCGTGGCCACGCTCATGCAGGAGTACACTC
AGTCCGGGTAAGTGTGCGCGCTTTTCTCGACTTTGGGTTCCCATAGATAATCGTATGCAATCCCACCAACAGTGGCGTTCGTCCCTTTGGCGTTT
CCCTACTGATCTGCGGCTGGGACAATGATCGTCCGTATCTCTACCAATCCGATCCTTCGGGCGCCTACTTCGCCTGGAAGGCCACT
(SEQ ID NO: 1414)

Exon: 1001..2506
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT16741
ATGGATCTGGCGAACGTAGATCAACGCCCCGTGAAGGACGAACCACCTCAAGAAGACACTTTCGAAGAAGAATTAATCTTCATTTCTAACAGCGA
CTTCGAAGAGCTTGAAAGCGAAATAAAGATTGAGAACTTCTGTAGTTATGGCAAAGATTTGGAGCCAGTTAAAGGCGTCCCGTCGAAGCTGAAGA
CGTGTAAATCCAAAATAGCAAAGAAGCGCCCCTTGCGAAAGCAAACAGATACGTTTAAGTGTACCCAATGCCAAAAGACGTTTACAAGAAAGGAA
AACCTCGAATCACACTTGCGACTTCACGCAGAAGAACGTCCGTTCGAGTGTTCCCACTGCTCCAAGAGCTTTGGACGCAGGACGCATTACAAGCG
ACACTTGCTCAAACACGAAAAGCGACCTCATAAGTGTTCCCACTGCTCAAAAACCTTTACCCAGAATTCATCGCTTAAACAACATCTGCATGAGC
ACACAGGAGAGCGCCCCTTTAAGTGTACCCAGTGCTCGACGTCGTTCGCGCGAAAATCTCATCTTCAGGTACACTTACGTACGCATAGTGAAGAA
CGACCCTTTGAGTGTACCCATTGCGAAAAGGCATTTAAAAACAATTCACATCTCCAGGAACACTTGCGAACGCATCAGGAGGCACGGCCCTTTAA
GTGTTCCCACTGCTCAAAGAGTTTTAAGCTAAGATCAATTCTACAAAAGCACTTGCTGACGCACGCCGAACGATCCTTTAAGTGTACCCAGTGCC
CGAAGACTTTTCTGCAGAATGATAGTTTGCAAATTCATTTGCGAGTGCACGCGGGCGAAGACCCGTTCAAGTGTCCCCATTGCTCAGAGACCTTT
GCAAGGAATTCGAGACTTCAACTACACTTACTTGAGCACGCTGGAAAAGAGCCCCTGAAGTGTTCCCAGTGCTCAGCCACCTTTGCCATGAGGTC
ACTTTATCGAGTCCACGTGCGTTTGCATACAAGAGAGCGACAGTACAAGTGCGCCGAATGCTCGAAATCTTTCTTCAAGAAGTCACATCTTGTGG
AGCATCAGCAAGTGCATACGGGAGAGCGGCCCTTTAAGTGTACCCACTGTTTCAAGGACTTCAAATGTCGTACGCATCTTCGGGTGCATATGCTT
GATCATATTGGAGAAAAGGTACCCAAGTGTTCCTACTGCTCGAAGGAGTTTAAACTAAGCTCGCAACTGCTGGTGCACCTGCAAGAGCATACTGG
AAAAAACCAATTCGAGTGTCCCCACTGCTCGAAGTCCTATACAACTAGCTCGACTCTTCACATGCATTTGCGAACGCACACGGGAGAATTGCCCT
TCAAGTGTTCGCACTGCTCAAAATTGTTTGCGAGAAGCGCAGAACACCAGGAACACTTGCGAACGCATACGGGGGAAAAACCCTACAAGTGTTCA
CACTGCTCAACCCGATACACACAAAAGTCCAGTCTTGGGCGACACCTGCGGCGAACCCTATGCGGCACTAAATCGGATTAA
(SEQ ID NO: 1415)

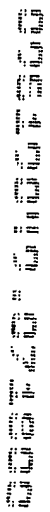
Start ATG: 1

MDLANVDQRPVKDEPPQEDTFEEELIFISNSDFEELESEIKIENFCSYGKDLEPVKGVPSKLKTCKSKIAKKRPLRKQTDTFKCTQCQKTFTRKE
NLESHLRLHAEERPFECSHCSKSFGRRTHYKRHLLKHEKRPHKCSHCSKTFTQNSSLKQHLHEHTGERPFKCTQCSTSFARKSHLQVHLRTHSEE
RPFECTHCEKAFKNNSHLQEHLRTHQEARPFKCSHCSKSFKLRSILQKHLLTHAERSFKCTQCPKTFLQNDSLQIHLRVHAGEDPFKCPHCSETF
ARNSRLQLHLLEHAGKEPLKCSQCSATFAMRSLYRVHVRLHTRERQYKCAECSKSFFKKSHLVEHQQVHTGERPFKCTHCFKDFKCRTHLRVHML
DHIGEKVPKCSYCSKEFKLSSQLLVHLQEHTGKNQFECPHCSKSYTTSSTLHMHLRTHTGELPFKCSHCSKLFARSAEHQEHLRTHTGEKPYKCS
HCSTRYTQKSSLGRHLRRTLCGTKSD*
(SEQ ID NO: 1416)

Name: zinc finger protein
Classification: transcription_factor

Celera Sequence No. : 142000013384536
GTTTAATTCAAGGATTCCTCTTGTTTGGGCATTTCAGATATTGGCAGTTATCTAGTGTTGTTTGGTGTCTTTGAAAACTGTTCGAAAATGGAATA
ACAAATAATCTTGGGCAATTCCCATTACAATATGAAGTTGTTATTCTTCGCAGCCAGATGGACTGTAATGCAATCGTAGATCACAGCTAACTCCA
CTCGCAAGCGGTTCATAAATCATTCAAGCTAACCCATGAAAGGCAACTGTTTGCCAAGTCAATCCAGGCCAAGACCCCCCAGACTCTCCTCGTAT
TCGTGGTTATCTTGGGATTGGATTGTTATACATTGACTTTTTGAAATGCAAATCACATGCAGACCACAGATGCATAGCCAATGAATGCAAATAGA
CAAAGACCTGCATAGGCTCCTATTTACATACATGTTCTCAGAAAATCACATATTCAAACTGCTCCTATCTCCCACCTCTTGCCCTCCCCTGCAGG
TCGGATGTTTGCGTTTAACTTTTTACATTAACTGTCATTTGGTTTATTTCACAATTTACAAAATGCAACTTAAACAATGGTCTTAGACGTGGTGC
TGGCCATGCGTGGAGGAGAGTGTCGTCAACAGATGTCCTTTGTGTTGTTCGGCATCCTGGTTACATTTTACATACAGTGCAGTGGAAGGAACTTA
ACTAACTTACTGCGGTTGCAACCGTTTCTCGGGTTCTTTAATTTGTTGTCGTGTGCTACACTAGTACTAAGCTTTGCTGCTGCGGTTGCCGTACA
CTTGGTGTTCGCTTAGTTTGCCTTTGTTTCAGTTGACGCTGCTGTGGCTTCACATTGCTTTAATTTTGTTTCATTTTGTTTTCATGGTGTTAGTT
TATATCGTAAATTTATTTATGCAATTTTATCTCAATTTCATTAATCTGTTTTGCTTTGTTTTGCTTTTCTTTGCCTTTTAGTTTTGTTTTCTTGT
TTTGCCTGATTTTTACATACACATATTTTGTTTACAATTTTCTACTAGACTTAATCGGCATCCGCGCGCATACCCCGCACCTCGCCCACCTGCCG
CGCCTTGTCCAGCTCCTCCTTCGTCTGGTCCTCGATGGCGCGAATGTCCTCCATTGTTAGACCGTACCAGCGATCGGTTGAACAGAAAACTTGGC
TAAAAATAGAAATGAAAAGACGATCAATAAGGAGTTTCCATCCAGGGCATACTAAAAAGGTATTCATGCATATCGAACTTTATAGATTTTAAGCA
GTTCAAGGATATACAATTTCAAGACTATTACCGATGGAAGTTTGTAAAGAGGCGACGCTCCGATTTCTGTATGAAATTCTCTACTCTTGTTTGCA
GGCCGAACCATTTGAACTCGCACGTGACCAGCTTGTAGCAGGTCATGACAGGATTAACATGCTTTTTCCAGTCGGATCCCACCAGGGGACCGCGG
CCCGTCTTCTTTGACTGGTAGCTGAAAGGATGATCGAAACGTAAATTTCTAATTCACATCACATTATTCAATATTAACGCTTACGTGGTTGGATC
CTCATCGGGCTTGTAGTCCGCGGGCAGCACCGGATCGTTGGCAATGTCGATGTGCACTATCTCTCGCACTTTCAGCTTATCCGGCGTCAGCTCGT
GCACCTGCAATATCGAAGAGCCATGGCGATATATCTTAGATCCATACATTTTATTAACTTATCGAACACAAAAAGCGTTTACTACATAGACATGA
ACATGGATCGATGGCGGATAAGAACTACAAAGCCGAATCGAGCAGAGACAGCAAATGAAATACAAAACAAACGAAACTTACGTTGTCAACAGTGC
CAAGGTCATTTTCTATGTGTTGCGAATAAATGTCTATTTTAAAGTTTTTATCCATATAACCAGGATTCTTAATCGATAACCAAAGGATTACAAAA
CCAAACCAAAAAAGCCAAACAAAATGATGGTAGGATTTTGACAAAATCATATTGCAGGATGATCGAGTTAGTAGTTAGTTTTCACAAATAAATGT
AGGGTTGAGATGTGATGATGTTATGGAGAGAAAAGAAGAAAACACACGTTAGTCATATCATGCTGTGGATTCTTGACTTACATTTTCTGAATCGC
CCGCATCTCCGACGTGCAGAGTGTCGATGATTATTTTGAAAGCATCTTTCATAAACTTGGGGTTCTAGAAATTCAATATAATCACAGTAATCATC
AGGTTGCCTCACATTGCAGTACATTGCTAATGCTAAACCAATTCATTTGTTGATTTGTTTCTAACCCCCATTTTGTTACAACTATTAAATTTAAG
TGCTCTCCCCATTTACCGTGATAATCGTTCGACAATAGGGATAGGCATTCCATGCCTCCTCGTGGATCTCCAATGAGCCCTTGGGTGCCAATAGT
CTTATGTAGGCTGGAACTTTTGATTGCAGATGGTAGATCTTATATGTATATTGACCGGAATTGTATTTGCCACCTGTAGGAATCGAAAAACTCTC

Celera Confidential



TGTTAGCCCGCAACTATTCATTACCAATCGGTATTTGCTTACCCAGCAGGGGAAAATCTTCGAAGGGTTCGTTTTTTAACACCTCGATGCCCTCG
CCGCCACCCGTATTCTCCTTTGACGCCTCGGCCACCGAGAATAATTGTGCAACTTGATACTGTGGAGCAGAAAAAAAAAGGAGTTGGGAAAATTG
TTATCCTCGTGACAAGGGGCTTTTTGCCCAGTTAACTCTCTTACCTCTTCCACAGTCAATGGCAAAGTCACACGGCTGCAACGAGAAAAAAAAAT
GAATATGTCAGCGAATGTGTGTGTAAAGGCTACGTGATTTTAATTAAGTTTAATATAACCATTTTAATTAAATACCATGCCTGTGCATAAAAAGC
TGTTGATACCTTTCGCGCTACTTCGGGTGTATGGAGTATATCGAGTTTAGTACGAGGCGGAATATACAAATTATTAGCAATAACCAGTGAAATGC
AACCAGTTATTATTGCTCTATTTAAAGGAGCGGTATTCAGACTACGTTTTAGTAGTAAATATGCCAGTGTCTTTTGTGCAAATAAATTAAATATG
CATTCAGAAACAATAAATGTCACCCACTCACTACATGCAAATAGTTTAGACTGCATTTCTTTTAGTTTACAACAGGTGTACTTAAATCTCGATGG
TTTTTCTGTTTGTCAATAAATAATCCGCTTTGTAATAGGAACGCTTTCCTCTTAAGGCCAACTTTGAATTGTCTGTTCCACTTTAAGTTCTAAGT
AGCAAGGCACACAAATTGCCTCAAATTACAAGCCCTCTACTCTGGTTTTACATTTTCTAAGGCAATCAACTCAAGCCCCAAAGTATGCAGCACCT
ATTCAAACAAGGAATCTTGAGACTACTTGCAAGAATGACCATCGGTAATTTTGGCTAGAGCCAATCAATCGTGGCCAATTGATACTTGTTGAGAT
AAGATCTCAGGTAATTTATATGAGCACTTAATACAAACTGTTGAAAAAGGTTAATATCACTGCACGATTTAAACGATATATTTTTAATTAAAAGC
TTACACGAGTGGGCGGAGCATTGGCATTGAAAAGAAACAAAAACAAAGGGTTTCCACAGCATAAAAGCTTCACAAGCCTTTTTGCATTTTATTTG
CATGCATATGAGTTTGAACACGCCAAACCGAAAACCCACCCACTTCCGGGCCACATACTCATCCTCTAATTACCAAAAAGGTTGCCAGGCAGCAA
AAGAGTAGGAAAAAGCGGCGAAAAGTGTTCTGGGACCTCCATATACATAATTATGCCAGCCTTGAAACTTGTACGCATCGCTTGACTTTTGTTGC
GGTTTTTGGCGGGGACAATTTAATTGCAAAAAATTAATTTTTTACAACGAATATGAAATGCTCTTAAAGGATGGAAAAAAGTCTATTAACTTTTAT
AGCTTTGAGTTTAGAAACTTTACTTTAATAGAACAAAAGAGGATTAAAACCTGTAACCTATATTATCATCGCTTTATAATCTCCTGCCAATGTTT
CCATTTTGAGAGTTAATGACGCAAAAATGTTCTATGCATTCCCAAACTTTTTTGATGGTTTTTTAATTTTTTTTTATAGAGAAATAGTTAGGCCA
AAGTTCTTTAATTTTGATACAGCAAGCATAAAACTGTGATGAGTGAAAAAGAGGAGCATAAAAACCTCTGGTATTTCGCCTTGATCTCTGGGAAT
TTACAACCCGTAGTCGCAATGTTGAAATTTAGCTACAAACTGTAAGCCAAGGAAAGTCAACAGTCAACGGCTTGGCAAATGAAATATTCCCCGGC
AAATAAAGGCCAAATTGCTCCCCGGTGCGAGGGAAGCCTTGGAATGCATTCGCAAGGTGCGAACTGGAGCTCCTTGGCCATAAAGAACCTGAACC
TCGTGCTGGCCCGGCTTTATGGGCTGTCAGCCGTTCTCGCCTCCCCACACATAATACACATAATACACGGCAAATGCCAAACAATGAGACACAAG
AAAACACGACACGACTCGAGAACAATCAAAGTGATGTGGCGAAAGTGGGGGAAATTCGGGCCTTTGCTTGCCGGTTGTCTTGCAGACGCAATTAA
CCTTTTGGCCCACTGTTGACACTCGTAATGATGTGTTTCCTAATTGCCAGTCGACTCGAGCAACTGGTGGGCGTGGCAGAGGGACAGAACCAGGC
GCTTTAATGCTGCCTACTCAAAAGTTGGCCAACTACGCGCCGGCCCTGAAAAGGTTAAAGTTCTAAGAGCACTCTTTTTATGGCGGTAGGGGATC
AAGTTCAACTTTCGGCCGAGTTCATCTGGGGGGTTATTCTCCAAACAAGGTGGATGATTTAGGAGTGTGTGCGTGTCGGGGGAATGGGGCTCCAA
AAAGTTGGAACTATAAAGGGACTTAGGGAGAGGTAGAACATTGTATTGCGGTGTTTAATTGTTAATGAAGTTATTCGGAACTTTACTTAATCATT
GCATAATCAAGAGGAACGATTTGAGCTCTTGTGGTGTGTGTGTGTTCAACGGGTTGGAATTAAAGTTTTCGCTTAAGTCATTTAAAACGGAAATT
CTAAGGTAAATTGCTTATGCTTTGCATTTTTGGTCAATTAACAACAGCCCATCTATACTTATGTAAATAAATGCCTAAGTAATTCCAAATAAATA
TTCGAAATGGTTACCATCCAATTTAATTACCCATTTATGTGCCAACGTATCATCAATTCATTTAATTATGCAAACAGTATAACTTTCTTTTCAA
CAAATTTCCACGCAGCATTTGTCGTTCAATCAAATCTGATTGTAAAACTTTAGCGCAAAAAATTGCCCATAAAAATTGGTCTTCTGCACAAACTT
TTCCTGTTCCGCAAAAAAAGAAAGCATTTCATTTCTTGAAAGGCAAAAAAACTTGCTAAAGCTTAAAACCCAGAAGAGGGAAAACCATTAGAGGA
CAAACCAGAACGTGTTTTTGTGACAAAATCGCTGTTCCAATAAGTTTAGTGGTAAATAAATTTCCCTGAAATTGTCGAAACAACATTCAACTGGG
TTGAACAACATCAGCAAATGCGAGAGATCAAACGATATAGTCGCGTTTCTCCATGGGGTTTTTGGGTTTCCTATGAATCACAGCACAATCAGAGC
ATTGAAGAAATTATGCAAATCAAAAATAGAAACATACAACAAATCCCCACACATGAATGGTGGTAGAGGGGGGCCAAAAAGTACAAAAGTACAAA
AGTAAAGCAAAAACAAGCGTCTGAGAATATTGAAGAACTCTTAATGAGACCAAAGTTGCCGAAAGAAACACTCGGGAGACCCCTTGGCACTCAAC
CCTCTTTTGTGGCCATGAACAAGGGAAATTGTTTGCTCTTGTTGGCATAATTGAAAATGGAAAGTGATTGTTTGGGGCTCTGTGGTCTTCGCATC
CCAAAGAGGTGGTGTGTGTGTGTGTGGTGTGTGAGTTGTGTGGGTGGGTCGAGGGGAAAGCTAGTGGCCAAGGCTCTTGTGGTG
GCCATTATTGAGCGACGCCCACTGGCCATTGTCGCAATTGAAGGCCGAAGCCAAGTAATAATTGATTTACCCGCAATAAAGATGTCACACAGAGA
TTGCTCAGTCGATTGTTCAGTGAATAAGGCAGCAACGAGTCATTCGAGCTTGAAATTAAAGCATTTGTGCTAAACCTTCGTCTAACTAACAATAC
ATATAACAAAACGATATTATCCCTGTTAAGCAGTAGGTGTTTGCATTAACATAAGTAGATATTCTGATGTGTTTATAATTTAAGCCATTTACAAG
CCATAAGTAATTAGCTATCTAAATAGCCAAACCATTTATATACTATTCTTAAGCGTAACTGATAACTGACAAAGCTCATATGGAAATCAAGTGAA
ATTATAATATGGCCATGCACCATTGAAGAGAAGTTGTTTTTTAAATCAAGGCCGCATTTCGCGGTTTGCCCCCATTCGGATAATAGCATACTATG
TATCTCCATATTTGGAGCCCAATTATGCTGGCGCTTAGTAGCCGGCACGCTCAATTGCCAAACATTTTCGAAACAACCGAAGCCCGAAACACTCG
AAACGTGTAATGAGTACAGTGCCGATGTGAAGTAAAACGACGCATTGAAGTCGAAAGCCAAACACTGCGTGTTATCTTATCGCAGTACATAAAAA
AGCGCACAAATGGCGGAACTAAATTGGAGCTCGTGCCATTTTCAAATTGATTGCTGGCTGGGCGAGCGGGGAGGGCGAAGGGAGAACTGTATCTG
ACGGATACATGTGTGGTGTACAAAGAGGCCAATCAGTTTGGGGCAGTAAAAGTCACGCTACAGCTGGTTTATGACGAGCACCATAAAGGACCGAC
ATTGAAAACAACAAGCTTTTGCTTTCAGAGATCAAAGTTGAGACGGTTGAAAGTTGAAAAAAGAAACCTGCACTCACACCAACTTTATTGTCGCA
AAAACGTGGCCTATGGACGAGGGTAAATGAATTTGCTTGATGGTTGGCCGTACAGCAATAAGATCGATTTCATTAAATTCTAAGAATATATAATC
TATTTGAACCATTGTTTATTTATTTAAACTTTCCAGCCAATTGCTGATATAATCACGTAAATATAGTTAACATTATTGGCTTGATTCCACAATAA
ATTCTGTATTCTAAATTCACTAGCTATATTTACTATGTCAACAAATAAAGTGCAGCACTTTAAACATTTTGTGAACAATAAAACACAATTTCAGA
TAAATCATGCCAAGTGCAGACTATCACAATTCGTTGTTGTTACCTTTTCAGCTGCTTTTTATTCATTTGGCCACTTTGCCCGCCGGCCATTCAAA
ATTGTTTATCAGCCTGCAGCAACCTGTGATGCGGCACGCGTTGCCTTTATTTGCACCTTTGTTTTTCATTTAATGACGATGCTGAAATGTTCATT
GCCAAATGGTTTACACGCCAACAGGCGGCAGACGAAAAAAAATGCGAAAATCTGGCAGGAAAAACATTTTGAAATGCAAATGCTACGGGCTTCGG
ATTCGTGTTGGGATTACGGCGTCGAGAACAATTAAACATTAATGCCTCTCGTGAAGACTGCCCGTCAACTTATGCGTATTTAAATAAATAAAATA
AAAAAAATTTTATTGTGCAGTAAAATGCAGTTGCCTTAAATCTTCCATATTCTCTGTTAAAAATTTCGAGCAATACAAAACGTTCCCAGAAATGT
ATATTATTTAAAGACCGGCAGAAGTATATTTTCACCTATACTTCATGAGCTTTAGTTTACTTTTTGGTCGTTGCACACTTGAATACATATCGTAC
ACCATATGATAAATATTAATGATATAAATACATTTTATGGGTAATCTAAATAGGAATTGTGTACATTTCTGTGAACGAACGCTGTAATGAACTAC
CAAATGCCACGGATTTTTCGCTAGCTTTTAAAAATTTTCCATTTTAAAATTTTTCCATATCATTTCTTCTTTATGATTAATGATATACCTATGTT
TTTGTTGCAATAATATTCTTAAATGATATGTAATTAAAAATAAGCTATACAATACAAGCTTAGCAACACAAAAGTAGAAATCGATTTCTGTGTAC
TTTAAGCCAGAAACCGATCGTATGAGAATTAATAGCTTACAAAACCGATACACTTAACACCTATCAGTAAAAGGTGCTGTTTATATACAATTGAG
TTTCCATTATAAGATTGATGCGAATGATTGCGCATACGAAAAATGATAAGACCGAGATTGTGTGTTTGAGCTTTCAGTTTCAATCTCCTGTATGC
AAGCCGCTCGGATTTTCCTTGATTTTCCGACAGCTGTCAAAGTCAAAGCAATTATAAGCCGAGCCATTTGATGTCAGACTTTTGACAATTTCCGT
TAATAAATTAAAAGTATCATTGCCAAAATGGGAATGTGAGGGTGGCAAACGTGAGCCATTTGCAAATGAGAAGAATGTATGAGAAGAATGTCACC
TGGTGCTTTGCGACCGAAAAGGATTAAAGATGCACGATGAGTCAGTTTAGTGGGGTTAACGCAACGACCTTATCGCACTTAACAACTTGTTTGAT
TAAAATCGCAGGGCCCAAAGCCGAAAAGAGAGTAATGGGAAAAGAGAGGCGCAAAAGAGAGTGACTCACTGAAAAAGTCGACAACGTGGCGTCGC
CGAGCGCCTAAAAAGCATTATCTTTACGTATATAGTATAGATTATCGATGATTCAAAGGAGTTTCCAAAACTAATTAGCAGTGGCATTGGTTATA
AGAAGTAAGTTTTGGCTTACGTAGCTCCAAAATGTGACTTAAACTCATTACGTCATCGCCACAGCTGCAAAATACCTGAGATAGAGCGAGATGGA
AAGAGAGGGGGTGTGCGGAAAAGGGGGCGTCAGGGGGCTGATAAGAAAACGGTTCTGTTGTTGTTGCGGAAAATGCCCGCAAACTTAAATACAAC
AAAAGCAACTACTGAGAGAACTGAGAGAGCAGCAACACACGCGACCAGAGAGAAATGGAGAGAGCGAATGTCACGAAGAGAGTGTAAAATCGATT
TGTCACAAATAATTTGCGGCTTGCCCAGATTTTTTTTTGCGATTTAAACATCAAATAATCACAGGTAAATGGTAAAAACATACAGTTTTGTACTC
ACAATTCTTTGATCTGCATCTTTGCCAATTATTATCCGGTATTTTCCTGCTTGATTCGCTGCGAGAGAGTACAAAATACAGAATTAGATTTAATG

CGAATTCGCTGGCGGATTTCAACTAAATTGTAGCATTTATTATTTCCAAATATAAATGCACTTGCACTCTACGCTTAACCTTCGCACGCACTTTC
TATATTTAATTTACATATATATCTGCCAATAACACTTTGGTGTTTTTGTTTCGCTGCCAAATCGCTGCGCCCGCACTTTTTGTTTATGTTTGGCC
AAGCCAACTTTAGTTTAGTTAGCCAATTGGGATTCTAATGCTTTTTCTCCAATTGTCGGCTAAACGCACGAGTCATATGCACACACACACTCTCT
TGCAAATACACACGCACACACAGCGGGCGGAATATCAATAGCAATTTATGCGATTTGCCGCTGATTTATTACTTAAGTGATGACGTACAACTGGG
GAGTGCGATTGGCCTGGTATCGGGATCGGTACGCGTTTGCAAATCGGCGGCAGTAATATACTAGTAATGAGTTTGTTATTTAGCTACTGCGTGTC
CGGAGCGGAGCTAAAGTTCGATGTTCGTGCAAAACACTTCGATTCCGATAGGCGGATGCTATCGATTTCGGCGATGCCCCTTGGTCACACTTGGT
GGTGGGCGCTGCCCGTCGCCGACTATCGATAGCACAAGCGGGTTATCTAGGTGTGCGCAGCTTGTTAGGGTGACTCATGCTGTTAAAATTATTAT
AAAAAGTTAATGAATATAATATAGTTATAATAAAATTATATATAAATCTATAAGATCAAAGATCATCAGTTATCATTTATCATTTGATTATATGA
AAAACAAGAACAGAAACAAGATTTAATAGGTTTTTGAAATGTGAAAATGTGGGTTACCCCCAATTCTTATTCGAAATTAAATAACCTAAAGAACA
CCTACACAGATAGGTAATTTGCACATAAGCAAATTTTGTCTAGAATTCCAAATGGTAATAATAGTAGTAATAGATTCCAATTCTTATAAGCTTGG
TGGCTCCGTCATTTCCTCCTTCTTGGCATCATTTCCCATTGCGTCTAGTGCGTCCTTCTCATCCTCTGGCGGTGGCGGCAATTCTAATCCTCCGA
GCATACTTTCTGGTCGATTTGGAGATGGCGGTTCGGGAACGAGCTCTTCGGATTCGAGATCTATTTCGCGGGGTGCCTTACGAGTGGAGGGCCTT
TCGAAATCCGGATTGCCGTCATCATCGGTGCGCATGCTCAGCGCGAACTTGATAATTCCCATGCCCTGGTAGTCATCGTCGATGGGTATGTTTCG
GGCCCACACCTTGCAGCTGAAGAAGGTCTTCGCATTCTCGGGCATCTTGTTCATCTGGATGGCCACCACGCGCGTCACTCCTCTCATGTTCTCGG
AGGCCTCGAAATATGGACCCGGATAGAAGACCATTTCGGGCTTGGGCCCATTGGTCACCTCGCAGGTGATCCAAATCTTGGGCGTGTTGCCCAGC
TTGCCCACGGTGTCCTGAAGGCTCGCTGGCGCCTCCTTGGGCAAGTCATCTGGCGTGTCGTAGGTCTCCGGCACATAGCCAATA
(SEQ ID NO: 1417)

Exon: 9724..9589
Exon: 9178..9123
Exon: 2735..2705
Exon: 2624..2513
Exon: 2448..2297
Exon: 2154..2077
Exon: 1619..1510
Exon: 1446..1267
Exon: 1139..1001
Start ATG: 9139 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT16783
TTTTGCACGAACATCGAACTTTAGCTCCGCTCCGGACACGCAGTAGCTAAATAACAAACTCATTACTAGTATATTACTGCCGCCGATTTGCAAAC
GCGTACCGATCCCGATACCAGGCCAATCGCACTCCCCAGTTCGAATCAAGCAGGAAAATACCGGATAATAATTGGCAAAGATGCAGATCAAAGAA
TTCCGTGTGACTTTGCCATTGACTGTGGAAGAGTATCAAGTTGCACAATTATTCTCGGTGGCCGAGGCGTCAAAGGAGAATACGGGTGGCGGCGA
GGGCATCGAGGTGTTAAAAAACGAACCCTTCGAAGATTTTCCCCTGCTGGGTGGCAAATACAATTCCGGTCAATATACATATAAGATCTACCATC
TGCAATCAAAAGTTCCAGCCTACATAAGACTATTGGCACCCAAGGGCTCATTGGAGATCCACGAGGAGGCATGGAATGCCTATCCCTATTGTCGA
ACGATTATCACGAACCCCAAGTTTATGAAAGATGCTTTCAAAATAATCATCGACACTCTGCACGTCGGAGATGCGGGCGATTCAGAAAATGTGCA
CGAGCTGACGCCGGATAAGCTGAAAGTGCGAGAGATAGTGCACATCGACATTGCCAACGATCCGGTGCTGCCCGCGGACTACAAGCCCGATGAGG
ATCCAACCACCTACCAGTCAAAGAAGACGGGCCGCGGTCCCCTGGTGGGATCCGACTGGAAAAAGCATGTTAATCCTGTCATGACCTGCTACAAG
CTGGTCACGTGCGAGTTCAAATGGTTCGGCCTGCAAACAAGAGTAGAGAATTTCATACAGAAATCGGAGCGTCGCCTCTTTACAAACTTCCATCG
CCAAGTTTTCTGTTCAACCGATCGCTGGTACGGTCTAACAATGGAGGACATTCGCGCCATCGAGGACCAGACGAAGGAGGAGCTGGACAAGGCGC
GGCAGGTGGGCGAGGTGCGGGGTATGCGCGCGGATGCCGATTAA
(SEQ ID NO: 1418)

Start ATG: 176 (Reverse strand: CAT)

MQIKEFRVTLPLTVEEYQVAQLFSVAEASKENTGGGEGIEVLKNEPFEDFPLLGGKYNSGQYTYKIYHLQSKVPAYIRLLAPKGSLEIHEEAWNA
YPYCRTIITNPKFMKDAFKIIIDTLHVGDAGDSENVHELTPDKLKVREIVHIDIANDPVLPADYKPDEDPTTYQSKKTGRGPLVGSDWKKHVNPV
MTCYKLVTCEFKWFGLQTRVENFIQKSERRLFTNFHRQVFCSTDRWYGLTMEDIRAIEDQTKEELDKARQVGEVRGMRADAD*
(SEQ ID NO: 1419)

Name: PHOSPHATIDYLINOSITOL TRANSFER B like protein
Classification: ligand_binding_or_carrier

Celera Sequence No. : 142000013384535
AAGCCGATCATCACCATGGAGGATGCGATCAAGGCGGAATCGTTCCGCCTAGCCAAGAGCAGTTACTACAAGCAACAGATGAAGGTTTAGAGAGG
GCGAATCCAGCTCTGGAGCAGAGGCTCTGGCAGCTTTTGCAGCGTTTATATAACATGAAATATATATACGCATTCCGATCAAAGCTGGGTTAACC
AGATAGATAGATAGTAACGTTTAAATAGCGCCTGGCGCGTTCGATTTTAAAGAGATTTAGAGCGTTATCCCGTGCCTATAGATCTTATAGTATAG
ACAACGAACGATCACTCAAATCCAAGTCAATAATTCAAGAATTTATGTCTGTTTCTGTGAAAGGGAAACTAATTTTGTTAAAGAAGACTTACAAT
ATCGTAATACTTGTTCAATCGTCGTGGCCGATAGAAATATCTTACAATCCGAAAGTTGATGAATGGAATTGGTCTGCAACTGGTCGCCTTCATTT
CGTAAAATGTTCGCTTGCGGCCGAAAAATTTCGATATATCTACAATTGATCTACAATCTTTACTAAATTTTGAAAAAGGAACACTTTGAATTTCG
AACTGTCAATCGTATCATTAGAATTTAATCTAAATTTAAATCTTGCTAAAGGAAATAGCAAGGAACACTTTCGTCGTCGGCTACGCATTCATTGT
AAAATTTTAAATTTTGACATTCCGCACTTTTTGATAGATAAGCGAAGAGTATTTTTATTACATGTATCGCAAGTATTCATTTCAACACACATATC
TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATGTTATATATTTATTCAATTTTGTTTACCATTGATCAATTTTTCACACATGAA
ACAACCGCCAGCATTATATAATTTTTTTATTTTTTTAAAAAATGTGTACACATATTCTGAAAATGAAAAATTCAATGGCTCGAGTGCCAAATAAA
GAAATGGTTACAATTTAAGGAAACAAATGTCCTTCTTGCGTTTGAAACAACTAATCCTTTTCGCCCTCGCGGCGTTTCTCGAAAAGGGCCAGGAA
GATGCCATCGGTAAGATCACTGTCCGGCTGGCAATACAGGACGTTCTTGCCAATATTGGGATAGTCCTTGTCGCCCACATTGTGCCACTTGTTGC
GCAAGGCCTTCTTGCAGCTGAGCAGCTTGAAGGATGGATTTAGCTGAAGACAACGCTGCACCACCTGCTCGTTTTCCTCCTTCCACAGCGAACAC
GTGCAGTAGGCAATGCGTTTGACGTTCGGAAAGGCGCCCATCGCGTGCGACAGGATCTTAATTTGCAAACCCTGCAGCTTTTGCAGCCGCTTGTC
CTCCTTCGGCTCGTCGCACACGGTCATGCGGTTTTGCATTCCGCTGCCAGAGCAACTAGGGTCCACCAGGATGTACTCTACGTCCGGAAAGCGTT
CGGGTGCTGAAATTCAAACGTGTTACTTTTTTAAATATTCATTGTGAAATATATAAATATAAAACTCACTTAGGTTCAAGGCGTCTCCCAAAATG

GGTTTTACAATATCGCAACCAGCATCCTTTGTTATTTCGCACAGCGTATTGTAGCGTACGTGGTCCTGCTCCACGGAGTAGATGCATCCCTTGTT
CTGCATCACATTGCATATGTGCACTGTCTTCATACCGGGAGCTGCGCACATATCCAGCACAGTGGCCCCAGACGGCGGAGCAAGTAGTTCGGCGG
CCAAACAGGTGGCCTTGTTCTGCAGTATAAACCTCTTGCTGTGCACCAACGGATGGCGGACCCAGTAGTTGGACCACTTGGCAGGAAAAATGAGC
ACACCCTCAACGTGCAGATCGGTCATGAACTCGTTCTCCGCCAGCGATTTGATGGCAGTCAGAAAATCCGCATAGCTGGCGTCCGCAGGCAGCTC
CTTGCGCCGCCAGTCGCTTTTATGCAGGTAGTCCAAGGCCTCCGCCAAGCTGTATAGATTTGTGTTGATGCGCACATATCGAGGATTGGGTTCTG
TGTGGGCAAACAAAAAGACGAGTTCAAAATTGTAGCCAAAGTAAGATTTATTAAGAGTTGTTAAGAGTCGTTACTGGTCCTTTAAACGATCGAAA
TAATCTGGACTTGGCTGGCAGCACTTAAGTTACTGTTCTTTCTTTGGCTCCGCAGCTTCCGGCTCGTCGTCCTCATCCTGCTGCACGGGTTCCAA
GGGTGGTGGGGGCTTCTCGCGGAAAGCCTTTAATACATACATGGCCACCACGAGGTTAACAACCACAACAGCCGTGAGAACTGACCAACAGTTGA
CCGTGAAAAGGTCCAAATGGGGGAAGGACTCCTGCAGCCAGCTGCGGACGCCATAGAAGCCCAAGAAGGGCAGCGTGAACATGAGCACACTGTAG
GCCAACAGCCAGAGGAAGACCTCCGCACTGGTGTCCTCCTGCTGCGTATGATGCTCCACGGGAGAATCAATGACAGCCGGGGAATCATCAGTGGT
AGCTGGCACCACATCGACATGCTGTTGTTTCCTGTTCTTCTTGCCCATCTCAGCCGGCTAATACTGGTAATCGGTGTGATAACCTGCCTTTTCGC
TGGACACCGAAATCTCTGATGGAATTTAGCAGTCGATCCTTGTAACTTCGCACCGTTTGCACGGGTTTGCTTTCGCCGTTCAGCTCCTTCCTGCC
AAACAGCAGTTCGGTGACTAGAATCTTGGCCAAACTGGGATCAAAACTGGGATTGTCCCTGAGCAGTCCTGTCTCTTCGATGGCCTTTTCCAGTG
CCACACGATTTTCGCTAAATTTTTTCAGAACCGTATGCAAAGAGCGTGTACGCTACAAGTGAAGTGCGAGAGGGAAAAGTTATACGCATATTGGT
TTGATCTGCGGACGAGAGGTCCAATCCACTTACGGCATGCTTCTCTGCAAATATTAGGGTCTTGATGCACTTCTGCTGCTCCAGTGCCGCCTTCA
AAATCTTGGCAGTCGCCCTGTATTGGGTGGGAACTTTTATGGAATGCGGTTTTTTACTCATTGTCGTCACGTGCACGTGTATGTGTTGTTTGCGC
TAGAATAGGTGCAACCCCAATCACGACTTTATCGATATATGCTTATCGAATGTCAGGGCTGGAGATAAGCATGTGGCGTTTGAAACAAATCATAT
TGTTATTCATGTTTTGAAAATATCTACAATTAATGTAAAGGTTGTTCTAATTTTGCCAACGATAACTACAAAACATATATGTTCTATCCAATATA
TTTACATACAGGGTATCAAATTTACAAATAAATTGGCAGTGTGGCCATACGTTGCGAGCAAAAATTACTGTACTTCAAGCATTGCCAACACAAGA
ATATTTTCATGGTTAAAAATTTTGGCGCGATAAAGCCGCAGTTTAAAATGTCAAAGTGTGCGCGTTCTTGGAGGTTTACCAAAATTTAGAATCAT
GCTTTTATTTATCGTGCATAAGTTGGTAAATTGGAATTAAATCAAGTTTTTTCCAATTTGTTTCTGGTGTGTCGTTTGTTTTGGGGTCTGTACGG
CTGCTTTAATTAAAAAATATTAAAATGAAGCACGCTATTCTTTAAGGACTTTAAGGAAACGTACCTTTCTATGTTTGCCCAGGAGTTGATAGACG
ATATCAAGGCTGAGGATCGCATCCTACAATGTCCTTGGTGCGAAGAACAGACGTTGAGTCCATCAGCCAGCACCCGGAAACTTTTGTATTGGCTT
TTAACGCTTTCAATTCGACTTTCAGAAAAGAGTCTCCTCGAAAATCACGACTGATATCCATGTAAATGAATCGGTAGATACTTGCACTTTCTTTT
TAGTTATTAAAACTGACACACTGTCACTTTGCAGGTTTTAACCGCTGGCGGAAATGAAGAAGGAATCCGGGAATATTCATTTCAGTCCATTGTGG
TGCACAGCGGAACTCCCCTCAGGAACAATCTTAGCCCACTAAACATCAATAAACTACTAAAATAACTTTGACTGCTGCTTAATTTCAAATATACA
TAAATTAATATTTTTTATTTTTAAGTTAAATTTTTTAATTCTTTTGGAG
(SEQ ID NO: 1420)

Exon: 3039..2884
Exon: 2807..2558
Exon: 1992..1495
Exon: 1431..1001
Start ATG: 3006 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT17524
CGCAAACAACACATACACGTGCACGTGACGACAATGAGTAAAAAACCGCATTCCATAAAAGTTCCCACCCAATACAGGGCGACTGCCAAGATTTT
GAAGGCGGCACTGGAGCAGCAGAAGTGCATCAAGACCCTAATATTTGCAGAGAAGCATGCCCGTACACGCTCTTTGCATACGGTTCTGAAAAAAT
TTAGCGAAAATCGTGTGGCACTGGAAAAGGCCATCGAAGAGACAGGACTGCTCAGGGACAATCCCAGTTTTGATCCCAGTTTGGCCAAGATTCTA
GTCACCGAACTGCTGTTTGGCAGGAAGGAGCTGAACGGCGAAAGCAAACCCGTGCAAACGGTGCGAAGTTACAAGGATCGACTGCTAAATTCCAT
CAGAGATTTCGGTGTCCAGCGAAAAGAACCCAATCCTCGATATGTGCGCATCAACACAAATCTATACAGCTTGGCGGAGGCCTTGGACTACCTGC
ATAAAAGCGACTGGCGGCGCAAGGAGCTGCCTGCGGACGCCAGCTATGCGGATTTTCTGACTGCCATCAAATCGCTGGCGGAGAACGAGTTCATG
ACCGATCTGCACGTTGAGGGTGTGCTCATTTTTCCTGCCAAGTGGTCCAACTACTGGGTCCGCCATCCGTTGGTGCACAGCAAGAGGTTTATACT
GCAGAACAAGGCCACCTGTTTGGCCGCCGAACTACTTGCTCCGCCGTCTGGGGCCACTGTGCTGGATATGTGCGCAGCTCCCGGTATGAAGACAG
TGCACATATGCAATGTGATGCAGAACAAGGGATGCATCTACTCCGTGGAGCAGGACCACGTACGCTACAATACGCTGTGCGAAATAACAAAGGAT
GCTGGTTGCGATATTGTAAAACCCATTTTGGGAGACGCCTTGAACCTAACACCCGAACGCTTTCCGGACGTAGAGTACATCCTGGTGGACCCTAG
TTGCTCTGGCAGCGGAATGCAAAACCGCATGACCGTGTGCGACGAGCCGAAGGAGGACAAGCGGCTGCAAAAGCTGCAGGGTTTGCAAATTAAGA
TCCTGTCGCACGCGATGGGCGCCTTTCCGAACGTCAAACGCATTGCCTACTGCACGTGTTCGCTGTGGAAGGAGGAAAACGAGCAGGTGGTGCAG
CGTTGTCTTCAGCTAAATCCATCCTTCAAGCTGCTCAGCTGCAAGAAGGCCTTGCGCAACAAGTGGCACAATGTGGGCGACAAGGACTATCCCAA
TATTGGCAAGAACGTCCTGTATTGCCAGCCGGACAGTGATCTTACCGATGGCATCTTCCTGGCCCTTTTCGAGAAACGCCGCGAGGGCGAAAAGG
ATTAG
(SEQ ID NO: 1421)

Start ATG: 34 (Reverse strand: CAT)

MSKKPHSIKVPTQYRATAKILKAALEQQKCIKTLIFAEKHARTRSLHTVLKKFSENRVALEKAIEETGLLRDNPSFDPSLAKILVTELLFGRKEL
NGESKPVQTVRSYKDRLLNSIRDFGVQRKEPNPRYVRINTNLYSLAEALDYLHKSDWRRKELPADASYADFLTAIKSLAENEFMTDLHVEGVLIF
PAKWSNYWVRHPLVHSKRFILQNKATCLAAELLAPPSGATVLDMCAAPGMKTVHICNVMQNKGCIYSVEQDHVRYNTLCEITKDAGCDIVKPILG
DALNLTPERFPDVEYILVDPSCSGSGMQNRMTVCDEPKEDKRLQKLQGLQIKILSHAMGAFPNVKRIAYCTCSLWKEENEQVVQRCLQLNPSFKL
LSCKKALRNKWHNVGDKDYPNIGKNVLYCQPDSDLTDGIFLALFEKRREGEKD*
(SEQ ID NO: 1422)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013383859
TGTGTTCCAGTTCGCCGGTTAGCACATCCCAAATGCACACATTGTTGTCCGTGGAAGCTGAAAGTAACTGGAGTGGATTGGAAAATGTAGATGAT
CAGGTGTACGGCGAGCGAGGGCCTACCTTGTGACCATTCCTGGTCCAACTGAGACTGCAAACGGGATGCACATGGGCCGAAATAATCTTGGCAAT
GCCCCTCGTCAGAAAATCCCAGATTACAATGCGGCCATCATTGCATCCCACGGCCAAAAGGGTTCCGTATTTGTTAAAGGCACACGTCACGGCCA
ACGAAATGCAATCCAGCGAGCCGTCGAACTCCTCTGGGTAGTTTTGTCCGAAAGATTCTTAATAAAGCTGGAGTTATTTACTACATAAGCATAAA
AAATGGGCGGCAATCTCACCTAGTAGCTCCAAATTCATTTTTGTTTACTATCTTCTTCTTTTAAAATGGCAACTGACACTCACACCGAACGGCAA

TAACATATTATGTTATAAATGATAAGCATAACAGAAGACGAGTTTTTCGATAGTTAAGGTTATATTCTGTACAACTACTGAACATCAATTATTAT
ATTATAATACGAATTTAAAAATCTACGTATCTACGTTGGTGTTTTTTGTGGTTTTATTAATAGAATAAGTTTAGTTAATTTTAGAGGTGAAATTA
AATATTGAAATAGTTAAACATATAAAATAGATAAATTTGGTGAAGCGTAAGTAAATTTTAAACTGCATTAGTTATATCTTAATTCAAGTTCCCCA
CTAATTTATGAGCGTTAGATGCGATAGTGTTATGTCTGGCGCAAGCGATTGTCTCGACGTTTCTTCGATATTTTAAGATATCGATAATGTCATCG
GAGATTTGCCACCCCTATTTTTTGAGCTCTGTGCACGTTGTATGAGAAAAATTTATGCAGATGTATTCGCCAATTGTAACCAAGTCCGGATTGTG
AAATTGCACGCAGACAGCGAGCATCATAATAAGCGCTCTAATTGGAGAAGGCAGAAGTTTCGAATTAAGCCATTTCGGAGACGTTTCGTCCGTGG
CACGCGATTGTGTCAACGTCACCTTTGGAGCACTCGCCCTCTCTCGCTCGCTCCCGCTTTCGTTGCCAATTTTTTGCTTGCCCTCTCTCGGTCAC
TCCCTTCGAAAGCTTAACGGTTAGAGTGTAATAATGAAATAACCCAGTTTCGAATTTCGTTCACAACAAAAGTGCGGGCCTTTCATGCCAAAATA
ACATTTGGTTTCGAATTGTTTTTCAAATTCGAATCGAGGTTTTCCAGCTTTCCAGTTTGACAGCGAGAGAACGAGAGAGAGCGAGGGCGAATTAC
GGTGTTCGCGCTCTGCTTGTGCTTTCCACTCCACTCCCCTTCTTAACTTCCCCCCTCCCAGCCTATTTACTCTGTGTGCATGTGTAAATGAATAC
TTTAAAACGTTTTTAATCGTTGCAGTGTATTCATCGCCAGCCACGTTAAAAGGAAGAACGTGTATGTGAATACGACCATCAGAGGATCTTAGCGA
AGGATTCAGGAGCCCAAATTCTTAATCCCCATCCCACACACACACATATACTCGCACGTAGGCACGCTCTCTGTGAGAGGAAGGGTAAATAAAAG
AAGCAACGAGCAAAATGTCTGGCGAGGAAACGTCTGCCGATCGCAATGTCGAGATCTGGAAAATCAAGAAGCTCATCAAGAGCCTGGAAATGGCC
CGCGGGTGAGTCTTATCAATGATATACATGTCCTTTAACGTCCCCCCCAACGACTGTTTTGCGTACGTGTGTGGGGTATACACAATGCATGGCAC
GAAAACAACAACACTGGGGTGGAAGTGGGCGTACTGGACGTGGGTGTGGGTGGGGACTTGAGGGAGCGGCGAGTACAACCACCTTTCCTTGTTGT
CGCCGTGTGAATCTCCTTTGCATTGTTTCCAATCTTGGCAAGATCCCCCGCCTCACTCTATCTCTCTTTTTTGCATACGAGCAACACGTTTTTGT
CGAGTTTTTATCAGTTCAAACTAGACTGATTGAGAGACGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGGAGTGAGTGAGTGAGTGAGTAATCGCCTCGTGGCT
GTTGTGCGTATGCGTGCATGTGTGTGTGTTTTTCCCCCAAAATGGGCCAAGCTTTGTGGACCCCTCGCTCTCACTCATCCTGCCTCGCTCACT
CCCTTGACCCGGTCCTTACCGCTTCACACCGCTTTAGAGTGGGTAACAAGGTCAGCAAATCGAGTGACCCCCACAGGAGCATATCTGCTATGTAT
ATACATATATATGTATATTGTTGTCAATATGCTCCACAATTGGAGCTAACATTACACCTCTTCCAATTGGAGTTGGCCACTGTTGCCAATTGGGA
TTCGCTTTGACAGATATCTTCCTATTGGTTTTCAGCCATATGCGAAATATATACACACATATGTATTTGTTTTTCTTTTTTTAAGTTCTGTGCTA
TTTTTTGTTGTATTTTGCATTCCAACATTTTGTACAAATTACGATTGGCACTCCTCTGTATTATAACGAACGAGAAAATGATTTGCATCAGAGAA
ACAAACGTTTGGAAGTTACAGAAACGTATTTGTTTCAATAAATTAATCAAAGTTTAAATTTAGTCCAATAACCGAATGTCAAGTTTAAAAGACAT
ATGCCACGAAATTTCACGGCTAATTAAATAACTTTAAAGTAGGTTGCTATTATGTGCATCTGACGCGCAAATATACGATTGAATAGCACTGTTGC
TATGGGAGAAAGAGCCATTTCCGCGACTTATGTTCTCCCTTGTTTGGGTTTCTTGCAGCAATGGAACCAGCATGATTTCTTTGATTATTCCGCCA
AAGGATCAAATCTCGCGCGTCAGCAAGATGTTGGCCGATGAGTTTGGAACGGCGTCGAACATCAAGTCGCGTGTAAATCGGTTGTCCGTCCTCGG
TGCCATTACGTCGGTACAGCACAGACTCAAATTATACACCAAAGGTAAGCTGAGCTAAGAAATTGTTCATAAACAATCGAACAAACGAACTCTAA
ACCGTATCACCAACCGCTTCAATTCAGTGCCTCCCAACGGTTTGGTCATCTACTGCGGCACAATAGTCACAGAGGAGGGCAAGGAGAAGAAGGTG
AACATAGACTTTGAGCCATTCAAGCCCATAAACACGTCGCTCTACCTCTGCGACAACAAGTTCCACACGGAGGCCCTCACTGCCCTGCTCGCCGA
CGACAACAAATTTGGATTCATCGTGATGGATGGTAACGGAGCGCTATTCGGTACCCTTCAGGGCAACACGCGCGAGGTGCTCCACAAGTTCACCG
TCGATCTGCCGAAGAAGCACGGTCGTGGTGGTCAGTCCGCCCTTCGTTTCGCCCGTCTGCGTATGGAGAAGCGCCACAACTACGTGCGGAAGGTC
GCCGAGGTGGCCACCCAGCTCTTCATCACGAACGACAAGCCCAACATTGCCGGACTCATCCTGGCTGGTAGTGCGGATTTCAAGACTGAGCTTAG
TCAGTCTGATATGTTCGATCCTGTAAGTGGGAGTTAACCTATTTCCATCGATGCCATATTAAGCCTTACACTTGAATCTTTTTTCAGCGTTTGCA
ATCAAAAGTCATCAAGCTGGTGGACGTGTCGTATGGTGGGGAAAACGGTTTTAACCAGGCCATTGAACTGGCGGCCGAATCATTGCAGAACGTTA
AATTCATACAGGAGAAGAAACTCATTGGTCGCTACTTTGATGAAATTTCTCAGGTGAGTTGCCGGATACGAGTTCTGAGGCATTTCGAAATTAAA
AACCACATCCGTATGCTTTCTATATTTAAAAGGATACTGGCAAATACTGTTTTGGAGTGGAGGACACTTTGCGGGCACTGGAACTTGGCTCTGTA
GAGACTCTCATTTGTTGGGAGAACCTGGATATTCAACGTTATGTTCTCAAGAATCATGCCAACTCGACGTCAACGACAGTATTACATTTGACGCC
CGAGCAGGAAAAGGACAAGTCGCACTTCACTGACAAGGAGGTGAGAGCTAAACTGAGTAATGATACTAATCCGCACGCTAACTGGGAATTCAATC
GTATAGAGCGGGGTAGAAATGGAGCTGATTGAGTCTCAGCCGCTGCTGGAATGGCTGGCAAACAACTACAAAATGTTCGGCGCCACACTGGAGAT
TATCACGGATAAGTCCCAGGAAGGAAGTCAGTTCGTGCGAGGTTTCGGTGGAATCGGCGGTAAGTTTGAGCGGCCAAACAGCACGGCTGGCTAGT
TGTAGATTGGTTATGTACTAAACAAATGCTGCAACTATATCCATTCCTCTTCCCTCATGCTGCTTTCACACGGTCGTCAACGCTATAATGTAAAT
GTTAATTTGCAAACTGGTACCTCAATTCGATATGTAGGCATTTTGCGCTATAAAGTAGATTTCCAATCCCTACAGGCCGATGAGCCGCTGGAGGA
TGTCGATCTCGATGACTATTAAGCCTGTTAAGGGTGGGCTGCGAATGGGTCTCGATTATGCGTTACATACATAATAAACCAGTACTTTTTGGGAA
ACCTCGTAAAGCAAAACGTTCAAATTGATTAGGAACCAATTTACTTGCCACATAGTTTTACCTATGTTCAGCGTAGCCGTTCAATATTTATCACC
AATAGGGTCCCTCTCATCAGTCGGATGGTGCATTCCCTTGTCGATCAGATCAGCGTGCATCTAGATATGTACCTATACGTTTTACCAAATTTTTT
AATTAGTCGTGCACCAGGCGGAATCGCGTACTTTTAAGCAGCATATTAAATTCGTATTTCGTACTCGTAATTCGTAATTTGTATTTCAATGGTCA
TGTAAAAGCGATGCGATAGATATTAGCGCATTCTCCGTTCATCTGGTTCGATTTCGACTGCGGTATTAGGAGCAAAAGATCTTCGGTTAACTGCC
ACATGCCACTTTCGAACGTATCTGCATTTCCCCTATTCAAATTATAGCCGAGTGTTATAAGAAAGTATACAAATCTAATCCATAAAATTGTAATA
AAAATTAAACCAGAATAAAAACACCACACAATGAGGATGGGGTATCCGTTTATATTCAGTCGCGAAGTACAACAAATATTTTATTTAGTGTATGA
AAAGTTAAATGTGGATACAAAGGAGGTGAGAATCTGAGTTTCGGTTGAACTATCCTGTGTGTTGATCCTTTTGTTTTTTCCTCTTCATTTATTTT
TCAATTTTCAATCAGCTTCTGTTCTTCTATTTTTTTTTTTTTTTTCTTATTTTAATTTAATTCAATTGCTGGGTGTGCCTCTGCAGGTATC
TTACGCTACAAGGTGGATTTCCAGAGTATGCAGCTCGATGAATTGGACAATGATGGCTTCGATCTAGATGATTACTAGGAAATGTATCTGTAGAA
ATGAATTTGCCACTACGTTCGACCGCAAACTGAACTGCAACTACAACTATATGAATCCAGGAAATCAAATAGAATATTTAAATAATATGAGAAAA
CACAAACCTTCTTCCATTTTTACGTTGTTGGCGAAAAAAGTAAAATTTTAAATAATGCATATAGATACAAACGATAAAATGTTAAATCGAGGAAA
ACATATTAAAATGCAACCGTTTTACGTGAACAAATTTGCAATTTGAATATATTTTCGAGGGACTAGAGCTCTTGTTATATAATTAATTGTTCCTC
TATAAATCTAAATCTAAATCTACATTGACAATACGCCACGTTTCCTAAAGTTTTTGGGTACAAGGAGAATTGTATCTGTGAGTTTTAATCGTTCT
ATTATAGCTTGAAAACGAAATTTGCACCGAAAGCTGATAAAATTCCGACTCTGCTATCTGCTGGATAAGTAAAATGCTGGTAGCCACTTGGAGTA
CTACCAGTACAGCAATGAAAGTAAAGTGAAATGGGCATTTCATTTTCTACTTTCTATTTGCAGGCACACTGGAAACAGTTTACTGCGAGATTCCC
ACTTCATTAGTTGGCAATGCACGTGGACGACAGCAAAAAGCACTCGTAGTACTTGTTTCGCCCTTGATTTGCATCTAAGAATCGCTCAGATACAT
CTGGTGAGCTGAAACTCGTTTCTGAGCCGCAGTGTCGTGCAGGTATCCGTACTCGTTTGAATATTTGTAAGTAATCATTGCAGCGAGACTTCCAA
AAAGTAAGCTCAGCTAAGTTCTGCGGTGTTGGGCATCCAATTAGTTGACCAAGTTTTCTGGTGGCATGCACATGAAACTTGTTTAATCGATAGGG
TAAATATGCAAATTTCGATTGAATTTGACGATAATGCGTCGAGATGAAAAGAAAACGAATTGTGCAGGATTTTGGTTACGAGATAAGCCGAATCA
GCTAATAAGGCACGTGCTTAATTGATATATATTGTATGTTTAAGTAACCTAAATATGCACGACTTTAATATCACTTTTATTTCGCTTTCGTAATA
AAACGAGGTTCACTCTAAAGAGCACAAGCGTGGAGGTGTATGTGTGTTCTTACAGCCCCGATCATTTGTATTTCCATTTGAGTGCGAGCGAAGAC
GAGGGTTTACAACTTGATGAGAATTTGATCAAGATA
(SEQ ID NO: 1423)

Exon: 1001..1715
Exon: 2814..2989
Exon: 3068..3537
Exon: 3603..3758

Exon: 3833..4030
Exon: 4092..4239
Exon: 4408..4485
Exon: 5316..5591
Start ATG: 1630

Transcript No. : CT17696
GCAGAAGTTTCGAATTAAGCCATTTCGGAGACGTTTCGTCCGTGGCACGCGATTGTGTCAACGTCACCTTTGGAGCACTCGCCCTCTCTCGCTCG
CTCCCGCTTTCGTTGCCAATTTTTTGCTTGCCCTCTCTCGGTCACTCCCTTCGAAAGCTTAACGGTTAGAGTGTAATAATGAAATAACCCAGTTT
CGAATTTCGTTCACAACAAAAGTGCGGGCCTTTCATGCCAAAATAACATTTGGTTTCGAATTGTTTTTCAAATTCGAATCGAGGTTTTCCAGCTT
TCCAGTTTGACAGCGAGAGAACGAGAGAGAGCGAGGGCGAATTACGGTGTTCGCGCTCTGCTTGTGCTTTCCACTCCACTCCCCTTCTTAACTTC
CCCCCTCCCAGCCTATTTACTCTGTGTGCATGTGTAAATGAATACTTTAAAACGTTTTTAATCGTTGCAGTGTATTCATCGCCAGCCACGTTAAA
AGGAAGAACGTGTATGTGAATACGACCATCAGAGGATCTTAGCGAAGGATTCAGGAGCCCAAATTCTTAATCCCCATCCCACACACACACATATA
CTCGCACGTAGGCACGCTCTCTGTGAGAGGAAGGGTAAATAAAAGAAGCAACGAGCAAAATGTCTGGCGAGGAAACGTCTGCCGATCGCAATGTC
GAGATCTGGAAAATCAAGAAGCTCATCAAGAGCCTGGAAATGGCCCGCGGCAATGGAACCAGCATGATTTCTTTGATTATTCCGCCAAAGGATCA
AATCTCGCGCGTCAGCAAGATGTTGGCCGATGAGTTTGGAACGGCGTCGAACATCAAGTCGCGTGTAAATCGGTTGTCCGTCCTCGGTGCCATTA
CGTCGGTACAGCACAGACTCAAATTATACACCAAAGTGCCTCCCAACGGTTTGGTCATCTACTGCGGCACAATAGTCACAGAGGAGGGCAAGGAG
AAGAAGGTGAACATAGACTTTGAGCCATTCAAGCCCATAAACACGTCGCTCTACCTCTGCGACAACAAGTTCCACACGGAGGCCCTCACTGCCCT
GCTCGCCGACGACAACAAATTTGGATTCATCGTGATGGATGGTAACGGAGCGCTATTCGGTACCCTTCAGGGCAACACGCGCGAGGTGCTCCACA
AGTTCACCGTCGATCTGCCGAAGAAGCACGGTCGTGGTGGTCAGTCCGCCCTTCGTTTCGCCCGTCTGCGTATGGAGAAGCGCCACAACTACGTG
CGGAAGGTCGCCGAGGTGGCCACCCAGCTCTTCATCACGAACGACAAGCCCAACATTGCCGGACTCATCCTGGCTGGTAGTGCGGATTTCAAGAC
TGAGCTTAGTCAGTCTGATATGTTCGATCCTCGTTTGCAATCAAAAGTCATCAAGCTGGTGGACGTGTCGTATGGTGGGGAAAACGGTTTTAACC
AGGCCATTGAACTGGCGGCCGAATCATTGCAGAACGTTAAATTCATACAGGAGAAGAAACTCATTGGTCGCTACTTTGATGAAATTTCTCAGGAT
ACTGGCAAATACTGTTTTGGAGTGGAGGACACTTTGCGGGCACTGGAACTTGGCTCTGTAGAGACTCTCATTTGTTGGGAGAACCTGGATATTCA
ACGTTATGTTCTCAAGAATCATGCCAACTCGACGTCAACGACAGTATTACATTTGACGCCCGAGCAGGAAAAGGACAAGTCGCACTTCACTGACA
AGGAGAGCGGGGTAGAAATGGAGCTGATTGAGTCTCAGCCGCTGCTGGAATGGCTGGCAAACAACTACAAAATGTTCGGCGCCACACTGGAGATT
ATCACGGATAAGTCCCAGGAAGGAAGTCAGTTCGTGCGAGGTTTCGGTGGAATCGGCGGCATTTTGCGCTATAAAGTAGATTTCCAATCCCTACA
GGCCGATGAGCCGCTGGAGGATGTCGATCTCGATGACTATTGTATCTTACGCTACAAGGTGGATTTCCAGAGTATGCAGCTCGATGAATTGGACA
ATGATGGCTTCGATCTAGATGATTACTAGGAAATGTATCTGTAGAAATGAATTTGCCACTACGTTCGACCGCAAACTGAACTGCAACTACAACTA
TATGAATCCAGGAAATCAAATAGAATATTTAAATAATATGAGAAAACACAAACCTTCTTCCATTTTTACGTTGTTGGCGAAAAAAGTAAAATTTT
AAATAATGCATATAGATACAAACGATAAAATG
(SEQ ID NO: 1424)

Start ATG: 630

MSGEETSADRNVEIWKIKKLIKSLEMARGNGTSMISLIIPPKDQISRVSKMLADEFGTASNIKSRVNRLSVLGAITSVQHRLKLYTKVPPNGLVI
YCGTIVTEEGKEKKVNIDFEPFKPINTSLYLCDNKFHTEALTALLADDNKFGFIVMDGNGALFGTLQGNTREVLHKFTVDLPKKHGRGGQSALRF
ARLRMEKRHNYVRKVAEVATQLFITNDKPNIAGLILAGSADFKTELSQSDMFDPRLQSKVIKLVDVSYGGENGFNQAIELAAESLQNVKFIQEKK
LIGRYFDEISQDTGKYCFGVEDTLRALELGSVETLICWENLDIQRYVLKNHANSTSTTVLHLTPEQEKDKSHFTDKESGVEMELIESQPLLEWLA
NNYKMFGATLEIITDKSQEGSQFVRGFGGIGGILRYKVDFQSLQADEPLEDVDLDDYCILRYKVDFQSMQLDELDNDGFDLDDY*
(SEQ ID NO: 1425)

Name: translational release factor 1
Classification: translation_factor

Celera Sequence No. : 142000013384535
TTTTCTCCCTCAAAACAGCAAGTTTATACTACTTATTAACCAAGGTAAAATTAAAATGTTTTACAACTGTCATCGGAAAATAAAGCATTCCATGT
TTTAAAAACACCCAATCGAATGGATTATGTAAAAGTATTGGATTTTTTTTATTTTGCCCACTTAGTAGCAAGTGGCGCTTACGGATGCCCGATCC
ATGGGGCAACCATAAACTTGGATGTCTGTGATTAGGGTAAGGAAACATAACACTTATTTCACAAGAATTCGCCAGCTGCTTAAATGGTACATGTA
AAAATATTGAAGTATTTTTATTTTTCTAGACATTCTGAGTGGCGCTCGATGTGTACGTACATACAACTCTTTGGATTCTGTGTGTACAGTCAATT
TACGATGCCCAAGCCGCCCTGAGCGAATTCCATATTTACAAGAGAAGGGGGTGGGGATTGGGAGGGGGGGGGGTGTCGGAAAGGGTTGGGGCCTT
AAAATACCTAAACTCAACTACACTCAACAATTTGCTTATGGTCACTACTTATACGCCTTATACACCGGCGGTTGCACTTTAAGCTTCAACGTTAT
AGATTTGGCCAGGACACCAGCGGAGGAACCACGATCCCGACGGCCAATCCCCGCACCGAACACTCCTTCCGTGCTAGCCGGAAGTGGATCGGCGG
TGGGCGTGGCCGCAAGGAACGGCCAACCGGGGCGTCATTTGGGATATGAGCCGCGCCGGAGCCGGCAGTCTGCTGTGCCCGGAATTCGTGGGGGA
ATCGTTCACGGGACCGACCAGCAGCCCCTGCCGGGCGGACGCAGTTGACTAGTGGCGGACAAAACTTTCAAAGCAATCGAAAGCGAAACCTTTGT
ACACACTTAATAGATTCCTGCGGGTCGAGTTCGTGGTCAGTTCGTCGTCAATGCTCAGTGTCCAGTAATCTTTTCGTTTGTTTTTTGGATGAGAA
AATGAGGGAAACTTAAACGGCTCGGTAAAAAAGAAAGGCGTGGCAGCGCGCTAAACAAATTGCTCTGAGCTGTTGGCGGACAGCTCCATCAGCCG
CCAGGCAGCCTTGGGGTTGAGTTCGTTGCGGTCGCGGCACAGCACCCAGACGTAGTGAACCCGCATCACCTTCTCCGGATCTCCCTCGACGACCT
GACTCTTCTGGTCCCGCACGCACATAATCTGCTGGGCTTGGAACGTGATAATCAGTACCGGGCCCTGCTCCATAACCTTGCCCATTGCCAGTTCA
ATGTTCTCGATGTCGAGGATCTTGGAGTCCAGGTACACGCCGGCCTTCTTAGCCTCCTTAATGGGATTTGCGATAATATTGAAAGTGCTCTCAAA
GCACCAATCCTTCAGAATCTCCAGATCCCCACGGACAATCGATTCCAGAATATTTGGAATGATGTCCGTTTCGCAATCGCGGAGGAAATCCTTCT
GATCAAAGCTCGGATCGATTTTCACCAGCTCCGTCATCGTTTCCGAAAGCTCTGTCTTTGAAAAGAGTCCACCCATGACGTCGGACACTTTATCG
GTCAGCAGGCGGGAGGCACGAATAACAGGGTTCTCGGACTCGTCGTATTTAACCTTCCAGTCAAGCACCTTGTTCACGTAGGTATTGTTGTTCTT
GAAGTTCTCCCACGACTCGTAGAACTTGGAGTCCTTGTGCAGCTCCATACCTGAAAAGTAACATTACATTATGGCCATGACCTTTGATCTTATTG
AAGGAAAAAGATGGAGACTCACCAGTGGCTTCCGTGTTGGGCTCCACAACGCGATCACTATCGCTCATGACGAGCTGGACGCGCTTTCGCAACTT
GGCAGGAGCACGATAGACACGATTCTCTATGCTCGCGCTGTCCATCTCCTTCTTGATGGTCGTCGTCGTGTTAGAGATAGCCTGGAATGCGCTGG
TCTGGCCCAGCTTGCCACTGGTGTCGGAGATCGTGTCGCTGACCCCCCTAGCCTTCTTCGAGAGCTCCTCGGTAACCTTTTTGGCCAGGTGGGAT
TTGCTGGCGTCCTCCAGAACATCGCCTACGCGCTCCTTGATGGCGCCCAGCTGCTCCTTTAGCATGCTAGACGACTTTTGCGCCTCCGATTCGAC
AATGTTAAACTTTTGCCGCGCCGATTTCAGGGCATCCGATTCTTCCAGCTTCTGGGCCTCCTCACGGAACTTTCGGATATTGTCCTTGATCTCCT
TGTTCTTATCCATCTCCGCCTTCATGTTGTCGAAGAACTGCGAGAAGAAGCCGGCCCTGCGACCTGGCGCACTATAAAAGCGGGGCTGCGGAGTA

AAGTCATGACTTAGGCCGGTTGCGCCATGGGGTTTTATGAGCCAAACTCTAACCTGCTGCTGCTGCAGGTTCTGCGAGGCCTGCTGGCACGTGAA
GAGACAGGCGCGATCCCGCACAAGGGCAGCTATTCTGTACTGCAAGGAGAAAAAATCATTGAAAGCTTCGACCGTTTTAACCTCGAAATATGCAC
ATGTAAGGACGGATGTGAGCGAACGCCAGTGATGACCGGGATCAGAGGTAACCTACCATGGTGGGGATTAGGTGACCGTTCGCAGGTAGTTTGAT
CGGAGCGAATGTTCGGGGGGTCTGGCGTCAGAGGCTCTAAACTTTATGTAATTCCTGCCGCGAAACACGCACGTATCAAGCAGTCAGCTGTTCTC
TTCGTTCAGCGCGCGCCGGTGTTGCAAAACGAGCGCTCTTCGCCGGCGGTGGCTCGTGCGATAGTTCGTTTTGTCGGTAATCCGATGTTGCCGCG
CCGATATCATGTGATGTTGTCACAGTGCGCGAAATTCGAATGGTGGTGTGCAGTGATTGTGTTGTGACGGCGAGTGGCGCGTGTGGGTGCTTAGT
TTTGGGAGATGTTTTCGTATTTTTTTGTTGATAACTCAGGCTTTGTTGCTGTGTTGTAGTACTATTTTCCATTGCGCGGTGTCCAGCTTTTAATT
AGTGGCACATATTCTTAGCAAGTAAAAATTATTTTGCATACTATTAAATTTCTTATAAATTATTTTCTAAAATTAAGTTTACCTTTTCAATTTTA
CTAAAAATATCGATATATTTATTATCGCTGGAAAACTACATTATTCCACCTCTAAGCAAGAACCGTTAGTTGGCGCGTAGCTTTACCACAAAATT
CCTGGAATTGCCGTACGCTTCGCAGTTGTTTCAAGTTGTCTAAGGGACATACGATTTTTTTTGCCTCTGCGTCACGATTTTAACCCAAAAGCGAG
TTTAGTTACATGTACATTATTATTAGATAAAGAAGTATCGCGAATACTTCAGTTGAATAAACTGTGCTTGGTTTTTGGGTGAGGATTTGTGGAAA
GTAGAGTGCGCGATAACCGTAACTTTCGACCCGGATTTTCGCCATGTTCCGCAGCAACTTGGAGGGCAGTGGCGCAGCAGCAGTAGGTGTTGCAA
ATCCCCCCTCGTTGGCTCAGTCTGGAAAGATTTTCCAATTGCAGGATAACTTTTCTGCTTTTCACGCCAGAGGAGGGCTCAACATTCTGGGCCTG
CAGGACATGTATTTGGATACCAGTGGGGCCAACTCGTCGGCCACTTTGAGTCCGCCCATTACGCCGGTGACCCCTGACCCGTCGACGTCTGCGCA
GTCGACGCACTTCCCTTTTCTGGCCGACAGCGCAGCCACCGCCAATTCGCTCCTTATGCAGCGACAGTACCACTACCACTTGCTGCTCCAGCAGC
AGCAGCAACTGGCCATGGCGCAGCACCAATTGGCGCTGGCTGCATCAGCGGCAGCGGCTAGTGCGAGTCACCAGCAAACGGACGAGATTGCGCGA
TCCTTGAAAATCTTTGCGCAGGTGACGACGGGCGCAGCAGGTAAGAAGAAATGGCGAATATGGCGTCGTTTAAAACAGAATAGCCAAAAACAGTG
CGCGGGAGCGAGATGACTATCTGTACAAGTACAGTTATGCCAAAGTCAATGGCCATGGGCTTAGTTAAAGGGGCAACGAAAGCACAGAGCAAAAC
AGAAGTAAAATTGTGTAAATGTATAATTGCTGCAGAGGTCAGAGGATTTTCGCCATTTAGTGTAGTATATTTTTTATTTTACTATTTTGTATGTG
CTTTAAAATATATCTTTGCCCAACACTTGTATCCCCTTCAAGAGGTTTTTCGAGCGCCCCTGAATTTTCGGCCATTGACCTTAGCATTTTCGCTA
TTCCTTTTTGTTTTAACTTCGGAAAGCCATTTTGCGTCTTACATTTTCTAGAAGTTCTTTGCTTTTTCTCGTCTGTTCTTGTTTTTTTTTTGTAT
GCAAAAACTAATCCGTATTTGCTTATTACATTTCTGAAATGCAATTGAAACGCGAATAATAAAAAAAATACGTTCAGGACAAGGTAATGAAAAGC
TTGCTATTCCCAGAAAATGCGGCTGGCTCGATGCAGGATGTGATGCAGGAGTTCGCGACCAATGGCTATGCCAGCGATGATCTCGGTCGCATGTC
CTACGGGAGTGCTCCGCCACAGGTGCAAATGCCACCGCAGCAGCAGCATCAGCAACAGCAGGGGCTGCACCTGCCACTGGGCCGCAATCCTGCCC
AGCTGCAGACCAATGGCGGCAACTTAATGCCCATTCCACTCGCCACCCACTGGCTGAACAACTACCGGGAGCATCTGAACAACGTGTGGCGAAAC
ATGTCGTATATACCAGCCGCTCCCAATACAATGGGTTTGCAGGCCCAAACAGCGGCCACTGTGTCCACCAATCTCGGCGTGGGAATGGGTCTGGG
ATTGCCCGTGCAGGGCGAACAGCTGCGCGGAGCTTCCAATTCCAGTAACAATAATAACAACAACAACAAGGTGTACAAGCGTTACAACAGCAAGG
CCAAAGAGGTGAGTGGATCTGATCCAGGATTCGCAGAATTAAAACTTGCAAAATATATTTGTTATCTTGTTTCTCCAACAGATCAGCCGCCACTG
CGTCTTTTGTGAGAATAACAACGAACCAGAGGCGGTTATCAATAGCCACTCAGTGCGAGATAACTTTAACCGAGTGCTGTGCCCCAAACTACGCA
CCTACGTGTGCCCCATCTGCGGGGCATCTGGGGACTCGGCGCACACGATTAAGTACTGCCCCAAGAAGCCGATCATCACCATGGAGGATGCGATC
AAGGCGGAATCGTTCCGCCTAGCCAAGAGCAGTTACTACAAGCAACAGATGAAGGTTTAGAGAGGGCGAATCCAGCTCTGGAGCAGAGGCTCTGG
CAGCTTTTGCAGCGTTTATATAACATGAAATATATATACGCATTCCGATCAAAGCTGGGTTAACCAGATAGATAGATAGTAACGTTTAAATAGCG
CCTGGCGCGTTCGATTTTAAAGAGATTTAGAGCGTTATCCCGTGCCTATAGATCTTATAGTATAGACAACGAACGATCACTCAAATCCAAGTCAA
TAATTCAAGAATTTATGTCTGTTTCTGTGAAAGGGAAACTAATTTTGTTAAAGAAGACTTACAATATCGTAATACTTGTTCAATCGTCGTGGCCG
ATAGAAATATCTTACAATCCGAAAGTTGATGAATGGAATTGGTCTGCAACTGGTCGCCTTCATTTCGTAAAATGTTCGCTTGCGGCCGAAAAATT
TCGATATATCTACAATTGATCTACAATCTTTACTAAATTTTGAAAAAGGAACACTTTGAATTTCGAACTGTCAATCGTATCATTAGAATTTAATC
TAAATTTAAATCTTGCTAAAGGAAATAGCAAGGAACACTTTCGTCGTCGGCTACGCATTCATTGTAAAATTTAAATTTTGACATTCCGCACTTT
TTGATAGATAAGCGAAGAGTATTTTTATTACATGTATCGCAAGTATTCATTTCAACACACATATCTATATATATATATATATATATATATATA
TATATATATATATGTTATATATTTATTCAATTTTGTTTACCATTGATCAATTTTTCACACATGAAACAACCGCCAGCATTATATAATTTTTTTAT
TTTTTTAAAAAATGTGTACACATATTCTGAAAATGAAAAATTCAATGGCTCGAGTGCCAAATAAAGAAATGGTTACAATTTAAGGAAACAAATGT
CCTTCTTGCGTTTGAAACAACTAATCCTTTTCGCCCTCGCGGCGTTTCTCGAAAAGGGCCAGGAAGATGCCATCGGTAAGATCACTGTCCGGCTG
GCAATACAGGACGTTCTTGCCAATATTGGGATAGTCCTTGTCGCCCACATTGTGCCACTTGTTGCGCAAGGCCTTCTTGCAGCTGAGCAGCTTGA
AGGATGGATTTAGCTGAAGACAACGCTGCACCACCTGCTCGTTTTCCTCCTTCCACAGCGAACACGTGCAGTAGGCAATGCGTTTGACGTTCGGA
AAGGCGCCCATCGCGTGCGACAGGATCTTAATTTGCAAACCCTGCAGCTTTTGCAGCCGCTTGTCCTCCTTCGGCTCGTCGCACACGGTCATGCG
GTTTTGCATTCCGCTGCCAGAGCAACTAGGGTCCACCAGGATGTACTCTACGTCCGGAAAGCGTTCGGGTGCTGAAATTCAAACGTGTTACTTTT
TTAAATATTCATTGTGAAATATATAAATATAAAACTCACTTAGGTTCAAGGCGTCTCCCAAAATGGGTTTTACAATATCGCAACCAGCATCCTTT
GTTATTTCGCACAGCGTATTGTAGCG
(SEQ ID NO: 1426)

Exon: 5676..5478
Exon: 2414..2334
Exon: 2270..1733
Exon: 1665..1001
Start ATG: 5573 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT17728
ACAGTTCGAAATTCAAAGTGTTCCTTTTTCAAAATTTAGTAAAGATTGTAGATCAATTGTAGATATATCGAAATTTTTCGGCCGCAAGCGAACAT
TTTACGAAATGAAGGCGACCAGTTGCAGACCAATTCCATTCATCAACTTTCGGATTGTAAGATATTTCTATCGGCCACGACGATTGAACAAGTAT
TACGATATTTACAGAATAGCTGCCCTTGTGCGGGATCGCGCCTGTCTCTTCACGTGCCAGCAGGCCTCGCAGAACCTGCAGCAGCAGCAGCCCCG
CTTTTATAGTGCGCCAGGTCGCAGGGCCGGCTTCTTCTCGCAGTTCTTCGACAACATGAAGGCGGAGATGGATAAGAACAAGGAGATCAAGGACA
ATATCCGAAAGTTCCGTGAGGAGGCCCAGAAGCTGGAAGAATCGGATGCCCTGAAATCGGCGCGGCAAAAGTTTAACATTGTCGAATCGGAGGCG
CAAAAGTCGTCTAGCATGCTAAAGGAGCAGCTGGGCGCCATCAAGGAGCGCGTAGGCGATGTTCTGGAGGACGCCAGCAAATCCCACCTGGCCAA
AAAGGTTACCGAGGAGCTCTCGAAGAAGGCTAGGGGGGTCAGCGACACGATCTCCGACACCAGTGGCAAGCTGGGCCAGACCAGCGCATTCCAGG
CTATCTCTAACACGACGACGACCATCAAGAAGGAGATGGACAGCGCGAGCATAGAGAATCGTGTCTATCGTGCTCCTGCCAAGTTGCGAAAGCGC
GTCCAGCTCGTCATGAGCGATAGTGATCGCGTTGTGGAGCCCAACACGGAAGCCACTGGTATGGAGCTGCACAAGGACTCCAAGTTCTACGAGTC
GTGGGAGAACTTCAAGAACAACAATACCTACGTGAACAAGGTGCTTGACTGGAAGGTTAAATACGACGAGTCCGAGAACCCTGTTATTCGTGCCT
CCCGCCTGCTGACCGATAAAGTGTCCGACGTCATGGGTGGACTCTTTTCAAAGACAGAGCTTTCGGAAACGATGACGGAGCTGGTGAAAATCGAT
CCGAGCTTTGATCAGAAGGATTTCCTCCGCGATTGCGAAACGGACATCATTCCAAATATTCTGGAATCGATTGTCCGTGGGGATCTGGAGATTCT
GAAGGATTGGTGCTTTGAGAGCACTTTCAATATTATCGCAAATCCCATTAAGGAGGCTAAGAAGGCCGGCGTGTACCTGGACTCCAAGATCCTCG
ACATCGAGAACATTGAACTGGCAATGGGCAAGGTTATGGAGCAGGGCCCGGTACTGATTATCACGTTCCAAGCCCAGCAGATTATGTGCGTGCGG

Confidential - Subject to Protective Order

GACCAGAAGAGTCAGGTCGTCGAGGGAGATCCGGAGAAGGTGATGCGGGTTCACTACGTCTGGGTGCTGTGCCGCGACCGCAACGAACTCAACCC
CAAGGCTGCCTGGCGGCTGATGGAGCTGTCCGCCAACAGCTCAGAGCAATTTGTTTAG
(SEQ ID NO: 1427)

Start ATG: 104 (Reverse strand: CAT)

MKATSCRPIPFINFRIVRYFYRPRRLNKYYDIYRIAALVRDRACLFTCQQASQNLQQQQPRFYSAPGRRAGFFSQFFDNMKAEMDKNKEIKDNIR
KFREEAQKLEESDALKSARQKFNIVESEAQKSSSMLKEQLGAIKERVGDVLEDASKSHLAKKVTEELSKKARGVSDTISDTSGKLGQTSAFQAIS
NTTTTIKKEMDSASIENRVYRAPAKLRKRVQLVMSDSDRVVEPNTEATGMELHKDSKFYESWENFKNNNTYVNKVLDWKVKYDESENPVIRASRL
LTDKVSDVMGGLFSKTELSETMTELVKIDPSFDQKDFLRDCETDIIPNILESIVRGDLEILKDWCFESTFNIIANPIKEAKKAGVYLDSKILDIE
NIELAMGKVMEQGPVLIITFQAQQIMCVRDQKSQVVEGDPEKVMRVHYVWVLCRDRNELNPKAAWRLMELSANSSEQFV*
(SEQ ID NO: 1428)

Name: probable mitochondrial inner membrane protein import receptor (translocase)
Classification: receptor

Celera Sequence No. : 142000013385184
CCAGCGTCTGCGCGCCATCATCAACGGCATCAATCCCGACGTGCTCCAGGGTCATCAGCCAGTGGCTTCAAGTGAAGTAGTGGTCGCAACGGAGG
CGCCACAGACCGTGGCCGAGTCCACTGAGGCGGCGGAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGGAGAACGGCGAGACTGAGCTGGAGAAACCTAAC
GAAAGTTCGGCGGACGTTGCGGAGATAACTGCCGCTGTGGAGGCCTGCCAGATTGAGGGGAACTCGGTGGTGACCACCGATGAAGCCGCACAGCC
AAGCCCAACCGTCCAAGCTGAAGCCAGTGGCTCCAGTGAGTAGATCTCAGATGACAGCAGCACGTGCCAGCACACACCAAACGTAAAAACAAAAA
CATCCCATTTAGAACGCATTCATTTAGAAGAAATGTTAAGTATTTTCCGGAATTTACATGTAAATAAAGCGAAATAAAGCATGAGCGCATGCAGC
GTATTATGGATTTTTCAAATGTGTTTATTGAAATCAGTTTCATAATTCATACACGTTTTATATCATTTGTTTATTAATACAAAGGATTATTGATA
ATACATATTAATAATAGTTAATTTTTAAAAAACACATCCTTAAAATGACGGGAAGCGGACGTTTGAATAGCTGATGAATGGTAAGGAGTTTTAGG
GACAAACTAATATATTTCGCTGATTTTCTTGCAGATATTTCTCTGGCTGGCTGGCTGGCTGGTCCATTCGGTCGGACTGCATTGTGGACGAACAA
AAAAAAAACTGATTCAAGGTCGAAACTTAGTGCTTATAATTCCTCTTTATACTTCTTGGCAAGCATTCGCCTCCACCTCCTCGGTTCAACGATTT
CCCCTCTTCGATTTTTTGTTTCTTGTTTTGTTTTCACTTGCTCTATACTCTTAAGGCCAACGAGCACTACAGGGCCCCCACATCTGTATGCTTTG
TGACCGACTGGCGTCCAGTCGCTCCTCTGCTGCTCCGTTTCCATCTAATCTGCATGGTTATGCGCTTGGTGCTCTGCTCGAACGGTCAGTTGATT
AACCTAGTGTTTAAATTTTGGACAAAACCTATAAAAGCGCTGGTGTTCAAATGTGTGTACATGTGTGTGCGTGGGTGAATGGTTGGTCGGTCGGT
AGATATACATATATATATATATATACGGGGGCTATTACAAATAAATATGTGGCTTTTAATCATGGTATTTGTCAATGTGTTTGTAATTGCGATTT
AAATCTCAATGGGTGTGGGGTGGAAGGGGAAAACTGCAGTCATCTGCTGGAAGGGATGTCTCTGGGGATGTCCTTTGATCGTGGCGCTGCTATTC
CATACCAAATTAATGGTGCAATTTCTTGTGGATTTCGACTCGCCCCGGCTGCCGATGATAAAAGTGACCAAAAACAGAGATAAGGTTGGGGTGAG
AGTGTGATTCACTAGTTTGTTACTCTGCGTCAGCAGCCCATACTTACGTTTCATGCATCATTTGATGTGTTGTTTCAAAGGATTTTATTTCTGGT
TGATTGTGTGGTTGGGTTTGTGGTTGTTTTTGTCGTGTTTATCTTTTGTATCTTGTTTGGATTTCTTATTGATCTGTTTTAGATAGAAAAAGACT
GCTCGTGGTGCTGCAGTTGTGTGATATTACTTTTTACGCTTGTCGGCTGGCTTGAGGATTTGGAACGAGCACATCAGCGTATCGTCCACGGACAT
CATGGCGCCGGCATTGTCGAACTCGCCGCAGTAGTTGGGCGCCGAGAACAGGGTGACCAGCATGCGTTTGGCAAAGAACTCGTACCCATCCTCGA
CGACTTGATGGGCTCGGCAGATGAGATCGAACTCGTGCTTCTGCAAAAACTTGGCCACCACCTCGGCACCGAAGGTGAAGCTAACGCCGCGGTCG
TTTTCGCCCCAGCCCATGGTATCCTTATCGGGATCGGACCACAGGAGATCGCACAGCAGTCCCTGGTCGGGCACATCGGTTGGCCGCATAATGCG
ACGGATCTGCTCCATGGAGGTCAAATCGGGACTGAGACCACCGTGGCAGCAGAAGATCTTCTCGTCGACAATGGCCGCCACTGGCAGGCAGTTGA
AGCAGTCCGTGAATGTCTTCCACAACTTGATGCTGTAGCGACGCTTGCATTCGTCGTAGAATCCGTATATGCGATTAATGCTGGCGCATTCGTGG
TTGCCGCGCAGCAGGAAGAAATTCTCCGAGTATTTGATCTTGTAGGCGAGCAGCAGGCAGATCGTCTCCAGCGATTGCTTGCCGCGATCGACGTA
GTCGCCGAGGAACAGGTAATTCGATTCCGGCGGAAAGCCGCCGTACTCGAACAGACGCAACAGATCGTAGTACTGTCCATGGATGTCGCCGCAGA
TCTTCAACGGTGCCTCTAGCTCGAGCAGAATGGGCTGCGACAGGAAGATCTCGCGCGACTTCAAGCAAAGTCCCCGGATCTCGCCCTCCGAGAGC
TGTACGTTTTTACCTGGCCGTGCCCCACGCACCTCGAGAAGTCGCGATATTATGCTGTCGATATTCATCACGTCGCCCATGTTTGCGTGCGAAAG
TGTGGATCTGGTGCACTAGTGCTGCTGTTGGGTGTCGAGGTTACCGCGAACGATCGTTGGTAGCGCCGAAATAGCCTCGAAATCTTTAATTTCCG
AAATCTATTTCTGCTAAATACTTTTCACAGCTAACAAGTATGAAAATTTCTTCGTATGCTGTTGCGTGAGTGCGGGCGGGATGGCGAGTGTGCTT
CTAGCTGATGTTGCCACACTGCCGGAAGTCGCGGATATGGCCAGATAATAGACGCCATCTTATCTAATCGATAACATGCAAATATAGTGCATAAT
CGATAACGAAGTTGCTGTAATATTACTCTTATTACATTAAGGACATTTCCAATCCATTGCAAGAGTTCCGCAATAGCTCTACTTTTATATTTTCA
TTCGAAACGGGTCTTCTCGACCCTATAGTGGCTCGAAACTGCTGTTAGTAATCGATTAAACGCATGGCGTCCAGTTACTCTATTTCAGCGGTGTG
GCAGCCTGATCAGGGGGACACTAGCCATCCCGCTTGCACTCAGGCACGCCTGGCATGACTTACTGTGGAAAAGAGATGGGAGACTGATGCATTTG
GCGAGGCTATTCGATATACCGGTAACAAGGGGATATTTAAATACATTGGAAATTCAAATAAGCCAATAAGAATATTCGTTTACAGAACATAGGTT
AATTCATTTTCCTTATTGGAATAACTTCCACATGAGTTATGATTTAAAATGCCAAATTTCCCTTAAATTCTCACAAAACTAAATAATATATTGAT
AGATATATTAACAATCACACTATGTAAAAATTTTGTATGAAATGTGCTCATGTCTTGTTATCGATAATTCGATACTCTATGCATTTCCTGCCTAC
GCCCGCTAATCATTTAATTAACTGTTAAATAGGCGGGTTTCAATTTAATCAAAATGCTGTTAAACGATATCATAAGCGGAAAATTAGTTGATTCC
GTCTATATTATAGCGGAAATTGGCCAAAATCACCAAGGTTGTGTGGAAACAGCGAAGAAAATGATATGGGAGGCCAAAAAAGCCGGTTGCCACTG
CGTCAAGTTTCAAAAATCGGATTTGCCAGCAAAGTTTACGAGATCCGCTCTAGATCGCGAATATATCAGTGATCACGCCTGGGGAAAAACGTACG
GGGAGCACAAGGAGTACCTGGAGTTCTCCAAAGATCAGTATCTCCAGCTGCAGGCCCACTGCAAGGAGTTAA
(SEQ ID NO: 1429)

Exon: 2777..1473
Exon: 1378..1001
Start ATG: 2550 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT17842
GCAGTGTGGCAACATCAGCTAGAAGCACACTCGCCATCCCGCCCGCACTCACGCAACAGCATACGAAGAAATTTTCATACTTGTTAGCTGTGAAA
AGTATTTAGCAGAAATAGATTTCGGAAATTAAAGATTTCGAGGCTATTTCGGCGCTACCAACGATCGTTCGCGGTAACCTCGACACCCAACAGCA
GCACTAGTGCACCAGATCCACACTTTCGCACGCAAACATGGGCGACGTGATGAATATCGACAGCATAATATCGCGACTTCTCGAGGTGCGTGGGG
CACGGCCAGGTAAAAACGTACAGCTCTCGGAGGGCGAGATCCGGGGACTTTGCTTGAAGTCGCGCGAGATCTTCCTGTCGCAGCCCATTCTGCTC
GAGCTAGAGGCACCGTTGAAGATCTGCGGCGACATCCATGGACAGTACTACGATCTGTTGCGTCTGTTCGAGTACGGCGGCTTTCCGCCGGAATC
GAATTACCTGTTCCTCGGCGACTACGTCGATCGCGGCAAGCAATCGCTGGAGACGATCTGCCTGCTGCTCGCCTACAAGATCAAATACTCGGAGA

ATTTCTTCCTGCTGCGCGGCAACCACGAATGCGCCAGCATTAATCGCATATACGGATTCTACGACGAATGCAAGCGTCGCTACAGCATCAAGTTG
TGGAAGACATTCACGGACTGCTTCAACTGCCTGCCAGTGGCGGCCATTGTCGACGAGAAGATCTTCTGCTGCCACGGTGGTCTCAGTCCCGATTT
GACCTCCATGGAGCAGATCCGTCGCATTATGCGGCCAACCGATGTGCCCGACCAGGGACTGCTGTGCGATCTCCTGTGGTCCGATCCCGATAAGG
ATACCATGGGCTGGGGCGAAAACGACCGCGGCGTTAGCTTCACCTTCGGTGCCGAGGTGGTGGCCAAGTTTTTGCAGAAGCACGAGTTCGATCTC
ATCTGCCGAGCCCATCAAGTCGTCGAGGATGGGTACGAGTTCTTTGCCAAACGCATGCTGGTCACCCTGTTCTCGGCGCCCAACTACTGCGGCGA
GTTCGACAATGCCGGCGCCATGATGTCCGTGGACGATACGCTGATGTGCTCGTTCCAAATCCTCAAGCCAGCCGACAAGCGTAAAAAGTAATATC
ACACAACTGCAGCACCACGAGCAGTCTTTTTCTATCTAAAACAGATCAATAAGAAATCCAAACAAGATACAAAAGATAAACACGACAAAAACAAC
CACAAACCCAACCACACAATCAACCAGAAATAAAATCCTTTGAAACAACACATCAAATGATGCATGAAACCCGGGGCGAGTCGAAATCCACAAGA
AATTGCACCATTAATTTGGTATGGAATAGCAGCGCCACGATCAAAGGACATCCCCAGAGACATCCCTTCCAGCAGATGACTGCAGTTTTCCCCTT
CCACCCCACACCCATTGAGATTTAAATCGCAATTACAAACACATTGACAAATACCATGATTAAAAGCCACATATTTATTTGTAATAGCCCCCGTA
TATATATATATATATGTATATCTACCGACCGACCAACCATTCACCCACGCACACACATGTACACACATTTGAACACCAGCGCTTTTATAGGTTTT
GTCCAAAATTTAAACACTAGGTTAATCAACTGACCGTTCGAGCAGAGCACCAAGCGCATAACCATGCA
(SEQ ID NO: 1430)

Start ATG: 228 (Reverse strand: CAT)

MGDVMNIDSIISRLLEVRGARPGKNVQLSEGEIRGLCLKSREIFLSQPILLELEAPLKICGDIHGQYYDLLRLFEYGGFPPESNYLFLGDYVDRG
KQSLETICLLLAYKIKYSENFFLLRGNHECASINRIYGFYDECKRRYSIKLWKTFTDCFNCLPVAAIVDEKIFCCHGGLSPDLTSMEQIRRIMRP
TDVPDQGLLCDLLWSDPDKDTMGWGENDRGVSFTFGAEVVAKFLQKHEFDLICRAHQVVEDGYEFFAKRMLVTLFSAPNYCGEFDNAGAMMSVDD
TLMCSFQILKPADKRKK*
(SEQ ID NO: 1431)

Name: Serine-Threonine Phosphatase Alpha-2
Classification: protein_phosphatase
Gene Symbol: Pp1-87B
FlyBase ID: FBgn0004103

Celera Sequence No. : 142000013383859
CATCTGTGTTGGGATCGCTGATGAGCAGGACCTTTAGTCCATTTTCTAGTTGCAATCCGCGGTAGTCGCGTGTGTCCTGCAGCGACTTTTCAATG
TTGTTCAGCCTATAAACGACGAACCATTGCCTTTCGACGACCTCTAAGATGCGTAACGTGCACTTACCTCAATATGGGCTCCATGCTGTCTGGCT
TCCTAGTTGCGGACTTTTGCGAGCTTTCGGCTATTGTCATCTTGGGTTTTATAAGCGTGCCAATCGTTCGATGTGTTACTGAAATGCTGGCCCTC
AACGCACTTGACCTGTGCGAAATAAATGCGATTTAGTGGTGCCCGTTAGCGGAAATTTGTTTAATTGCTGCCAACCGTCGACCAAAAACCGCTGT
TAAGGCAAAAATCGATTTTCTGCACGTAAGATACATTGAGTTTGTGAAATACTCTTGACGACGCTACTCCGGCTTTACGTAGCGCGCACAAGAAA
TCTTAGAGTGGGAGGAGTAGATTTCCAAGCCGGTCGGTTACACGTTCAATCAATTTTAATCGCTTTTTGGACCGAAAAATAAATTCTAACTAGTT
TCGCAACAACTAAAATAGCAAACAATCATCTGTTCGCAGAGCTGCCAACTCACCGCGCACGCAGAACTAGTTTAATATGTTGCCAGATCGTTTAT
TTTGTGAGTGGTTCCAGATTTGAAATTCCCAATTGGAGAAATTTTACAAAGTGGTAGGCCATATTTTCAAATACGAAAGACTTAATAAGTTTAAA
GTGATGATTTTTAATAGTTCTAATGTAACTTTGGACTAAAGTAAGCTGCATATTCACCTTACCTAGGATAGATGGCGATTTCAAAATGTATTTCA
AATGCTTGAAATTTTTCCAACGACCATACAATAAATATTGGGCAACCCTGATAACAGTCATTATAAAAATAAATATTCCGTGAATTCCCGTTCTC
CGTCAATCTGGCAGTGCTCCGCGCCCAACCGCCGCCGTTTTCCAACACTGGCCGGTTGCCGTCAAAGCGCGTAGAAGAATTGCGGGCTGTAACTG
CAATTTATTATTTTTTAATTTCATTTATAGTGCACCTGGTCAGCGAGCACTGGCTCATCCGCAGCCATCCGTCGGCAACCAGCTCGCAGCGATGT
TAAACTTGTGCCAGCCGTAAAGATTTCGCGTGTTTGCGAACCACAAACTGCGTCGCCATCGGTGTGTGGGTGCAGAAATAAATGCAAATTGTTGT
AAAATGCCGTGCTTTGGTGTGCGTGTTGATAAGTGCAATACGCAAAAGTAAGAACATTGAGGCAAATCCGTGCAATTCGTGCAATCCGTGGGATC
AGGCGTTTTCAGAGGTGAGTGCTGCAGTGCTACGTCCGCGGAGATTTATGAGTTCGGGAATTCTGTGCTCTCCCCTTCGGCCAGCAGTCGAAGAA
TTAGGTTCTAATCAGGTTTTAATTGTTTACCCACCAACATGCGTTTTCCTCGAGAAAAAGTGCAAGTGTTCAACGATTTTTCTCCCCTAAATGGG
TCAAGTTTGCCGGAATGTCGAGTCCGAACTTCAAGATCCCCTCCTAAAAGTCCCTTCTGTGCCTCCTTGTGTGCGAGTCTGAATGTGTGTGTGGT
TTGGTAACGGTATTTGTGGCCGTTTTGCAATGGCACGAGAAAATCAATAAGCTGGCAAAATTGAAGAAAGGAGACTTCCCAGACATGGCAAAACA
GCGCAGAGTTTGTTAATAATGCTAATATGCTGGCGTGTTCTGCGAATTCTCGCGAATCAAAATGTCTAATTAAACCACAGGTTCACACCTCGCAT
GAGAAATAAATTGGAACCAGTCCCTAAATAAACTTTGTTTTTATTTCCCAAGATTATGGTTGGTGCAAATATTTTACAATGAAAACTAAGAACAT
ACCTTTTAAAAACTAAAAAATACGATCTTTCCATTTTCAAAATACCTGATATCTTCAAAAACTAACAGTTGTTTACCTTCACAACGTCTTCTTTC
TTTGTTTCTTTGTTTTTGCTTCACTTTGCTTAAGACTGGGCACTTAAATAATATATTTTAAAAATATTTCTACAAGGAAATAATAAAAATAAAAA
CGGTATTTTATAGTAGTTATATCAGACATTAATTTTTCAATATTTGAAGAATATTCTTCCCTCTTTAACCTTCATAAAGTCAATTCAAATGGCTC
TAAATAGATTGAACACATAAATTATAGAAAATCAAAGCAAAAGTGGAACCGATTGCCATGTATTCCAGAGGTCAACGATCCACAATATTGACAGT
AACTTAAAGTCTTCGCACGAACAAAAGACTTTCCTGTGGAGAACAACGATCGCTTCTGGCGACCACTTGAAGTACTTTCAATTGCATGGTTATTG
TTTTGGGTTTAAAGCGCGTCCCAAAATAGACAGACTGCAGCTCGTCGAGAAGATCGGACAATGGATTGCCATGAAGCGTGGGCCACGCAGGAAGA
AGTGTGCTCATTGCGACCGGAGGATTGAAGGCAGATATATTTTTAGTGCAGCCCAATTAAGTTCAATTAGAGGTTCAAAGAGAGAGAGCGAGCTT
ATCGCTCCGTATCCGAGGTACTTACTCCAACTTCCTCCGCGACAAGTGGATCAAGTGGGGGTCAATGAATTGGCTGGTTTTATAGCCTCCGTTTG
CGGGATCCAATAGATTTCTAAGTAAATGATACGAAGCTGGTATCTGATTTCACTATAGTTATTTTCACAGTGCGCAGCGAGTAAACAAACAAAAT
TGCCTATTGGCGTAGATCAGTTATTCTGGCTTTACGTATAACTGAACGTAGAAGTGAATTTTCCCAGTGCGTAGATTATTTCAAACTATGTATTT
CTATTTTGGGAAGCACTTAGGTATCTAGATTAAAATCAAATTAATCACGTGATGAAACCATTTTGCCTTCACACAAAACGTTAATGCAGACGACA
CTTTGTGTAACTTAGTAATTAGCAGGTCGATTGTTAGTCGAGAATTTAGCATCTGCTTATCAGAACTGAAAAACATTAAGGCAGCTATTCTACGT
AGTTCACTTATTTATATTAGAAGGGGTGTCAGCAGTTTATTTTATTTTCAATATTTTCATTTATGTATGTTTTCCTCAGGAGAGACCACATTTTA
TTAAATCACACAAAAATCCAATACTATTTTCATTTCAGATTCCATAAGCTGGTTCTGCTATTTGTGCATGCCCAAAATGGACAACGAGCAGCCGC
ATCAAGAGCTAGTGAAGTGCGTCCTGGTGGGGGACACGGCCGTGGGCAAGACGCGACTGATCTGCGCGAGGGCCTGCAACAAACACGTCTCGCTA
TCTCAGCTCCTCTCTACGCACGTGCCGACCGTGTGGGCCATTGACCAGTATCGCATATATAAGGATGTGGGTTACCATTCTCTCAAGAGTCATAG
TTATTGCATTTAACCGAATCCATATACATTAAAGGTACTCGAGCGATCATGGGAGGTGGTCGATGGAGTGAATGTCTCACTTCGCCTATGGGACA
CATTTGGTGACCACGACAAGGATCGGCGCTTCGCATACGGCAGGTGTGTAGAGCTCATGTAGCAGCATTTTCGCCATACGAATCAATAAGATGCC
TTCTTGACCTACAGATCCGATGTGGTGCTGCTGTGCTTTTCCATTGCCAGTCCGATTTCCCTGCGCAACTGCAAGATGATGTGGTATCCGGAAAT
TCGCCGCTTTTGTCCGGATGTTCCCGTCATTCTAGTTGGCTGCAAGAACGACCTGCGCTACATGTATCGCGACGAGAACTATCTCTCGTATTTCG
GCGAGAAGGGAACCTTTGTTCGGTATGCATAGCTAGCAGGTTTCAGCCGGTTTTGAGTGGCTTTCACTTTTTAATGTTGTTCTTTAATCAAATCA
ATTCAATTATTCACCATAATTTAATTATATTTAGAACACACGAAAGATATAATTCAATGTTTAGCCCACTATAGCAAATTAATCTGTTTATATGT

TCAGAGATATTCTATTTAATTGGATTAAATTAAAGGCAATCATTACTATAATCTTTTTTTAAAGAGCCGCGTTGAAGAGTGACCTGGTTATGCCG
GATGAGGCGCGTGCCGTCGCCAAAGAGCTAGGAGTGGCGTACTACGAGACCAGTGTTTTCACATACTTTGGGGTGAACGAGGTGTTTGAAAACGC
CATCCGATCCGCGTTGATTGCACGCCGACAGCAGCGCTTCTGGATGACAAACCTGAAGAAGGTGCAGAAGCCCCTGCTGCAGGCGCCGTTCCGGC
CACCGAAGCCACCACCACCGGAGGTCACCGTCATGGTCGGCAACTATCGGCAGGACATCTACAACATGTTCCTGTCGCAGGCCTACACCGACCTC
GTCCTGGTCGGGGCGGGTGGCACCAAGTTCGCCGTGCACAGGTTCATGCTAGCCGCCGCGTCCAGCATCTTCCAGCGCCTGCTTAGCACTGAGCT
GACTGATATGGGCGGGCGGAGCAGCAGCGAATCTAGCATGGTCAGCTCAACATTCGGGGAGGCCACCATTGCGGACTTTAACGATGACACGGAGG
CCCTGATCCGCTACGAATCACGCACACAACGGTGGGTGCTGCCTCCCGATTGCATTGAGCCCATTTGACTTTGAATACATTTTGCACCCACAGAA
TGTGGGAACACTTGAAGCGCCGCTCCAGCTACCAGGCGTTGCCTCTCATGGAGTCTAAGCGGTCCAACGATTTGTACAGGGAGCTGCATCATCCG
GTCCTGCAGAGCATTCGCCTGGTGCACGTGGAAAACCATCGGGGTGTAAATGGTCTGCAGACGATTGTCACCCTTAGCAAACTTATCTCTCCGCA
AGCTCTGCACCAGTGCCTGAGATTTATTTATACCGGTACCATTGACAAGGATTGCGATAATATCGAGGTAGGAAATGTTTCAATGTATTCTGTGT
TAAGTTTGACCTACTAATATATTGTTAATTCTCACAGGAAATTCGAGAAGCTGCCGATCTATTAGAACTGCCGCAACTGACTCAGCTACTTTCCA
GGCCTCAAACCGTTATGGAGAACTCCAGCGATGAGCCAAATCCGCACATTTGCCTGGTGAGCGCATTGATGTCATGATATCTATTTTATGATCCT
AACCATTTTCTGTTACATACATTAGCGCATCAAAGAAAGCATGGAACGGCATTGCATTGGTGACGGGTGCTTCAGTGATGTCACCTTTGAATTGG
ACGATGGCTTAATGAAGGTACATACATATGTCTGTTGAATTACTATATGAAGCACAATCGTTTACACTTACCTTTGCTGCATTGCAGGCACACCG
CGCTGTGTTGGTTGGTCGTTGTGATGTCATGCGCGCAATGTTGTTAGGCGACTTTCGCGAGGCTCATTCCAATGTGGTAGGAACGGGCACAATAC
CCCTTAACTAAGGACAGTTGTCATAAATTTCCTTTACCTTAGATCGTATTCCCTGGCGTTACCATTTACACATTCCACAAGCTGCTGTGCTATTT
GTACACAGACCAGATTCCGCCAATCTCGGCCGTCAAGTGCCTCAATCTGCTGGAGCTGGCCAATAGACTCTGCCTGCCGCGGCTGCTCAACCTGG
TTGAATGCCGCGTTATTGAAGATCTCACTCTGATTTCTCAGAACGAAACCAATGAAACGGTGGATCACTGTCTAAAGCTGCTCGAGCCAGTGAAG
GTACACATAGAGAGATCAGTTAAAAATGATATACCGAAATTCAATACTTTTCTTTTTTTTTCAGCTGCACAACGCACATCAATTGGCCGAGTGGT
GCATGTCATACCTGTGCGTCAATTACAACCTTATTTGTAAGTTTTCACTCAAGGGCCTAAAGGCGCTACACCAGGATAATCAGGAGTACTTGCGC
GAGCACCGATGGCCTCCAGTCTGGTATCTGAAAGACTATGATTACTATCAGCGATGCCTGAACGAGCTGAACAAGGAGCTTAAGCTAAAGACTTC
GAGGCGGGAATCGCCTAGCGATGACGAGGGCTGTCTGTGCTTTACGGGCGGTAAGTGTTGCTACATTTACGGAACTATCTGCTCCACATCCCACC
ACACTTAACATCCCAGTCCAATACTCCAGTCGGAGGATCAGCTCAGGTTTTAGTTTCAGCTAGCTTTAGAGGACAATGTATGTATCATGACGGCG
GTTTGTATTCGTAGCTAGGTGTCTCGTTATTGTTTTCCTTTCCTGTTGATTTCCTTGCTCATTTACAACGACAACGCCATCATCATAATATTAAT
GTCCGAAATTTGGTCAAAGTATTCTCTTGCTGGCTGTTAGGTAAATCGAAGCGAAGCGCTGATGTGAGTGGAACCACGGATAACAGCAACGCAGA
TAATCAGATCTTCAACAGCGCCGGCAACTCGCTCAACCACATTGATCTGGAGGCGGACATGGACCTGAATCTCTGACACCCAGCCCTAGGGCAAG
GAAGGTGTGTTGATATTAATGTCAAAGTAAGGATTCTTCGATATTTATGATTTACTTCGATACTTTGATTCCAGATCACTGCGCTTCATTGTGAT
CCTGCCGGTCCTGATCTGTTTTATCTGTACGATTTTAAGTATTTTGATACTTTTCCAAATCCATACATAACAAACCTCAAGGGCACGATTTAGAG
TGGTCGGGGAGATAAGGGTTGGAAATGGAGGGGGCGTGGCGCGTCTGCTTTTGACATTACGCAATATATAGAGCGCAAATTTGCCTTAGTGATTA
ACGATTAATAAGTCCAACGTAGCTCGACCCAGAACAAGGGAGCATACTGCAGAGTGCTTCGGATTTCTTATATTTATACGCCTATATAAAACGCA
AAGCATAGACGAGTATGTATGCACATGCACCTCGGCGCTGCGAAGCATTTCGCTGTATTGCCTTACGATATATCGGTGTACACTCAACTTGTTCT
GCACGATCCCTCCCATGGAATGTGGACAGCCGAAGGACGCAGACATGTGTATATCCATATATTTGTACCTTTACCTAAGACATGTATGTATGTAT
ATTTTTGAATTCCTACTTACGGAAACATTTGTCTAGCCATAGCTCTAAGCAATTCTCTACGATAAGGACGCATTTTGTACAGAATGATAGAATAA
AAAAGCAATTACGAACAAATCTCACGTTTCTTCCTTGTAATAAAAACGCATTTTACAATGTAATAAATTTAGAATTATAACAGTTCACATGCCAT
TTAAAAAAACACAACATTTATATCGCAGTTTTCACGGATTTTACACTGGATTGCGATACAGTACCATCCTCCACCTCAAGATCCTGCAGCATGGC
AATCATCTCCTCGTCCGTAATCACAACCTCCGCCCTTAGGTTGTTATTAATATGTGGACTAAACGTAGCCGGCGCAGATTCTCCAGCCAGTTCAC
GCAATTCCTGCTCAAGTTGATCATCTTCCTGGCTCGCGTTCTCCACAACGCTATTGGACATTATGTCCTGAACTTCCCGATGCTGGTCGAGCGTG
TCCCGCACATCGGCCAATACTTCGTCGACATTGTCGTACTTCAATCCAGAATTCGAGAGAACCTTCTTCAAGGTATTTGATCCGATCTTGTAGGC
ATCCAGAACAACGCCACTGTTCTGGGCCTCATCCACACTGGACAGAAGAGATTCGATGTTGTGCAGGGCAAGACTGCGACGTTCTAATTAGAGAA
TTTTCAAAGAACATTATTCACAAAAGCCAGATAAGGGGTGTCTACAATAAAGATTACCATGATTCTTTTCCAGGAGATGCCTTTTTCGTAGATAG
GTTTTTGCCATTTGCCGTTTGTTCTCCTTCATGTACTGGCGCACTTTGTCATCGTTCACCTTGATCTCCTCCTCTAGGTCCTCCAACTGCTTGAG
TAACTGAGCTTGGGTATTCTGAAGATTGTGGACGGCCTGGTCTTCTTGGCTTATATTAAGATCGTCGCCAGGTTTTTCTATAACAAAAATTATAG
TTTAATAATACATACTAACTACTTGAGAACCTTTTAAACTTGCTTGGTATTTTGATCAAGTGAATTTGGCGTATGCCTTTTTCTACTTTAAATTC
TAGGCCCAAGATTTGACGAACATTTAAGGCCAACAGGCAAGCGCATAGATCTTTGTCTGAGTAAGTGGGAACTCCGTGAGTCTTACAAAGCGTTT
TCAAAGCATTAAAGTGCAGTAGTTTTCCAGTGTTTTCCGACAGGACTTTTTCGGCGATGAGATCGCAAGTGTTCTGGAAAGTTAATTATGTAGGA
TTCCTATAATCATTGGATGATATCACATACGTTTAAGGCATCTAGGTGAATCCATTCAATTAAAGCGGAGGCTTCCAGGTCCTCCGTCACCACGC
TGTGCTTGATTTTCGACCAGCTCCATGAAAGGGGGCGCTTTACCAGGCTGTTGACGAGCCAACCACCCCAGGAATTGGCCGGATCGTACTCAAAT
TCACTGCGAGAGCGGATCTGCTTCCTCTGCTGCATCTCGGATATCACGGTGTCCAGGCAGGCGGGCAGTTGGTCA
(SEQ ID NO: 1432)

Exon: 1001..1344
Exon: 3174..3391
Exon: 3455..3558
Exon: 3625..3822
Exon: 4055..4591
Exon: 4654..4912
Exon: 4978..5091
Exon: 5156..5242
Exon: 5313..5396
Exon: 5458..5700
Exon: 5765..6035
Exon: 6311..6441
Exon: 7148..7530
Start ATG: 3212

Transcript No. : CT17926
GCCGGTTGCCGTCAAAGCGCGTAGAAGAATTGCGGGCTGTAACTGCAATTTATTATTTTTTAATTTCATTTATAGTGCACCTGGTCAGCGAGCAC
TGGCTCATCCGCAGCCATCCGTCGGCAACCAGCTCGCAGCGATGTTAAACTTGTGCCAGCCGTAAAGATTTCGCGTGTTTGCGAACCACAAACTG
CGTCGCCATCGGTGTGTGGGTGCAGAAATAAATGCAAATTGTTGTAAAATGCCGTGCTTTGGTGTGCGTGTTGATAAGTGCAATACGCAAAAGTA
AGAACATTGAGGCAAATCCGTGCAATTCGTGCAATCCGTGGGATCAGGCGTTTTCAGAGATTCCATAAGCTGGTTCTGCTATTTGTGCATGCCCA
AAATGGACAACGAGCAGCCGCATCAAGAGCTAGTGAAGTGCGTCCTGGTGGGGGACACGGCCGTGGGCAAGACGCGACTGATCTGCGCGAGGGCC

TGCAACAAACACGTCTCGCTATCTCAGCTCCTCTCTACGCACGTGCCGACCGTGTGGGCCATTGACCAGTATCGCATATATAAGGATGTACTCGA
GCGATCATGGGAGGTGGTCGATGGAGTGAATGTCTCACTTCGCCTATGGGACACATTTGGTGACCACGACAAGGATCGGCGCTTCGCATACGGCA
GATCCGATGTGGTGCTGCTGTGCTTTTCCATTGCCAGTCCGATTTCCCTGCGCAACTGCAAGATGATGTGGTATCCGGAAATTCGCCGCTTTTGT
CCGGATGTTCCCGTCATTCTAGTTGGCTGCAAGAACGACCTGCGCTACATGTATCGCGACGAGAACTATCTCTCGTATTTCGGCGAGAAGGGAAC
CTTTGTTCGAGCCGCGTTGAAGAGTGACCTGGTTATGCCGGATGAGGCGCGTGCCGTCGCCAAAGAGCTAGGAGTGGCGTACTACGAGACCAGTG
TTTTCACATACTTTGGGGTGAACGAGGTGTTTGAAAACGCCATCCGATCCGCGTTGATTGCACGCCGACAGCAGCGCTTCTGGATGACAAACCTG
AAGAAGGTGCAGAAGCCCCTGCTGCAGGCGCCGTTCCGGCCACCGAAGCCACCACCACCGGAGGTCACCGTCATGGTCGGCAACTATCGGCAGGA
CATCTACAACATGTTCCTGTCGCAGGCCTACACCGACCTCGTCCTGGTCGGGGCGGGTGGCACCAAGTTCGCCGTGCACAGGTTCATGCTAGCCG
CCGCGTCCAGCATCTTCCAGCGCCTGCTTAGCACTGAGCTGACTGATATGGGCGGGCGGAGCAGCAGCGAATCTAGCATGGTCAGCTCAACATTC
GGGGAGGCCACCATTGCGGACTTTAACGATGACACGGAGGCCCTGATCCGCTACGAATCACGCACACAACGAATGTGGGAACACTTGAAGCGCCG
CTCCAGCTACCAGGCGTTGCCTCTCATGGAGTCTAAGCGGTCCAACGATTTGTACAGGGAGCTGCATCATCCGGTCCTGCAGAGCATTCGCCTGG
TGCACGTGGAAAACCATCGGGGTGTAAATGGTCTGCAGACGATTGTCACCCTTAGCAAACTTATCTCTCCGCAAGCTCTGCACCAGTGCCTGAGA
TTTATTTATACCGGTACCATTGACAAGGATTGCGATAATATCGAGGAAATTCGAGAAGCTGCCGATCTATTAGAACTGCCGCAACTGACTCAGCT
ACTTTCCAGGCCTCAAACCGTTATGGAGAACTCCAGCGATGAGCCAAATCCGCACATTTGCCTGCGCATCAAAGAAAGCATGGAACGGCATTGCA
TTGGTGACGGGTGCTTCAGTGATGTCACCTTTGAATTGGACGATGGCTTAATGAAGGCACACCGCGCTGTGTTGGTTGGTCGTTGTGATGTCATG
CGCGCAATGTTGTTAGGCGACTTTCGCGAGGCTCATTCCAATGTGATCGTATTCCCTGGCGTTACCATTTACACATTCCACAAGCTGCTGTGCTA
TTTGTACACAGACCAGATTCCGCCAATCTCGGCCGTCAAGTGCCTCAATCTGCTGGAGCTGGCCAATAGACTCTGCCTGCCGCGGCTGCTCAACC
TGGTTGAATGCCGCGTTATTGAAGATCTCACTCTGATTTCTCAGAACGAAACCAATGAAACGGTGGATCACTGTCTAAAGCTGCTCGAGCCAGTG
AAGCTGCACAACGCACATCAATTGGCCGAGTGGTGCATGTCATACCTGTGCGTCAATTACAACCTTATTTGTAAGTTTTCACTCAAGGGCCTAAA
GGCGCTACACCAGGATAATCAGGAGTACTTGCGCGAGCACCGATGGCCTCCAGTCTGGTATCTGAAAGACTATGATTACTATCAGCGATGCCTGA
ACGAGCTGAACAAGGAGCTTAAGCTAAAGACTTCGAGGCGGGAATCGCCTAGCGATGACGAGGGCTGTCTGTGCTTTACGGGCGGTAAATCGAAG
CGAAGCGCTGATGTGAGTGGAACCACGGATAACAGCAACGCAGATAATCAGATCTTCAACAGCGCCGGCAACTCGCTCAACCACATTGATCTGGA
GGCGGACATGGACCTGAATCTCTGACACGTTTCTTCCTTGTAATAAAAACGCATTTTACAATGTAATAAATTTAGAATTATAACAGTTCACATGC
CATTTAAAAAAACACAACATTTATATCGCAGTTTTCACGGATTTTACACTGGATTGCGATACAGTACCATCCTCCACCTCAAGATCCTGCAGCAT
GGCAATCATCTCCTCGTCCGTAATCACAACCTCCGCCCTTAGGTTGTTATTAATATGTGGACTAAACGTAGCCGGCGCAGATTCTCCAGCCAGTT
CACGCAATTCCTGCTCAAGTTGATCATCTTCCTGGCTCGCGTTCTCCACAACGCTATTGGACATTATGTCCTGAACTTCCCGATGCTGGTCGAGC
GTGTCCCGCACATCGGCCAATACTTCGT
(SEQ ID NO: 1433)

Start ATG: 383

MDNEQPHQELVKCVLVGDTAVGKTRLICARACNKHVSLSQLLSTHVPTVWAIDQYRIYKDVLERSWEVVDGVNVSLRLWDTFGDHDKDRRFAYGR
SDVVLLCFSIASPISLRNCKMMWYPEIRRFCPDVPVILVGCKNDLRYMYRDENYLSYFGEKGTFVRAALKSDLVMPDEARAVAKELGVAYYETSV
FTYFGVNEVFENAIRSALIARRQQRFWMTNLKKVQKPLLQAPFRPPKPPPPEVTVMVGNYRQDIYNMFLSQAYTDLVLVGAGGTKFAVHRFMLAA
ASSIFQRLLSTELTDMGGRSSSESSMVSSTFGEATIADFNDDTEALIRYESRTQRMWEHLKRRSSYQALPLMESKRSNDLYRELHHPVLQSIRLV
HVENHRGVNGLQTIVTLSKLISPQALHQCLRFIYTGTIDKDCDNIEEIREAADLLELPQLTQLLSRPQTVMENSSDEPNPHICLRIKESMERHCI
GDGCFSDVTFELDDGLMKAHRAVLVGRCDVMRAMLLGDFREAHSNVIVFPGVTIYTFHKLLCYLYTDQIPPISAVKCLNLLELANRLCLPRLLNL
VECRVIEDLTLISQNETNETVDHCLKLLEPVKLHNAHQLAEWCMSYLCVNYNLICKFSLKGLKALHQDNQEYLREHRWPPVWYLKDYDYYQRCLN
ELNKELKLKTSRRESPSDDEGCLCFTGGKSKRSADVSGTTDNSNADNQIFNSAGNSLNHIDLEADMDLNL*
(SEQ ID NO: 1434)

Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384535
TAAACAAACAGACGTGATATAAATTTTTTCTAATAGACAATAACTTTTTACCCATCTTAAACAAATTTTACAGTAAAATAATTTTTTAGTGTATA
CTTTTAGGATGAGACAGTTAATAATCTTGCACGCATTACTTATACGACGACCCTGGTTAACGTTATCCAATACCCAATGATAAAATATAGAATCT
GTGGATTTACTATATCAGTATCTTTATTATACGAGTACATTAATTCAGTTTACAGTTTTACAAAATTATTTGTTTGCCTGACATGTTTTCGTTCT
TCGATTTTAAATTTACGTTGTTTTAACATCTATTAAAAGTCGAAATTAATTTCGTTTGTGTCTGGGATGGACTGCGATTTCAATGTTGATAATAA
TATATGTATATATATAATACTTATTCGTCATCGACCCAAGTCGGTCGGTAAAGTGCATTAAAATGATTGATTGGCAACCGGAAATGAATTTTAAA
TTCATGATTTTCTAATGTTTGGCTTTACTTAGAACCCATTAACAAGACGATGCAATGAGGTTGACGTGTTATGATCAAATGGACGACTTAAATTT
CATAACAATCTTCTTTATATGTACACATATCGTACTTTATCTACAACTGCCACGGAATTCGCACTTATCTTAATTAATTATTTAATTTTCTGTTC
AACAGTGTCTAAGTTGGTAAAGTAAGATGCTTCAGTTGGAGCCATTATTTCCTAAAGAATTCTTGATAATATATTCAATTTACGGATATATTTTC
CTATCATCAGTATAATGGAAACTACTAGCCAATTGAAAAATGATGGCTCAGTCTTCGCCTTGCTCTTGCAATATATGTTATAATTGAAGTATAAT
TGCAGCCAAATTTAATTTACCAAATATATGTAAGTTCGATTGTAAAGGGCATACAGAAATAAATAAAACAAAAGATCATGTCCCATAATACTCTT
TATAAAATCTGAATTTATCAGCTAATATATGAAATTGATCTGCTGGGTGTAATGTATACTTATGTATTTATTTGTAATGCAGATACCCACATATT
TGTAACGTATGAATCTAAAACTAAAGTCATAAGTCGTGTTTAAGCCGAACGGGATTGGCCAATGATAAGTGTTCTTGCTTCTCAAATCGATCCGG
GATCATCTGTACAATTTTCGAGGGAAAGGGGGCTTTAAGTCTTAAAACCTCAAGTCGGTAAGTCTATGTAATTATTTAAATTGGACCTTACGCGG
TAATTAATCGTTACAGGTAAAATGTATACATTGCAATATGCCATTTTATGTATAAATGTGTGTATATTTGTTGTATTGTATTTTAAACATAATAT
TTTTATACAGAGTTTAGACAAAATCAAATAAATAGCGCGATAAACTTAAAATTATATGTAAATGTATTCATAAAGAACAGCTATGCCATTTCATA
GGAGTTTACCAGCGACAGATATAATTATTAAGAATAAATACTTTCCATGATTGGTTTTTGAATACTCGCTATTTAGCATAATGTATGTAGCGAAG
TAAATTTGAAGGACTAGGAACCAGTACGACGTATGATTATGTTTATCTATATGCTTATAAATGGTAATTATATATAATTTTTCAACTTATACAAA
CGAAATTGGGTTTCTTATTGTAAGAGCGTGCATAATTTTTAGTAGAACATTTTGGCTTACTTACAATTGCGCTCTATACACTTGACAATAAGGAA
ATAACTATTTACTTACAAATTAAACCTTTAGGCATCGTAAACTAACCAACTTTTGTGGGCAAAATTATTTGCGATTATTTTTTGTATTTTTATCA
AGTGGTACTGCCAGGTATAAAGGAATCGTGTATGGGGATAAAAATCTCAAAGAATCGAAGAAATAAGTTATTAAATATGAATCAGGTCGGGGTTT
TCATCACAAGGTCCCCACCACAGCTAGCCGCCTTGCTGTTGCTTCTTTTTATCGAATATGGGAAGCTTCGACTTGACCGCACCCTCGCACACCAT
CATCCTTTGCTGCGCCGGCTTCTTGTCCAGATCGAAGCACAGGCCATCCGCGTTCAGGTGCCGCTTGAAGTCCGAATAGCGACGCGACTCGTACG
AAAGGTAGTTGGAACCCAGGGCAGAGGCAGCCACAGCAGCTGCTACCGTCCCGTTCCCATTGCGATGGTGCACCGAAGGCGGCGAGGAGTCCTGT
CGCTTTCGCTCAAAATACTCCACTATCTTGGCAATCTGTGCGGATCTTGTACTGGGCAGTGCCGTGAAGGAGCGGTCGTCCCAGAGCAGGGAGTC
AGAGCCGGCCAAGCTACTTATATCATCGGAGCTATCCGTGTATATGGACGAGGTGCGGTTCTTACAGTACAATAGTTGATTCGTTGCAAAAGGAC
TACGCTGAAGCAGAGTATGTATCTCCGAGTCTAAAGCCAGACGATTGATCAGGCTCGCCGTAGCCGCCATTTGGGATTCGCTGCCATTCCCGCTG

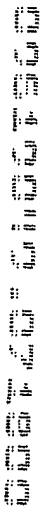
AGCAACGCATGGTGGCAAGTGTATCGTCGCTGGTGTGTGCGCCGCGATGCCACAATGTCCGCGTCCAAGTCATCCATCGAGTCCAACGCTGTGGA
TGATGAGGTATTTCCACCGATCACAGCGGGATCATTGTCGATCAGCAGCACCGACGATGAGGTCGAGGACGTATCGTTGAGCAAGTGGCTCTGCT
GTTGTTGCTGGGCCGCAGCAGCGGCTGCAGTTACGGCGGCATTCGATGTCGAGGTGGCGTAGTAGCAGCAGCGACACAAACTCGCCAGTTTATCG
CTAGAAGATAAAATCATAATCAGTAAAATCAGATGCCAAGAACACAAATACAGCAGGCCCTACTTCATGTACCAAAAACATCAGACAAACATTCG
AATAGCTTTTGAAAATGCTTAATGGCTTTGTGATGAACATCGACTAATAAGATGATATTACACAATTAGCACGATCAAGAAAAAAGTGACTTATG
ATTGTGATTTTTATGCTTTAGCTAAACAAGTCACTTACGTTGCTTGTGCGTTAGGTGCTCGATATTTATACCGTGGCTGTGTTTAACCTGGGGTA
TGCCGAAATAATTATCATATATGCAACATTTTTCAAATTTAAGTTTGTATACGTATATTCACAGATCATTTAGCTAACATCTAATACATCCATTA
TAAAAATCTATTTTGATTCTAAGCCATTTAAGATACAATATGGTCATTACAATTCAGTTAAATTGAAATCTATACAATTAAGAGATTTACTCGAA
AGTCTTCTTCTAATACGGTACGATTTTACGAGGCAAGTTAAAAAAATATCTAATATCTACTCACTTGATTTCACTATCTGCGCTGACGCATGCAT
CGAGCATAAGCTGCGTCTTCAATTTCTCATAGCAGCAGTTGCTACTGTTGCCCCCGCCGCCGCAACCAAACCCCAACGATCCAATCCCGTTCAGC
TGCCGTCCGAAACTGTTGTTGGTTATCGCCGCATCGGACTCTTCGTTAAAGCACGAGAAGAAGCCACTTTCTATAGAGTCCCGCCTCGTTAGGTT
TGTCTTCAAGGGAAGCTGCTCACACGAGTTCTTCAATTCGTTCAGATCGCAGGTGTTTTTCAGTTCGTCGAGCTCAAGATCAGTGCAGGATGAAA
CGGACACCGGGGTTTCCACCAACCTGGTGGAGCAGCCAGACATGGGAGTGGGCAAAGCCTGCACCGCCGCTGTTGCACCGCTACTCGCTTGCTCT
TTTGATTTTCTGGCGCTTTCAGTCAGATCCTCACACGAATTGGTCGCACCCACTGACGCAGTCAACGTGATTGTAGATGCGCTGGCCTTCAGTAG
AGTTGGACTCTCGAATTCACCAGTACTGGTACTTTTCATGCTGGTGCCATTGGAGCCGCGAAAAAGCGGATGCGCATACAAGGAATTCGCGCGGT
ATTTTCGAGCGGTTGGCACAGTGGACGGACGCACGGCGCTGTCATCGCTGCTTGATTCCGCATCTGCACAGTTGCCACCGCCATCGGGATCCTCA
CCTTCCGAATTGCAATCATCGCAGTCATCCTCATCGGTTGGCAATGCTATTGATGGTGGTGGAGCACTGGTAACTGCTGGAGGAGCAGCATTGCT
GATTCGCTGAGGAAGTCGAAGCTCGATGGCGCTGTATTTGCGCGTCATATGCGGCGACACTGGCAGGCTCTTTGGTTCACTGGGCGTTGCTGCCG
AAGCCTTGTTACCCGTTGATGTTTCCTCCGTACTCGTTCCTCCGCCCTGAGCCCCCGCTTTGCTCTGCATTGCGGCCAGTTCTTTGAAGAACGGC
GCTAGCATCTCGAAGCATGAGCTGAATAGATCTCCCACCCCTGCTGCATAGGTTTTCGGATTGGCGTCCAGGATTTTCTTGACACCACGCAGTTG
CGCCAGCGCTTCAAACGGATTGGGTTTAGAGCCGTTGTGATCCTTTTCAGATGTCGGCTTGTACTGTGGATCGCCCACTTTGCGCAGTGTGAGTA
CCGCTGGAACGGGCTTGGGAAGCGGTGGGGGATCTGGAATAGACGTGGCGGGCAACTGAACCGAGGAAAGCTGCCTTGGGGGCGTTGGTGAGTGT
GTTGAGGAGCGCTGTCGCTGCATCTGATGACACCGCGCCTTGTCACTTGGCGACGTGTGCATGGGGAAGTGGATGATGTTCTCGCTTAGCGAACG
CCGGTGCAACAAGATCTCGGCCTCCAACTTCTGAGTAGCCCGTCGCACTCTAGACTTCAGTATATGATCATCAAAGCCACTGCTTCCAGCAGATC
CATTTGGCGTGCCCGGAAGCGCAGCCGAAGCAGACTTTTTACTTGGAAATCGGAAGCCGTCCTCGTCCACTTCCTGTAGATGGCGCGGTGTTAAA
GTGCCAGCAGGAGCAGTACAAATAGTGGCCACCGTGGGTACTGATGCTCGGGGTGTCAACGTTACGTTCTCCGAATCGCTGCCTCCTGGTGAGCA
GTTGATCAACTCCAGGGAACTGAGTGGACTTGCTCCGGCCGACGACTCGTGCTCGTATTTCTCCAGCAGCAAAGTCAACTTTTTGGTGGCATCGT
GGAACGTGGGTCGGCTCTTGGCATCGTACTGTAAGTTATCGGATGGGTTACAACACATTCTTATATTGATTATAATTCCAAAACTCACCAGACAG
CAGTAGAAGGCCAGACGTAAAAACACAGGAGGAGTGTCCATCGGACACAATTCTACAAATGCCAGGTAGTCCAGTCCAAACGACGCCGTGCGCGG
CATCATATCCGGGTCCGCTTCGATGCGGGCTATGATCTCGCATTGAATGATGCCAAAGGAGAAGACATCGCTTGTCTGATCGTACCACTGGCCCT
TCAGGCACTCCGGACTGACCCAATACGGTGAGCCGACTGTCTCAAGGCGTGATTTTCTGCTGTAAGCAAGCCCATTTTGGATTCGTTTAATTATA
TTACACTTATGTTATGCTTAGACCAAGATATACTTACGATTTGACTGGTATCTTTGCGGCTAGACCAAAGTCACCCACTACAGCTTCGTACTGAT
CGTTGGCCAGATTGCGAATAAGTACATTCTGAATGAAGAATCGGATTAGCATACTAATTATTGGAGTTCCTTGCAGTTAGCGCTCACCTTGCTCG
TCAGATCCCTGTGAAAGATGCCCGCGTCGTGAACGTAGGACATGCCGCGCGCTATACCCAGCGCCAGTCTTATCTTCTGCGTGGCGCTGAGCACC
ACCTCCTTGTTGGCCAGCAGCTGCTCCAGGGAGCCGCCGTTGATGTACTCGGTCAGGGCGTGCAGTTGGCCCTCCTGCACGCAAACGCCCATGAA
GCTGAAGCGAAAGAGGAAGGAACACGCTTAGTTAAAGTTTGCCACTGCAGTGCAACTATTCGGTATGGCCCGAATAAGTTTCACTTTCAATCACA
CAACTTGACGGGCACTGCAACTTCGCGGAGCCCAGATTTCTTATCGCCGGTCGACATGCAATCGGCCACCCCCCACTGATTGTTGGCATTGTTTC
AGCCTTGATTCGATGCAAAATGAAATTGTAATTCGAATCCCCCGATGCGGCAGGAGCACGCAATAAAAAGAGAAAGTTTTCCCTTCAATGGACAC
ACAGTTCCTTGGAATAGGGAGTTGGATTGGAATCTCCTAGGATTTAAAGAACAAAGAAACCACTTCCTAAGCACTCATCTCCGCTTCCTGCTCAG
ACAATGTCAATGACTCCTAAGCCTAAGGAGCTGCTCGCTCACCAGCCGCCAACCACCGACTCACTCCTGGCGGCAGCACAATCTGAGGTCACCAG
GCTCTGCAACCGGAACTGTAAGCTTATTAAGAAAATGGCAACGCATGCGTCTACCTTCTTGCTAACTCCACTCCTTCCTCAAAACTGTGTGCAGC
CAGGTAAAAAAAAAGGTGAACTGCTGCCAGACAGGGCTGACGATGATGCTTCAAGGTGACAATGAACTTTAGCGGAACTATGAAAGCATGTCAGC
GTGCACATCATACTATGTATACCCTTAAAATCAGGGTAGTTATATAAAACACATTTGGTTAATAATCATGCTGAGATGTTCTTGTAGAAATATAT
AGAAATAATATATAATATAGCCGATTAGCGCATGTGACTGAAGTCCCGTGCAGGTGTTCATATCGATAAGGGTTCACTTCCATTCCGTCTTCTGT
CAAATGGTCTAATCGGACTTGCAGGCTTTATCTGCGCACATGTTTCTTTTTGGCCAGACCCAGGTTATAGCCATGGCCCAAAAGAGTTGGCCAAA
TGGTTCCAAACTCTGCGTCGTGTGCCAGATAAGCTTTATCGCCTATATAATATATTCGCCACACTGCCCCGCACAAACTCAAGTGGCGTTTGA
AAAGTTTGACTTACGTTTATGTGCGCGATTGGGCCATTAATTCTTCGCTCATAGTAAATATTTATTTAATTAGTTCAACCGCAGAGCAAAGTAAA
TCGCTAATAAATTTAGCAAACGGTGTGTGGGTCGGAAATAATTGCTTTGAGCACGCAACCCGTCACCTCATCCACCGCAGAACAGACACCTTTCC
GTCAGGCTGTCAATAAGGATACGACAACAGGGTCTCCAGGGTGCGACTGGGCGCGTGACGTCAGGGCACTGGCAATCAAATGTTATGGCCACCCC
GACGCGTTTTAACAACCGAGTGGTCTCAACGCATTAACATACGAGTTGCAAAGGGGTTGGCCCAGAACACCAGTTGCATCGTTTGCCGACTGACA
TTGGGAATCACAGCAGATAGAATCATCAGCGGTCTGCGGGGAAGCTTAATTGAAATCAGTCAGGTCACTGGCTTTCCGGCAGTGAATTCAGGTGA
GGACACTACAGTGGAAACTGTACAAAATAACTTGTTTTTATATACGGCGTAGGATCTGACTATTTAAAACCATTCATGGTTTAAATAAATATTTA
TTATTTCAAAAATTTGGATGGAATCGATTGTGGTATTTGTTCATGAGGGATATCTATACGCTTTTGTAACTCAATTAGTTTGTTCTCAGAAAATT
CGATCTACAAAGGATCGACTGTATTACCATACACAATGCGCTATTACGCTGCATAAAAAATGGAAATGTCTTGGCCAAGAGGGCATGACCCTTTT
ATATTTTCTTGATAGATATGCCACGCCAGTGTGTGGCAGACACATGTCAGCCCTTCAGACAGCCCAAGGGCTCGGCTCGACGCGGATCTGAAATG
AAGTTATCACAAAGGCGAGACAAGCTCGATGATCCCAGGTGTTGACGGCGAAGGTAGGGGCTCCAAGGCCCGAGGGTTTTTGTCTGCCGCACATC
CTCTCCAGCAGGAGAGACACACCTATGCCTCACACCCCCCCCCCCCCACCAATCACTCTTCTCGCGACTCGTGACCGTGGGTGCAGCATGCCGCAC
TTCCATTTGCATGACCATCGCAGGGATTTACGGTTCTAATTCAATTTATTTCACTGCGTGATACACGATTAGCGCCCCGAGTGAGTGTACCCCCC
ATCCACTCCATGCCCTTTTCCTGCCCATTAGCGGCTTACATTAAGAGGATTTGCCTGCAGTTAACACCTTTAATGTACGCTCTAAGCCATTCTCA
ACTCAACGTGGCTTTGAAGAAGAGATCTGTTGACGGAAAGGATTTAATTGAAAAGCACAGAAACTGGTTTCTGTTTTAAAATGAGAGTGAGGCTG
CCAACATCGTTTGATTGCACGCAAAGTACTTTGTTAATTGGGCAGTTAATTTATAACGCATTCATCAGGCTGGGTGCAATGTTATTTTCGGAACG
CAAAAAGATTAATTAATTATCAAAAGGGGCAAAGGCAGAGCCATTTGCAGTGGGCGTCGCCAGACATTTTGAGGCGGGTTCGTCGACATCAAGCA
GCATTGCCTGCAAATGCAAAGCAGTCAGTAGCTGGCCAAAAGAGGAGGAGGTGGAGGTACCAAAGGCGAAGGTGTCTCCATTCCATTCCATTCTC
TAGCAGGAAATGAATACACGTCGAGGGGCCCACTTGAGAAACTGCAGCTAAAGGATGCCGGGAGCAGGAAGCGAAACCTACTCAAGCGGTTATAA
GCCTCTGAAACTGCCGAAGAATCATTGTTCTGGCAGCGTTTAGTTTTTCAATTTCTTTTTTTTTGTTTCGCCAGCATTTTCGCCAGTTTTCTACC
GTTTTTACCCTGCAGCCAAAAGAGATGTGATGTGGTGTTAAATTGAAATGTACTGCTTCGCTAGGTGTTACAATATTTGTTACGAGCATATTACA
CTGTTTTCCCGGGAAAACGCTGTACGTTCAACAGTCGGCAAATCGTCAGCCGGCATTTCTCTTGCAAGTTGCAATGAAAACCATAAATTGACACG
TTTGCACGTTTCTCTCCCAAGACTGCGCCAATTGGTTTCCCAGACTTTTCACAGACGAAGTCGTAGTAGTCCAACTAAGTCCGCTAACTGCCGCT
GGCCAGGCCAGCTTGGTTATTAGATAGACTAATGAAATGAAAAATCCCGCTGGAATTCTTTCACCCGTGTGTTGCAATAGCCGCCGCCGCCGCCG
CCGAAGCATTTTATGTTGGCAAATCGAATTGGAGCATTGAAGCATTTTGCGCTTAATTGAAAATTATTACCACAACATCAGTGGCAGCAACAGAT
ATTGCAACTACAGCAGCAGCACCAACAGCAGCAGCAACAACAGCAGCAGCGGCACGATCGCGGGGTTAAAAGGTTGACACAAAGTAAACAAAATT

Filed 05/05/2006 Page 768 of 768 Document 1-2 Case 1:06-cv-00340-SLR

CGCTTTTAGGCAAACAGTAAATAACCCAAGACCAGGCCCAATGCCCAACTTCCAAATGAGACGGTGGCACTGGAGCAGCAGCCGCAGCCGGGGGC
GTGGCAATGGGCGTTATAAATGGTCCTAAACGCTGCCAACTGCAATTACCATTCGGCATTTGCTGCTGTCGGGTAGTAACAACAGAGCAACAGTC
ACAGCAACAGCAACAGCATTGCGAAATGAAATGATTGAATTTGGTTTTCAATTAGAAAAATATGCAAAACGTGATGCGAAAATTATGCAGATTGC
AGCTGCAGCAGCAGCAGCGGCGGCAACAGCAACAGCTACAGCAACAGCAGCAACATCCAACAGTGGTGGCCATAACTTCCTCTTCTTGTTTTCAC
TGCTGACCGATTTTCAATCTAGTGGAAGCTAGTGCAGCCCAAAAAGAAAGCTCATATATCGCGGGGTGTTGCATAAATCTGAATATCTAATGCCC
GCTTTTTGTTGTGAAAAATTGATTGAAGTGTATTGAAATTGATTGAAAGTTGATGACATAATTTCGTGCATACGAAAAACGCAGGCCAGAGACAA
AAGACAATGGCCAAACGCAAACGCAAACGCAAATTGGAAGTGAATGTTGGCAGTCAGCCGGGCCAAAAGACGGGCGAGAGAGATGAATGTTTTAT
GGGACATCGGGCCTGCCTGACACACGTTTATTTACCATTTTACGGCTCTATTTTGTTTAGCTTATTTTTTCATGCGGAAGTTGACAATTACACAA
GTGCGATTTATGCAGACAAATATGAGACGATTTATCGCTGGGAGATAAACTAACTAAAAATCCAGCGGACGCACAGTAGTGAGTAATTGCTGTCA
AGAAACTTGTTACAACACGGCATCAGCAGCACGCAACTTGAGCAAAATAATAATAAAAAACCAAAACAAAATGGAATGCAAGGCAGGCTCTCATT
AAATTCCAATCTGTATCTGTATCTGTATCTGTATCTGTATCTGCATCTGTTGCCGAAAAAACGCTGGGTATTGTGCGATACACATTACTCATGCT
CTTGCTCGTTTTTTTTTTCGGGTACATCAATCCTGCTGCTCTTCTTTTTATACTTTTACATGTGTTAGCACTTACAGCGACAACAACACAATGTA
ATAATAATAATGCCGTGGGTTCAATGACTTGCAATTGCGTCGCATTGTCTTGTGTACTATACATATACATATTATTGTGGCTGAGACATAAAGCA
TTACCAAAATAAATAAAAATAACAGCAATATGCATACCCCAGTTTTGGGTCAGTGAGTTTAGTTGTGCTTGGCATTGCCAAAAAGGCCAAAAAAC
AAAAAAAAAACATCTCCCTTCCCACCAAAGTGGATGATGATCCATCGATAATTGCTGGCTCTATGGAATGCATAATTTCGTGTTTGCTGTAAACA
CACACTATTGGTTTAAATTTAGCACACACCTACATACTCTACGCTCCATAAATAGGCGGCATTCGGAAGTGCTAATGAAAATCCGTGATGCAAAT
ACTGCAGATGCTGATTCAGATACAGATACACTGACGTCAATGCAATTGACGATCGAATCCAAATCGAACACACTGATCACACGGGCGTCTGAAAA
ACAAGCTGCCTAATGAAATTGCGCGCGACAGTTTACCAGGCCATGTTGATCATCAATCAGAAATTAACCCAATTTAGCTTTCTTGCACTGCCTGC
AATGGCAACGATTCGTGCCACACGGCAAAACACGGAGGCAGCCGAGCAGCTTCAATTACAGGCCATCGATCGACAATTGACAAACCCCAATCGAC
GAGCAAACATGAAAAGCTGCGCTGATAAAAGTGCGCTGCAAGTAGTCAACCAGTCTGGCAGTCCCGTCGTCCAGGGTATCCATTAAGCAATAAAA
AGAAATGTTTATATGGCCGCAATCATGACACGCTCTCTTTCGGCCTCATGTTGCTGCTGCTGCAGCTAATGTTGCAGCAGGTGTTGCTGCTGCAA
CTTGTCAAAGTCTAAAAGTCTGGTAACTGTACAAACTACCCGGCGGCCAGAAATTAAGTACTCAATTTGGCCAGACACTAAATCCCCCATTAAAC
TACTTACATCTACTATACACACATATAGAACTTAATTATATATGCACGGATTTCGGAATTCACTCAAACTGCTGTCGCGCTGCATGAATGGCCAA
TTGAACCCATCTTGCACAATAAAATTCTCATTAAATTGTCAACAATTTTTTTTTTTTTTCGCCCGTTCTCGGCAATCTTTTCATTAGCCCGACA
ATGTGCCACCACCGATGAGGGCGCCCATTCAATTCAAGGCCAGCCATCTCGGTTTATTGGCAAGCATTTCATTTTGCTTCGTTTCATAAAAGGGG
ACAGAAATGAGCCGCCAACGCTCGGCGACACACAAATCCAGCCAAGACAAATAATGGCCGAGAGACAACAATGTGCAGTGGCCCCTCGAAAAATG
GAGGCTTGTGGCAAACACATCATCGCATCTATACTACGGTACCATACCATACCATACTATACTATACCATTGTATACTACCTATATGCAGGCATT
CCGCCACCACAGACGACCTTCAAGTGACGCCGCGACTTTACTCATCGCAAGATGAGTGGTGGTGGTAGCTCGATCGTCTGACTGGCTATTCAATT
AAGTGCAATCTGACCTTAGTGAAACCTCTTGCAACGCCAACGCCGGGTTTATATCAATAGCTGAGCTGACTGATTGCTGATTGCCCAAGTCGCTT
TATTGTAGATCGGGGTCAAAAAGCTCAACTGCAACTTGTGCGGTAGAAAGGGTGAGAGCTCAGTGGTCCAATCCGGTGGGTTAGCACCTTAAGTC
ATTAACCCGCGCGCATTTGCATTCGCATGCCAACAATTTGTCAACATTTGCCCGACAACTTATCACCTGCTTAGCATCGCAGCCAGGCGCAAAGA
TCAAGTGCCGCCAAAGCAAAAGCTGAAACAGCAGCTCCAGCGGAATTTCCACCATTGTTTGTGGCCCGTAATGATCCGGGCTAAGAACTGTCACA
TGTCTTTGCGCGGTCTGAGTCGCGTTAAATGAGCGTTTAAATGGCTGTGAGCCAAAGCGGCAGCTTGTTTACCATTCCCCCCCTGCTCGGTTGTT
ACAAGTGGAGTAGTTGTTGTTTCACCAGTTGATATATAAATGTATGTATGTATATACCATAAAAAAAAGGGGGCAAAACAAAGTGTAGAGCACCC
GGCGCCATCAGCGTCATCGCTGTGTTTACATTCAGAGAGAGCCACTCAATAATGTAAGTCAACTTGCAATGGGATTTGTGAGTCAAACGATGGGT
ATGCTGCGCTATCAAGAATTACGTATTAAATATAAGGAGATATAAGGTATCCAATAATATGAATAGTATATTATTGCTTAATAAG
AAAAAGATATCAAGGTTATGTGTGCATTTAATTTATGAAATAATAATGCGTAGATGCATGCGTGTCGATGCATACTACCGATGATAAGTAAACTA
TCACGTTAATTACATTTTCTATTTGAATGACCATTTGAATTCATGTATAATTTTGGAGACCAGCCCCTAGAAACAAATACTACTACTACAATTAG
CCACATTTTCGCAGTGCATTAGTGTTGCTGCTGGGGAGCAGAGTATGGAGCAAACTATCTGTCAAGTTGGTGGCAGCTTGGGAGCGGCGACAGCT
ACAAGCCATGCCATGTGGGTGGCTGGGTGCCGTTGCTCCAGTGGGCCAATAGAGAGGGGAGGCGTGCCAAAGGCTGGGCGGGGAATGCCATTCGC
AATTGCCCGACTCGCTGGCTGTTCGTTCTCATTGTGCGACATTCCGCATTACGGCGGCCGCGTGATAAGCCCATAAAAAATACACGCCGCCAACG
GCAACCACTCAACTAACTATCCTCAGTCGAGTGTGTTGTGAGAGTTTCAGTTTCAGTTTCAGTTTTGTGGCCAATAAGTCAGCGATTCGGGCGTG
GGTGTGCATACTATTCGATGCATTGCTGTAGTACATGGCGTGCTGCCGGCTAGAAAGGCGGTTTCAATTACCCAAAAGATTAGTTCTATTGACGC
TCGACTGCATCGGCATTACACTGATAGTCGGAGGATGCAACGGTACAGCTAGTTCTGGCAGCCAATCAATAGGCTTCATTAGCCGGATCGGATCG
GATCGGATCGTAGAAGGCCGCCATGGGAGGCGGCCCGCATGGACGCCCAGCGGTGTAGCTGTTAAAATTTGACAGTTAGCCGACAGCCGCGATCG
TTAGGCATCATTAAACGCGCCCGCCAACAAGAGCAGCGCCTAACTAACTAACTAACTAACTAACTGTCAGTCAACCCGGTCAGTCATTCGT
ACAGTTGATCATTTGGACGACCTGGGAGCGGAGTGTTTAGCGATCCACGTCACTGATAAAATCACAAACGCGGATCGAGGATCGCGGATATGAGC
GGGATTCAATCGGGCGGAACAGGCATAGGTACTAGTACCTAAATGCATACACTGAGACAAATAATAACGCTGTTAAATATATATAAAAGTACATA
TTAAAATTGATTGAAATGCAGCGCTTACAGAATAAGCTATAAATAATTATAAAGCATCTCATTTGAAGTGCTTAAATAGCTTTAAGGTGTAAAAT
AAAGTTTGAAAAATGAAAAATATTTAAATCCTGTTAATTCCAACATATTGTTTTTGATTGCAACTACTTGTTCTCGCAGTGTCGCATTAATTGGC
CTCAGTGTAAATATATAAATAGCTTTGCTGCAGGGGATCCATAAAACAAAGAATTAAATGCGTGCGCCTGAATTTTAATTTCACTATCCAGTCGA
CCGATGGCGCCACAGCTGCATTCCAGAGTTTTTAGAATTTTCATTTAGTGCCGACGAATAAAGAAAAGTTGGCAGCTGCATGGATTCGCTTTAGA
CTGGCTGTGTTCCGCTGACCCAAATCCATCTCTCAACGAGCCCGGCGCACACAGCGAAATAAGTTGGCCAGCCAGGGCATTTAATCAACAGAATC
CGTTGCATTTAATACCCCGACCGCGATTCGTTGCACGTTTCTCACTTAGCTCTGTGTCAGAAACAGTCGCTAATGACAGATGTCATAAAATCAGG
TGGGCTCTACCAATACTAACTCTTGGAAAATCCCGAGTGAGGTCAGATCAAATCGCGTTGCCTTCTTAACGTTTAATCTTTCGGATTATACGAGT
TTAAAGTTTGAATGCCTAAAAAACAAAAGAATGGCAGCTAATATAGAAGACATGTCTCTTGCCATTTTCGGGGTGTTAACGTGGTAAATGAAAGG
GCGGGTCCACAACACACACACACACAGAGAGAAAGAGAAAAAGGTCTTAGCCAGAAATTGCATATTCATGGAGGCGAGCAGGAAAAGATGGGCGG
TGCAAAATGGATTGGTCTGTCTGGTCTGGCATTTTGCGGAAAAAATCGCTAAAATAGAAAACGGCAACAGCAGCAAAAAGTCCCTGAGAATT
GCATACAATTGAAGTCGCTGCCATCAGACACTCATTGTTGCGTGCAGTCACGTGAGGATGAAAAACAAACTGAAAAAATAGTAGAAATATATTCG
AAAAAACAGAAACAAAAAACAAACGCCAGCGAAGTGAGTAAGCTCTACGCAGCTTGGCAATTAAATCTAGTCAGGTCCGACAGACAACAATGTCA
TGAGCCTTTGCCATATTGTTTCAGACTCTGCCACTCAGCCAGCCAATTACATCAGCAGTTTGTTTTTTTTTTTTCTGTGACCCGTGAGAGGGTCC
CCCCCCCAAACTCTGCTAACCCCCCAAACCCACCCAACACACCTGGTCACTGCCAAGGTAATTACACAGCAGAGACTCTGCTGCAGCCTGAACTT
GACCTTTGCGCGAGCATCGGAAATGTGTTGTGCGATTTTGGTCTTGAACCCGCTGCTCTGAACTCCAACTGGGGGTACTCTTTCAAAATGCCAAA
TAGCAAATGGCCAGTCGAAAAATATAAACAAATCGGCGAAACCATAACAGACCAATCTCATTGCGGTAAACAGTAAATATTTGCACATTATTAAT
TTGAAAGCACTCATGCTGCCATAAATACATTTGTGTGTAAAAATAATATCCATAATGATGTCAGTGGAGTGAGCGGCCCCAGAAGCACAGATGTC
AAGAGTTACGACGACAGGCTGAAAGTGAATCATACCCCTCATATACTACATACATACATACATATATGATCATTTCCATTTTAGCATAGGT
CAGTATTATTTTGATGATGCCAGCAGAAGCAGCCCCTAACCTAAGTGCTGAGAAATCATGTGTAAAATATGCCAAAAACTGAATTGAAACCGACC
GAGAAGAACATGGGCATTATTTGCGTAGAATTTAAAATAAAGACCCCGCGCGATGAACCCATTAAATTGTTTACGTAATCCATTTAAATGAATGG
TCAATTCGCGTCGAGGTGCGAACTGAATGCGTAAACACAATCGGGCCACATGATCATCAAAAGCTAAGGGGGGAGTAGTATATATGTATATATGT
CAATATATGTGTGTGTAAATACATATTATCATCCAGAGTGGACAACAACAAGTAGCATTCATACATAAATAAGTAACGCAGTCAAGTTTGCAATT
AAAATCAGTGAATGAGTCAGACCATCGAGTTTGGCATTGACCCATAAGATGCTTTGGCTTGCTCGCGATTAGAATGGGTATTTTTAGACGATAAG

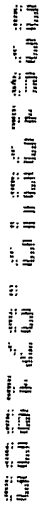
Sequence Total Quantity: 769

FIGURE SHEET 769



CTGGCTGGACCACAAACTTCATATTATAGACCATATAAATATAATATTATAGACTTACCTCAATATATTCGCATGCGAAAGTTTATTCAACAGCT
GCACCTCCCGCAGCATATTCGGTCGATTGGCCCGCAACTGATTCATCTTGAGCACCATCACCTGGCCGGTTGTACGATGTGTGACCTGCAAAATC
GGAATCAGCAAACAGAAATCAGTATAAACATTGCCAAAATCAGAAACATGAAAATATATACATATATGTAGAAGCAGATCCATAAATCGTTCTGC
CAGTCAGACAATTCAAGTGCAAAATGTGAGGACACGACTAAACTAAAAACTGAACCAGGTACAAAAACACATGTTCGAATTCCAGGGTCAAGTTC
GCGTGGAAAGTTGTTGGCGAGTGCAAGGCAAATAGTTCGAGAGCTGGTGGATAATTGCATCGAAACAAGTGAGACAACAAGCAAAGTGGTTTTCA
TGGATTTGTGCAGACCAAATGAAAAATCAATAAACCCGTCTAACTGTCTGCGCTGGCAATTTTTGGTCCAATGCAATTTGATGGTCGGTGGTTTG
CGCGCCAGAGAAGTCGTCTGCAATCACAATTAAAATTGTTAATTGAATTCGCCTTTTCCAGATGGGTTGGGTTGGTAATAGGTACATACGCCCAC
CAAAAAGGGTTAAATGTCATTTGGTATGTAGGTGCTATTCCTGTACATCTACACTAGAAGCAGAAATTAAATTACTTAATTGAGTTAGCAAATTA
ACCCCAGGCTAGACATCGTTTAAATCATCTTACAATATTCTAGACGACGTGTGAAAAGGTTAAAATATTTTAAAATAACCTAGAACTGTTGCCAT
CTAAACTTGAAACCAAATAACAAAGAACATTAGTATCTTTATTTGAAGATTATACTTTAGATTTAAGAGCGACTTTTTCTCAGTTTCGAGCTGGT
CGTTGGGCGTCTGAGCCGGGATTGCCACTTGGCGCCAGACAACATTATTCACAATTCACTTAAACAAATAGCCCCAAGTTGCTGCCAAAGCACAC
ACACGTACACACGAACAACACTCGTTTTTATGTGGACAATGGCAACTAGTGTTCAACTCTTCTTGAATTTTAGTATTCTATTCTATTTTTATGCC
AACAAACACACTGCAAATACGTAGTGAAAACAAACAGCAGGCTGTGGCACTTCCACACACTTCTATTCCTTGAGCGCGAATTTCTCGGCTCTTTG
CTAATGGCAGCAAATTAAGTTTCCTTGTCCCTTGCAATTCGCTCGAGCGGAATCTACATACATACATATATATATAGATATGTAGGTGAGTAA
GCTGATACAGGCCGGATGGATGGCTGGATGGCTGGATAGATAGATAGGATACGGGGGACACTTGGAGACCGGGAACACGTGTGCGTGGGTG
ACACACACGACGCCGACAACTACCATGCTACCATTACCTGCAGTACCTTTTTATGTGTACAAACAACCAAGTCGTAACCAAGTCATTCCCAAGTC
GTTCTTTATTGTCCTGTTGCGCTTTTAGCTCATTTCGACTGTGAGCTGGCCTCCATTCTCTATCTGCTAGCTGCCTTTGCGTCGGTGTTAACAAA
TTTATGAAGTTTCTGTTGCCATTTGCTACAAGATATTCGCTTACGCCCAGCGGCCGAAGTCCAATTCACGGCGGTCTGCAGTCATGAGTTGTTTG
GCTTGTTGTCTCCGCCGGCAGCAGAATGTGGCAATCAAAATCAAAAGCAGAGGGTAAGGAAAAGAGGTGGTTGCCCAGATTCTTAACTCGGCTCA
GAATTCGATTTCCGCTTGGTGTCACTTTATTTTCGGCTAGCTTCTCATGTCATTCGCTCATTTGCTTATCTGCCACTCAAAAAGCTTTCAATATA
CTTATAAGTTATATTTATACCTATATGCTTTCCGCAATAAAATCACCTCATAATGCTGACACACCCAGCCGGATGGACTCGAAAAAATATATTTG
CAGTAAGGCAGTTCTCTTTTAAATCGCTGCTGTTCATCATACATATATCGATTATAATGGCAAGACTAATTTTGTGAGAAAACCAAATAATATAT
GTAATATATATTAAATTTGCAATATCATATCTTATCTATCATATCAATAGCAATTTCTTTAAATAATTCATACTTTTATCTATGATATAGGGGAC
TTCCATGTATTTTTCTATTTCTTTGAAATCTTGATTCCTGAAAGTTTCCCACCTAGTGAGGTCTCACTGTATTTCTTGCTTTAATTGCCTAATTA
TTTGTGCGTGACCAATAAAGTTGATGGCTTTACGTCCGTTTGCCAAATTGATTTGCATAAAACGAGACCGTGTACCTTACAGACAACATTCTGTC
ACACAGCCCTGTCATCCCGAGCGACAGGCCATCAAAAGGGCCACTCCCCAAGTGTGTGTGTCCATTGAGTGTTTGCCGGGACAATTAAACCATTA
AATGCCATTTTAGAATGCTTTCGAAGCGCTTAATGAGCGCTGCAGATGAAAAGCGGCAGTGCAGTTTCCACAAACTACGTGGTGTATTTAACCAA
AAATGTTCGAACCGTTCGTGCCGCAGACAAAGCGAATGAGCCGCCTCTCCTCCGGCTGGTGCAGTGGACCAAAAAGTGGCACGTCCGTGTTCCTA
AGTCCGAAGAGCCAGTCTCTGCAACTGTGCTAAAAGAGAACTCACTCCACATCCATCATACATACATATGTGAGCTGAGCTGTGTGTGGATTGAT
CTTTTGCTCGGCGGCCAGCTTCAAAGACTGTCCATTTGGTCGGTTGGTCGGTCGGTTTCTTATTGAAAAGCGTTTAGGCCAGCAATGACGTGAGA
AAAGAATTACCCACAGAACGCAAACATACTCATACATCATAGCCCAGCATCGATGGGCTTCCAAAATAATCAATTACGGGCGAAATCCGAAAACG
AAGGTGTTCCAGTGAAAGAAACCACCATTGATCTGGGTCGTCGTCGCCGTCGTCGTCGTCGTGTGTGGGAAAGTTACTCCCAAGATTGGATTCTA
AAAGCTTTTTAGCAGCTTAGAAAAATCCAGGAATTTTCCCCCGAAATTCATCGTTTCATTTTTTAGCCCCAAAATGTGTGATAAACAATAGTCGA
ACGTAAACAGCAGAACAAGAAATCAATTATGAAGGCGCATGAAGAGCATTTTCAACTTATTGGCTCTGTTTGCTTATTTCGAAGCATGGAAACGC
TTTTAATTTTTCGTTTGCACTGCAAATAATGTCCAACTTAAAGTTCCGCCAATGAAGACGACCGGCCAATAACCGCAGGAGGTGAGAGTGAAGTC
ACAGTTGTGCGTTCTGCGCATTCAAATGAAACGCATCAAATGATTATTACTTAACCAGTTTTAATGGCCAGCTGAGAGGCTACTCATCTCATTGG
ATTGCATCGATGGTTATGTCAACAGGCGGCAGCAAGTCAGCAGGCATTTCGGCATGCAAACAAATTTCTTGCCTTTTGCCGTAAAATACTCGTAT
TTTCACTTTCAGTTGGGGCAAAAATGAAAACAACAAAAACAACGCCACAATAAAAATGGTGGCGGTTGCGGAAACAAAACAACAACGAAAGTTGC
CGCACCAGCTCGCCAAAAAAAAACATCCTTTTTTGACCAAAAGTCCAGGCATTTGGCCGAAAACCAGTCGCCACTCACACTGACATTTCGGCCGG
CGGAAAGGAAAAGAAAGATGCAAGCAAAAAACCAACAAAATATTGGTAATCGGTAGGCAGAGAGAGAAAAACCCGCTCATTTTTTGGCCTGTAAG
CGCGCTCGTTACATACTCGTGATTAATTTTGTTGGCCAAAAAACGCGTTTTGAGCCAAACGGACGCGGCATGGGGCACACGTGTGACATTCGATC
TTCGACTCGATTGCACCGGCTACCACCAGTTAGTTAGTTGCTTTTGGTGTTGAAAATATTCCAGCTATTTACACGGCGTTGTTGCGTTTTCGTTC
ATTTTGCTGCTTGACAAATACTTAATGCGATTTACAGTTGGGTTTTTTCATTCACCAGAGTCAGAGCCATGCCTGGTCAATCATCTTTCACATGG
TAGGCAGCGCGTTGTGGCAACACCAGTTAGCGGTACAATGTCACCGGCGGAACGGCTCCGTAGTGGCAGTGAGTCTGGCCAAAACGTGTTCTGGC
ACACTCCGTCGCGTTTTTCACACCGTTGCGCGAACCCAAAGCCCAATGCCCAGAAATACGCACTCCGAGACGACAGAGAAATGTCGGCTAAAACC
ATGTAGTAAGACAAATATTAGGCGAGGTGTTGCTGCCACCAACTTCTGGTCATTCCCATTCCCATTCCCATTCCCATTGCCAACAACTTGTTGGC
AGGAAAAGAACCAGCTGGCGAGCTGAGCGATGGAAGCCGGCTTTTGAATGGAATTTAACCCAGTTTGCTTTCTTCTTTCTCGCTGGCTGGCAGAT
AGCAGATAACTGCTGCTAGCCGGCTTGTTGTCTTCATTTCTACCACGACAACTGGCTTTTCAGTTTTGCTTTTGGGCGTCAGGGGCCGCTCTAAC
TAAATGGCCTTTATATTGCTATGGTCAGTTATAACGAGCCAATGCAGAGAGACAGGTGACTTTGTTTGGAAATTTGCATGGAGCTGAAATCGGGT
TAAATGGTATTAATATTGCACGCTCTATTGTCACGAGAACGAGCCAAGTATAATAAGGATTTTAACCTAAATCTATCTTATAAGAAGTGTGTGCT
TCAAGCTTTTTAATTTACATTTGCCTATAAGGTATGGTTTATATCTTCTTCACTTATGGCAGAACTAAAATTAACCTTGACAGCTGCACTGACGT
AGGCACAAATATTTTTAGACATTATTTGACCGTATCAAAATTGTTTTAGCCTTATCTGGCTGAACATGAACATATATAAAACCTACATATTCTCT
GGTTATATCAGCACAGTCAAGTACTAGGATTATAATTCAATGGGTAATCTAATCAGCCTAGCTTATCATCGGCAAGTATGGAAAGTTCAACTGCC
CAAGGGCAAACTTATGATTGGGCCATAAAAATGCATCCGTTGGCCGAAGGGATGGGATCCCCAATTAATTAGCCAAAAAGCGAGAGAGCGAGAGC
GTGTGCATCAATCACCATAAACGTTTATTAAGCCGACAATAGCGGAACACAAGTGCAGATAAAACTTCAGCCAGCCAGCGCCAAATAAAAGATAT
ATATCTCTCTATATTATATGCCCGGGCCACAAACAGAGTCGTAAACAACGGCAAAAAACCATAAGCTCAAGTGCCGTTTTAAGCGATTTCGAATT
TGGTTTTCATGTGAAACGAGCGGAATTCGCTGTTGCACCTTATACATTCACACCATCACTATTGCTTTTTCTTTTTTTTTTCCAAATGCTTTAAT
TGGGCGGTGGGCGGTGCAACATGTGGTATATGCACCATGTGTGTGGGCGACCAGGAAGTTGTCCGTGTTGTCCATTTTGAGGAGTGCAAATCAAA
GAATATTCGAGGCTGTGTGCTGCAAGCTGCAATTATCGGGGGCAAGATACAGTTTCAGATTTATGCAACCTTTTATTGAACTTGTTGGATAATAA
TGTGTGTCTGTGTGTGTGTGCCTCGGACGTCGGATGATTATTATTATGGTTTGTGGCACCGTGTGTGTTTGTGCTTTTAATTGTTAACGGAAGCC
TTGGCGCGCAGTTATGCAAATCTTTTTTGCTTTAGTTTGGAATGTTTGTTTTTTTCTGTTTTGTGTTGTTGTTTTTTTTTTTTTTCAGGCGTTTA
CCGTCTTTTCTTTGCCATGCAGCTCCTGCCTGTTGTTTCACCTTTTCCTTTGCGGCACAGCACATGTTTAACAAAATTTTATTTCGTGTTAAGCA
AATAATTTAGCAAAGTAAAATGTTGTTGCCATTAGATGTTGCCGGGGCAGGAAGCAACAACGGCAACAGCTGCAGCTACAATAGCAACAGCAACA
TCAGCAGCAAGCTCACGCATATTGCACAACTTTTAGTGGGAGGATGAGGTGGGAGCTGGCAATTTCTTTTGCCAGTCTGTTTTTTTTTTGTAACA
ACAGCAATTATTAGCTGTTAGTTGTAGGCAACATGGAAATTCGATATCAAATTGAAAAAACCCGAGGGGTAAGGAAAAGCGAATGTTGTTTTGGC
GGAGGCGGGGACAATTAACGCATACTAAACTAAAAACCGCTATGCATCACGAACACGCGGAAATTGCCAGTGCACATCTCATGTATTTATCAGCT
AAGCTCAAAGTAATAATAATAATAATAACAAACATTGCATAATCAATTAAATCTGACAAGGAGGCCTCACTTGCTATCAGCCTTCGAGATCACCT
TCAGCAGTTCATTGCACGTTCGTTCGCTGGCTGGGTAGATGGGTTGGACGACTAACTGCCAGTCGGTCTATAACTAAGTATAGTTTAATGGCCCA
TGTTATGTCACCGTCATCATCCTCGTGCCCCTGCCCCTGCCCCTTCCCCCAGCCACTGCCCATCCATCGATTCATTTTAAAGACCCCGTAATGCT
GTTCTCACGAACTGAGAGACTCTAGGACTCTTGGCTTTAATGACATCGGACGACAGCAAAAGTTTACGATTACACGACCGGCGTCGTTTCTCGGC
CATAAAAAGCATTCAAAATCGAACACGTTCTACATATTGAATTATAACAATGTCACACAATAGTAACAATCCAGCCATTCCAGCTATACAACCGT

FIGURE SHEET 770



CATGTGTAGGATGACTCGGCAACTGGGGTATATTCTTTTCAGTTTTCAGTTCCAGCAGTTTGAGGTGGGTCGTATCATACGACTTGCATACGCTT
AAGGGTTCGTGAGCGATATCTTTGGGAAGTGCTGCTCCTACTGCTCACCTCTGAAATTAATAATAAACTGGACTACGACGTGCCTGCCATGGATA
CGGAATGGCTGTTTGTTTAGGTGAGGCGCACGACGACGACGACGACAACAAGACATTCTTGGCTTGGATCGAACCTGATTTGTTTATGGGCTTGC
CCAGCTGCATATTTCCCCCTAGATCATTCGAAATCACTCTAAACGAAGAGAACGTCGACGACCCCCGCCAAGACGAAAAATTATAGTACAACTAT
TACCTATTACCTATCCGCCGATCCGAAGGTCATAATTATTCATATTCGTATTCTTGGAGATATCAATCATTTGCGGTTGTGGAATGTGCTGAAAT
GGGCAATCCGCTATATATATATATAATGACTTAATAATTTGCCGAACAATATATTAGACTGATTTATAGTTGATAGAATGCTATCTCACTCCGGC
TTCACCTCTATTTGTGTACTTTACGATACTCCGCTATAGCAGACCGTACAATAATAAAATTAAAAGCCGCTTAACTTGTTTACTTTTGCATCAAT
GGCATGGCAAAAGACATAATAAATGGGTTAAGCAAACACACTCTCACAAACGCACCTCAAAAAAAAAAAAAAATAAAATAAAACAAAAAAAACCAG
CAACGTCATTAACCGACCCCACGTTTCGGGCCCGTTGAGTGCCTTCAGATAGTCGAGGGATCTTAGATTGCAGATTGTACATACATATCTATGTA
TATATATATGTACATATAACTAGCACTATTCACGTAGCGATTGCATGGGCATTACGCTTTTCAGTTATTTCGTTTTCTCTAATATTCGGCGCGGA
AAAAACTCCCCAAGGTAGTTCCGCAAAAACTCTGTCGTTTAAAAATTTTAACGGGGTGCCTTAGAAAGTGTTAGAAACACCACTCACACGACTGA
GCTTATAATAGACTCACAGGGGAGATACATATGCATATATATTCAGAAATTATCATAAAACCTAGTGCACTTTTATAGCCAGTCGGTATGATGCA
AGCAAATGCATTCCAAACATGTTCCTCTTTCCGTTTTGTTATCAGTACACGTTAAAACTTCTGATACAAGAACTAAAGCTACAATCCATATTTAT
AAGCACAGTGCCATTGCCACACCGAGTATGAGAAATAAATTAATCTTCGATACATGGTTAAGGCAATTAAATGGATAAATGTAACACAAAATCAA
TTAAAGACGTCTTGTTGTACATGAGCAGCAGCTATAGACACCTCTATATATATCTATATATTTATATATATATATGGGTATATGTATCTATATCG
ACAAGTTGCCGCCTCTAACAAACTGTGCTAAATACCAGAAATGAAATAAAAACAAAAACCGCACAAGACAGTAGCAAACTGTTAATTGGATGTGG
CGACTGTCAATCGATAGGTGGAAGTGAAAAGCCAGAACTGAAGCGTAGATACATATATGTATCTGTACGACTTGCAGTGCGTTTTTCAAGTACAT
ACATACGTCAAAAAGGGGAGGGATTAGGAGGGGTGTGCTGCAAAATAATTTGACCTTAGAGCCACTAAATTGATCGAATTGCCAATTGAAAGGGG
CTTCGATGGGGTGGGAAAATACACAAACAAATTTATCGAACAGAGAAGCTAGTTTTTCAGTTTTAATTTCAAACCAATCCATTCGATTCTACGGC
GCCAGACAATCCCTTCTTGCCACTAAGCTCTTTGATCACTTATGCACGGCGAGTAAGTCATACAATTTAATTGCTTTTATCGCACGCCTTAAATC
GCAAACATCAATGGATGTGGGCTCTGTCAATTAAATTAGAAAAGCACGCGTGTCTGTGAGTAGTACCTTTTTGCCACACAGCAGTTGCACTCACA
CACATTCACCACCACCACCACCACCAACAACAACAACAACAGATGCATTTGGCCAGTTGTGACACGTCCCTGTGATTAAAATCAACATAAAATCC
AGACACACGCCTTCCGCTGGCTTACCCATCCCCATCCCCGTTCCTAGGTTTTCATTAAATGACAACAACAAGCACTTCCGTTTCCATCGCTTTTC
TCCGGCTATTCGACTAAGTGTGGCGCATTTGCCATAAGCAGTCCCAGCGCCCATGTCGCCACCATTCCACCATTGGCCCAAAGACCAAACAGTCC
AAGCCGATCCAATCAAGACGACTTGGGTCGCTTCGGATCGGATTGGATCGGTGTCCGTTGCATGGTGACCATTAAAGGGTCACTGGCATGCTGCT
GGCGATTAGCACAAGCAAGATGCCATGCGAAAGGGTTTTCGCCTCCCTATTTGGCTAGAGAAAACTCCGACAAGATGGGAAAGTTGCAAGGCAAC
ACAGAAATGGGGAATACCCTATCTTTGCTCAACTAAGAGAGATTTATAGAAGTTTTTACTATCCTTATAACCTTATGATAATGTATGTTACTATC
CACTTTAGAATCGAATCTTTTAATATCCTTTTAAGGCTGGCAAGGATCATGAGTGTCCATCTTGGAGAAAGGGTATTTCAGCTAGAGAAACGACG
AGTCTCTTGAGAGATCTTTGGCACAAAGAGCTGCATTCGAAATCCACGCAATTTCCATACCCAGAACGGCTCGAACTTTGTCGGCTTGTTAAGTG
CGCGATCGGGTACGAAATGTAATTGGTTTGGCGCGTTAATAATCAATTGGCGTTTACATTTTAAATGTGGCATGCCGCGGACAGGGAAAGGCGGC
TGCGTTTGTTCTCCCAGCGAGACACCGAGGAATGCCAGCCAGCCAGCCAACCAGCCAGCCAGGCCAAACGGAGCCAGCACTCTAAACTCTCCATT
GAGATCGTGGCGACGTCTGCCCTTGATGAAGTGCCACATGCTGCCGGTTGCCACAGTAGCCAGTCCGTATGATGGAAGACCCTTGCCCCCGCCCT
TTTCTCCCCCCGCCACCATCACCGCCAGTTAGCGTTTGTGCAACTCATGTCAAGTGGGCCGGACTGGTCGGCGACTACACGTGTCGCCCAACGTC
ATCGCCATCGCCAGCACCCAACTAGTTCTAATCGAAGCCGGATCGTATTGCACGTTAAAAAAAGAATATCAACTACATGGATAATAGTTTAAAAA
ATTGGGTTATCTTTCAATACCTATTTAAGATTTTTAGTTTGAGCTTCCATTTCTGTAAGCTGAATCAATCTTAAGGTTTAAAGTCTTTAACTATT
GTATTTTCCAAGATAAGTAATTCAATTCCTGAGTGTTAATTGAAGATTACTTCAATCTGAAACTGATTTTACTTAAAAGTGTCAACTTTTGTGAG
GAAAAACTTATAAAATATGTGCAAAACTTAGTTCAAGTCTGCAGATCAGATCATCTAAAAGCCCTCTTTTAATCTGTTGTAATGTTCTGTTAGTT
CAATCTAATAAGATTTTGTTCTGAGTGCAGAAACCAGTTGGACTGGTGGCGATTGGTGGCGTTTCAAGCTCAAGTCCATCAATCAGCGGCTTGTT
TGGGAGCTGAGTGAGCCATGGGCTGCAGACCCGGGCTAAAATAGCTTTTTAATTGTCGCAAATATTTATAGGAAATTTCTCACGCACAGCCGAAT
GGAGTCGTGCAAATTACCTGGTCTCAGTTACCTCAGTAGTCACTCGAATGTCGTGCAATTAAATCCAAGGATTTGACAATAAGGAACGAAAAAAA
GCTCACCTGAAAGCAGAGAGAAGGAAAAACATTTATTAATTCGGTGCTACGCGTGCGATGGCAATGAACTTATATTCGTTTAACAATCTACTTTT
GATAATTAAAATGTGCGCATAAATTATTGTACACTTCATGAGCAATCAGAAACAGAAACAAAGTGCAAACGCTCCACATAAAGAAAGTAGAGAAG
AAAGAAACATAAAAACAACACACAATAAACAATTTAATTACGCATCGTTTGTGCATTGAGTGTATAACCCGCACAAAAGTGAAATGCAGTTATAA
ACACTCAAAAAATGAATAATCTTATATTGCCAAAGCAAATAAACAAAGACACGGCCCACAACAGTTGGCTGCACATTTCAAATTGGCCAAGAGAG
CGGACAAGTAAGCCCCGCTACGAATTCATTACGTTTTCGAATGTGAGAAAATTTTCGAGATGAATTCCTGACTCTAGTCGCCTGGAAGTTTTTTA
ATTCATAAACACGAGGGCAATAAATTACTTTGTATTGGAAAAACCTACGCAGATGTGCCTGCTGCTTACATGTCGCGTGTTAGTTGGTTCAAAAA
GAAAGTCTGCACTATATATATGATTGCTTTGTTTCGTTTTCCACACCATTGTTAGTTAGCGGTTTTCCAAATATTTCAGCTCCTTTGGCAAATTA
TGTTATGTCGAAATCAAGTTTAAAATAAATCAGAAAACTTAGTCAAAAAACCCAATCTCAACTGCAACATCTGCATAGCATCTTGTCATGTCGCT
TGTCGCTCAACTTTTCCAACGCGCTCCTCCTCTGTTTTTATTACTCCATTGCCGCGGAGGGATGGATATGAATGGTTGAATGGTCGGATAGTTGG
ATGGTCCAATGGCTGGATCACTGGATGGGTGTCTGACTGGAGGAGAGCCTGCGACATGTCAACTATTTCAAGGCTAAATCAGCGAGGCAGTCAGT
CGTCGTGTGTCAACAGTGTGTTTCACCCTCGCCAACCGAGCGAGGTCATCGAACTCCGGACACTGCAGCTCGGATTTATGGAACAAGTCGGAATG
CATTTGCCTGTCATTTCGTTAATTGAAAGTTGGTGACAACAAACAGCAGAGGCAGTCGAGAGCCGGGTCCCGTCTCGGTGAGTAATTTCATTTGG
ATATCCTTCATTCAGGCACTCCGAATTACGGCCCAGATGGAATGCAAACAAATAAGTACAAGCAGACTAACTAAATGCAAACTCGCAATCAATTA
GAACAAACAGAGCTCTGTTTTTCCCAGGCCCATTTGGCGACTCGTTAAAATAGCTTACTCACAAACAAGCACCGCGCCGCACCCTCACTGCCACA
AAAAAAAATGTTGCTCATTATTTTTCGGTCTTTTAGCGTTTTTTTGTTTTGGTTTTTCTGCTGTGTTTTTCCAATGCGTTCGAAAATAAATAAAT
AATAATAATAAAGTTGCACGACACCCATATTCGTATGAATAAAGGCCGAGTATCTCGAAATTTATTTAATTTTGTACCTCTTTTTTTTGGGCACA
TTTGCTGGGAGCAGCCGTCAATTCGTCAGATGCGTTTTAGTTGCCTCATAAAAAAAAAACCCAGTCTGGGCTTAGAAAATGCAACACAGGAAAAT
AATAACATTTCGTGGTTTCTGGCGCCGTGACAAATTTAAATGAGCTCTACTTTTGGGTGCAGCCCCTGCGACACCAAAACAACAACAACAGC
AAGTAAAAAAAAAAACGAAAAAGGGGCAACAGCATATATATATATAGTCATAATAATGGGGTCATATATTACTAATGTGTTTGGATCGCCGGCGTC
TGCCCGAAGCTCCAAAATGAATCAATGCAAAACTATGAAATGCATATCGCAACGACAGCAACAACAACAGTGACAACACAGTTGACAAGCGCTGC
CCGCGGTGCACAGTGGTCAAAACACTTGAATTATCGTGTAAAATAATAGTAATTATAAAGTTAAATCTCTTGCCATTGCTAAGCTAATAACAAGA
CAATTTTATTGTAAAAATCGTAATAAGAGATTATAAAAACCTGTTAAGGGTCTAAAGCTAGTTTTTCCACAGTAGCTATTGAGTAATGAATTGTT
GAAATATAAGCTATAATTTATAATTGCGTATAACAATTATCATATACCCATTACCGGACCCACTGTGCTGCAACACGCTGGCGATGAATCAGTTC
TACAGCGGATGGAGGCTGGGCAATCATCGTCGTCGTCGTCGTCGTCAAGGGGCAATATGCTCAAGGCCTTGTGTCAGAATGCATTTTTATGAATG
AACGCGCGAAGGCATACAATTTACACGTATTGAGTGCGCTTAAATGCTCCGCCAATCGCCGGCGAGCGAAACTGCTGCAGATAGCTGGGATCTCA
AAAGCTAAACTATTTTTGCCAGCATCCTCGATGATTTCGAAGTTCGCCAGAGTTCGCTGAAAAGCCAATGCAATGCAATATGGCTATGAGATAGC
GAAGTGCATTGAACTCCGGCCATCGGATGGATCAACCAGTTGAGCAGTCAAACAAACGTTTAAACGCTCAACAGTCAATTCCATGCGACTCCATT
CAATTCAATTCAATTCAACTTGATTCGATTCGAGTATCTGCTAAAAGCAGATATTACCAACTGGCTTTGGCCAGCCCGTTTTTTGGCCGTTGCCT
ATTTGGTAGGATATCGTGTTGGCCGCGGCAGTTCGCTTTTTGGGCGGCCCCATCCTCCAAAAAGCGAGTGAGCGCGCCCAGCCGGTCACGTTTCA
ACTATCAACTGGAAATGGCTTTTTGATTGGCCATCCTCCCCAGAGCAATGCCTATATAGTTCTCGAAATGCGGAAGTTATGAGCCTAGCCAAGAT
TAACCTGCGCCCTCCTCCTCCTCCTCCCTTCGCTAATGGCGTATATTTTCTAATCAATTTTCGAACACACTGAAAAGTGCCTTGCAGCGTTAAAT

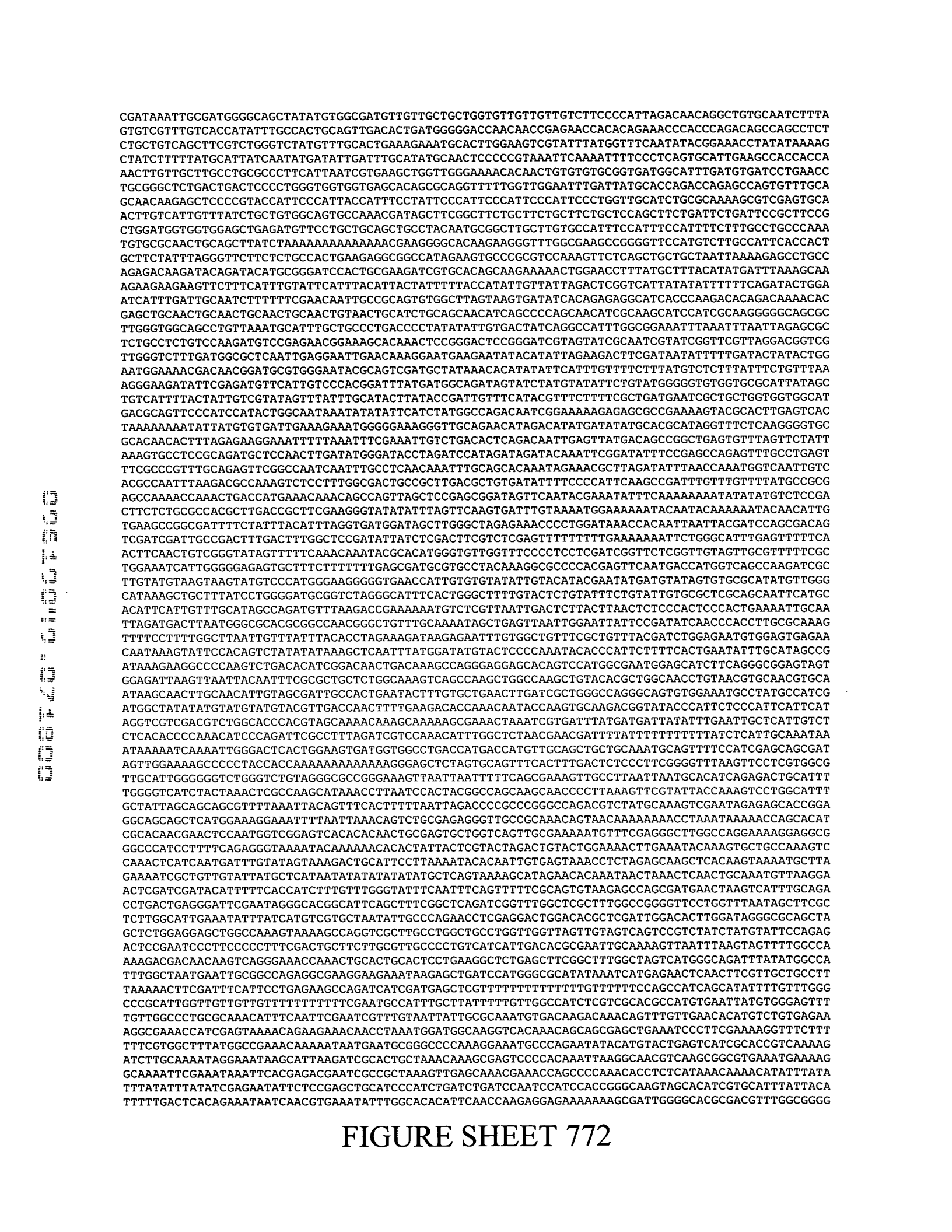
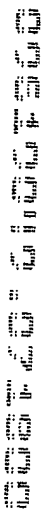


FIGURE SHEET 772

GCCTGGCGTCCCGATCAATAAAAATAGCCACTCGCAATCCGCGGCAAGACGTGGGCGAGCAACATCATCATCATCATCATCTCTAGTATCCGAAA
CCGAATCGAAAACAACATCATCATCGCCGGATGATGGCCCGATGGAATGCCATCTATGCCACAGTTAAGAGGCAAACAAAGTGCAAGGACGTCCC
AAGGGGCCCGTACTCATCCCTCCCCGTTTGGCTGGATATAAAAATATCTTCTTCTCGGTATCTTTGGCCACTCCACTCTCCAGAGGTGAATGAAT
CCGAAAATATTTCTGCACGCAAGTTGTGCGCGTAATTGCACGTTGCTGCACCTCGCTCTCGGTTATGGGAGTCACTCAGTCGCAGCCGTGGAGTA
GGAGCCATCCAGATTGGGATCCAGACTCTGTGGGCTGTGCGACGGACGGCATCTTCTTCTGGCTTAACCCACATACAGGCAGGCAAACTTCCCTT
TGCAACACATTCCTAGCGCTTTTACTGCGACATGCTGATTGGCGGCAGCATCCCTGCCGCAGTATCTAACTGCATCTAAATGGAGTTGTGGGCTT
CAGTTCTTTGAACCAGCCAGCCTAGGAGCACTAGGATCCACGAAAGTAGTGAATATGACAGTATTACCGCACTTCTGGAAAGTAACTAACTGTTA
CTTTCGGTAACGAGTAACGAGTGACCAAAACTAAATATGTCAAAGAACGTATATCAATCTTAAAAGTGCATAGTATTCATAGTATTCATAGTACT
CAGTTTGTGGAGAAGAACTATCAACTATTTTGCATACTACTACACTGAAATAAATACACAGTCAGGTTTCCCCTTTTCGCACAAAAATGTCGCAA
TTTATGGGCTCTAATATGAAATTCATTGCTTTTCTCGCCCGCTCCGCATTTTTCGCCGACTTGGCTCCTCGAAAATGCAGCAACTCGTTAGACGC
ATTAGGGCCTGGGACATGGGACATCAGTTCACTTCCCTGCGGATGACATATGGCCAAGTGGGGATCTGCTTGCCTCCCAGCTCACATACCTGTGG
TGGTGGCGGCGCGTCTTATTAGAATTTATGATTCCCATCTTTTTCTTTTTTGCTTTCTTCGGCGCCGTCGTTTCGTGGACTTTGGTTTACTTGCT
TTGCTTTGCTGGCTGGCTGGCTGCCTTTGCCCAGCTGGCATTTACTCTTAGTTTATTATTTATCAGGCACTTTATGGAGCCCCGAACAGCACACG
TATATATTTGCATTTATAATTTCAAATTGTTTATGGCCAAGCGTGAAAATGCCTCACAAGACAACAAGAAAATGGCAAAACTGCAAGCTTAAAAC
AAAAAAAAAAAATCAGAAAAGAAAAGTGGGCAGCAACAAATCTTTTCCTAATGCATGAAATTTAATGTGCATGACGCATCCGACACATGAACTAA
AGAACTGAATATATTTACAACTTATACGAGAGTCAACTAATTGAATTCGATTATTCAGCAGGAAGCACTTGTAGTGGATAAGCCGCGGATTTGCA
ATAAATTTCCCACCCGCTCAGCAGTTTATGAAGATAAATACACAAAACAGCTGCGATCAAAATCAAAGCAGCGTTTGTATAAAATAAAAAAAAAT
TGAAAAAAAATTAAATGTTTGTACAACTAATGAACCTTCAATTGGCTTAATTATGAAAACATTTGGTTAATGCCTGAAGATTAATTAATGACAAA
TTTGGGCGGTCGTATCGCAATTAATGGGACAGCTGATCTAATAAATTACCTGTTCCTTGATTTTGCAATCATGGGCATGTGCAAATAAATACCCA
ATACGTTGCGCTTATCAATGAAAATCGTATTTCGCAATACACCACTGCAATGACTAGAAGAATTCTATTTCACAGCAATAAATCTATTATTAATG
AATGAAACGCTACGCTGGATGCCCACGTAGGCGAAACAAAGCACAAATATTTGCATATTTCAAAATCATATTTACGAGCTCGACGACTTCAATCA
ATTAACGCATTAACATGGTTTTATTATGTATCGCATTCAAATTGGGCAAATCGGCGGTAGCCAAAGTGCGAAAAAACTTGTTCTCGGCGCCATTA
CCAAAAAAATATAAAAAAAAAATAAAACAGCGAACTACACAAATGTTGCCAACGTGGGCGATCGATCGATCCCAAAGTGAGTAAGTATTATAACTT
AATTAGCTGGCTAGCGATTTGCACAGTTGCTTGAATGGAAATCAAATATTTTCGTTGCTCATTGTGAAGTGTTTACGGTAAATATTTAGCTGTGT
ATATATTTTTGGCCCATTGCATAACTTGTTTTGTTTGCAATTTCTTTCAAAGAGTGCAAAATTCATTTGGGCTTTTGTTATTGAAATCGCCGCCG
GTTGGTTTGATTAGTGCGTTAAGCACTTTTACTTTTTTCGAACCAAAGACAAAGCCTTTGGATATGCAAATGGGATTTCAATTTCTCACATTTAT
AGGCCCGAGGCCCTAACTAAGCAAACTTTGTTTTTAGCTTGGACATTAAGTATTTTTAATCAAGCCCAAAGGTAAGATGCATTATAACATTCGAG
GGAAATTAATTTGGGGCGCATCAGGGTTCGTCTATAACAAATAAGCGCTTTTTCTGCTGAATATGTTCGGTTTCGCTGTAAACATTTGCATGCAC
ATCAAAAGTAACTGTAACCGAATGTTTGCCTGGCCAGCAAAAAAGTAAGAAACAACCAGCAGACGAGGCAGGCAACAACAACAACAGCAGCA
ACAAAAGATCAAAATCAATTGAAAAATTGTTTGGCGAAATGGTAAGACCAAATCGAAGATGGAAAATGTGTGTGCAGCAGGCGGCAGCAACGGGA
CAAAAGGAGGGAAAAACGAGTGGCCAGCGGAAGAAACAAACCAACCACTCCCGGACCAATGCAGATGTTGCAGTTGCAGCAACTGCTGCTGCTGC
TGCTGCTGCTGCTGCTGCTGATGTTGCTGTTGCAGTTTCTAAATGCCGCCGCGCACCAATTCACCGACAGTGAGGCAGGCACAGGCAGCGAGAAT
GCAAACTTTGCATAATTTATGGCAATCAATTTCGCGTGAACATCAACACGGTTGCAACGCAAAGAGATACAAAGCCGTGCCAAAAGCAAAACGCA
AAGATGGCGAAAAAGAAAAGAAGAAATTGTGGCAGCAACAACAGCAAATGCAACAGCAACGGCAACTGCATGCCATCCGTCTATCGAATGCCACT
ATCAACTTATTTAGTTCTACTTAAATGTTTACTTTCATCAATTCGCAACGAATGCGACTGCCAGCGGTGCAATGTCAATTGGCTGCGGATCGAAT
CGGATCGGCTTGGATTGTCTGATGTGGCTTTTTGGTCACAAAACTGTAGCTGGTCAAGAGCGACTAAGACTCTCTAGTCGCCTCAACAGGATGCC
CGCCATCGCAGCTACAGATACATTCACTTTGCCAACTCCGTCGCTTAGTGGAACACTTTTCGCAAAAACAAAAAAAAAACAAAAAAGGATGAAAA
AAAATCATGCAAAGGCAGCCGGGGAGTACGATTTCGCCTGGCCCTAATCTAATTGCCATCGCCTAACCCAATTTCCCAGTTCTTCAATTGCAACT
TAGAACTTTCACTCGCTGCCTTGGCCAGCGCGAATCAACCAACCACAATTGTTTTGCACTTGCAAGAGGATGGCTTTGAGGTCTCCTCGCTCAAA
ATACATATCATTTTACATAATAAATTTAATGCCGCACAATCCGATCTTCTTTGTCTGCAATTTGCTCACATAGGAACCCCTCATTGTGTCTACTG
TAGTTATCAAATAAATACTAAGCACTTTAGTCAAACTCTACTCTACTTCCATTCTGCTTGAGTGCCGTCTACACTGGCGTTATGCATTCACCGTT
GCTTTTGGCCCACTTACTAACAACACTTACTTACGAAAACTGAAAACTGAAAAAGAAAAAACCAAACTTGAACGAAAAAACCAAGTTTTTCCTGA
TTTATGTCCGAACAAATTGTGTGTTGGCTTGGCGTTTTCCGTATGCGACATGATTTAGCTAAATTATGTTGTGATCTTTTGATATGTACAATGAA
AACGAATGAAAACGGTTCCTCTCATCTCCGATTAAAATCGGGAATATGCAGAGGTCGTTATTAATTTTCCCACTTATGGACGCTTTCCCGCCTGA
TTAACCCCATCTGTGTGAGGTTAAAATCCGCCAGCTTCTATGCATCTTGCAGCTAAACCGCATCGTTTACAGTTGGTATCCGTTGCACGCAACAG
ATGGAAATAGATGGGAAATTGTGAAAGAGTTTTAATCAAAGTGGGAACCGCTTGCTGCTCCTCCGTTTGATATCTTTCTCGCGACTGCCTTGACA
CGCAATTGAGCAGCAGTTCCCACCCAGGGCCAAAAATAAATCTCGAAGAGATTCTTCATTTCGAAATATATGTATCTTTGGGAGGGAGCAGAAAT
TGGGGCCAAAAGCGTGGCAGTCGAGATGAAAATCCATGCGTGCACTTGACGCCGCTGAACCCACAAATTGGTCGTGTCATTAGGCAGATATTGAT
TTGAATTTATTGGCAATTCAATTAACTCTAACCGAATGATCGGGGGCTGGCTTCAATTATTTTCCTTCTATTTTTTATCGATATGAAGGGAAGGG
GTGAAGTTTTTTCTACTGCTGCTGCAGACATTAATTGTCTGGCAGCTGGCGCATTACAATGCGGAAATGCAGTTGAATCGAATGGATCCGAATGG
AATGGAATCGAACGCACTTCACACGCAAATAAACAGTCCGTTTGTTGGTTTGGTCTGGAAGTTATCTTCGGGATGCACGGCAGCCATATATTCTC
CATCGAGGGGTGAAGTGAACTGGGCATATTGAATGGGGGGGGCAACTGCGAACTGGGAATGGCGAGCAGTTATGCAAATCAGCAGGTAGTCTCCC
CCGGAAAGGTAGAGGAACAGAACCATACATAGGTCGGTCATTCACCGCTAGATTCACAAGTATCCATGAGATACGCGCAACTCGCATGCAATTTG
CGGCATTAGAATATGCGCACATGAATAGATAGAAAGGATCCTTGTGTTGTGTTGACCACGAATGAATGGAGCAGATTTCCATTTAACCGCAGCTC
ATTGTGCACATTCATTAGACAACTGAAATATAATTGCAAGTAAGGTTGCCATTGGTGCTGTTGGGAAAGCTGGGTGAAAATAATGGCAACAAATA
ACCGAATAACGCCCGTGAAACACAATAAACATTCACGAAAGAAATGTGTAAATATCACTTAAAAACGAAAATGAAAGTGAAACCGTTTTCATTCA
TCCATTCAGACATATGAATCTGAAAAAATAGATGAGAAAGTTCAATATAACTCGGGTGAAAGAGTTGTCGTATCATTTAGAAAAGCTTGGTGTTC
ACATTGATTTCAATTTCCACTACCATGTCCCCCCCATCGATCTATGCAGCTAACTAACCCATCATCTAGATGGCCGTGTACATTGTACCAGTAC
CAATGTCACTGTTGATTGCATAATCACCTGACCGTCACTAATTCCTACGTAATTGGAAAGCCATAATGTCAGAGTCTTTGTGCCGGTCGTTTGGG
CCCTCCTCCCATCGCATCATGCATCGCATCGCATTGCATCGCCTCATATGCCATGCACCACATCTGTTGCAACTTATTAATTTTTGGGGCCAACA
ACCGTTCCGAGCTGTAAGCGAAATGCCCAAATAGCAACCCGCAACAAAGCAGCTTACACTCTTAAGTGTTGGGCCGAGGCTAAAACTAAACGCTA
TTAAATTTTACACACGGTTTCACTGCAGTTCGAATGCGTTTTTCATGAGCTCTCCGCTCGGAATTTTTTTTTATAGCTCCCAGCCAGCTAGCTAA
GCTGCAGTGGCAATGGGTTTGGATTTTTGAGTCAGCTCTGGCTCTGGTCTGGGCCATTGTTTTGCAATTTTGTTTCATTTTGGCCCAGAGAGAAG
GGGGGGGGGGGGTGGGATGATGCGGCGGCGGGGCGGCATGATGATGATAATGAATGATGAGCCGGCCGAACAACCGCCACAATACCTATTGAGTA
ATTACAAAAATTTTAAAGTTTAATTAAAATTGTGTAAATAATCGCATTTGTTTGGCTTTGTTACCGTTGGCGGGTGTTACCGTTGCGAAAACGAA
AGTGCCATCAAATTATGATGCTCAATTGTGGGAACAACAGCTGCCTTTTGACAAGCTCACCGCCTGCCTGCCACTCGATGAATTTCAAATGCTTG
TCATTGAGGCGGCAAAGTATCTGCATGGATCCTATGACTAATGGCAGGGAGTGAAAATCATCAAACAGATTGATCACTTCATTTAACAGTGTACC
AAAATATTTCTTATCTGAGACATGCGCCCACGAGCAAGATACTTTTCAGCGAGATACGTGTCAATGATTTAAAAATAAAAAAATGAAACCAATTG
TAAAAACTAAAGAATTGATTCTTATGCTTATTCAAGTGCGGAATTGTCACTTACCTTGTAAACCTCCGAGAAGAATCCCGATCCAATTTTCTCCT
TGACGAAGTCATCCACGGAGTATAATGCTGAGACGGCAGTGCGCAGCGCCCGACACGAGCTGCCGGTGACCAGGCGATCCGATGATATGGTCCGC
GTCACGGGCGCCGGCGGAAGACCATTTCCGATCCAGCCGCCGTTGTGGAGCGGCTGATGTTTCACTGGTGCTTCCGCGGTGGCGTCTCCATTGGT



CGATGTTGTGACGGTGGTGGCGGTGGTGCACATACCCGCTGTGCTCGGCCAGATGAAAGGGGAGGCGGCCGATGAGTCCACCTGGTCCACCGATA
ATCCGCAGATCTCCGACGGCGGGCCGGGTCCACTGTGCTGATTCAGGCTCATGTTTATCAGCTACGACGTATGTTGCTGTCGTAACCGGATGTGT
ATGTGAAGTTGGTTTAAGTTTGTTTTTTTTTGGCGTTGGACGACCTCGCCTTGCCTGCTTGTTGTGGGGGTGATGGATCTCTGGGGATCGAGTTG
GGAACTGTGTGGTTTGGCTAATGCTGATGTTCTCTTGGCTACACCATGGTGTCGTTCATCGCAAGACAATAGTTAGCGGATTGACGCGACAGTTA
GACGGGCACGATTTGTTCAACGGATGATATATTTTAGTGTTTGCTTATGGAACGCAGCACGAAACATTTATGGGACCCATAGGTCTGAATTTGAC
AATTTTAAAAATTTTGAAACAGGAAAAAAAATTGTGGAGAACTAACTATCAATCACTTTTTGCTTGCTTCGTAATAGAGAAACTTGTGTATTTAG
TTGTTGGATATTTGGAATGCATTTGATTGTTCTTCGATTCTTGGCACGTTGCAATTGTGTTGGAAGCTGCACTGGAAGCGCTCGCAGTTGGAAGT
CTGAAAGAAATGCAGGCAATAGTTAAAAAGTTAATAAAATTCAATCAAACTCGTCGCTGCTCTAATGAAATGTAAACAAATGCGTCTATAGATAG
GTATATATTTGCTCGAAAAAACAGCGAAGCGGGCCGCGTGATCAACATTTCTGTGTTTATTCCTTTTTTATGAGGTGCAAATTAAAATACTTCAA
AGAATTCGCCTTATTTTCTGTTGTCACGCGCCACTCAAAGTAATATCCCAGTGTCAGCAATAAATTCTAGAATATAGGAACATAAGATATTTAAA
AAGTATAAAAGGGGCAGAAATCAAGACAATGCAAATTTATTCAGGCCTAATAAGAGCTAAAAGTTTAATATTTTAAATGGTGTAGATAGGAATCT
GATTCTTACTCGGAAGAAGCTGATAAGTTTTTTCGAAGAAACTTAAGCCTCTTCATCACGAAATCGTTTCTTCATTTAATACTCAAACAGCGGCC
TTATTTATTTATCATTCCAGTTTTTCGTAGACATTTTGCATTAGCACATGGCGAAAAAAAACATCGCAAGCTAACAAAACTAACAAGAATGAATT
AATCGACCCCGCTGGAAATTGCTAATAAATATTCAGGGTCAAAGTCGACAAAATTGGCAAAGTTTTGCTTATCAGCGGGCTCTTGCAGTTGTGATA
GCCGCTTAATATATGTACAGGTATTTGTTGCCGTTTGATAAGGCGGCCTTTTTAAGTGCGATAAAGCACACAACCCATCAAATGTCCCCAAAGCC
AGCAGACTTCATTCAGCATTTGCTTTTTTTTTCGAACTAACAATGTAATTTAGCAGCAATTTTGTTATCATTACGCTTACTTTTGTCGTCGTCGTT
TGTTTTTCGTCGTTGTCTTGAGAGGGGGGCAAATGAGTTCAGTTCATCAGCAAATAATTGAGATAAACACGATCACTAAAACCTTGGCCTTGCGC
CTTGAAAACTACGTCTGTTTTGAGTGGCTTCAAGGAGTTAGTTACATTCGGCAAGGGAGGTCGCTGAAGAGTTCCACAATCGGAAAAACACCACC
ACCCACCGCGAAGTACTCAGTTTCAGTTTTTTGAGATAAGTTCGGAAATGATATAACCAAATATTTTGCTGCTTGCTATTAGACCGGCGAACAAT
GGCAACAGGTTGGAATTTTTTGATTTGCCATTCCTTATCGCAATAACCACATATATATTCGGCGATAAGATACTGAGAAATAGCTTTTGGGCGAC
ACAACAAAATTGAATTTGGCTCGTAAAGGATCATGCGAGTGGCCAAAAGGCGATCATGCCCACAGAGATAACAGCTCAAAGCCACAAAGCTCACA
ATTAAAACTATAACAAAATAATTACACCAAATTTCGACATAATGATAATGATAGCAGCGAACGGACACAGAGCTCTCACTTTTCCGCTGCTGGCC
AAAGTCAAAATAAAACTCAAATTACCAAGCACATTTTTGCACTCGGCAAATAAACGGGGAAGTTATGCGAATTGGGATTTGCTATTTGCTATTTG
CCGTTTTGGCATTTTGTGTGTGTCTTTCCTTCTCTTGCGAAATCTGTCCAAATAGCCAGTTGAAGTCAAAGCCGGCAGCAGGCCATAATTAGGGT
CAATTGCGGCTAACCGCCGCCAATTGACGACAACGAAAGCTTTTGGCCAAATGAAGCGGCCGGGGAAAAAGTGCTACACTTCATTAGGTGCCATG
ACAAACGAAGAGCTGCAGCAAAAAGTGGGCTTGTGGCTTCGACTTAATAGCACCCAAGGATCGTTTTCGCGCCCACCACGCCCCCAGAATACAGT
TGTCCAATTACAGGCAGGTCTTTGTCAAATTATCTCGTTTTGAGCTGTGAAATGAATACGTGCTATCTTCACCAGTCAGCTGTGAAAGTTTCCAT
ACACCCTAATGAGTGGCAAACTTAAATATATTTTTAAAAAAAAATTGTAAACATTAAACTCGGCTATCATGGTGAAGAGTTAGCTGGGGAGAGAG
TGCCTATCATCGATGAAGAGGAAAATCCATTTCGTGGCCCACAAAAATGAGTTTAGCACGCTCCGCGAAACTAAGTCAAGGCCCCAAGCAACGAT
TTTCGTTACCGATTTGGGTGAGCAAATCTATCGAGTCGAGAAAAACACTTAAGCGGTCGCTTTTATTTCGACTCTTGCATACATTTATTTTCCCA
TCACGTTTCAAACTATATACACATGTATTCCGCGTGGAAAGCCGCAGCAGTAAAGCATCAAAATATTTATGTTTCAATAGGAATGGCAGCCAAAC
AAATGTCAGTCCGCATCCGTGGTTGTTGCCAAACATATGGAAAATAGATGATGAGCCCCACAACACCGGAATGCTGCAATCTTAAAAGTCAGCAG
TTCCACGAAGATTAAATGCCCTAAAGGCATTGAAGCAGCTGAATATAATTTAAAAATCTAAAAAAAAAAAAAGGCGGAACACGACGTGCAATAAAT
TTAGGCAATTTTAGAAAATACATCTTGTGGTGTCGCAAGAACTCAAAACTAAAGAAATCACGTTCAAAACAGCAGATAATAGGTATTTCTACATC
AACAAGTTGACTTAGGCAAGAAAGTTTCTATATCTGAAAGTTGGTGGGATTCTGCACCGACTTAAGAACAACTTTTCTCCAAATATTAACTCTAC
TAATCGTTCAAAATCGAGGCTATTTAATTAATACATTTCCTAATATGTTTGCTAGAGAGAAACCAATGAAATTAATTTCAGCACACCACTTATCG
CCGTTTGCTTTCGATGGCGTTTATGGCATTTTCCAAAACGAATGTTAAACCGTTAACCGCCACAAGGTTCGAGTCAATAAACCGCTGTCGACTGC
GGTGACTTTGTTGCCGTGCTGTGAGATCAAGTTGCATTTTTATGGGGCCAAGGGTCGTCGCGGCCACCACCGTCTGCATCATCATCATCATCAGC
AGCAGCATCATCGTGGTATCTTCGCCTACGTAGACGCGTGCCAGGAGAATTGTGTGCAATGCACACTGCATCGTTTCAGCTGGGCCATTAAAGAG
GCATAAATCTTGGTTATGAAATTGGAAATGATTTGCTGTTCAGGCACATTCAAGTAGGGAGCAAGTAACGCACCGAGAAGTGATGCGTTCAGGAA
GCGTCTTGCGTTTAGAGTCCGAAAAAAGCGTTAATGAAAAGGAAAGTTGGTCAGCGGCAGAAAAAATGCCACTTCATTGCCGTGTAGAAAGAAAA
ACAAAGACGAGGAGACGGCGAAAAGAAGCCAAGGCAGCTCAAGAAGAAGAAATTTCTATAAACAAAGAGATGAGACGCCGAGGCAGAGCAAAATT
ATCAAAGAACAACAAAAACCGAGAAACACAAAAAAAAAAGAAGTGGAAAATGGGACATGGCACACTCTTGGGCCCACAGAAACAACAAAGACTGA
ATGAAATTCATGTCGTTGTCGCGCTCATAAATTCTTCTACGCCTATATATCGCTGGCTATCTGAGAGATACAGATACACCCACACTTGGAAAAAC
TACCAACTCATTCAGCCGGGGAGGTGCTGGCTGCATCCGCTCTCTACCTATATGTATGCCTACTTATGAAAAAGAATCTATGTATGTAAATTTGG
TGTATTTTGAATAAATTCCAAGCCCATCGAAGGTGTGAGGTGCCAGTTATCGTTAGTTTTTTATTCTCTTGAGTTTAAAGTTTAGACTCCAGAGG
CCGTACAACAAGTGATTCACGTAACGAAATGGAAAGCGAGGAGAAATATGTGTGTATACAAATCTACCAAATAAATTCAAAGGCAATGGAATTTT
CGACTGAAAGCATAAGATAAGCTTAATTAGCCGGGCAGACAAAAATTTCACTTTCCTTTGGTACAGAACCGTCGTTTTCTAAACTATTTCTGAAT
GTCCAACGATCACTGCGCCATTTAGACATTTCGACTAATTGGCAGCCAGTCGGCTTTCGGGGGGAGGGCACTCACGTGCCGCCCATCGATCTGCA
GCAAAACTATACGTAAATAAACTTTAGGATCGAAGAAATCCAACAAGAACGTCAACAAAAACGAAAACCAAATGGGTTTATTTTCAGCCTCAAGT
GCAAGTCCTATAAGAAGATCGAACAAAACAAAACACTTGATGAATGCAACCGAAGGAGGTGCAAAAATCGAACAATAACAAATACAATAGGAAGG
GCGCGTAGAGTGAGCACAAATCGTTTCGTTTATTTTATTTATTTTATTCCCCTCTATGCGGACACACACAAATGAAAACAAATTAGCTTAGGCAG
CATTAACAGCCAGCTGCCAAGGGCGGAAGTACGGGGGAGTTTACTGTTAATTTTATAAACACCACGAAAGACCACAACGAAAAAAAAAAAAACAC
CACAAAAATGCAGCAGTAGCAACAGCCAACAACCACCAAACCGGCAAAATCCCAATAGGGCAGCTGCATTTCGGGAGGAAACCCAAGTGGAATGT
GCATTCGAATTGGGAGCTATAGCTTCTCGATCCCCGGATAATGAGCCGTGAACATCTGTCGCAGTTTTACGTGGAAAACTGTCTTTCCGCTGAAT
CGACCGAATCGGAAAAAAAGGGAGAAACTGAGACTAAGGAGAGAGCGAATGCTGGGAAAACCAGCACCAACATCGGAAGCATCTTCATCATAACT
TGCAAATGTGTTTGTGTTATTTTTACATTTCCGCTGCTTACGAAAATATTTACGCTCCCCTTCGCACAAAACCTTCCCCATTTCGAATTTCAAAT
TTCGAATTCCAGACGCTCGCACACACGCACGTGTTAGAGATGAGCCAGATTTCCGAGTGCATCGGCATGGTGACAACAGGTTCGATTCAAATGAAT
ATGGAAATGATTCTGCTGAGCTCACAAAAAATTTAAGCATTTGCTTTTCAAATTAGATCATATGGCTATGCTATTCGAAACAGATGTGAAAAAGT
AACAAGTTTTAGCTCTACAATGTTTACTTTAAATTTAGCATTTACGAAGTATAAATAGACACATTATTTACGCATTATGTTTTATTATATTTAAG
ACAAAATACAATCAACGTAAGTTAAAATATAAGATTGCAAACCTATTTACCCTCAATTCTAAATGTTTAAATATACAATAGTACATGACAATTTT
GCATTTCCCGTTACGAAATTATATTTGTGTTTTTATCTCGGTAGAACCTTGAAAACCATGTTGTGTCAAGATGCAGCGAAAGCAGCGGGTGGCAA
CTTTTGGCAGGCAGTGTGCGAAAGCTAAGGTCAGGCCCATCTCTAGGTTGCTTCCGCACACAGACACGCACGCACACAGCGATGGGGAAATGCCA
ACGATAGCACAGGTCTAATCCATTTAATTCTGGCTTTTAACCGATTTCTGCTAATACTATTTATTTACCCGTTTGGTTTTGGCGACTGCTCTCTC
TCTCTCCCTCCGTTCTTATTGCCGTGTGGCCATAATCCAATTATGCTTGTGTTTGTGTGTATGTCTGCTCTCTATTGCAATTGCAGTTATCG
CATCCGCCGTGATATGCAACCAACACATTCGCACTCGCGCACTCACACGCACCCGCAGACATCACAAATGCGAGGACCGAAAATCCTGAGCGTCA
ACAAAATAAATATAGCTCTGGTGTTTTAAAATAGGTTTTCACTCGATTCTGCGTTTGCTGTCTCGTCTTGTTTATGTGCATTCGTCGTTGGTTGT
GTGTACTTGTTTTTTTTTTTTTTTTGTTAGACGCGACTGTCCATTCAACATTACCACTCAGCCGACGCAGAGCGAGATTATAATTCGGTAACCGAT
TCACTGGCACTGCTCTAACGGGCTATAGCCTATGATCCAGTCTGGAATGGAGCTAAAGATATGTTGCTTTCATTTATGTCTGCACTCGCGAAAAA
GCGTCCACAAATTAACAGTTCTTCGGGAGCGACGCGCAGCTAGACGTCCGACTTTGTTTTCCGACTCGATTAGAGTGACCGTTGTGGGATGGTGG
AAAAAAGTGGAGGGCCCATGCTGAAACCGATAACAAAAATACCAGATGTGCGATATACACTATCGATAACGAGCACAATTTCTTAATTCTAATTT

AAAACAATTATATAACGGGCTTTCGTGTTTTATTTAACAAATAGTGAATAAAATGCGGCTACTTCTTTTTGATGTACTTCATGTACTTCTTGGCG
TTGAAGTTGTCCTCCACCTCCTCCATGATCTTGACCTTCTTGCGCGGCTTGCGGGCCTCCAATCTCGCTCTGCGCTCCGCATCGGTTAAGGTGCT
CAGATCCAAGGGAAGCTAGTAGATGGTACTCGTTAATTATGGTTTCGTTAAGTTATAGTAACTAACGTTACCTTGATAATCTTCCTGGGCTCGTG
ATAGCGGATGTTTATCGTGGATCCATCGGGTTGCACCACAACTGTGGGATATAGCCGGCAGTAAACCGAGCGATGCAGCCTGGTAACCGCCGTCG
TGGCCGATGAGATGCAGCGTATCTGCTGAACAGCCTGGGGCAACTGTTTCAGCAACATTTTAATTGATAATCACAATATTTACACTAAATAAGAG
CTACACTTAAATCGTGTTTTTGCTGCCAGGCAGCTGATAGTGTGACCGACCCGAGGGTAAGATTTAAAGACTCCTAAATTAGTTATTAAGAATCT
GTGGTAGCCCTGGTTCAGTTTCCACATTATGTGGTATTTTCCCCAGCTCTGGTCACATTCGTACTCAAAGTGTAAGTGTTGGTTGCAGAGGCAGA
AATTCTTATTTTTCTCCTTGAAAATATAAGTACGTTACGTTAAACACTGCAAAAATAATAAAAAAAAAAGCGCACGGTTGGGCTACAACAGCGATT
AGTCTGCAAGCCTCGAGGAAAGGACTGCAAACGCGTTTTTAGTTTGAAGGAACATTGAGGATTGAAAAAAATTACATAATTTTTGCGAGCATAAC
TCGCCGTGCATTATGTCGATAAGTCTGCAACTAAA
(SEQ ID NO: 1435)

Exon: 49575..48994
Exon: 43605..42710
Exon: 16140..16019
Exon: 5796..5598
Exon: 5538..5453
Exon: 5379..5124
Exon: 5063..3295
Exon: 2755..1001
Start ATG: 43087 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT18533
GGTCACTCTAATCGAGTCGGAAAACAAAGTCGGACGTCTAGCTGCGCGTCGCTCCCGAAGAACTGTTAATTTGTGGACGCTTTTTCGCGAGTGCA
GACATAAATGAAAGCAACATATCTTTAGCTCCATTCCAGACTGGATCATAGGCTATAGCCCGTTAGAGCAGTGCCAGTGAATCGGTTACCGAATT
ATAATCTCGCTCTGCGTCGGCTGAGTGGTAATGTTGAATGGACAGTCGCGTCTAACAAAAAAAAAAAAAAACAAGTACACACAACCAACGACGAA
TGCACATAAACAAGACGAGACAGCAAACGCAGAATCGAGTGAAAACCTATTTTAAAACACCAGAGCTATATTTATTTTGTTGACGCTCAGGATTT
TCGGTCCTCGCATTTGTGATGTCTGCGGGTGCGTGTGAGTGCGCGAGTGCGAATGTGTTGGTTGCATATCACGGCGGATGCGAATAACTGCAATT
GCAATAGAGAGCAGACACATACACACAAACACAAGCATAATTGGATTATGGCCACACGGCAATAAGAACGGAGGGAGAGAGAGAGAGCAGTCGCC
AAAACCAAACGGACTTCCAACTGCGAGCGCTTCCAGTGCAGCTTCCAACACAATTGCAACGTGCCAAGAATCGAAGAACAATCAAATGCATTCCA
AATATCCAACAACTAAATACACAAGTTTCTCTATTACGAAGCAAGCAAAAAGTGATTGATAGTTAGTTCTCCACAATTTTTTTTCCTGTTTCAAA
ATTTTTAAAATTGTCAAATTCAGACCTATGGGTCCCATAAATGTTTCGTGCTGCGTTCCATAAGCAAACACTAAAATATATCATCCGTTGAACAA
ATCGTGCCCGTCTAACTGTCGCGTCAATCCGCTAACTATTGTCTTGCGATGAACGACACCATGGTGTAGCCAAGAGAACATCAGCATTAGCCAAA
CCACACAGTTCCCAACTCGATCCCCAGAGATCCATCACCCCCACAACAAGCAGGCAAGGCGAGGTCGTCCAACGCCAAAAAAAAACAAACTTAAA
CCAACTTCACATACACATCCGGTTACGACAGCAACATACGTCGTAGCTGATAAACATGAGCCTGAATCAGCACAGTGGACCCGGCCCGCCGTCGG
AGATCTGCGGATTATCGGTGGACCAGGTGGACTCATCGGCCGCCTCCCCTTTCATCTGGCCGAGCACAGCGGGTATGTGCACCACCGCCACCACC
GTCACAACATCGACCAATGGAGACGCCACCGCGGAAGCACCAGTGAAACATCAGCCGCTCCACAACGGCGGCTGGATCGGAAATGGTCTTCCGCC
GGCGCCCGTGACGCGGACCATATCATCGGATCGCCTGGTCACCGGCAGCTCGTGTCGGGCGCTGCGCACTGCCGTCTCAGCATTATACTCCGTGG
ATGACTTCGTCAAGGAGAAAATTGGATCGGGATTCTTCTCGGAGGTTTACAAGGTCACACATCGTACAACCGGCCAGGTGATGGTGCTCAAGATG
AATCAGTTGCGGGCCAATCGACCGAATATGCTGCGGGAGGTGCAGCTGTTGAATAAACTTTCGCATGCGAATATATTGAGCTTCATGGGCGTTTG
CGTGCAGGAGGGCCAACTGCACGCCCTGACCGAGTACATCAACGGCGGCTCCCTGGAGCAGCTGCTGGCCAACAAGGAGGTGGTGCTCAGCGCCA
CGCAGAAGATAAGACTGGCGCTGGGTATAGCGCGCGGCATGTCCTACGTTCACGACGCGGGCATCTTTCACAGGGATCTGACGAGCAAGAATGTA
CTTATTCGCAATCTGGCCAACGATCAGTACGAAGCTGTAGTGGGTGACTTTGGTCTAGCCGCAAAGATACCAGTCAAATCCAGAAAATCACGCCT
TGAGACAGTCGGCTCACCGTATTGGGTCAGTCCGGAGTGCCTGAAGGGCCAGTGGTACGATCAGACAAGCGATGTCTTCTCCTTTGGCATCATTC
AATGCGAGATCATAGCCCGCATCGAAGCGGACCCGGATATGATGCCGCGCACGGCGTCGTTTGGACTGGACTACCTGGCATTTGTAGAATTGTGT
CCGATGGACACTCCTCCTGTGTTTTTACGTCTGGCCTTCTACTGCTGTCTGTACGATGCCAAGAGCCGACCCACGTTCCACGATGCCACCAAAAA
GTTGACTTTGCTGCTGGAGAAATACGAGCACGAGTCGTCGGCCGGAGCAAGTCCACTCAGTTCCCTGGAGTTGATCAACTGCTCACCAGGAGGCA
GCGATTCGGAGAACGTAACGTTGACACCCCGAGCATCAGTACCCACGGTGGCCACTATTTGTACTGCTCCTGCTGGCACTTTAACACCGCGCCAT
CTACAGGAAGTGGACGAGGACGGCTTCCGATTTCCAAGTAAAAAGTCTGCTTCGGCTGCGCTTCCGGGCACGCCAAATGGATCTGCTGGAAGCAG
TGGCTTTGATGATCATATACTGAAGTCTAGAGTGCGACGGGCTACTCAGAAGTTGGAGGCCGAGATCTTGTTGCACCGGCGTTCGCTAAGCGAGA
ACATCATCCACTTCCCCATGCACACGTCGCCAAGTGACAAGGCGCGGTGTCATCAGATGCAGCGACAGCGCTCCTCAACACACTCACCAACGCCC
CCAAGGCAGCTTTCCTCGGTTCAGTTGCCCGCCACGTCTATTCCAGATCCCCCACCGCTTCCCAAGCCCGTTCCAGCGGTACTCACACTGCGCAA
AGTGGGCGATCCACAGTACAAGCCGACATCTGAAAAGGATCACAACGGCTCTAAACCCAATCCGTTTGAAGCGCTGGCGCAACTGCGTGGTGTCA
AGAAAATCCTGGACGCCAATCCGAAAACCTATGCAGCAGGGGTGGGAGATCTATTCAGCTCATGCTTCGAGATGCTAGCGCCGTTCTTCAAAGAA
CTGGCCGCAATGCAGAGCAAAGCGGGGGCTCAGGGCGGAGGAACGAGTACGGAGGAAACATCAACGGGTAACAAGGCTTCGGCAGCAACGCCCAG
TGAACCAAAGAGCCTGCCAGTGTCGCCGCATATGACGCGCAAATACAGCGCCATCGAGCTTCGACTTCCTCAGCGAATCAGCAATGCTGCTCCTC
CAGCAGTTACCAGTGCTCCACCACCATCAATAGCATTGCCAACCGATGAGGATGACTGCGATGATTGCAATTCGGAAGGTGAGGATCCCGATGGC
GGTGGCAACTGTGCAGATGCGGAATCAAGCAGCGATGACAGCGCCGTGCGTCCGTCCACTGTGCCAACCGCTCGAAAATACCGCGCGAATTCCTT
GTATGCGCATCCGCTTTTTCGCGGCTCCAATGGCACCAGCATGAAAAGTACCAGTACTGGTGAATTCGAGAGTCCAACTCTACTGAAGGCCAGCG
CATCTACAATCACGTTGACTGCGTCAGTGGGTGCGACCAATTCGTGTGAGGATCTGACTGAAAGCGCCAGAAAATCAAAAGAGCAAGCGAGTAGC
GGTGCAACAGCGGCGGTGCAGGCTTTGCCCACTCCCATGTCTGGCTGCTCCACCAGGTTGGTGGAAACCCCGGTGTCCGTTTCATCCTGCACTGA
TCTTGAGCTCGACGAACTGAAAAACACCTGCGATCTGAACGAATTGAAGAACTCGTGTGAGCAGCTTCCCTTGAAGACAAACCTAACGAGGCGGG
ACTCTATAGAAAGTGGCTTCTTCTCGTGCTTTAACGAAGAGTCCGATGCGGCGATAACCAACAACAGTTTCGGACGGCAGCTGAACGGGATTGGA
TCGTTGGGGTTTGGTTGCGGCGGCGGGGGCAACAGTAGCAACTGCTGCTATGAGAAATTGAAGACGCAGCTTATGCTCGATGCATGCGTCAGCGC
AGATAGTGAAATCAACGATAAACTGGCGAGTTTGTGTCGCTGCTGCTACTACGCCACCTCGACATCGAATGCCGCCGTAACTGCAGCCGCTGCTG
CGGCCCAGCAACAACAGCAGAGCCACTTGCTCAACGATACGTCCTCGACCTCATCGTCGGTGCTGCTGATCGACAATGATCCCGCTGTGATCGGT
GGAAATACCTCATCATCCACAGCGTTGGACTCGATGGATGACTTGGACGCGGACATTGTGGCATCGCGGCGCACACACCAGCGACGATACACTTG
CCACCATGCGTTGCTCAGCGGGAATGGCAGCGAATCCCAAATGGCGGCTACGGCGAGCCTGATCAATCGTCTGGCTTTAGACTCGGAGATACATA
CTCTGCTTCAGCGTAGTCCTTTTGCAACGAATCAACTATTGTACTGTAAGAACCGCACCTCGTCCATATACACGGATAGCTCCGATGATATAAGT
AGCTTGGCCGGCTCTGACTCCCTGCTCTGGGACGACCGCTCCTTCACGGCACTGCCCAGTACAAGATCCGCACAGATTGCCAAGATAGTGGAGTA
TTTTGAGCGAAAGCGACAGGACTCCTCGCCGCCTTCGGTGCACCATCGCAATGGGAACGGGACGGTAGCAGCTGCTGTGGCTGCCTCTGCCCTGG

Date Recu/Received date 2010-12-14 00:00:00 Page: 775

GTTCCAACTACCTTTCGTACGAGTCGCGTCGCTATTCGGACTTCAAGCGGCACCTGAACGCGGATGGCCTGTGCTTCGATCTGGACAAGAAGCCG
GCGCAGCAAAGGATGATGGTGTGCGAGGGTGCGGTCAAGTCGAAGCTTCCCATATTCGATAAAAAGAAGCAACAGCAAGGCGGCTAGCTGTGGTG
GGGACCTTGTGATGAAAACCCCGACCTGATTCATATTTAATAACTTATTTCTTCGATTCTTTGAGATTTTTATCCCCATACACGATTCCTTTATA
CCTGGCAGTACCACTTGATAAAAATACAAAAAATAATCGCAAATAATTTTGCCCACAAAAGTTGGTTAGTTTACGATGCCTAAAGGTTTAATTTG
TAAGTAAATAGTTATTTCCTTATTGTCAAGTGTATAGAGCGCAATTGTAAGTAAGCCAAAATGTTCTACTAAAAATTATGCACGCTCTTACAATA
AGAAACCCAATTTCGTTTGTATAAGTTGAAAAATTATATATAATTACCATTTATAAGCATATAGATAAACATAATCATACGTCGTACTGGTTCCT
AGTCCTTCAAATTTACTTCGCTACATACATTATGCTAAATAGCGAGTATTCAAAAACCAATCATGGAAAGTATTTATTCTTAATAATTATATCTG
TCGCTGGTAAACTCCTATGAAATGGCATAGCTGTTCTTTATGAATACATTTACATATAATTTTAAGTTTATCGCGCTATTTATTTGATTTTGTCT
AAACTCTGTATAAAAATATTATGTTTAAAATACAATACAACAAATATACACACATTTATACATAAAATGGCATATTGCAATGTATACATTTTACC
TGTAACGATTAATTACCGCGTAAGGTCCAATTTAAATAATTACATAGACTTACCGACTTGAGGTTTTAAGACTTAAAGCCCCCTTTCCCTCGAAA
ATTGTACAGATGATCCCGGATCGATTTGAGAAGCAAGAACACTTATCATTGGCCAATCCCGTTCGGCTTAAACACGACTTATGACTTTAGTTTTA
GATTCATACGTTACAAATATGTGGGTATCTGCATTACAAATAAATACATAAGTATACATT
(SEQ ID NO: 1436)

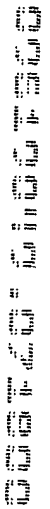
Start ATG: 1101 (Reverse strand: CAT)

MSLNQHSGPGPPSEICGLSVDQVDSSAASPFIWPSTAGMCTTATTVTTSTNGDATAEAPVKHQPLHNGGWIGNGLPPAPVTRTISSDRLVTGSSC
RALRTAVSALYSVDDFVKEKIGSGFFSEVYKVTHRTTGQVMVLKMNQLRANRPNMLREVQLLNKLSHANILSFMGVCVQEGQLHALTEYINGGSL
EQLLANKEVVLSATQKIRLALGIARGMSYVHDAGIFHRDLTSKNVLIRNLANDQYEAVVGDFGLAAKIPVKSRKSRLETVGSPYWVSPECLKGQW
YDQTSDVFSFGIIQCEIIARIEADPDMMPRTASFGLDYLAFVELCPMDTPPVFLRLAFYCCLYDAKSRPTFHDATKKLTLLLEKYEHESSAGASP
LSSLELINCSPGGSDSENVTLTPRASVPTVATICTAPAGTLTPRHLQEVDEDGFRFPSKKSASAALPGTPNGSAGSSGFDDHILKSRVRRATQKL
EAEILLHRRSLSENIIHFPMHTSPSDKARCHQMQRQRSSTHSPTPPRQLSSVQLPATSIPDPPPLPKPVPAVLTLRKVGDPQYKPTSEKDHNGSK
PNPFEALAQLRGVKKILDANPKTYAAGVGDLFSSCFEMLAPFFKELAAMQSKAGAQGGGTSTEETSTGNKASAATPSEPKSLPVSPHMTRKYSAI
ELRLPQRISNAAPPAVTSAPPPSIALPTDEDDCDDCNSEGEDPDGGGNCADAESSSDDSAVRPSTVPTARKYRANSLYAHPLFRGSNGTSMKSTS
TGEFESPTLLKASASTITLTASVGATNSCEDLTESARKSKEQASSGATAAVQALPTPMSGCSTRLVETPVSVSSCTDLELDELKNTCDLNELKNS
CEQLPLKTNLTRRDSIESGFFSCFNEESDAAITNNSFGRQLNGIGSLGFGCGGGGNSSNCCYEKLKTQLMLDACVSADSEINDKLASLCRCCYYA
TSTSNAAVTAAAAAAQQQQQSHLLNDTSSTSSSVLLIDNDPAVIGGNTSSSTALDSMDDLDADIVASRRTHQRRYTCHHALLSGNGSESQMAATA
SLINRLALDSEIHTLLQRSPFATNQLLYCKNRTSSIYTDSSDDISSLAGSDSLLWDDRSFTALPSTRSAQIAKIVEYFERKRQDSSPPSVHHRNG
NGTVAAAVAASALGSNYLSYESRRYSDFKRHLNADGLCFDLDKKPAQQRMMVCEGAVKSKLPIFDKKKQQQGG*
(SEQ ID NO: 1437)

Name: SERINE/THREONINE PROTEIN KINASE
Classification: protein_kinase
Gene Symbol: cdi
FlyBase ID: FBgn0004876

Celera Sequence No. : 142000013384325
ACAATTACTCAGCCGAACTGTTTCCCACCGTGGTGCGGAACTCGGCCATGGGATTGGGATCGATGTGTGCCCGTTTGTCGGGAGCCCTTACTCCG
CTCATTACATTGCTGGACTCATTTGATCCGAAGATACCGGCCGTGCTGTTCGGCGTGGTGGCCCTGATCTCGGGCTTCTGGGTTATGTTCCTGCC
GGAGACAATGAACCAGCCCATGCCCGAGTCCATTGAGGATGGAGAGAACTTCGGAAAGGGAGATACTTGGTTCAGTCAGTGTGCTGGTCGCAAAA
AGCGCCAGAATAGCGTATATCCCGACGATCCGGAGCAAATGGTGCCGCTCAAGAACATCGAGAGCAAGTAGAACCTAGCCAAAGACGATTGTTTC
CCAAGTCCAAAATCCAGCTTAAATTCCTTGTTACCCTGTGTTTTCTTGTTAAGAATTCTACTCTTCTGCCTAGTAGTAAGATTTAATAGTTTCTA
TTCATTCCAAGCGAATAAAACGATGTGCAGAATATGGGGAATCCTAATTTGTGGATTCACTCATTTCTGAGTGTCCCTTTGTTGTTTGTACGGAT
TTTTTCTTTTAATTTTTTCGGTGGTAAAATTTAGTTTAAAGGAAATTTAAATGCTTGACGAGCATTTTTACTGATTAGTGTTGTCTACTTTTAGG
CTCTATCAATTTAGGCGCAGATTCATAGCTTGAATTTCAATTTTCTCTACGGTAAAACCAGTACACACCAAAAAATTATTTCCCAACTATTTCCA
ATTAAAGTTTATTCTCCGACCGACACAGCCAATTCGGGTTCGTCTGGCCTTGCAAAGTTTCAGTAATTTCCACTCAATTGCACTATCGAATTGCC
AATTGCCGACAGGGATTTCCAATGTCAAATCCATAACCCATCGCTTCCCTTTGCTCCACATGATGTTTAACCCGCCAATTAAAGTTTGTTTAAAG
AGAGAGTTTTGGTTTTTCGGTTTTTGTTTCTTGTTTGGTAATTCTTCATTTTGTTTTGTTTGGTACATTTGAGAACATTCATTTCGAATTTGAAT
ATATTTTCAATTTAAATTTTAACTACACGTAGGCATATAGATTTATAAACGTATGTATGTGTATGCCGATATCTGATGCGATATCGTTACACGAT
TTCGCTGGCTTAGAATTACATTAACATTTACATAGATATAGTAGCTTTATATCTGGGATTTCGGATCGCGGTTCTCGGTAGCGCCTCTGTCAGCG
ATTTCCCGTCGAAGGTACACAGAGATATATGTAGATATTGTTAGCAGGTATTTGCGATGGCTTAACATCAATATTCTTACACATAGACACACTCA
AATCGCGAGATAAACACATCTAGATGCGGTTGTTAGCCAATGAACTTGTATCAGAAGCCAACTGGGGTAAATGCTACGCTTGAAGGAAGGGTGGG
AAAGTATGTCGGGTATGGGAGTTCGAGTGCCTATTAATACAAACATACGAACGTAGCTAAATATATGTATGTGTAAATTAATCACAATTGAATCG
GAAAATATTTACAAAAAATACTCAATCGAAGCCCCAACCATCCGCAGAGCATGAGTCCCAACCCGTTGTCCCGATCGTTTGGTTTTACAACTCAG
GTTTTCAGCTTTAGTTTCGTCACCACCTTATGATTATGCCCGTTCCGGGCACTTGGTCTGGACAATTGGCGCCTTCACCTGCAGTCCCGGCCCGG
TCTCCGCCAGCATGGCCGTGTGCACAATAATGGCCGGCTGGTCCTCGCTCTGAGGATGCAGCTCGTGCGACTCGCCGGGTGTGAGGCTAGCCAAC
GCGGCCAAAAGATCATGGTTGACCAGTGGCTCGCCTTCCTCGCGCGGCTCCCAGCCGGCTGGCGGCGAAGCGGGCGGGGAGATGAGGAACTGTTT
GACCGGCGCCGGTGGCTGCAGGTTCTTGTTGCTGACCGGTGTCACCGGCTGGGCAAAGTAGCAGGTGATAACCGTCTTCTTGTTAAACTCGTACT
GGTGCAGCTTGATTCGCGCATTTGCCGCCGCAATGGCATTGTCATAGTTAACACGCAGGCGACGGAAGCTGCGCAGCCACTGGAACGTAGCCGAT
TCGCTGAATGTGCGGAATAACTCCTCCATGGCGTGCTTCAGCTCTGGATTGGCAAACACCTCGGAGTGGATGTTGGTCACGATGATTGAGGTGGG
TAGGTCGTCGAACGAGTCTGCATCCACCTCCGGCTCTGTGTCGCTATCCACGTCTCCCTCCTTTGGGAGCGACGGATGCTGATTGGGCAGGCCGT
CGGCGGCGTTGATGAAAATGTCCTGGTCCGGCGACAGCTTGTCTATGCTGCCGCCTCCACTGCTGTTCTGTGTCGACTTCAGTTTGTTCTTGCTT
CTGCCGTTGGCGCTGTTGTTGTTGTTGTGATTGCCACGCGGAGTTGTCGGAGTGGCTGCATTGGCCGCGTCAGCTTCGCCAGTGGCGTCAGGAGT
GGTCGGATCAGGTGCATCGGCGGACGCATTGTTGTTGGACTTGGCCGCGTCGGACATGGCTGGCTGAAAAGGAAATGAAAGCTACTTTAAATAAT
GTTTACAATAAAACGTTTTTATCGAATATGGCGAATAGCAGCCAAGAAATATACTTCTGTTAACCATCCATTTATTATTTACGAAGCATAAACCC
TTTTTATGTTGTTAAACAACTAATTATTGGGGTCAAATAAATGAATTCCTCGTAAAGTTCATTTAAAAGCTTGTTTTTAATGGCAAATGTATGTG
GGAAGTGGCCGCTGTTCAAGGATTTATTTTTGTGATAGCCATTAATGCTATATTTATGTTATACGGCCTTTAATTATAGCCCAACGAGCACGGAC
TTTACAGTAATTGGATTCAACAAGTCAGTGACATTCTCCATAAATAGAACTGTCAGCTAGTTAACCTTCACCTCCAAAACATTTTTAAAAAATTG
GTAAACAGCACTCGCAAATTAATTCCGCACAAGCGACGAGGGGGTTGGATAAACACCTCAGCACAACGACAGGATAGGGTTTTTGTTTGCGTAAT
ATATTTGTAACAAATTTCGAGCGCCACGCTACGTCAAAAGAATTGCTACCGCTTTTCACGGAACTGGCAGCCCTTCAAAGCAAACCAATTACGGT

Date Recue/Received Date 2006-06-30



ACCAAAAACTACAGACGTGTCTAAGTTTGGGAAGGAGCGGGGGACCACAAGGAAGTGGGTCTCCGGCAGGCGAGGACCTTAAGTAGCGACACGTG
AAGCTAATCAATAGGTCTATCAAAGGGGTTGGAGTTAAAATAGGGATCTCCGATGGTGACGCACTGTTGATTCACAACTGCTCTTGATTTTATTG
TTATGCCTGCTAGCCACAAACTTTTGGCGAAGGGAAAGCGCCAGACGGTTGATTAATAGTAGCGAAATTTTTATGAATGAATGAATTAGTGAGGA
ATTGGCGTCAGAATAAAAATGGTGACGTGTGTCTGCTTCTGCTTCGCACCTGTGACCGCCATGAAACCCATTCCCAACGAATCCAAGGGAACCCT
TGGTGGGTTTCATTATAATAACTGCCAGTCGTAGTTCTGGATGGGTGCCCATTTGTATGCTATAAAAATAGCATTCTTCTTAGTGTTTTATTGTG
GCCCATGAATCAGCAATATGCAGTGAGTTAATTATACGCTGTTTACCCGGACAGGGAGTTATTTCAGACAAATGCAAATGGGTTTTTGTGCTAGC
TTGGGCTAACAAAATTGGCTTAGTTTTTGGGTGCGAAATGTGCGAAGTTTTTATGAGTTTCCATGCAAGGATTCGGCCCAGCAGCTGAAAATGTT
TGCTTTGTATTTCTTAATTAATAATTTTTGGCATAAATTAAATTTCCAAGAACTTTTAATGAATTTTAATTGGGATTTGGATTTTATGGTTTCCA
TAACTCAATTGATTTTATGCCGGCAACTATATTATAATTTTGTTTTTGTTATTTCTTAAAAAATGACTGTTAATAGACTAAGTTTTACGTGCTAA
TGCGATTATATATATTTTTAAAGGAAGGCAAATGGAGCGTTGAAGGATAACTAAAATAGCTTAAGGGTTATTCTTGGCTATCAAATAAAGTAAGA
AATTCCAATTACTACCTTATCTATGAAATATGTTTTCTTGGAACTAAGCCATTCTTCGTGTGAAGTAAATTGCTTTTTAAAGCGATTAAATTGTA
ATACCATCTTTGTGTTAAGCTTATACTTATGATTTTCGGAAAATAAATAATCACTTGAAGGAATGACAAGGCCAAGGACTGGGGTTTTAAAGCTC
ACCAGACGCGACGCAAGAACCTCTTTGGCTACTGAATTCCCAAAGCTTATGCTTTGTTAGTACTTTCACTTTTCTTTTATGGCTATTTTATTTTT
TGTTGACTTTCACCTCAACGCAGGTCAGCAGAGCAACAACAGTAAGCGCCGTAGCTAACAATAAAAACAAAGGCCAAAAAAGAACCCAACGACGA
GTTGATCTATTTCCGTATGATTGATTTCCTTGAAAGGACACACCCACGCAATTGCGACTTTTGCTTCCAGCGGCAGTTGGAGATGCTACTGTTGT
TCATGACGTGTGTACTTTGTTTGCCGTAGAGCTTGATCCCTATCTCAGGAGCAGCATGGGAATGAGGACGCGTGTAAGTGCAAGTCAGCATGAAC
GAGCTGCTGGCATGCAAATCGCATGGGCCGCGTGTGACGTCACCGTTCCTGCACGCAATCCATAAAAAAAAAAACGAAGAAAGCGGGCCGATAGCG
CACTTTAAACTAGACAAAAGTAGCTCTCAGCCCCGCCCACTTTTGAAAGCGGTGCCGTGGTTTCGACATGATGATGAATTGCCTGCCGGTCGTTA
GCCAACGACCTTCACTCATTCATAATTGCTGTCATCATTATATCAAGTGGTTGCTGCCCCCCACCATAGGACTCCTGCTCTCTATCCAACCATCC
ATATCCATGTAATCATTTGCCAATCCATCCATCCTTTTGCTCATCCCGCCATGTCAGGCTTTGCAGATTTTTAGCCATAAGTAGCCCGCATGTAA
GCCACCTCAAAGACACGCAAAAGCTCTCTAAATCATTTGAGACGGCTTCAGTGGGCCACTCAAAAAAAAAATCAGCAACAAAGGGATATAAACAAA
TTCATGTAACATTTTAAGCTGAACACTAATACAATGCGTTGCCTTTTATTACTTTAATAATATTGATCAGAAGCTCTAGGACATCCTTAAATGTT
TAAGTTGCCATTTAATTGAAGCTCACGTCCCTCACTTAAAATTGATCGGATGTGTTCGTGGGAATACGAGTGTGAGTGAATTGTGGCCTTATTTA
CATTATCGTCCCGATTTCGTGACAAAAGGAAAATCCCACGAGTGCGCTTTCCACTCTCCATTACAGCTGCTGCTATTGCATTTGCCGCTGCTGCT
ACTGCTGCAGTTGCAATTTCAGTTTACCCTATTTGAATGCAAATGCAAATAACGCTGGGGGAAGATTAATTTGATTTTCTGCTGAAATTTTAAAC
TTTCTCCTGGCAGATACCACGCGTCTGAGCCAGATATTTGCGATTGATGTAAACCGCCTGGAATTTAATTAAATTGTTCCTGGCCTTTATAGAGA
GCTCAAAGCGGCGCTCTGTTATTACAGCTCCTTGCGGTTGCCGATGGAGGTTTTGCTGCTCATATTTGTGCCTGCAAGTGTCGGCTTCGTTTGCC
ACATGTCACATGTTGCTGCAACCGGAATCCTTTCAAGGCAACTGCAAAAGCAAAAGGTCAGGCGGTCAGGTACTGCTACAGTTCGGTCACTGCTC
GTTGGGCTTGCTCGAAGCAAGCATTACATCAGGAGTTCTGTGGCAGGACGACACGCGAATCGTGTGCGAAACTTAAGATATTTTGCTGAAAGCTT
CGTCAACTAAATTAATTGAATCCTAATTAGTTTGGAACTTCCCTTTGTTCACTGTTCAATCTGGGCTGGATTGCTTCTGCTGTAGGCTTAGAAAT
TTCCCACACACGATGCTCATTGTTGGAAATTTAAATACTCGTATCTGTGGGCTGCACCTGAAAGTATGCTATTCTTCCCACACACATGGAGATTC
TCTGTAATTTAGCTCCACTAAACCAAACCAGCTTTGCTTTCACGGCTGCTGTGGCTGGATAATTACTACCAAAGGTGAAACGTTCACCGAAAACT
CGCCCAGCATCATGAGCGGTTTTGCGTGGGAGCGGCATAGCCTTGGTGAGTGCGTGGTTGTGGCTGGAACGGAACAAATCCTGCTGATTGGCAGG
ACATTGATTGGCCGCATGAGCCATGTGTGGAAAATGCAAAATGCTTAAAAGCTTAGCTTTGGACTGCAGATCAGCGAGATTTGTATTTGATTTCT
ATATACACTGCGAAGATATTATTTATTCTATCACTAGAAAAATCACAATGAAACAAGAACGCTAGAGTATTTTAAGTAAACAGTTAAGTAAAAAG
TTAAATATTTAAGATTTATACCCAGCAGAATAAAGCAGACTACAATAAATTTATAGGAAATCGAATTACCAGGAAAGTTTAATTCCAGTAAACTG
ACCAATGCAAATTGTAATTATCCCAAATTATGCAATATTTTAAAAATCAATTTTTTTTTATTTTAGCACGTAACTAATATGCTTACTAATTCTAC
GGGGAACTGTGTGGGTTTGCTTTGTGGAAACATTAAACGTAATCCCTTTATCCAGTGGATAGTTGTTCACCACCCGTCAACCGGTCACAAGATAA
CAACTATATAGCTTTGTTAATGCCGATACCTTTGTAGGCTGCGCACAGCATCCGAGGGAAAATCACGGAATTTGCTGAATTTACCTTTGGCTTGC
ATGACAATATCAGGTTTTCGTAATTACCCGACACTTCCAGGCATGAACTGTTAATTAAATCATTTACACACCGATGAATCGCACCGCAATTGGAT
TGTTAACACATTTGTACCAAGTGAATGTATGAAAAATGGTTTCTCTTTTTGGGGTCAGAAAATTCCTGGCATTTCGATTGACCTTCGACGAAATT
GTAAATTCTAATGCGGCCCCCATACACATACCATAACAGCTCATCCATCCCCGCCCACTACTTTTACAAATTGGATTGTTATCACTCAAAGTCCT
TGGGCGATTCCGAGGAGTTTTCACTTGCCTCAGACTCAAACTGATTCGACCAGCCCCTTTGTTGTCGACTGTCACTCGCAACTGTGCGGCTCCAA
GTGCAAATGTATCTGTGTATCTGTAGGTTTCTGTGTGCGCCCGTCTTGTCAGCGCTTTGACATGAAAATAGTTTGGGCCAACTTGGCTATGCAAA
AGCGATTTCTATTAGGAGCCGCCATCGCCGACATGTGCTGCCGAAATTCGGTGATTTGGGTAGGATGAAGAGATTACCAAAAGTTTACAGTGGTT
CTTGCTTCCAAGCAAGGAAGGAATTAAAATCCTGTTCAGCAAATATTCCAATAAATCGCTTTTAAGCAAGTGTTATCAGCAGTTCAATGTTGAGT
TCAACCGGTTGAAACCCGCTGGTTATCGTAAATCATGGCCACGGTAGTTCCCTCGATTCGCTTCTTATCGCGACGACAGTCCCCACTGACGCACC
AAATGGACGTATTTAGACTCCATAGATAACATTTGGCTATTGTTACTATGGTTAATTGAGACATTTACAACTCAAGTATACCTCAAGTCAAGCAG
AACATACGTATGCGCGCATATACAGTCGAATGGAATCGACGTCGCTGCCAATCAGGCCGATGTGTTAAGTGAGTTAGGGGCACTTTTGCTTTTGG
GACGTGACGTCAGTGCAAACTGCAGCTAGATCCAGTCAAGCCAATTGACGAAAGAGCCGACGGCAGCGGTCTGTACGTATTCAATTCATCAATTG
GCAAAACCCTGGCAAAAAGGCAAGAAGATGGAAAACAAAACAAAAGCGAACGCAAACAGAAATAGCATAAAATGGACAACAGACGCGACAACACA
GGCACCAATCGTAGGGGCAAAAATTATGAGTTGCTTTTATTTTAAAATCGTTTCATTTATTTTGCGTCAGCAGCGCCTCTCAATGAGGAAACGCT
GCGTATACATAATTTTCTGGCCACATATACGCACTCCCATATCTTTCTCCCATCGATTCAGTGGTCGTTCGCAATCAAAGGCACAGACGAGTGAT
CTTTCCTTGGCCTTTTGCAGTCTCTTAAAGACGGGTTGTTTTCGAGTGTTTTTTGCAGCAGAATGGTAATCAGAATGCTCTCGGCAATTCTTTAT
TGAACGACCGTTCAATAAATTTCACAAAAGGAAATGTTATCAGCGGGTATTCTTAAAATAACTCAATCTTTAACAACTTATATTTGGAATCAATC
ACATCAACCCGTAATCAGATAACTGATAACATTTTAGAGGAAATAGTTTGTACCGGCACATTAACAAGTTAATGGTTTTGTTATTCGCCTTATCG
TGAAATACTGTAAATAAATTTTTTAATTGCTTTTCGAAAGTAGTTGTTTACAACTTAATTTATCAGAGTGTTTTTGTTCTCCGCTCAGAATTAAT
CACGAAGTGGGGTGGTAATCCAGATTAACATAAGAAAAAAACAATTTTAAAATATAATATTAAGTCGCCATTATGCATGAGTAACAACTAACAAA
TTGCTATAAATAATAGGAGATAATCTTGAATACTGCTAGAAAGTGTAATACAATGTAAGGCAATTAAATGTGCAATAAAATCAATGTTATTATCA
GCATGATTGTATATGTCGGAGCGCGACTCTTCGCATTCCAGAAATTCCTTCTGTGATTTCATATTCTGATGAAATTGTAATATTGCGGTAAAATT
CTGTCGAGCGCTGCGGCAGAGGCACGAACAGCCTCTGCAGCTGAGTGAGGTCCGATCGAGTGGTCATAAATAGTGTGTTAGAGAGAGATGACAAT
GTGGCACACGCCAGTGTGTATAGCCATTAGAGAATATGATGAAGAAGGGACATGTAAGAAGATCCCTTCAGTGAAGTTTGACTGCTGACGTCGAT
CGGAACTTGCTGCGCTGACGTACAAAATCGCGAAGTGAATAAATAATATGGATGAGACTCCTGTTTCGCCGACATATACAATAGTGCTCAAGACC
CTAATGGAATTATACGTTAATAACCAGCCACATTTCTTAGATATTTCTAATATGAGCCATCTGCTGCAGGTTCTTTCCAATATCTAATTCTAGAT
CTTCTTCGAATACGACCTTTTTGGCCATGAAACGATTTGCCACTTCATTCACAAGCATTAATTTGTCATGATTCTCTTAAGCGTGCACTTTA
TCTGAAAGTCTGAACAGCTGGCTGCGAAATGGATTCCCCGGATTGGAAATGGCAAGTAAATCTGTCCTCGCTACAAACAAGTGGGCACCACTGGG
CATTCGGGGAATAGGGATATGGGTAGGAATGGGGATATATTGTGGCATTGGCGAAAGGTCGCTATGCAAAGCCAAGGTCGAGACTTACACCCAGG
ACATTGTGTTGTGCGGCTGGCAGTAGAAACGCCCACGCACACGCCCCTGTCAACTGGCCGGGTAAAAAATAGAATCAAATACATATGTATACAGA
ACAGGAGTTGAAGCAAAGCTCGCATTTTATTTGCATTTGTGAATTTATTGCTTTCGGTTACGTCTGCTTCGCCTTGCCACTTTTCCAAACTCGTT
GTGCTGCTGCTTGGGGAATTTTCGGAAATTCGAAGTGATTGGGTTTGGAGCAGTAGCCAAGGGCTTCTACTGTTGCTCAAAGCAATTAATATTTG
AGAAAAAATAACGAAAACGAAGTAAGGCGGCAGCAACAAAGCGACCGCAACAGTGGCAACAAATCGCCCCACACCGCACGTCTTCAGTTTACAAC

CAAGGACTTGGCACGTTTAAAATTCAGCCAGCAGCCGCAGCAACGAACACGGACAGTGGGCGGAATTTAATTTCGAAAAACATATTACTTTATTG
TTCACATCTTTACCCACCTTCCGATTCGAGTACATACGATTCCACTGAAGCCACTGAAGACTTACTTCACTTAAAGTACATTTTCTTCAACTTCG
TGGGGTCTTTCTAGAACTTAAGACTTATTCTAACTTAAAAAGACTATAAAGTTTTTAAACATTCCGTTGTTTTGTCAAATTTGAATAATTTACGA
ATGTGAATTTGTCGCAGAAGTATTGCTGAGTATTATCTTTATAAATTTTTCATTTTTTAAAGTGACTAAAGAAACAGCTTTAATGCGTCTTACTT
CATATTGGTCATCCCGACCACAGTGCACTGGTTACCAAAGTATGCGATAACAATAACATCGTCCACTATGTGGTCGTTGCTGGGGTTACGGGCAG
TCAGTCACGGTCACGGCTGCAACCCCTCCGCTCCGGCCAAAACGAGTCCACAGAACAATGGCCAAGGACGAAGGGGGGGGAGGGGGGATTCAATA
ACAACAGCAGGAACAACAAACATTCTGCTCCCACGCAAGAGCAGCAGGAACTGTGGCAAAAACAGCTGCTGCAGGATCAACGAGGTGGGAGTGGA
TTCGAGGACTTTAAAACACGAGCCAACTAAAAATATTCAGACACGCCGAAGCGAAAATACCCTTTAGCAGGGGGTTAATTCAAGTGGGGTATTTT
CCCCTTCTAGTGTTTTTCTTTTACCAGGGTAATCACAGATTCTGTTTCTGTGCACTTAAACGGGGTTTATTCCGTTTCTAAAAATATCAAATGTC
TGGATTGACTTATTTCTTGGTATTTGACTAAAAATAAAAACAAATATGCAGCTTTTGGGAAACTGATTCCTTGTTGACACAATAGAAACCACCAT
ATGACCACACCTTCCACGCTACTGCAATAACTAGAACATTTAGAACAACAAACAGAATGGCACTATTATCGGCAAATGATGGCGCATGCATAAAA
ATGAGGAGATCGAAAGTGGGTGGCTGGGGATGGGATAACCTTGTACTTCTTGAGATAAAAACAGTTCAGTATTTAGCAGCGGCTTATTCCTGAAT
GTTTATAAACAAATCGAGCGAGAGAGCGATGCATAAATGAAATATGAGGGGGGGTGAAGGGTGGTTGCAAAGAGGGTGACTTTTCGCAGACGCTG
CGGCACCAACACAAGCAAAGCAACGGCAACAATTTGCACGTAAAACTCAGCTGCTGCTGCTGCTGTTGCCGTTACATAAGAAACTCTTGCAA
AAAGTGCAAATCTCAATTCGGTATGCAAATGGACCGCTGCCACAATGTACTCACCGTTTTTAGAAACTATTCAGTGGCCAAATTGCGATTCTGCT
TTTATGCGCCAATAACAAACGGCTCTTCTCCACCGTTGTTGTTGCTCTCCTCCTTGTTGTTGTGGTCGCAGCTACTGCTTAGCGAAGCAGTTGTT
ATTGTTGTTGCGGCAACAGTAATTTGCAAGTGCACCGCTATTGTTGAATGTTTTTAGACGATTGTCATGCCAGTGGAAGCTTCCAGTCTGCGTCA
TTCGCGGAGACGCGTAGTTTCACGTTCGACGACACAACCGCTCACAGCGAATTTTGTTTTCGGACTAGAGCTGAGAAACGGCGAATTTTGGTGCT
TCTGGAAACATCGATTAAACTAAAACCCGATAAGTATGCGACAAGCGGTCACACTCGGCGATGTGCGATAGGATTGCTGCATTCGATTATATAGT
TATCGAAAAGAGCAAAGAGAAGCCGGAATATACGGCATTAAAAGTGCATTTTGTATTAAAATTAAGAAAATTAGTAACGATATACCGCAGAATAG
GGAGACATGGCCAACGTGGAATCTATGATTGTGGAGGAAAAGACGCAGGTCAAGCAGATTGACCGCGAGAAGGTTTGTTTGTGACCCCGGTCATG
TTTACTTCGCGTTTGCTCTAGATGTGTTAATAAGTTTATGTATTTTCCAGACCTGTCCTATGCTGCTCCGTGTCTTCTGCTCTACGGGACGACAC
CACTCCGTGTCGGAGTATATGTTCGGCAACGTGCCCACCAACGAGCTTCAGATTTACACCTGGCAAGACGCCACCCTGCACGAACTGACCTCTCT
GGTGCGAGACGTCAATCCGGACACCCGGAAGAAGGGCACCTACTTTGACTTTGCTGTCGTGTACCCCAACTTCCGGAGTAATCACTTCCAGATGC
GCGAAATCGGAGTGACCTGCACGGGTCAAAAAGGAATCGATGATAATAAGACACTTGCTCAGGCCAAATTCAGCATTGGAGACTTTCTGGACATC
TCGATTACTCCGCCCAACCGACTGCCGCCAACCGCCAGGCGCCAGCGTCCGTACTGATTCTTCACTTTCATCTATTCTAATCATTTTAATCTTTC
ACTTGACACTCAATGGAGTATGAACATAATTATAAGTGGAATACAAGTAAGACGAACTACGAGCTGCTTGACTTAAGGGACTATATGTTGTGGGG
AGTATCAGTTCCTGTAAAAGCCGTTCGGGCGCTTCGACTTCTTCTTGCCCAACTGCGTCATGTCGATCTCCAGACCATTGGGCAGCACGGCGCGA
TTCTCTTCGT
(SEQ ID NO: 1438)

Exon: 11550..11265
Exon: 2534..1001
Start ATG: 2527 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT19005
AAAATTCGCTGTGAGCGGTTGTGTCGTCGAACGTGAAACTACGCGTCTCCGCGAATGACGCAGACTGGAAGCTTCCACTGGCATGACAATCGTCT
AAAAACATTCAACAATAGCGGTGCACTTGCAAATTACTGTTGCCGCAACAACAATAACAACTGCTTCGCTAAGCAGTAGCTGCGACCACAACAAC
AAGGAGGAGAGCAACAACAACGGTGGAGAAGAGCCGTTTGTTATTGGCGCATAAAAGCAGAATCGCAATTTGGCCACTGAATAGTTTCTAAAAAC
GGCCAGCCATGTCCGACGCGGCCAAGTCCAACAACAATGCGTCCGCCGATGCACCTGATCCGACCACTCCTGACGCCACTGGCGAAGCTGACGCG
GCCAATGCAGCCACTCCGACAACTCCGCGTGGCAATCACAACAACAACAACAGCGCCAACGGCAGAAGCAAGAACAAACTGAAGTCGACACAGAA
CAGCAGTGGAGGCGGCAGCATAGACAAGCTGTCGCCGGACCAGGACATTTTCATCAACGCCGCCGACGGCCTGCCCAATCAGCATCCGTCGCTCC
CAAAGGAGGGAGACGTGGATAGCGACACAGAGCCGGAGGTGGATGCAGACTCGTTCGACGACCTACCCACCTCAATCATCGTGACCAACATCCAC
TCCGAGGTGTTTGCCAATCCAGAGCTGAAGCACGCCATGGAGGAGTTATTCCGCACATTCAGCGAATCGGCTACGTTCCAGTGGCTGCGCAGCTT
CCGTCGCCTGCGTGTTAACTATGACAATGCCATTGCGGCGGCAAATGCGCGAATCAAGCTGCACCAGTACGAGTTTAACAAGAAGACGGTTATCA
CCTGCTACTTTGCCCAGCCGGTGACACCGGTCAGCAACAAGAACCTGCAGCCACCGGCGCCGGTCAAACAGTTCCTCATCTCCCCGCCCGCTTCG
CCGCCAGCCGGCTGGGAGCCGCGCGAGGAAGGCGAGCCACTGGTCAACCATGATCTTTTGGCCGCGTTGGCTAGCCTCACACCCGGCGAGTCGCA
CGAGCTGCATCCTCAGAGCGAGGACCAGCCGGCCATTATTGTGCACACGGCCATGCTGGCGGAGACCGGGCCGGGACTGCAGGTGAAGGCGCCAA
TTGTCCAGACCAAGTGCCCGGAACGGGCATAATCATAAGGTGGTGACGAAACTAAAGCTGAAAACCTGAGTTGTAAAACCAAACGATCGGGACAA
CGGGTTGGGACTCATGCTCTGCGGATGGTTGGGGCTTCGATTGAGTATTTTTTGTAAATATTTTCCGATTCAATTGTGATTAATTTACACATACA
TATATTTAGCTACGTTCGTATGTTTGTATTAATAGGCACTCGAACTCCCATACCCGACATACTTTCCCACCCTTCCTTCAAGCGTAGCATTTACC
CCAGTTGGCTTCTGATACAAGTTCATTGGCTAACAACCGCATCTAGATGTGTTTATCTCGCGATTTGAGTGTGTCTATGTGTAAGAATATTGATG
TTAAGCCATCGCAAATACCTGCTAACAATATCTACATATATCTCTGTGTACCTTCGACGGGAAATCGCTGACAGAGGCGCTACCGAGAACCGCGA
TCCGAAATCCCAGATATAAAGCTACTATATCTATGTAAATGTTAATGTAATTCTAAGCCAGCGAAATCGTGTAACGATATCGCATCAGATATCGG
CATACACATACATACGTTTATAAATCTATATGCCTACGTGTAGTTAAAATTTAAATTGAAAATATATTCAAATTCGAAATGAATGTTCTCAAATG
TACCAAACAAAACAA
(SEQ ID NO: 1439)

Start ATG: 294 (Reverse strand: CAT)

MSDAAKSNNNASADAPDPTTPDATGEADAANAATPTTPRGNHNNNNSANGRSKNKLKSTQNSSGGGSIDKLSPDQDIFINAADGLPNQHPSLPKE
GDVDSDTEPEVDADSFDDLPTSIIVTNIHSEVFANPELKHAMEELFRTFSESATFQWLRSFRRLRVNYDNAIAAANARIKLHQYEFNKKTVITCY
FAQPVTPVSNKNLQPPAPVKQFLISPPASPPAGWEPREEGEPLVNHDLLAALASLTPGESHELHPQSEDQPAIIVHTAMLAETGPGLQVKAPIVQ
TKCPERA*
(SEQ ID NO: 1440)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: nla
FlyBase ID: FBgn0026629

Celera Sequence No. : 142000013384485
GATAGCCATTCCACCAAGGCGACGACATCTGAAGGACCATCGAGTGGGGACCGCGAGTCCCAGCTTAAGCATTGCTTGGACAATTTTAATTTGAA
GCTTTTAACAGGAATTTATTCTACATTTGCCAGTTTAATATTCGTATACTTAAGTGTATAAAAATATATGTGTAATGTGTGTTTAAACAGTGCGT
TTCGCCGATGTAAGACAGTTGTGGAAAAGGCAGTTCGTTTTCTAAATCCAAAGGCATTCAAAACGAAGCAGATTGCAATAGTTCTATGGCCTGGA
AACAACAAAATATTAATAATAATAAGACCAAACAATTTGTGTAAGCCATAAAAATAAGAGATTTACAAATTCTTGAGAATACAAATGTATTTGTA
ACAGAACGAAATTTAAGCTCATAACATTTAAGGTCCAATTATCACATACTTTTTGTTTCAAATAAAAATGTTTCAAATATTTCGACAAATACAGG
GAACTTAAGGTCACAACTATCTTTCAGTGCTGAATCGCTTGTTTAATTCGTTGAGGCATTTTTCATTATGATTTGAAACCAAGTGCGCAAAACAA
ATTGTAAGTAGGAATGGCTCAAATATGTCAAAAAAGTAAAATTAGTGACTAACATAACTTAGGACTAGGTGACATTCGTTTCCGAGTTTCGATGC
TGTTGCATTAGGAATAATTTTGAACACGTGGAATTTACGTTTATGATGAGAAGGCATACATATACAGAATTCAGCATCTTCGCCTAAAACTCATC
TGGATATGTGGTCTCATGGGATTCGTTGCTTTCTTCGTGCTATCGGTTGAGCATATTCGTCAGATTTGTGTGAAGGTAACGCGTTTCTAAGGTCA
CTAAGGTGCTAAACATGCCGAGTTCATGTCCATCCAGCGGGGGAATGCATCGGGGTTTCGTCCTGGCCTTCTATTCGAGTCTTTCATTGCAGGTT
TCTAGTGAAATACTATGCAGTCTTTGCCTGTCCCATTGTGATAGCCGATCCTACAACTGTGCCGCGAGTCCGGAGGCAGAGATGTTGTCGCCAGC
CCCAGCCGTTTTTCTGGCTTCGCGACACACCAGCACCGGGGCCACACAGATTTCCACCTCTAGCCGTTGCCGGTGACGACCGTACTGGATATACT
CCCGCCAACAGGGCACGGGACTGGCTGCACCAATGCGCATTCGCGGCGCATCCGCCTGAGCCGAGGTGGCGAAACTGTCATCTAGAACCTGCAGC
ACTGCCTCCGGGTTAATCTGCGGATGAAAGAATTATCAGTTCAAAACTAAAACATACTACACATAAATGCGTACTCACAAATTGGGATTTGCAGA
CGTATCGGTGAGCAGTGAGCGCTGCCTTTGCAGCGGCAGCACGTGTGTTTTTCCACTTGGAGCCCGCTGTGGTAAGGATCGCCTGATAGGCCAAC
GTGTGCACATGTATGCGCGAGATAGAGCGACGCTTGGCATCGCTTGAGCTTCGGTCTTCGTAATCTTCAAGGAGACTAATGAAAACCTGCCGCAT
CTGGTCAAGGGTGTGAGCTATGCGCGGATTCCAGTCGGTGGCTAAGGTCGTCCGTCCGTGAGCAAGAACCTGCTGCAGGTTAGAGAGCTCTTGTT
CGTTCATTCCCAGGGAGTCTACGTAGGGCAGTACAAAGTGTCGAAGCTGTTGAAGCAGCTGCAACTCCACGTAAGAAGCCATCTCGAAGTGGTTC
AGAGTGCCCTGCGGCTGGCTGGTTAGTTGCCTTTGTACTTGCTGCAGGCGCGCCTCTCGCTCACCAGACTTAAAGGTGAACATGTCCATCATTTG
CAGCCCGCTGACAACCAACAGCTGTGGCTGATACATCTTCAAAGCATCCGTCAACTGCTCCACGGCCCGCAGATGCGGATTATTTCGATCGTTGT
GCAGAATGTAGCGATTGGCGCGAGGTGCCACATATGGGCCCCATTTGTCACCAGCCTTGTACTCCAGAATAAGATGGATGTCATCGTTTGGAATC
TCGTCACCAGCCAGACGAATCTCCTTTGGCAGCAGTGGCCGCAGCCTGAAGAAGTTTTTACATTAAGTTCCATGAAATAATTTGTTATTCAGATA
GGTAATTACTTTCTAGACATGTGGGCGCCCAGTAGCACTTGAGCTCCCTCCATAAAAAAGCGCACGGCCATCAGTGGGGCGTTACCACCCATGTA
CCAATTGATCCTCTCCTTGTCCATCACCTTGGCGTAGCCCACCAGCTGTGTGAAGAGGGTACTGTTTGCCATCACTCGCCTGAAAAGTGGACCAG
TATGAAATACTTTGTTAGTAACTTGCATAGCCAATAAAATATTGGATATCCAAGATCCTTCCATGCAACTTACTCCGCTGCAGCGCCGTTCTGAA
AGTAATAGGCAAAGGACTGCAAGAGCTCGTCCTCGTTGTTCACGACCGCCCGAGATCCTGTAGTGGCTGCTGCGACTGGAATCCGGCGCCCATAG
TAGCGATCCAGAAATTCAGTGGCGTTTATCTGCAAGTCCGTGCAGGCTCCGTAGCCGATGGCCACCTTGGGTGCCGGTTCCAACGCGGTCCGCTT
CAGGGATCTGAAATACAAATGCATATATAGCTAGTGCTGCAGTGTAGCCGAATGAACTCACCCCTCGATTGCCAGGAGACCGGTGAGCAGGACAG
TCGTCCTGTTAAGCGTCTGCAGGGCGATGAATGCCTGCCAAATTATGGAAACAAAGGCCGTTAGGACGGAACAGCCGGTGATCCATCCCATGTAT
CGCAGGGCGGTCATTGTGGGCGTGGATTGTTGTGTGATTGGTTCGCCTCAGTTTGGGCTTTCCAAACTATTTTGTATGTGACAATCCGCCTTCCG
GCTACGCCAACTTTCTTATCAGAATTATCGCTCTTTTTCCTTTGAGATGCTTCAAAGCTAGCGATGACACTATCTGCAGTTCTTGGACTACAGCG
ATAGTCCAACCAACAGTTACATTTGAATGCTATACTGCTATACTATATTTGAATATATTAAAATAAATTTAAATTGAAATGTGCACTTATAAGAG
CGCCCTCTCAATGTGTTAATTTGTTCAATGCATAGAACAGCTTACATTGTGTTTAAACATCTTTTTTTGAGCATATTTTTTCGCTAACATATTGG
GAATATGTATGTTTATTTGATCCTCGTAGTTTATATTTTAATTTTTTAAGCAAACAAATAAAATTGCAATTGCTTATCGATGACAACAATGGTTT
GAGCCACAGCTACTCGAAGCTGGACAGTTCAGTATTGAGCAACTGTAGTTTCGATAAACGATATGTTCCGAAATAACGCCTTCTGCTATCGAAGA
CAGTCTTGCGTCTGTAAAGTGATAAAATAATTTTACAATTGAGTCGCCTTGGGAATTTCAGTCACTCTCCACACACCAAATACATAGCTCGTGTA
ACAGCCTGATTTAGTCGAACAGCACATCATTTGCCGGAATCGTTAGCGAATAGCAGCACTCTCCGCTAAGTCGGCACGCTAATTGGCAAAACCGA
TTCGATTCCAGGGAAGGAGACACACTGATAGACGGGTGAAGAACAAAAGGAGAAGGAAAACAACAGTTAATCGTCAAATTTTACAGGCAAAAGGT
GAGCAACTACGCCTTGCACACAAACAACCGCATCGACGAGCAAACGCACGCACACACAAGCCTTATCGCCTGCGTAGTGGTTGGTGTATATAAAA
AATTAAAACAATATTTGCACATCCGATTATTACTATAATATTTCGCGTCCACATATATTAGCAAGTGTGCGTGCGCCTGCCCTGGATTTACGTGC
CAGTGTTTGTGCGAGCCTAGCGCGTTTGTGTCTGTGTGTGTGTGTAATGAAATGCAATTTTCTCTTGGCATTTTGCGCGCCTCCGATTTTCGCTG
CCCCTCTGCAAT
(SEQ ID NO: 1441)

Exon: 2907..2627
Exon: 2572..2354
Exon: 2264..2100
Exon: 2040..1314
Exon: 1252..1001
Start ATG: 2769 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT20604
CTTTGAAGCATCTCAAAGGAAAAAGAGCGATAATTCTGATAAGAAAGTTGGCGTAGCCGGAAGGCGGATTGTCACATACAAAATAGTTTGGAAAG
CCCAAACTGAGGCGAACCAATCACACAACAATCCACGCCCACAATGACCGCCCTGCGATACATGGGATGGATCACCGGCTGTTCCGTCCTAACGG
CCTTTGTTTCCATAATTTGGCAGGCATTCATCGCCCTGCAGACGCTTAACAGGACGACTGTCCTGCTCACCGGTCTCCTGGCAATCGAGGGATCC
CTGAAGCGGACCGCGTTGGAACCGGCACCCAAGGTGGCCATCGGCTACGGAGCCTGCACGGACTTGCAGATAAACGCCACTGAATTTCTGGATCG
CTACTATGGGCGCCGGATTCCAGTCGCAGCAGCCACTACAGGATCTCGGGCGGTCGTGAACAACGAGGACGAGCTCTTGCAGTCCTTTGCCTATT
ACTTTCAGAACGGCGCTGCAGCGGAGCGAGTGATGGCAAACAGTACCCTCTTCACACAGCTGGTGGGCTACGCCAAGGTGATGGACAAGGAGAGG
ATCAATTGGTACATGGGTGGTAACGCCCCACTGATGGCCGTGCGCTTTTTTATGGAGGGAGCTCAAGTGCTACTGGGCGCCCACATGTCTAGAAA
GCTGCGGCCACTGCTGCCAAAGGAGATTCGTCTGGCTGGTGACGAGATTCCAAACGATGACATCCATCTTATTCTGGAGTACAAGGCTGGTGACA
AATGGGGCCCATATGTGGCACCTCGCGCCAATCGCTACATTCTGCACAACGATCGAAATAATCCGCATCTGCGGGCCGTGGAGCAGTTGACGGAT
GCTTTGAAGATGTATCAGCCACAGCTGTTGGTTGTCAGCGGGCTGCAAATGATGGACATGTTCACCTTTAAGTCTGGTGAGCGAGAGGCGCGCCT
GCAGCAAGTACAAAGGCAACTAACCAGCCAGCCGCAGGGCACTCTGAACCACTTCGAGATGGCTTCTTACGTGGAGTTGCAGCTGCTTCAACAGC
TTCGACACTTTGTACTGCCCTACGTAGACTCCCTGGGAATGAACGAACAAGAGCTCTCTAACCTGCAGCAGGTTCTTGCTCACGGACGGACGACC
TTAGCCACCGACTGGAATCCGCGCATAGCTCACACCCTTGACCAGATGCGGCAGGTTTTCATTAGTCTCCTTGAAGATTACGAAGACCGAAGCTC
AAGCGATGCCAAGCGTCGCTCTATCTCGCGCATACATGTGCACACGTTGGCCTATCAGGCGATCCTTACCACAGCGGGCTCCAAGTGGAAAAACA
CACGTGCTGCCGCTGCAAAGGCAGCGCTCACTGCTCACCGATACGTCTGCAAATCCCAATTTATTAACCCGGAGGCAGTGCTGCAGGTTCTAGAT
GACAGTTTCGCCACCTCGGCTCAGGCGGATGCGCCGCGAATGCGCATTGGTGCAGCCAGTCCCGTGCCCTGTTGGCGGGAGTATATCCAGTACGG
TCGTCACCGGCAACGGCTAGAGGTGGAAATCTGTGTGGCCCCGGTGCTGGTGTGTCGCGAAGCCAGAAAAACGGCTGGGGCTGGCGACAACATCT
CTGCCTCCGGACTCGCGGCACAGTTGTAG

(SEQ ID NO: 1442)

Start ATG: 139 (Reverse strand: CAT)

MTALRYMGWITGCSVLTAFVSIIWQAFIALQTLNRTTVLLTGLLAIEGSLKRTALEPAPKVAIGYGACTDLQINATEFLDRYYGRRIPVAAATTG
SRAVVNNEDELLQSFAYYFQNGAAAERVMANSTLFTQLVGYAKVMDKERINWYMGGNAPLMAVRFFMEGAQVLLGAHMSRKLRPLLPKEIRLAGD
EIPNDDIHLILEYKAGDKWGPYVAPRANRYILHNDRNNPHLRAVEQLTDALKMYQPQLLVVSGLQMMDMFTFKSGEREARLQQVQRQLTSQPQGT
LNHFEMASYVELQLLQQLRHFVLPYVDSLGMNEQELSNLQQVLAHGRTTLATDWNPRIAHTLDQMRQVFISLLEDYEDRSSSDAKRRSISRIHVH
TLAYQAILTTAGSKWKNTRAAAAKAALTAHRYVCKSQFINPEAVLQVLDDSFATSAQADAPRMRIGAASPVPCWREYIQYGRHRQRLEVEICVAP
VLVCREARKTAGAGDNISASGLAAQL*
(SEQ ID NO: 1443)

Name: transacylase-like
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384485
GTCTGCGCACGGAAACCAAAGACTGGCGGGAAAACACCCTAAATGTGCCGAAAACTGCGCTTAGCAAAGTTTTAAGCCAGTTGATTTAATTAATA
TGCATTTTTGTGGTAATTGCCAACGGTCGCACTTAAAATAAAAAAACATTTGTTTTACATTTCGGATCCAAGGAAATAAGCCATTATTGGCTTAA
ATAAGCTTTAACGACTGCAATCATGAGCACCCCTCGCAAGAACTATAACAACCTGCCGCCCTACTGCCCACAAGGCGGCCAGTACCCATCGCAGT
CCGCGGATTACAGAGCGCAGCAATTCGGTGGCCAGCAGAAGCCACAAAATCCAAACGTTGGCTTCTACGAGGACAAACAGGGCCAGCAAAATGTT
CCTCATTTCTACCAGAACAAATCCCCACAGGAGCCGCAGCGCCATCGGCCCTACGGTCAGGGCAGGAATTTCGGACGCGGCGGCGGCAGCTTCAATCG
CAGGAACCAACAGAACTGGGATCATCCGAGGAGCCACCAGAACAGGGAACAAAACCAGAGCGGCAGCTCCTTCGGCCAGTACTTTCATCCCTCCA
TGCTGGAGGATCCTTGGCGGGAGCTAATGGAACGGCACGAGGCCATCCACGGACCCAGTACTAGCCGAACTTCACCGAAAGAGGTGGCGGCTTCC
TAAAATGTAGAATACAACACTAAGAGCTAGTTAAGCCCTGTAGGATAATTTCCCCAAAGCAAAGAAAGAATTTTAATTTTAGCTTTCCGATATTA
AACAAAAGAATGTGTAAACATAAAAATGGTTTCATCATGAGATCCGAGCCTGCTTTTGAGTGGCACATTACGTGCTGAAAACCGCTCCGATGCCT
TCAAGAAAGAACTATGGCTAAGGTTGTAACATTTTATACATTTAAGCAACAGTTTCACGTGAATGAAACCCGTGTGTATACTTAAAAATTTAAGA
CTACCGTAATGGAACACCCCTCAGTGCAATGGGGCTCCCCGAGTGAGCTGCTAATAGTGCTGCTGTTGATGCCGCTTCTTCTCCAGATACTTCTC
CCAGTCGACGGCAACGCGATTGTAGATACCCATGGCGGCACGTGCATCCTCCACGGAATTATGCTCGCCCGTTTGGATCTCCTGACCCAGAACGG
CCTTTGTCAGGCGTTTTAAGCTGGGCGTGTGGGTATTAGAGATGAGTTTGCACAGCGGCTTATAATGCGACGTATCACGAATGTCATGGAACGGA
TGGCGGATGCCCAGTACGGCAAGATCGTTGCGCAGGCCGTGTCCCACCAGAATGCGGCCATGTATCAGCTTCATCACTTCGTTTTGCACGGCGGC
AAAGTCCTCACCGTTAGCGATGTCCTGCGGCCGAATGCCGGACACGCTGGTGCGGTAGTCGGTGACCTCCTTTCGCGGCTTCACATACTTGTCCA
GCAGCACGTGTCCCATGCGATTCACGATGGACACGCGTGCCAGCATGTCGTCCCGTGTGTTGTGTCCCACGCCCACCATCTCGCAGTCCATGGCC
AAAATGCGATTGCGGTGTGCCTTCTTTTTCATGCGCATGCGTGCCGATTTGCTTAGTGGTGCTGACTCCGTCGCCTTGGCATCCTGGTTTTCACT
TCCAGCTGCTGCTGCTGCTCCACCGCCAGCAGCGGCCATCCAGTTGGAGCCGGCTGCCCGGCGACTTGTGTTCACCTGTTGCACCTGTAGGCGCT
CCATGGAGGCTTGCAGCTTGCGTTGATTGTGTTGCGGGGAAACCACATTTTTCGTGCTGTCCGTGGTGTTTTTGTTGTTGGCAGACCCGCTTCTG
CTGCTGTCCAAGTTATTGGCCCGGCTACGATTCATGTCGAACTGCTTCTGGCGTGGCGTAGCGGACATGGCGTCGGGGCATCTATATATTCCAAA
TAAATATCCAGCTTAAGACAATCTCGAATAACAAATGTGTTTCTTTATTTTAGTAACACCGACCAGTGTGACCGTCTTGGGGTTGCTGGAGTATT
ACTGTCGACGGGCTTTTGGTATTTAAACAGTGTCAATGGGTGCGTTCAGCAGGTAAATAGCAATCACGCCTTATGTAGCCTGTGAACGCATTCAC
TGCGTCAATAATATGTGCATTGATCGCTCGAACAAATAAGACCGTAAAAATCGCTATTCATTTACAGTTTCAGACGTTGAAGTAGTGTAAGTTCA
TTAAAATATTGAAGAAATGTGGGAGTATTGACTAATATTCTAAAATCACTTATGGCGGTTTTATATTTTAACAAATCGTAAAAATATCAAACTAA
CGGATTTTATACATATGCATGTGCACACTCGAGATTGGGCTTGAAGTTTTGGATATCCACTGCGAAGTGCGCACTTGATAAAGATGTTCGTATGC
AAGGAGTTTTAAACTGGCTCCCGCGTATTTCGTTCGGAGTGCATCCTGGAGCACATAGATGTCAAGTAAGCGCAGCTTACTTAATTCGCATTAAG
GCATATGGTCGTCGAGGAAGTAAAACTTTACTTGAAAAGCGGGGCGTGGCCCCTATCTGCATTCGGCCCCTTCGGCGGCCTGGGCAACTTTCCCA
ATCACATCGAGGATTATTCATTTGAGGAATGCCGTTTGCAGCATTACATGGCTCAACAGGAGGATCGCCTCACTATTTATGAGTTGCAGTATGCT
CGCGAAATTGACTTGGCCACCATGAAAATTATTTGATTAAGATGTCGCCCCAAAAACTACTGGAAACATTGATTGAAATTTACGATCAGCCTCTA
ATCGACAGTTCCTCTGTCGCATCCGTCAGGGACCAGACTTCGGACGAGAGAAAATGCCAAGTTCAGCCTCAAAGCTTCCCAGGTTTTCAAACCAA
CTTTTCAAACCAACTGCCAGTTAAACATCTCCGGTGACACGGCGAGGCCGTCCAACAGAGCATGCTTAAGATGCTGGAAGGCAGCGTGGTTAGCC
TAACCGACCGGGAACAACTGTTTTAAAACTAATAT
(SEQ ID NO: 1444)

Exon: 1980..1001
Start ATG: 1873 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT21153
CCAAGACGGTCACACTGGTCGGTGTTACTAAAATAAAGAAACACATTTGTTATTCGAGATTGTCTTAAGCTGGATATTTATTTGGAATATATAGA
TGCCCCGACGCCATGTCCGCTACGCCACGCCAGAAGCAGTTCGACATGAATCGTAGCCGGGCCAATAACTTGGACAGCAGCAGAAGCGGGTCTGC
CAACAACAAAAACACCACGGACAGCACGAAAAATGTGGTTTCCCCGCAACACAATCAACGCAAGCTGCAAGCCTCCATGGAGCGCCTACAGGTGC
AACAGGTGAACACAAGTCGCCGGGCAGCCGGCTCCAACTGGATGGCCGCTGCTGGCGGTGGAGCAGCAGCAGCAGCTGGAAGTGAAAACCAGGAT
GCCAAGGCGACGGAGTCAGCACCACTAAGCAAATCGGCACGCATGCGCATGAAAAAGAAGGCACACCGCAATCGCATTTTGGCCATGGACTGCGA
GATGGTGGGCGTGGGACACAACACACGGGACGACATGCTGGCACGCGTGTCCATCGTGAATCGCATGGGACACGTGCTGCTGGACAAGTATGTGA
AGCCGCGAAAGGAGGTCACCGACTACCGCACCAGCGTGTCCGGCATTCGGCCGCAGGACATCGCTAACGGTGAGGACTTTGCCGCCGTGCAAAAC
GAAGTGATGAAGCTGATACATGGCCGCATTCTGGTGGGACACGGCCTGCGCAACGATCTTGCCGTACTGGGCATCCGCCATCCGTTCCATGACAT
TCGTGATACGTCGCATTATAAGCCGCTGTGCAAACTCATCTCTAATACCCACACGCCCAGCTTAAAACGCCTGACAAAGGCCGTTCTGGGTCAGG
AGATCCAAACGGGCGAGCATAATTCCGTGGAGGATGCACGTGCCGCCATGGGTATCTACAATCGCGTTGCCGTCGACTGGGAGAAGTATCTGGAG
AAGAAGCGGCATCAACAGCAGCACTATTAG
(SEQ ID NO: 1445)

Start ATG: 108 (Reverse strand: CAT)

MSATPRQKQFDMNRSRANNLDSSRSGSANNKNTTDSTKNVVSPQHNQRKLQASMERLQVQQVNTSRRAAGSNWMAAAGGGAAAAAGSENQDAKAT
ESAPLSKSARMRMKKKAHRNRILAMDCEMVGVGHNTRDDMLARVSIVNRMGHVLLDKYVKPRKEVTDYRTSVSGIRPQDIANGEDFAAVQNEVMK
LIHGRILVGHGLRNDLAVLGIRHPFHDIRDTSHYKPLCKLISNTHTPSLKRLTKAVLGQEIQTGEHNSVEDARAAMGIYNRVAVDWEKYLEKKRH
QQQHY*
(SEQ ID NO: 1446)

Name: EXONUCLEASE-LIKE
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384534
AAATTCGCAGCCTAATTGCTCCTATTATTAATTAGGAATATGGCAAGTTCTCAGCTCGTTAAGGCTCATTTTAGAATGTTTGTCGGGCAATTGTT
TTCAACATCTTTATGGCATTATTAAATTACTATTGGCGTGCGCCGAAACAGCAGGTGGGGGAAATCCTTATAGAGCGGGTCTCTCCAATTTAAAG
CGGCTACTTGTTAAATTTATAATGCAATTTGGCGGTGTTAACTATTAACGAGGTTAAGTGGCGCAATTTGAAACCACATTTGAAGGATTTCCCAT
GGTTTAATGGTGTGCATTTTTAAGCACCCTAGTGCACGGCATTTCTAGTACTTGGCTTAATAATAAATGTAAGAACAAACTTATAGACCAATTAG
GTTCTAGCAATTTATCAAAACGTTACGACGTGTTGTATTCTTTCTAAGGCGTAGAAAATAGCGAATGGGAAAGCTTCTTATTTATAATTCATTGT
TTGAGGTAATTTACTATTGAAGGTTTATCACTTAAAAGCGGAAACAGATATGGCTCAGACTTTAACCTAGGCATTATATGTAGATATGAAACCTA
TTTACAAGTTTTATATTTCTCTCTGAACTCAAAATAGAATTAATATATAGTATTAAAGATATACTGCTGTGCAATATATAGGAACAAAACTAAGC
TTCCAATTATAATAAATGCAATAAATTAGTATAAATTCACATGAAACCCTTACCTCCGCCGACGAGAATTACCTCCAAAACTCGATTGGCTTTAA
AAAAAAAACCGGTAATAGAATTGTAACTCGCCTGCTCAAATGTTGTTTAATGATTCAACGAGCGCACTTTCGTTTATAATGAATTCAACCAAAAG
TCCAGTTTCCAATTGCGATAGCCCAATATCGCAATATCACAGTTCACACGCACAGCTCGAACACTAAAAAAACACTGAGCCAGCTGAGAGGCAAC
TGCTAACTGCTAACTGTAAACCAGTTCGACTTCAAAACAACAACTAAGTGCCGTTCGCTCTCTTCGCCTTCTCTTTTCTCTCCCGCTTTCTTCTC
TCCACCTCTTCACTGCTTTGCTGGTCAATCTAGCCTTGTGTGCGTGAGTGTGGGTGCGCCTATCACGATGTACAGGTAAACTTTTATTATTACTA
AATGTCCAGAAGTCTTTAATTAAAATAATTACTTATTGCGACAATAAGTAAGAAGGTGAAATGTAAGACTTCCCAAATTGCAATAAGAACAATAG
CTGTGAGAGCAATAATAATCTTCAGCTTTTATCACTGAGCGGAGCGACATAAGCAAGCTGCACTGTACTTCAGATGCAATGTTGTTGTTTCAGTT
GTTGTAGCTGCTCCTTGGCTTTCACACGCGAGTTGTGGGTGAGCCTTAATCACATTTATTCGATGGTGAGTGGAGAAGGAGGTGCTGAGTGGGCG
AGGGAGCGGCGCCGAGAGAGCGAACGAGCGGTTGACATTGACAACCCCCCTTTTTTGCTGTTGGGAGCGGGCGCACGCCCATGTGTGAGTAGGCT
AATATCGCTACACTTCGAAGTTTCGTTGAATTTGCGCTCTGTTTTGTTTGCTTCTCTCTTTATCGCTCTGCGCTTTGGCTCTCCCGTTCGCTATT
TGTTGTTAATTCGAATACGAATATAACTTCTAGTTTTTATGGTGCCTTTGCGCTCGGTTTTATGACAAAACCATTTTTTTTCCACTGCGGGTAAT
TAAGAACTCGCTGGCACGAATAACCGAACCAATTCAATGTGAATCCACAGTGGAGGCGATCGAGGAACAAAAACAGTCCGCACCATCATTTATTA
ACGCCAATTGTCAGTTCAATTCATTTTCTTCAACTGCTTCTGTGCGAAGAAACCGTTTCATTGCGTCACAAAGATGATTATGCTCATATATTATC
GAACTAATGGGGGGAATTCAAAATTATATAGAGCTGTAAAACAGGAGCCAGCTAATAAATCGGCTAGTATCAACTCCTTATAAATAGCCTCTTTA
CGCAATACTATTGAATACAGAAAAATAAGCCATCAAAGTCAGCATTATTTGCAGTGTTTGCCGACCACTTCCCCGATAAGCCATACATATAGAGT
TACGTAACTGGAGATCGGCGACTCGAGTGGCCGGGCTTTGGCTTTATATAGCTAATTAACTGGACGATCGACCAGGAGCACTTGTGTGCAACTCG
GCAAAATACTATACTTCAGATGTGAAATTGCTAGATTTCTAGAATCGATCAGATTTTCCCCATTCATAAACTGGGTCTGCGACTGTGGCTAATCA
GCGCAATACTGATTGATCGATTGGAAGTGCCATTGGACAATTTATAGAGCGATCCATAAATCATAATCGACTGGTATTTATTGTGCGCTATTCGC
AACTACTCGAGCCCAGCTTTTAGGGTTTCCGTTCCAGCTGGAGATCTTTGTGGGGACGCAAGGCTTCTGGAAACCGAGACCCCGAGAAAAAGATC
ACATGATAGAACCCCCCCATATGATTATGATGATTGCATAAAACTCGAAAACTCGCGACTTTGCAAAGAGAGCGCGACTCACAGATACTCTGGAG
AGTATTATATTCACATGACAAGGGTTCGACTAACACACACACACACTGCGAACGTAGTAGGTGCGTACCTGAGTATCTCAGAGATACTCGGGGCT
TACGAAAGAGATAGCGCTACGCGTATCTGCCGCTCTGACTTTAGCTGCGACTTCTGGCAGGTGTTTGCACAATGGGTCCCATGACAGGTGTGCCC
CGCAGCCCCCAGTAAGCTCACTTTTCCGACCAGTAGCTGTCAGCAGCCAGCATCACGTGCCAAAGTGCATTCAAATTGGGCTTAATTGCACATAC
TCCCTGCTGCCAAAGCACGTGCTTTGGATGGCTAGTTTACAGGGGATATGGGATATATACGGGTGGATAACCCGTGGCACAGCTTTTACACCTCG
AACCCGCCGGGTTTTTCCAGTTGCTTCGAGTTTTTTCGAGTTTTTCGCTTACCTTCACAGCTCCGAAAACGCTTTTTATGTCAAAGACACACCAG
ATTCGATTCCCCGCGAGTGCGAGCGATAAATTTAGAACTTGTTTGTTGCCGAGCGAGAGTATCTTTATTCGAATCTGAATCTGAATGGAGCGCAG
CACACGTCTGCTCACCGCCAGCGATCGACTGCGTTTAAATTTGGCACTCGCTGCCGCGACTTCGGTTCGAAAATCTCGCGATCGCCTCGAAATGC
CTCGCACTCTCTGTTACTCAGCACACACACCCTGTGAATTCAGGCGGCTCTCTCGGCGCGGGCATGCCAACTATGTATGATCGGTGACCGTTATC
GCAAATCAGAAATCGACAAATACCCGTACTAAAGTCAAAATCCTCGAGTGCTACATGTGTCTACCAAAAAAATGGTCAGTTTCCAAAAACCTAAT
CACTCTTAGGATCACCCAATTAATCACCATTAATATGTGATATTTTTGCAGTAACTAGATGTGCTTGTTGATAGTGAGGAAGCCAATCTCAAAAA
AAAACCAATTGAACTAACACTTCTTACAATTTAAACTTTTAATTAGAATTTAGAATATAAAATAATATTAAGCTAATTTGGTAACAGTTTCATTT
TAAATTTCAACTGTTTTAAGTGCTGTAAAGTGCATAAAGTGTTAACAGGTGGCTCCACGCACAACGCGTTAGTACCTTACCAAATAGCGTTTTCA
CTGCACCGCTCACCACGGCCACACTCTGCCTTTGTTTTGTTTTGATATTCCCACTGCATCGCATTTAATTTATTAAAAGCTGTTACCAAATTATG
TCCTACGCCGGCTATAGCCAGCTGCCCAGCGGCAGCGACCAGGAGCGCAGGCAGGCGCAGCTCGCGGCCAGCACCTACGACGTGCTACAGCGGAC
GACGGACAGTATCCAGCGATCCAACCAGATTGCCATCGAAACGGAGAACATGGGGGCGGAGGTAATTACCCAGATAGTAGCCATTAACAGGGCTA
ACTAATGCTCGCTTACGCATCAACAGGTACTCGGCGAACTGGGCGAGCAGAGGGAGTCGCTGCTACGCACCACGCGCCGCCTGGAGGACGCCGAT
CAGGATCTGTCCAAATCGAGGGTCATCATTCGGAAGTTGAGCAGGGAGGTGCTCTACAACAAGATCATCCTAATCCTGATTATCATTCTGGAGGT
GGGCATACTCGTCGGCTTGCTGGTGCTGAAGTTCGCTCACCTGTGAGCCAATGCCATTCTATTCCAAAGTCGTAACCACCAAACAGGCGATGGAC
TATATATACCTATTAATCGTTACGAATTCTTTGTCCTAGTTAATAAGCTTATAAATGTATATACTCCACTAAAATGCACTTCCAATTCAAAAAGG
TCAGTTTTAGGATATACCCAGCGATGAATCGGGTGGTTGATTATGTTTATTCATGTTGGCTAAAGCGTTAATGCCTTAGACGTCTATAATATGTA
TTATGGTAGTAAAACACAGATAAAATCGGGTCTGGACATCGGAAGCTCTGCACTCCGAAGAGTTTAGCCCAGTCCCAACGCATATACATACGTAT
GCTATAACAATGATAATATGTAGTTCGTGCAGCACGCTATGCCACGACTATTTGGCAAAAAGCAACGTTAATTACATTCAGTGGGCGACAACGAG
ATAGTAGAACATCCTGAACAATGTCTGCATAATACTTGATCTATGATAAACGGTTACATATATGTAAGTATGTGGGCATCGCTTTGGGGATGCTT
CTTTGTTCGAGAGATGTTTGGGATTTCGCAGAGCTGCGCCTCCTCATTCCTTTGGTGCAGCAGCTCTCCGCTTCAGTTGCCTTCAATTGTCCTTC
GGAAGAACGATGGACCAGCCGAAAACGCGGCGATCGAAGCCGCAGGAGAAGAGATCGCAGTCCAGCAGCGGCTCCTCCGCCCACGCTACAGACGA
CACCATCCGTCGGTGGCCCTGCCGACTGGTCCGTGGCAATCGGGCGACTCTCTGCCCGTTCAAATCGAACAGTCGGATCTGTCGATTGTCATGCG
GTATGGCGATAATTCCACCAGTGGAGACCGCCAAACGATTGACCGAGGAATCCGTTCGAATGGTGGCCAAGGCGGATCGCATGTTGCGCAGCTCC
CAGACCTTGATTGTACGATCATCTGATC
(SEQ ID NO: 1447)

Exon: 1001..1509
Exon: 3818..3956
Exon: 4017..4158

Start ATG: 1506

Transcript No. : CT23167
CCGTTCGCTCTCTTCGCCTTCTCTTTTCTCTCCCGCTTTCTTCTCTCCACCTCTTCACTGCTTTGCTGGTCAATCTAGCCTTGTGTGCGTGAGTG
TGGGTGCGCCTATCACGATGTACAGGTAAACTTTTATTATTACTAAATGTCCAGAAGTCTTTAATTAAAATAATTACTTATTGCGACAATAAGTA
AGAAGGTGAAATGTAAGACTTCCCAAATTGCAATAAGAACAATAGCTGTGAGAGCAATAATAATCTTCAGCTTTTATCACTGAGCGGAGCGACAT
AAGCAAGCTGCACTGTACTTCAGATGCAATGTTGTTGTTTCAGTTGTTGTAGCTGCTCCTTGGCTTTCACACGCGAGTTGTGGGTGAGCCTTAAT
CACATTTATTCGATGGTGAGTGGAGAAGGAGGTGCTGAGTGGGCGAGGGAGCGGCGCCGAGAGAGCGAACGAGCGGTTGACATTGACAACCCCCC
TTTTTTGCTGTTGGGAGCGGGCGCACGCCCATGTCCAGCTGCCCAGCGGCAGCGACCAGGAGCGCAGGCAGGCGCAGCTCGCGGCCAGCACCTAC
GACGTGCTACAGCGGACGACGGACAGTATCCAGCGATCCAACCAGATTGCCATCGAAACGGAGAACATGGGGGCGGAGGTACTCGGCGAACTGGG
CGAGCAGAGGGAGTCGCTGCTACGCACCACGCGCCGCCTGGAGGACGCCGATCAGGATCTGTCCAAATCGAGGGTCATCATTCGGAAGTTGAGCA
GGGAGGTGCTCTACAACAAGATCATCCTAA
(SEQ ID NO: 1448)

Start ATG: 506

MSSCPAAATRSAGRRSSRPAPTTCYSGRRTVSSDPTRLPSKRRTWGRRYSANWASRGSRCYAPRAAWRTPIRICPNRGSSFGS*
(SEQ ID NO: 1449)

Celera Sequence No. : 142000013384250
TGTCGCCCACATAGATGCTGTTTCTCTTGTCCGGCGAGGATTCAAACGACGTGGAGGCGGATACGTCCATGGTCGTGTTCAGTTGGGTCAGTTGG
AGGCCTGGAAGAATCGGTTGCTAGTGGAAATTCGGTTTCGGTTGCTGGCGAGGCGACGTTTAAACATCTGGCGAAGAACTGTGGAGTACCCAGAG
TTGAAGAGCGATTATCAGAGACATGTATATAGATAATACGTTTGCCTTACTCTCTGCAAACTGCAAATTTGTTTTACTTTTCTGCCTACGTGTCG
TACATTGCCAGTTGATTATGTTCAGTCGGGTTTTCTCGACTGACTTTAAAGTCTGCGCCACACACGCACACACATTTGTGCTCCACATATTTGCC
TTAGAATTTGTGTAATTCACCTGGGCATTCTGTGTTTTCTTAATTTACTCACCTGAAAATTTGTGTTTAGTGTGGGTGTTGTTGCACTGCTGGAT
GTTTGGGGCACATTGGCAGAGGCCTTAATTGACGACTGTCTGCTGATTGAAAACTCAATTTGATTGGCGCTGATTACGTTTTTGATTCAATGCGT
GCTCTTAATTTAAATAAAAACCCAAAAAACTAAAGAAATTAAATTGTGATTAAATTCTTCTTGCTAGCGTCGACCAGTGTTGCCTAATGCTTAAA
ATGCAATTATAAGAGCGACTCTAGTGCAAGAAACGAGTAATCGATTCTGGTTCGATAGGCAACGACTTCGATAAGGCGCAAATTAAACTAGTTGT
AAAGGTTTTACGCTATATGTTGTATGCAAGAAAATCAACATAATTTAGCTATAAATATAGGCTACACTTATTTTTAATTATAAGTCCAAATTTCT
TAGTGCATAGGAGTGGAATAACTAATTTTATATCAGTTTTTGGAATGCCCCTAACATGTCCGTGGTATTATTATTTAGTAACGTCAGGGTCACAC
TTTTGTTTTGTTTTGCTTTGCAACTTGACTTTTAAAATTGCAATTGCAGCATGGCCGAAGAACCCGAGGAACCCGCCAAGGTATGGATTACATAA
ATCTATTGGACATCAGGTGCCTGATTAAGCTTTAACTATGTTTAATCTCCCATAGAGCTTCGTTATCTTCGGACGCGATGTGGCGCAGATCCCGT
GCTTTCGTAACAGTTTTCTCTACGGAATCAGCGGAGGAATCGGCATCGGCTTGCTGACTTTTCTGGGCACCTCGCGAACCCACCTGTCCACCCAC
GTGGGCTTCGGCTCCTTCTTCTGCGGCACCATCGCCTACTGGATGACCTGCAGGTAAGTGACTGTGATTAAAACCGTGCGGCGCCCTTATCACTT
AATTATCAATGTGGCATCCGCAGGTATCAATGGTCCGTCAGGAGATTCGAGCAGCAGCAATTGCGTGAGGCGATGAGACGACAAGCCCTTTATGA
GGGCACCCAAAGGGAGAGAGACTTAGATCTGAAGTCGGCGTAGCATAAGTCAGATCCTTCATTACTACTTCGATGTTTGTTTTCACTCTAGGATA
CCAAGTAATCCTGGCATTGTTAAATCCCTTGTGTTGTAAACTACCTTTTGTTACCAAACTTTATAGTAGCCAATATATTATATATATGTTGTAAG
TGAAATCTTAGCTTGCCACTCGTAGGGAATTAATTATGCCACCATCTTTGATTTGGGATTGACAGAAATCAATCCATCATTTTAATGATTGTGGT
TCCTAAAACCTGTTGGGCTTTATTGTGCTTTCGATTTGATTTAAGCTGATAGAGCTAGTTGTTTACTTTTGAAGAACCTTGAACCCATTTTGACG
ACCTTTTAACTTTTTAATAGTTTTTTTTTACCATTTACATAAAAGCAAAATTTACAGTCTAAAAGTTGTATATTCAATACGTTCTGGTACGTAAA
AGGGTTATTTAATGCACCATTTTTACAACTTTAGATAGTATACTTTTTACTTGAGTGGGAGCCATATCACAAAAATGAAATGAAAGGTTAAAAAA
GTATCTAAAAGTAAGTTTCAATTAATATTCTGAAAAATAATTGCATTTCATGTACGTTTCTCTGAAATACCCCTAATTCGATACTATTTATAAAT
CTGGAAGATATATAGCTAGGAAATAGATTTATATATTTGCCTAGTTTGAACACCTTGTGAACATTTTGTTTAAAAAAAAAGCGTATCGTGGTACT
AGAAAACTTTAAGATACAGATAAATAACTTCACTATACCGAGGTTTTGGTGTTTCTTGAGACTGAAGGACAATCTTCAAAATGGTCTTAATTCTT
GAGATAGAAAAGCTGCAGTTCTCATGCTGAATAGTGATCAGTACGATTTTATCTGACAGATTGCTTTCCTAGCTGACCACACCGATCTCGGATGG
GTATCTGCTCTAATCCGAGATAGCAGGTAGTAGAACTGCTGCCTCGTAACCCCTAGACATGGCCATTTCCACGCACATGTAGGCGATCCTGCA
(SEQ ID NO: 1450)

Exon: 1001..1030
Exon: 1101..1288
Exon: 1354..1468
Start ATG: 1001

Transcript No. : CT23225
ATGGCCGAAGAACCCGAGGAACCCGCCAAGAGCTTCGTTATCTTCGGACGCGATGTGGCGCAGATCCCGTGCTTTCGTAACAGTTTTCTCTACGG
AATCAGCGGAGGAATCGGCATCGGCTTGCTGACTTTTCTGGGCACCTCGCGAACCCACCTGTCCACCCACGTGGGCTTCGGCTCCTTCTTCTGCG
GCACCATCGCCTACTGGATGACCTGCAGGTATCAATGGTCCGTCAGGAGATTCGAGCAGCAGCAATTGCGTGAGGCGATGAGACGACAAGCCCTT
TATGAGGGCACCCAAAGGGAGAGAGACTTAGATCTGAAGTCGGCGTAG
(SEQ ID NO: 1451)

Start ATG: 1

MAEEPEEPAKSFVIFGRDVAQIPCFRNSFLYGISGGIGIGLLTFLGTSRTHLSTHVGFGSFFCGTIAYWMTCRYQWSVRRFEQQQLREAMRRQAL
YEGTQRERDLDLKSA*
(SEQ ID NO: 1452)

Classification: hypothetical
Gene Symbol: l(3)87Df
FlyBase ID: FBgn0002354

Celera Sequence No. : 142000013383919
GGTTGGATCCATACTGACAATATGTAAACTTTGGGACTGCCTTCTGTGTCATCTGTATTCATTGGAACACAGTTGCCATCAGCGCGTTTAATTAA
CTTATCTGAATTGATTTACATGCATACCAAATTCCAAAGATCGCTCACAGAGTATAAAGGAACTTGAAACCGATGTTCGTTTCTTTACAATTATA
TATTTCAAGTTGCTTGACATATATACGTGCATGCATATATTTGGGCGTGTTTGCGGCCTGTGTTTGTTTGTTTTGGGTGTGAATCTGGAGTTTAT
GGAAGTGGAAAGCGGGATTGTTCACCTATCCTTACATTTTACGGGGATCACTAGGTGTTAGGAAGCATCACTATTTCTGAATTGATTTGTGCCGA
TTTCGGAACTTAATTTTCATCAAATGTTTGTGTTTAAATCGATTTATTTAGTGTAATTGTTGAGTTATCTTGTAAATACATACATTTATTATATT
CCAAGTTTCTCACATAAACTCTATGTTTATACATTTTTTGTCGCTTTCATCTTGCAGTTTTGTCTATACTATTACTAAACCTAGATACGATATTT
AAGAGGCAACCAAAGAGATCTGGCTTGAGATCCCTGGCAGCCTAGTGCGAAACGGACCGAATGAACAATTTGATTTATTGAATTAGTTTTTTTCC
TTTGCTTGGGTAATAAGAAATCTTTCTTTTAGTTTACTGGAGTGTTTAATACATATACTAAATGTAAATATATATTGAAAAGGTTCGTGTGTGTA
TTTTTCTGTCTTCGTGTTCAGTTGTCTGTAAAGTTGGTTCGGTTGTGGGTGTCAGGGAGTGGGTTTCAAATTGGGGTGTGCAAAAGTCCTCCAGA
GATCTTGAGCGTGCCCACAGCTAAAACCTAAAACAAACGAAAAAGTATGAATATCCCAGTTCACGCTGGTGATTCCTTTAACTTACCAGTCCTCT
TCGCATGCCAGTATGGTATAGTGGTCATGACCACGCCCCTAGGGCCAATCCTAGTCGGTCTTTGTCTCCGTAAACTCCTCCAGGGCAAAAAAGCT
GCCGCCGGAGGGGCCACCAGTGCTGCTGGCCGTGCTCGTGGCAACAACGGTGGTGGATGCCGTGCCACTAGATGCCTCCGACACTTGCACTTCCT
CGCCGGCCGAGTCGGCAGCCGCCTCCTTGTCATCTGCACCTCCGGAAGCGCTGGCTGCCTGCTGTGCGGCCTCCAGGACCTGTTGCTGAACCTGG
ACGATGGGCTGGCCATCTTCCGTGTACGACACGGACACTGGGATGCGGGTACCATCCTCGCTAATGACATGAGCGCCTTCCTCACCATCCTGTCC
CTGCTGGATAATTAACTGCCCCTCGGAGTTCAACAGGGAGGCATCGATAAGCTGCTGTTCATTGTTGTCACCATGGACAAGTACCATCTGGCCAC
TGCCATCGGTCATCATCTGGAGGGTTTCGCCCTCAAGTCCCTCGCCGGACTGCAGAACTCCTACACTTTGGAGCAGCTGCTGTATTTGCTCGGGA
TCTTGCACAATTATTTGGTTGCCTTCGGCGTCCGTCAGGATGTGGTTGTCCAGCTGGAGGAGATGGCCGTTCTCGTTAACAATGAACTTGATCTG
GCCACCTTCCACCTGTGCCTGCATGGCTTCGTCAAGTTCCATGGCAACATGCTCGCCACCTGCAGCTTCACCCGCCTCGCCCTCGGCTCCAGTAC
TGGCAGTAACCTCGCCTTCGCCAGATTCACCGGCTTCAGCGGTCGTGGCATTGGCCTCCGACTCAGTTGTGGGCGTATCTGTAGCCTCACGCTTA
GCAACTACGTCTCCTTCGTCAGATGGTTGTGGTTCCTCAGCAGCGGCGGCTTCCTTTGACTTGGCGCTTTCTCCAGCCTTGGCCTTGGCTTTCTC
TTGACCTGCTTTGCTAGCCGTCTTGGTTTCCTCTGAGGCCTCAGCTTCAGCAGCTGCAGCCTCGTTGTCATCATCTAAACTGGGCATGGAAACCG
GTGCGGCATTGGATTTGCTATCGGCAGAGGAGGCCTCGCCGCTTTCGCCCTTGGCATCGATGCTGCCCTGGGACTGTGATTCGTCTTCGGCTTGA
TCCAAATTTGGCATGTCAATGCTAACAGAGACAGGTGCTGTGGTATTGGGCGAATCCTTTTGCGATTGGTCTCCGTCCGGTTGCGGGATAGTAAT
GTTGAAGGTTATGCCTCCACTGCCCTCCTGCGAGGTAATAACCATCTCGCCGCCTTTGCTTCCCGGTTTGGGCGCCTCACCGCTCTCGTTCTTGT
CGGAGTGGAGCTTTTCAAACAGGCTCTCAATGTCGGCCTCTGCGTTTTGCTCGCCGCTCTCGTCACCGGCCTTACCAGTTGCCTCTCCGGGCTCA
TCGCTTAGTAAAGCCGTAGCTGCCGAATTTAGGGCAGTGGCTCCGGCCGAAGTTGCCTTCTTGTCACGTCTGTGGGTCTCCATGTGGTGGTTGTA
GTATGTCTCCTGGATGAAAGTCAGTGAGCAAATGCTGCACGAGAAGAAGCGTATGTTGTTCTCCGACTCGGTGGTTGCCACCACAGCAGCTGTCG
AAGCAGGCAGGCTATCGCTCAGTGCCTCATCAATGGTCTCTTGAAGGAGCTTCTGGGTGTTCAGGTTCTGGCTAACTGACTGCTTGGGCGATACC
GTCGATGCGGAAGGACTCTGATGCACTTCGAAGTGCTTAACAAGCATCTCCCGTTTCGGGAAGGTCATCGAACAAGTGCCGCACTTGAAGAAGTT
GGTCTGATGCTGTTTGGCATGCACAGTAGCAGCTTCGCGCGTCTCAAAGCGCTGAGAGCACAGGCGGCACTTAAAAGGCTTAGGTTTACCAGCGG
CATGCTTGCGCATATGCTCATCAAAAACGACCTTGTCCGTTGACTTGAACTGGCAATGATTGCATGTGTATAGCGATGTTCCAACCAGATTCTCG
TTGGCAGCAGCTGCAGCGGCAGCTGCAGCAGCAGCCACGGGAGCAGCTGATGCCGGTATGGTGGTGGTGCTGGTCACCAGTACATTGGTAGCGTG
ATTCGTCTCCATGTGCTTGCGCAGGCTGTTCTCGTTCACGAAGTTAATGTGACACATGGCACACGTGTTATCCATGGCGGTATTGTGGTCGCGCA
CCATGTGCTGCTTCATGGCCCCAAAGTGCGGGAAGATTTTGCGGCAGGTCTTGCACTGGAAGGTCTGCTGCTTGCAGGTTTCATAATGCGTGTTG
AACAGCCGCATATCCGAGGTTTTATAGTCACACGAGGTGCATTTATAAATCTTGGTGGCCTTGCGTTGGACTGTCTGGGTGCCTTGGACGCTGCT
CTGGGTGGTTCCTGGGGCGATCTTGGACTGGCCAACTGTACGATTGCAGAATATGCATTAGGAAAGCTTTATAATTTCTGTATTTATGTACTTAC
CTGGGTTTCCCTGCAGGAGTTTACGTGGACGCAGCAAATCCGCACTAGGACTCTCCTCCAACGAGCGATTGGCGGATCCGCCGACCATTTTCTGC
ATCTTGAGCGGCGGACTGCCTTCCTGGCCCATATCCTCGTTAATGGCATACTTCTTGTTAAGCAAACTGATGAGGTTCGTCTTGACGCGCTCCAC
ATCGTTTTCCAGGCGGTCGTAGTAGTTCACCAGGTTGGTACAGCGTGAGCACACGTAATCCTCGCCGCAAACAATCACGAGGAAACCCTCGCCCA
CGAGCTGGGCCAGTTTGTTGGGGAATTTGGTGGAAGTGTGCGTGGTGCACATATCGGTTAGCGAAGTCTGTGGCTCGCAGCGGTCATCGCAGATA
TAGCATCGCGTGGCTAATCCGCCGATACCCACGCCACCCGACTCTGCATCGTTGACCGCCTGCTGCTGTGCTACGCCGCCAACGGCTGAGGCTCC
TCCGGCAGAGGCACCTCCTCCTCCGCCACCACCGGGTACCACCATACGCGTCGACTTGAGGATTCGCGGCTGGCTGGGACCGGTCACAGTGACCG
CTCCGCTACTGAGCAGATTGTTAAACTTGCGGTAGGTGGCCGGATTCAGTTGGTTGTTCATTTCGTGGCGTTTTGGATTCAGGTGAGCACGCCGT
AGTGATGGTGTTATTCGGTTTGTGCGGGCGCTACACGCGCAACTGCAAGCCGCTACCTTTCAATATTAATCGGCGATTACGACAAACTACACTTC
TGCACTCCGGTTTGGCAGCTTGCTGGGATTTATGTATCGATCGGGTACGGATGAGCCACTCGAACGAAACAATCTATCTTTTTTGGACACCAGGA
ACAACAATCTCTTCCGTTTTTAATTTTCGGTTTCGTTCTGAGTTGTCGCGGCGTCACTTTGACTGTACTAAAGACTCGGTGCTGTATTTTTTAGG
GTTAAAAATGCGTATGTGCTGTAGCAGTTCTCGACGGACGCGTATGGTCGTCTCGCTCTTTAGCATGCTCGCTGCCCTGGCACGGCGGGAAAACA
TGGGCTAGTCGTTTCACTCGCACGCCACGGAAATGGCGGCTGCCTGGGAGGTCAACCATGGTCAGACAGAGAAAATCTCACAGCGTTGCCGTTCA
TTACGATAACGTAATTATTTACTTGAAATAATAAAGCATTTATTTTTCTTATTGCGATTGCTGAGTGGTTAAATACAAATAAATACTTACTTGTT
GTGCTTGTATTTGTAAAAGGTAAATAATTAGCACATTTTGTCTTGAAAAAAGGCTCAGCGTCATTCCTATCATGCAATGTCAAAATTAACAGTGC
GTTTTGTAGACAGTAGAGGGCGCCTTTGCCCGCCCACTTTAAATTCACAAATATTCTCCTCGTAAATATTTGGCATACCCAACCTGTGAGGTAAG
CATTAAATACTTGCATTTACGCAGTGATAAAGGCCAACATCACTAATGTGCTAATACATAGGACCGATAAGATTCCGAAATTCCAGTTTTACCTA
TTCGATTTAGGTATATCTTTTAGCCAAAGGAAAGTTGAAGGGAAGGGGGCTCTCTTATCAGTAGCGATAATATAACATACGACCTGATAAACGTT
CCAGCCAAACCACAGAATTCAGTTAACGAACGAAACGAAAAGCGAGCGGATACCGCCTCGATCGAAGCGAAACATAAAAAATAAAAGCCCCTGGC
CAGTTGGCTTTTTGTTATAAGAGCCATTATCGCAAGGTTTATCGGGAAATATAGTAAACGGGTGGCGAACTCAATTGTCCGGCTCGATCGTTCAG
TTGGCCAACAGACGTCGCGTACTGCAAAAGCGCACTCAACCCGATCGATTTGAGTCCCGCATACGGGGCGTGAGAATATCTCCCAGTATCTGGAA
ACCACCCCTATATATCGAACAGTCACTGCAAAATGTATTCAGCACCAGCGGCAAAAATCAAGCACTTTGGCTCCCTTAAAACGGTAGCAGCTTGG
GCCGGAATTC
(SEQ ID NO: 1453)

Exon: 4425..3421
Exon: 3360..1001
Start ATG: 4051 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT23578
CGAGACGACCATACGCGTCCGTCGAGAACTGCTACAGCACATACGCATTTTTAACCCTAAAAAATACAGCACCGAGTCTTTAGTACAGTCAAAGT
GACGCCGCGACAACTCAGAACGAAACCGAAAATTAAAAACGGAAGAGATTGTTGTTCCTGGTGTCCAAAAAAGATAGATTGTTTCGTTCGAGTGG
CTCATCCGTACCCGATCGATACATAAATCCCAGCAAGCTGCCAAACCGGAGTGCAGAAGTGTAGTTTGTCGTAATCGCCGATTAATATTGAAAGG

TAGCGGCTTGCAGTTGCGCGTGTAGCGCCCGCACAAACCGAATAACACCATCACTACGGCGTGCTCACCTGAATCCAAAACGCCACGAAATGAAC
AACCAACTGAATCCGGCCACCTACCGCAAGTTTAACAATCTGCTCAGTAGCGGAGCGGTCACTGTGACCGGTCCCAGCCAGCCGCGAATCCTCAA
GTCGACGCGTATGGTGGTACCCGGTGGTGGCGGAGGAGGAGGTGCCTCTGCCGGAGGAGCCTCAGCCGTTGGCGGCGTAGCACAGCAGCAGGCGG
TCAACGATGCAGAGTCGGGTGGCGTGGGTATCGGCGGATTAGCCACGCGATGCTATATCTGCGATGACCGCTGCGAGCCACAGACTTCGCTAACC
GATATGTGCACCACGCACACTTCCACCAAATTCCCCAACAAACTGGCCCAGCTCGTGGGCGAGGGTTTCCTCGTGATTGTTTGCGGCGAGGATTA
CGTGTGCTCACGCTGTACCAACCTGGTGAACTACTACGACCGCCTGGAAAACGATGTGGAGCGCGTCAAGACGAACCTCATCAGTTTGCTTAACA
AGAAGTATGCCATTAACGAGGATATGGGCCAGGAAGGCAGTCCGCCGCTCAAGATGCAGAAAATGGTCGGCGGATCCGCCAATCGCTCGTTGGAG
GAGAGTCCTAGTGCGGATTTGCTGCGTCCACGTAAACTCCTGCAGGGAAACCCAGTTGGCCAGTCCAAGATCGCCCCAGGAACCACCCAGAGCAG
CGTCCAAGGCACCCAGACAGTCCAACGCAAGGCCACCAAGATTTATAAATGCACCTCGTGTGACTATAAAACCTCGGATATGCGGCTGTTCAACA
CGCATTATGAAACCTGCAAGCAGCAGACCTTCCAGTGCAAGACCTGCCGCAAAATCTTCCCGCACTTTGGGGCCATGAAGCAGCACATGGTGCGC
GACCACAATACCGCCATGGATAACACGTGTGCCATGTGTCACATTAACTTCGTGAACGAGAACAGCCTGCGCAAGCACATGGAGACGAATCACGC
TACCAATGTACTGGTGACCAGCACCACCACCATACCGGCATCAGCTGCTCCCGTGGCTGCTGCTGCAGCTGCCGCTGCAGCTGCTGCCAACGAGA
ATCTGGTTGGAACATCGCTATACACATGCAATCATTGCCAGTTCAAGTCAACGGACAAGGTCGTTTTTGATGAGCATATGCGCAAGCATGCCGCT
GGTAAACCTAAGCCTTTTAAGTGCCGCCTGTGCTCTCAGCGCTTTGAGACGCGCGAAGCTGCTACTGTGCATGCCAAACAGCATCAGACCAACTT
CTTCAAGTGCGGCACTTGTTCGATGACCTTCCCGAAACGGGAGATGCTTGTTAAGCACTTCGAAGTGCATCAGAGTCCTTCCGCATCGACGGTAT
CGCCCAAGCAGTCAGTTAGCCAGAACCTGAACACCCAGAAGCTCCTTCAAGAGACCATTGATGAGGCACTGAGCGATAGCCTGCCTGCTTCGACA
GCTGCTGTGGTGGCAACCACCGAGTCGGAGAACAACATACGCTTCTTCTCGTGCAGCATTTGCTCACTGACTTTCATCCAGGAGACATACTACAA
CCACCACATGGAGACCCACAGACGTGACAAGAAGGCAACTTCGGCCGGAGCCACTGCCCTAAATTCGGCAGCTACGGCTTTACTAAGCGATGAGC
CCGGAGAGGCAACTGGTAAGGCCGGTGACGAGAGCGGCGAGCAAAACGCAGAGGCCGACATTGAGAGCCTGTTTGAAAAGCTCCACTCCGACAAG
AACGAGAGCGGTGAGGCGCCCAAACCGGGAAGCAAAGGCGGCGAGATGGTTATTACCTCGCAGGAGGGCAGTGGAGGCATAACCTTCAACATTAC
TATCCCGCAACCGGACGGAGACCAATCGCAAAAGGATTCGCCCAATACCACAGCACCTGTCTCTGTTAGCATTGACATGCCAAATTTGGATCAAG
CCGAAGACGAATCACAGTCCCAGGGCAGCATCGATGCCAAGGGCGAAAGCGGCGAGGCCTCCTCTGCCGATAGCAAATCCAATGCCGCACCGGTT
TCCATGCCCAGTTTAGATGATGACAACGAGGCTGCAGCTGCTGAAGCTGAGGCCTCAGAGGAAACCAAGACGGCTAGCAAAGCAGGTCAAGAGAA
AGCCAAGGCCAAGGCTGGAGAAAGCGCCAAGTCAAAGGAAGCCGCCGCTGCTGAGGAACCACAACCATCTGACGAAGGAGACGTAGTTGCTAAGC
GTGAGGCTACAGATACGCCCACAACTGAGTCGGAGGCCAATGCCACGACCGCTGAAGCCGGTGAATCTGGCGAAGGCGAGGTTACTGCCAGTACT
GGAGCCGAGGGCGAGGCGGGTGAAGCTGCAGGTGGCGAGCATGTTGCCATGGAACTTGACGAAGCCATGCAGGCACAGGTGGAAGGTGGCCAGAT
CAAGTTCATTGTTAACGAGAACGGCCATCTCCTCCAGCTGGACAACCACATCCTGACGGACGCCGAAGGCAACCAAATAATTGTGCAAGATCCCG
AGCAAATACAGCAGCTGCTCCAAAGTGTAGGAGTTCTGCAGTCCGGCGAGGGACTTGAGGGCGAAACCCTCCAGATGATGACCGATGGCAGTGGC
CAGATGGTACTTGTCCATGGTGACAACAATGAACAGCAGCTTATCGATGCCTCCCTGTTGAACTCCGAGGGGCAGTTAATTATCCAGCAGGGACA
GGATGGTGAGGAAGGCGCTCATGTCATTAGCGAGGATGGTACCCGCATCCCAGTGTCCGTGTCGTACACGGAAGATGGCCAGCCCATCGTCCAGG
TTCAGCAACAGGTCCTGGAGGCCGCACAGCAGGCAGCCAGCGCTTCCGGAGGTGCAGATGACAAGGAGGCGGCTGCCGACTCGGCCGGCGAGGAA
GTGCAAGTGTCGGAGGCATCTAGTGGCACGGCATCCACCACCGTTGTTGCCACGAGCACGGCCAGCAGCACTGGTGGCCCCTCCGGCGGCAGCTT
TTTTGCCCTGGAGGAGTTTACGGAGACAAAGACCGACTAG
(SEQ ID NO: 1454)

Start ATG: 375 (Reverse strand: CAT)

MNNQLNPATYRKFNNLLSSGAVTVTGPSQPRILKSTRMVVPGGGGGGGASAGGASAVGGVAQQQAVNDAESGGVGIGGLATRCYICDDRCEPQTS
LTDMCTTHTSTKFPNKLAQLVGEGFLVIVCGEDYVCSRCTNLVNYYDRLENDVERVKTNLISLLNKKYAINEDMGQEGSPPLKMQKMVGGSANRS
LEESPSADLLRPRKLLQGNPVGQSKIAPGTTQSSVQGTQTVQRKATKIYKCTSCDYKTSDMRLFNTHYETCKQQTFQCKTCRKIFPHFGAMKQHM
VRDHNTAMDNTCAMCHINFVNENSLRKHMETNHATNVLVTSTTTIPASAAPVAAAAAAAAAAANENLVGTSLYTCNHCQFKSTDKVVFDEHMRKH
AAGKPKPFKCRLCSQRFETREAATVHAKQHQTNFFKCGTCSMTFPKREMLVKHFEVHQSPSASTVSPKQSVSQNLNTQKLLQETIDEALSDSLPA
STAAVVATTESENNIRFFSCSICSLTFIQETYYNHHMETHRRDKKATSAGATALNSAATALLSDEPGEATGKAGDESGEQNAEADIESLFEKLHS
DKNESGEAPKPGSKGGEMVITSQEGSGGITFNITIPQPDGDQSQKDSPNTTAPVSVSIDMPNLDQAEDESQSQGSIDAKGESGEASSADSKSNAA
PVSMPSLDDDNEAAAAEAEASEETKTASKAGQEKAKAKAGESAKSKEAAAAEEPQPSDEGDVVAKREATDTPTTESEANATTAEAGESGEGEVTA
STGAEGEAGEAAGGEHVAMELDEAMQAQVEGGQIKFIVNENGHLLQLDNHILTDAEGNQIIVQDPEQIQQLLQSVGVLQSGEGLEGETLQMMTDG
SGQMVLVHGDNNEQQLIDASLLNSEGQLIIQQGQDGEEGAHVISEDGTRIPVSVSYTEDGQPIVQVQQQVLEAAQQAASASGGADDKEAAADSAG
EEVQVSEASSGTASTTVVATSTASSTGGPSGGSFFALEEFTETKTD*
(SEQ ID NO: 1455)

Name: zinc finger protein
Classification: transcription_factor

Celera Sequence No. : 142000013383919
TTGGCGCCGTCCAGGCTCGCGCCATTCACCTGACAAGCCTTCTAGCCAAAGGTAAGGCAATTGTTTATGCAATAGCCACTGAATCTCAAACTGTA
ATCCCCGCCAGAACGCCGATACACAAACAAACACGAGTGGGTGGAGGTGGTATCCGGCAGCAATGCCATAGTAGGCATCTCCAGCTACGCCCAGG
AGGCTCTCGGGGATGTGGTGTTCGCCCAACTCCCAGAACCCGGCACGGAACTCAAGCAGGATGACGAATGTGGGGCCCTGGAGAGCGTTAAAGCG
GCTAGCGAGGTGTATTCACCCGTTAGTGGCAAGGTAATTGAAAAGAATGCCGAGGTGGAGGACACACCGGCCCTAGTCAACAGCAGTTGCTATGA
GAAGGGTAAGATTTGCGTGAAGACCCCTTTTTAACTTCACTTGAAACACGTACTTTTCTTTTACAGGCTGGCTTTTCAAGGTGGACCTGAAGAAT
CCCAAGGAACTCGAAGCCCTTATGACCGAGGATCAGTACAAAGCCTTCCTGAGCAGCAGTGGGGATCACTAGAACCAGCAGCTAATCCTAACCCT
AAAGCATCTTGACTGTAGCCTTTAAAACGAGTAATTGTTAGCATTTGTTATCAGCTGAATAACGCTACACTCATACCCAAATATCACCAACCAAA
CTCATCGCCATACACACGTTGTTGTAGCTCTTGAAATTTGTTACGAATAAGAATCAACAATAAATCCAAATGTTATATTTAAATTGGGCATCTTG
ACCTGCGGGTGGCAGACGTCGTCTGCTCCCCCATGGAAACCTTCTAGGTGATAAGACCAAAAGACCGAAGAGAAAACGTGTTGAGAGTTGCTCAA
AGATAAGAAGTCACTCAACAGAAGATTAAGAGAGCGGACAAGGCACTCAGTTTCATAATAATACAGATCAGCTTAATACGGCGTGCTTGGCTGGA
ATTAAGAAAAAACATTTAACACTGTTGCTTGGACACGCGATGGCGCACGCCACGGCACTCAGCCATCACCTGATGGATTCGATGATGGACCGATG
ACACACCTACCTCTCTGGAAAGTTACGCCGTGCTCTGGCGATAAGGATGTCCAAGTCGCGCCTTGAAAATACATATGCCCGATCAAGTTGATAAG
CCTTACAAAAAGCGCCGCCCATGTCTCATTGAACTTGAAGAGCGTGTTCGCGGAAGCTTTTCCATTCGGAAAGCTATGGCAACGGAGGCGAAAAG
CTTGGCAGTAGCTCATTCGAATGGTCAGTGCTCAAAAAGAACTCATTCCGTGCGGTGCGAGAAGCGCATGCTGCTCGAGAACCAACCCCTGAAAA
TAATAAAAACAATCACACAAAGCTAAGGATAATTGCAAAACAGGATAATTGAAAACCTAAAGCAAGGAAAAACAGTTGAAGGACATACACAAATA
ACTAAAACCACAACTCAATAACAAAATGCCAGCGGAAAAATCAATATACGATCCCAACCCGGCCATCAGCCAAAATGCCTACATATCCAGCTTCG

Date Recue/Date Received 2020-12-30

AGGAGTACCAGAAGTTCTACCAGGAGTCACTGGACAATCCGGCCGAGTTCTGGTCCCGCGTGGCCAAGCAGTTCCACTGGGAAACGCCAGCCGAT
CAGGATAAGTTCCTCAAGTACAACTTCAACATCTCGAAGGGACCCATTTCGATCAAATGGATGGAGGGTGCCTCCACCAATCTGTGCTACAATCT
CCTAGATCGCAACGTTAGGAACGGCCTGGGCGACCAGATAGCCTACTACTGGTGAGTTCCCTTGCAAATCCTCGCTCACTTTCGCTCTGGGTGGC
GTAGGTCGCACGAAAACAAAAGTATTTGGTTGGCAGCGCAGGATTATTGATTTTTCGCCTGGTTACGAAACTCTCGCCTTGTGACGTAGAACGGT
GGTCTCCTCTTGCACAGGATTTACTGCGCAGGCACCATACCGAAACAGATGATAGCACTCCTTTGTATAATTTAAATACATATGTGCACAAGGAT
GCAGCTCAATGGCACATCCCACCTGCCATCGATTTTGGTTGAAGAATCTTCCCTTATTACCTTTGTGCCTGGTAATCTGAGCGATTATTTTCGTT
TTGATTGTCGCAAATAATTGGTTTAATCGTCTGCATGCCAAATGTGACAGTGGGACTAATGACCGATCAGTTCAACTTTGGGCGGTTTTTGGTTT
TCCAAATGCGCTTTGCTAGACACTCCGACTCTGGGTCAATGTCAGGGCTACTCTTCGTTCCTCGATACGACACGACCCTCATAAGGGGGTGACCC
GGCCATGCTTATTTATTCAGTTTAAATCGATTTACAATTAAACCGGTTGGGGAAGCCCTGAAACATAGAAGCTTTGGTCTTATTTGATTTCACAC
ACTGTTTACTGTGAGTAAGAATGTTTTTCTTTATTCATAAAATTAAATTTAAATGTCGGTTTTTTACCAATACTTCCAATTATTTTAAGTACATT
TCCTGTGTTTTTGAATGTAAAGCAAAGCTTAAGGGTCATTGTCAGTTGTGTTGTTAAGCTCACTAAAACATTAATAACTAAGGCAGCGTGTGGTT
TTTTTTATTAGCAGACCGTAATACTTGCCCCAAAAGTACAATATCCGTACTTTCTGATGTCTTATCTAATTGTCAGTCTATAACTCATCTTTGCG
TTTTTGTTTGTTTCTCCACACGAGGAGGCATTCATTCGTAACAAATTAAGCTAAATTAAACAATCGAATGCGATACTAACTAGGGACTGCTCCCA
CTGTATATGTTCTTTCCTCTTCAAATCAACATACTTCGGTGACTGCGATTAAGCAACAGACACTCCCTTTCGCTGATTAGCTACCGAGGAGGAGT
CCAGTGCCGTATATTACCTTATGAGGTTCTCAAGTGCCCACTCAAATCGCAATTAAATTGAAAAGCTCGGACTGGATGGACGGAATAAGTATTTT
GTTTTGGTTGCGCGAGAAGATTTTTTGTTGTTTTCAGACCCAAAGTTCACCGAGCAATGCGTCAGGGCGCAAAAAAACACAAAGTTAAACAAATG
TTAATGCTAATGAGCTTATCTCCGGGTTATCATTTGAGAGGCGGGTTAGGGGGCGGGGCACGTGTGCCGGAGGAAATGCAAATGAAAGTCAGGTA
ACTGAAAGGCAATTACAAGGTCATTGCAAGTATTGGTTCGCATTCAGCCTCGAACTTACGACGGCCCATCACTACTACTATTCTCGGCCATTTCG
CACTTTTGTTGGGAATTATTTAATCCCAGCCCACAATCTGTCCTCACTTTCCTCAGATAAGATAAAATGGGGAACACAGGCCCAAAAAGGCTGAA
AAAAAAACGGTGTGCACGTAATGAGTAATAATTAACGCTTTCCGAACCGCCGTCTCAGATAATTTTACTGCAAACCAAAGCAAGCTAAAATCTTA
AAAGTTATATGTCCCAGTTTTATTGCATAGATAGACGCAGCGAATCGGAAAAGCTGGAGAATCGGTTATTGGGAATTGGCTTTGGCCTGATTAAT
ATTGCTAAAATTGCGTTTTGGTGCAATTTATGTAATTTTTCAACTTGAAAAACAATATTTTGGGATGTCTTAAATATTTGTGTGCACCTTCCGTC
GAACTAAACAAGGTTGTTGTACCTTTGTCCCAAAATAACCGTTTCGAACCCAACCGATTTACGCAAACTGTTTTCAATTTCGAGAGTCGTTAGCA
ACAAAATTAAGTCGAATTAAACACACGAAAGCCTGAAGCGAAAGCCGAGCAATATTATGTAAACGATTTGACAAAGCGCGCAAATTGTTTATTCA
AATTAATGGAAGCGCGTCTTTGCGTTAAACAGTTTGCTATTTTTCCTTGCCTTTAATTTGTGTGTCAGTCGGCGTCTGGGCAAAAGGTGGATTAT
AATCGATATATTCACTGGGAAATTGAATAAAAAGATCCAAAACAGTTGAAAGCGTGTAAAAATGAAAAGTTTACCCAAAATTATCGAAATAAGGT
ATTTCTAATATTCCAGTGAGCGCCAACAGTTTTACAGCCACTGCGCGTCTAGAAAATCACGCGATCACATCGTCTGATTCACTCACAACCAATTA
GAGAGCCACTGTGCTCCCTCCCTCCACGCACGTTGAAAGACTAAGAGAGAGGTAGTGGTTGTTGTGGAAGGGGGGGGGGGCAGTGCTGCTGCGCT
AAAGTAGAATTGACTGTCTGTCTTACCTGCTAAGAAATAAGAGAGCCTCAAAAAACAACATGTAGCCAGCTACCTAGGCTACTTTTCTTGACTTA
CCTCGCTTTGTTATCAGTGTTTCCACCTGGAAAAGGTTGACAGGCCCATTTCCGTAAATTATGTAAGCGACTCTATTCACACAAATCAAAGATGC
GCCAATCCGTAAAAACAAATAACCGATCTTTAGATAAACATAGTAGATGAGCATCGTACGATAATGTCTCTCAAACTGTAGGGCCCGGGCAGACA
CGGAGACGCGATAGAGAGAGATAGAAGAAGTCACCGCAAGAAATCAGATGGTTTTGTGGCTAAACAATTTTTGATCTTAGAAAGTCTCAATATTA
CTGCTTGAGTTTGTTTGGAGAGTATCTACAAGCATTTTGTAACAACTAAAAAAATTCCGTCAGAACGTATGGTAAACAATTCCGTGGGATTTTAA
AAAATCACTCAGTTTAAGGCCATGTAGGTTACACAAAGTAATTTTTTCCGCTCATAAATACGAGTGCTTGAGAAATTAATAGTAATAGGAAATCT
AACAACAACCGATGCAATAAAAATCACACATCTTAAGTAAATATAAATTGGTTTCTATCAGCATTTCCTAAGCAAATTATTTTCAGGCGTTTACT
AATATTCAAAATATAGTAAGCACAAGGATATTTGTACAGTGTAGGAAAGAAACCCAAAACATTCCATGCGATCAATACGACACGCGAATCAACAG
CTGATGTTATTGTTATTAAGATAAGTCGCCGGCACTTATTGTTTTTTCCATGGATTTTAGGCCATTCCTCATCATTTTTTCATTTTTGGCTCGCA
CGTGTGGTGAGAGTGGCTGTTTCTAGTATATTTTCGGATTTTTGATTTCTGATAAGCGGGAGACGGCCACGCGTCTTCCCTTGGTCAAGAGGTGA
ACGGTAGATGGCGGACCGGGACGGTGCATGAGGTGTTTCTAAGGCGGCATGGAAAATTTCTTGTCTGGCGATCCGGCGGCGAGATTAGGAGGCGA
GTGGCCCGATTACGCCTCTAAATTGGAAATTAATACACTCGTCGCGACACATTTCTCCCACTGGTTTGATTACTCATGCGGAGAAGGAGGAGGCG
CCTCTGGTGCTCCAAACTCTGATAAGTGGAGAAGACGTCCGCAAACACACAACATAGTTTTCCGTGACTGATGGGAATTTCGGCCCAGTTTGGCA
ATCACCATATACATATATATTATAAGTTTGATTATATTTATTTGATCTTATCCATAACAGTGATGTTGACGTTAGATGGCTGTCAAGGTGGAGAC
CAAGGTTAAGGACAAACAGTCTGTTAAGGGTAGACGTTATCAAAATTTGTAAGCCTGGAAAATTCGGCACATTTCAATATAGGCGATATTAATCT
GTACGAAGGGAAAAATGATCTGTACCTGTCTTCGATTAGTTATGTCTATTGCTTATAACATTCTTTTTATGAAATTGCTGGTTTGTGGGGATTAC
AAATGACATTAGTTTCTGATCGTGATCCCTTTTTCGGCCTGCGGGCTTCACTTTGGGGATCCAAATCTCCATTGGGGATCCCTCCTTGTTGGCAG
CTGCGAGGAGTACCGACTCCAGTGCATCGGCATAGCAATCGATGTCCTCCCTGAAGTTGAGCTCCTGGGTTAGTTCAACGCGGGAACTTTCATAC
TCATTGGTTTTAAGTCAGGTGGTTTCCGGGCTTCGGAGAAGAGTTATCAGCATTGGTAAGTGTTCTCCGATGATAAGTCCAATTGCGTGTTTGCA
GTTATTAGATTGTGAGACATGTTTCTTGCCACAAAAACCCAATCAATCAAAATTTCTAACATCTGTAGGCCAGTATTTAGGACTGCCTGGTAAAC
GCAGTCCAGTTTTTATGATTTCAATATGGTTTCCTTTCTTTAGGGGTCGTCGGGCAAAATCCCCCAATGAATACGGGTGTCAGCCCTAATCTCCG
TCGCATACTGTCATATTTGGCCAAGAGCAAGACTCTAAAGTATAGATAGGGTCCAGGAAGAAAATGACTAAGCTCGAAAATAACAGCTCGAGTCA
CAATCGAGGGGTGTTTTCATTGCGTATTTTATTTATTTTTACCAACTTACTAATTGACAAGTACAAGTACAAACAGGTATTTCGTTCAAGTGGAA
TATCATTTCACCGGGGCGGTTTTGGCCCAGTTGAATCAGTCCAAACCCCAAACCCCTTCGCTGGGCGAACTTTGAACACAGCGGTACTTTGACAG
TCAGCGGTACTAAAATAACCCCCAAAAAACGTCACAAGGGGAGCTTTTGCCGTTGTTCCGACTGCTTCCTGCTTTTCTCTTTGGCCATACACATT
TTGGGCCAAAATAATAGACGCTTTATTGCCGGCTAATTCTAATGCTTATCGCAGGCGACGGACAACAGGTGATGATTTACACTCCGCTGATTGCA
TTGTCTGCCTTTCTAGTCCACCTGTCGTGTAGTTTATTACTGTTTTCTGCGTTGCTAATCTGCCTTGACCTCCACAACTGCCATGGAAATGGCTT
TCCCCATTACTTTCATAGTTTCATGACTGACCGTCGGCGATCGCGAGTGTTTATATCCGTTTTGAACGCCGAAACCGTTCACGATTTACCCCAGT
CACGAAATTTGTTTACCCATTCAAAGCTTTCAAAGCTCTGACACATTCCATTTAGTGTTTAATTTTATATTCATTCATTTAATAGCAACAATTAG
GGAAGCATTTACATTGCCTCATATATGTATGTGAATTTTGGATTATTAGGATTGGAAATGCGATTCGGTTTTATTCTTTTATTTATTTTTAGATA
CATACCTTAGTTGTACATAGTTTTGGTAACTTGTGTACTCGTTCAAAGACTTTTTGCAGCTGCTGTAAATAAAGTAAAGTAGGTTATTGGCACTG
GCTTCTGTTGCCAAGTTCAGAACAAAAAGGGAAAGGCATACAAAGTATATACAATTACACAATGCTAAGTCATATTACATATGTACACGGTAGGA
ACACAAGCGGCACACAAAAGGGGATTGGATTTAAATGCATTTTTAAATATTTTGTTGGAAATCTTACCGTAGCTCTAAAATATCTCTTTGAAATT
AGGTGACAATTTGAGTTCAGAAAATCGAATTAAGTCGGGTGGGCAATTAGGAAGCCTCGCATAAAAGTAAGTGATCCAATTATGGTCGGGGTAAT
TAGCCCAATTGTGGGGCACCCGGTATGCGGCCACCCATTTGAGAACGCCATCGGCGCGTGCTCAATGTAATACTATAGAAGGAATACTAAGTATG
TGTTTCCTCACGGTCGTGTTTCTTTTTTGACATTGTTTCAGGGAGGGCAACCACCCCGACGATTATTCCCGGGGTCTCACCTATCGCAAGTTGCT
GGAGGAGGTGTGCCGCTTCGCCAACGTGCTGAAGGATCATGGCATTCGAAAGGGCGATCGTGTATCCATTTACATGCCCATGATTCTGGAGCTGC
CTATCGCGATGCTGGCCTGCGCTCGCATTGGAGCCGTGCACTCGATCGTATTCGCCGGATTCTCACCGGACTCACTGGCGGAGCGGATGTTCGAT
TGCAAGGCCAAGCTGCTGATTACGGCGGATGGAGCCTGGCGTGGAGAGAAACCCCTGTACCTGAAGGCTCTGTGCGACACGGCCTTGGAGAAAGT
CGAGGAGATGGGGCACTCCGTGGAGAAGTGCATCGTGGTGTCGCATTTGAAGCGAGTGACTCCGTGCCAGCCGGATCATGTCGAGGAGGAAATCC
CATGGACCGATGACCGCGATTACTGGTGGCACGAGGAGATGGAGGACAAGGAGCCGGCCTGCTATCCGGAGTGGATGGACGCCGAGGATCCATTG
TTCATGCTCTACACCAGTGGCTCCACTGGCAAGCCCAAGGGAGTGCTCCACACGACTGCCGGATATCTGCTGTATGCGGCCACGACCTTTAAGAT
CGTATTTGACTATAAGCCAGGGGATATCTACTGGTGCACCGCCGATGTTGGCTGGATCACGGGACACACCTACGTGGTGTACGGACCATTGGCCA

ATGGAGCCACTTCAGTGATTGTAAGTGCCTGATTAGATCTAACAAATAATGGATTTTTTCTGACTAACTGTCCCTATTACTTCGTAATTGCAGTT
CGAAGGCACACCATTCTTCCCTGGAAACGATCGGTACTGGAGTGTCATTGACAAATATAAGGTAACTCAGTTCTACACAGCTCCAACGGCGATTC
GTGCCCTCATGAAGTTCGGCGAGGGTCCCGTTCTAAAGCACAACCTGAGCGGACTCAAGTACGTTTATTTATACTTCTATAACAATTTTCGTAAT
GACTTTATTCATTTGCAGAGTTTTGGGCAGCGTGGGTGAGCCCATCAACCCGGAGGCCTGGCTCTGGTATTACAAATACATTGGAAAGGAGCAGT
GCTCCATTGTGGACACCTTTTGGCAAACGGAAACCGGTGGTCATGTCATTACACCTCTGCCTGGAGCGACTCCCATGAAGCCGGGATCTGCTGTA
AGATAAATCCTTTGGCTAGTTGATGTCAGTACTAAAATTTATTGTCTTCTACTCTTAGTCATTCCCCTTCTTTGGAGTGAAGCCCACTTTGCTGG
ATGAGTGCGGCATTGAAATTAAGGGGGAGGGAGAGGGCTACTTGGTCTTCTCGCAACCTTGGCCGGGAATGATGCGCACTTTGTACAACAACCAT
GAACGCTTCGAGGACACTTATTTCTCCAAGTTCCCAGGCTACTACTGCACTGGCGATGGTGAGTCTTGAAGTTTTAGACTGTTTTTCATTGTGAT
TTTAAAGTGGATTAGGATTGTTAATTATTTATGTTTGCTTTGATTTTTTTCGCACAGGAGCCCGACGCGATGCTGACGGCTATTTGTGGATCACT
GGTCGTGTGGACGACATGTTAAACGTGTCCGGGCACCTGATGTCCACTGCCGAGGTAGAGTCGGTTCTCACAGAGCATCCTCGCGTGGCTGAGTC
CGCCGTGGTTTCCCGTCCGCATCCCGTCAAGGGCGAGTGTCTCTACTGCTTCATAACGCCGAACGAGAACGAGGTATTCGACCAGAAGCTAATTT
CGGACCTGAAGAAGATGGTGCGAGAACGTATCGGACCTTTTGCCATGCCGGATGTCATTCAAAACGCTCCCGGACTGCCCAAAACTCGTTCCGGC
AAGATTATGCGTCGTGTGCTGCGCAAGATCGCGGTTAACGATCGCAACGTGGGCGACACATCTACCTTGGCCGATGAGCAAATTGTGGAGCAACT
GTTCGCCAACCGGCCAGTGGAGGCCAAGTAGATGGTAGCTGTTGGACCAACTGGCAGCAGCCAGGATCCCTTAACCCAAGGCTTTCTCCGGTTGC
ACTGACCACTCCACTTTGCCATCGCATTTCCACCACTTACGTATCGCGATTACGTATCCTGTAAATCTCCCTCTACTTATATGAATTACCCACTG
CTTAATGTTTGTTCCGTTCCGGGCTACGGCGTGGTTAGCACCTTTCAAATTCTACTTAGCTCGTAAGCCTAAGCGTGTGCGTAAGTAAGTGACTG
GATGGTTTCCGATCCCAGTTATATATCGTCTATATGATTTTGTGTACTTGCCTGTTCATCGTAGTTGACATGCTCACCACGCACACATTTTCCAG
TTCTTTTGTTTCTTCGTTGTAGTCGTAGTTTAAGTTCTCGCTAATTCGTTGTGATACAAATTTAATTATATCTTACTTATGTATGTATTTTTAGT
AGAATTGATATGAGACAAAATATATACACGATTCCAATTGTCGCCACAATTTACACAGATCACCTTTTTTTAGTTGTATCTTTTTTTTGTAGTGT
TTCTTTCACACCTTTTCAGATCTGAGGAGATGCGCACGTAAGTTCGGAAACCATAGGGGATATCGGTTTCTTCCCCGTCCCATTAGCCCATAAGT
TTGAGAACGATACATATCTGTGTGGCATTATGCTTGCCACATTCCTACATACGATCTACATGTTAAAGAGAACCACGCGGATATACTATATACAC
TATATATATATATATGTTATAAGGTCAGAAGACTTACTGCAACGAAACATATCATTGAAGTTACTGCTGCAAGCCTATGGATATTATAGAAGCTT
TTATTGTTAGAGATCGTTATCTTGAGGGGAGATCGGCTAGAAAGTAATGGATATCTTGGATTGGCTGATTAGGGGCAGCGGTGCCCAGTCTGAAT
GTAAAAAGATTGTTAGTTATACAGCGATGGCGAACGAAAGATTGCAATTTACATATCTATAAATATATATATATATATTTCTGTATATGAACATA
TGTGTATAATAAAGTTTATTGTTTTAATGTGTTTGAACCTGCAAGTGCAACGACTATATTTTATAGTTAGAAATTCGTATGAAGTGTCAGTCCTG
AGAATTAAGATCGCACTAGCCGAGCATGATACTTCCTTGTGAATCAGTCAACTCTCGGCCTTTGTCACACTTGTTTTGCTGAATTTAGGCTCGGT
CTTTCAACACCTTGGTGGCAGTAACAGATCTTTGTCCGGGTTGTTGTTTGGGGCTGTGGACGAGCACCACCAGAATGGTCGACGAAAAGCTACCA
CCAAGCAAGGAACCGGCTGAACGGCCTCCAGACCAGACCACCCCCGGAAACGCGGCTACCCGATTCGGCTTGGAGGATCACGAGGCCACTCAGCA
GGATGCCCGGGTGAACA
(SEQ ID NO: 1456)

Exon: 1001..1761
Exon: 7547..8285
Exon: 8359..8513
Exon: 8569..8737
Exon: 8799..8988
Exon: 9083..9942
Start ATG: 1451

Transcript No. : CT23612
CACGGCACTCAGCCATCACCTGATGGATTCGATGATGGACCGATGACACACCTACCTCTCTGGAAAGTTACGCCGTGCTCTGGCGATAAGGATGT
CCAAGTCGCGCCTTGAAAATACATATGCCCGATCAAGTTGATAAGCCTTACAAAAAGCGCCGCCCATGTCTCATTGAACTTGAAGAGCGTGTTCG
CGGAAGCTTTTCCATTCGGAAAGCTATGGCAACGGAGGCGAAAAGCTTGGCAGTAGCTCATTCGAATGGTCAGTGCTCAAAAAGAACTCATTCCG
TGCGGTGCGAGAAGCGCATGCTGCTCGAGAACCAACCCCTGAAAATAATAAAAACAATCACACAAAGCTAAGGATAATTGCAAAACAGGATAATT
GAAAACCTAAAGCAAGGAAAAACAGTTGAAGGACATACACAAATAACTAAAACCACAACTCAATAACAAAATGCCAGCGGAAAAATCAATATACG
ATCCCAACCCGGCCATCAGCCAAAATGCCTACATATCCAGCTTCGAGGAGTACCAGAAGTTCTACCAGGAGTCACTGGACAATCCGGCCGAGTTC
TGGTCCCGCGTGGCCAAGCAGTTCCACTGGGAAACGCCAGCCGATCAGGATAAGTTCCTCAAGTACAACTTCAACATCTCGAAGGGACCCATTTC
GATCAAATGGATGGAGGGTGCCTCCACCAATCTGTGCTACAATCTCCTAGATCGCAACGTTAGGAACGGCCTGGGCGACCAGATAGCCTACTACT
GGGAGGGCAACCACCCCGACGATTATTCCCGGGGTCTCACCTATCGCAAGTTGCTGGAGGAGGTGTGCCGCTTCGCCAACGTGCTGAAGGATCAT
GGCATTCGAAAGGGCGATCGTGTATCCATTTACATGCCCATGATTCTGGAGCTGCCTATCGCGATGCTGGCCTGCGCTCGCATTGGAGCCGTGCA
CTCGATCGTATTCGCCGGATTCTCACCGGACTCACTGGCGGAGCGGATGTTCGATTGCAAGGCCAAGCTGCTGATTACGGCGGATGGAGCCTGGC
GTGGAGAGAAACCCCTGTACCTGAAGGCTCTGTGCGACACGGCCTTGGAGAAAGTCGAGGAGATGGGGCACTCCGTGGAGAAGTGCATCGTGGTG
TCGCATTTGAAGCGAGTGACTCCGTGCCAGCCGGATCATGTCGAGGAGGAAATCCCATGGACCGATGACCGCGATTACTGGTGGCACGAGGAGAT
GGAGGACAAGGAGCCGGCCTGCTATCCGGAGTGGATGGACGCCGAGGATCCATTGTTCATGCTCTACACCAGTGGCTCCACTGGCAAGCCCAAGG
GAGTGCTCCACACGACTGCCGGATATCTGCTGTATGCGGCCACGACCTTTAAGATCGTATTTGACTATAAGCCAGGGGATATCTACTGGTGCACC
GCCGATGTTGGCTGGATCACGGGACACACCTACGTGGTGTACGGACCATTGGCCAATGGAGCCACTTCAGTGATTTTCGAAGGCACACCATTCTT
CCCTGGAAACGATCGGTACTGGAGTGTCATTGACAAATATAAGGTAACTCAGTTCTACACAGCTCCAACGGCGATTCGTGCCCTCATGAAGTTCG
GCGAGGGTCCCGTTCTAAAGCACAACCTGAGCGGACTCAAAGTTTTGGGCAGCGTGGGTGAGCCCATCAACCCGGAGGCCTGGCTCTGGTATTAC
AAATACATTGGAAAGGAGCAGTGCTCCATTGTGGACACCTTTTGGCAAACGGAAACCGGTGGTCATGTCATTACACCTCTGCCTGGAGCGACTCC
CATGAAGCCGGGATCTGCTTCATTCCCCTTCTTTGGAGTGAAGCCCACTTTGCTGGATGAGTGCGGCATTGAAATTAAGGGGGAGGGAGAGGGCT
ACTTGGTCTTCTCGCAACCTTGGCCGGGAATGATGCGCACTTTGTACAACAACCATGAACGCTTCGAGGACACTTATTTCTCCAAGTTCCCAGGC
TACTACTGCACTGGCGATGGAGCCCGACGCGATGCTGACGGCTATTTGTGGATCACTGGTCGTGTGGACGACATGTTAAACGTGTCCGGGCACCT
GATGTCCACTGCCGAGGTAGAGTCGGTTCTCACAGAGCATCCTCGCGTGGCTGAGTCCGCCGTGGTTTCCCGTCCGCATCCCGTCAAGGGCGAGT
GTCTCTACTGCTTCATAACGCCGAACGAGAACGAGGTATTCGACCAGAAGCTAATTTCGGACCTGAAGAAGATGGTGCGAGAACGTATCGGACCT
TTTGCCATGCCGGATGTCATTCAAAACGCTCCCGGACTGCCCAAAACTCGTTCCGGCAAGATTATGCGTCGTGTGCTGCGCAAGATCGCGGTTAA
CGATCGCAACGTGGGCGACACATCTACCTTGGCCGATGAGCAAATTGTGGAGCAACTGTTCGCCAACCGGCCAGTGGAGGCCAAGTAGATGGTAG
CTGTTGGACCAACTGGCAGCAGCCAGGATCCCTTAACCCAAGGCTTTCTCCGGTTGCACTGACCACTCCACTTTGCCATCGCATTTCCACCACTT
ACGTATCGCGATTACGTATCCTGTAAATCTCCCTCTACTTATATGAATTACCCACTGCTTAATGTTTGTTCCGTTCCGGGCTACGGCGTGGTTAG
CACCTTTCAAATTCTACTTAGCTCGTAAGCCTAAGCGTGTGCGTAAGTAAGTGACTGGATGGTTTCCGATCCCAGTTATATATCGTCTATATGAT
TTTGTGTACTTGCCTGTTCATCGTAGTTGACATGCTCACCACGCACACATTTTCCAGTTCTTTTGTTTCTTCGTTGTAGTCGTAGTTTAAGTTCT
CGCTAATTCGTTGTGATACAAATT

(SEQ ID NO: 1457)

Start ATG: 451

MPAEKSIYDPNPAISQNAYISSFEEYQKFYQESLDNPAEFWSRVAKQFHWETPADQDKFLKYNFNISKGPISIKWMEGASTNLCYNLLDRNVRNG
LGDQIAYYWEGNHPDDYSRGLTYRKLLEEVCRFANVLKDHGIRKGDRVSIYMPMILELPIAMLACARIGAVHSIVFAGFSPDSLAERMFDCKAKL
LITADGAWRGEKPLYLKALCDTALEKVEEMGHSVEKCIVVSHLKRVTPCQPDHVEEEIPWTDDRDYWWHEEMEDKEPACYPEWMDAEDPLFMLYT
SGSTGKPKGVLHTTAGYLLYAATTFKIVFDYKPGDIYWCTADVGWITGHTYVVYGPLANGATSVIFEGTPFFPGNDRYWSVIDKYKVTQFYTAPT
AIRALMKFGEGPVLKHNLSGLKVLGSVGEPINPEAWLWYYKYIGKEQCSIVDTFWQTETGGHVITPLPGATPMKPGSASFPFFGVKPTLLDECGI
EIKGEGEGYLVFSQPWPGMMRTLYNNHERFEDTYFSKFPGYYCTGDGARRDADGYLWITGRVDDMLNVSGHLMSTAEVESVLTEHPRVAESAVVS
RPHPVKGECLYCFITPNENEVFDQKLISDLKKMVRERIGPFAMPDVIQNAPGLPKTRSGKIMRRVLRKIAVNDRNVGDTSTLADEQIVEQLFANR
PVEAK*
(SEQ ID NO: 1458)

Name: acetyl CoA synthase
Classification: enzyme
Gene Symbol: AcCoAS
FlyBase ID: FBgn0012034

Celera Sequence No. : 142000013384612
CCGGGAGATGGAAACAATGCGTTTGGGAGAACATGGGAAAGAGATCTGGGGATCTGAAGATACATATGTATATTCAAACAACTCAGGCTGATCAA
ATAGATTGATAAATTCAAACATATTCCACAGCTGTAGGTGAATTTTTTCGGCCCACTTGTTCTAATAGAGTTAGAGAAATTGGGTTTGCTCAGCT
TTTTTGGGCACAGGGCCACATATGTACATATCTAATACTCACCGTCTTTTGACGCTTTTTGCTGCTCTCCGGAACTTCACTCATTTCTCGAGGGG
AACTGTGCTCGCCTATTATGACCCACCAAAGTAGCACGTCCTCCTGCCAAGCAATTCCAAACAAAACTGCGAAAAGTAGTACTTCGAGTCGGAAT
TCGGTGCAATCGATGAATGAAGTGCGCCACGGAAGTAACCGTTGGCTGGCTTACTGTTTTCCAAATAGGTGTAGCACTCGCAGCAGCTGGACTAT
TGCACTAAATAGCTTAAAGTCTAGTTATATCGCAAGCAAACGTTTAAATTTGGGATACGAGAACTGTATTATTACTAATTCACATGCACACAAAC
ACCCACGCACACCAACGCAGCCATCGGCGCTCAGCTGATTAGAGGTGGCCCAAGTGTACGATGGTTAAACGATAGCCCACTACATTGCTAATGTA
AAAACAAATTTATTAATTTAATTAATATTTTAACTAAACTATCGCATAGTTGTAAGAAAAATTCCAATTGCAAATTAAATTAAAGTCAATACTAC
TTTTTTATAACCGCTTTTTAGTAACCCATTGAAACATAACTTATGTTCCAATGGATGAAAAAATAGACAAAAAAAGTTGAAACTTTATTAAAATG
TAGCTGCTAAATATTTAATATTTTTGTAATATCCCAAATCAAATTTGTATGAAAAACAAAGTTCGTTCTGAATGTACGTTTATTGCAAATTCATC
TGATAAATAAAGGATTAGGACTAGGCTTACGATTAAGAAGTGTCTTCGATCTAGTACGGTGGTGGTTGATACTGCTGCTGGCCCATCATGTTCTG
CCGCTGGAGCTGAGCCACCAGATTCGGCGTTTGTTGCTGGTTCATGCTCTGCTGCTGCGGCACCATTCCGCCTCCGGCGCCACCGCCAACGGCGC
CACCCCCCTGCTGAGGCCCGGCTCCCATGCCGCCGCCTGCCCCACCACCCATACCCTGCAACTGCATCATTTGGTGCCTCAGCTGCTGTTGTTGC
TGTTGCTGCTGCTGGAACTGCTGCTGGGTGTTGAGGACGCCGGGTTTGCCTCCTCCCGCCGACTGCTGACGGGCGTACGGAGGCACCTGGCCGAC
GACGCCACCCGGCCCCGGACCCATCATGGTGGACATGGTTACGTTGGGCGCCTGGTTCATGTACTGGTTCCGGTTGCCGGCCATCATTCCTCCGG
GAACAACGCGCTGTTGCTGTTGTTGTTGCTGCTGCTGGGCAACCGCTGCGGCGGCCATAAAGTCGGGATTGTTGCGATTCCCCTGCTGCATC
TGCGGATTGAAGTTGCCCATCATGTTGGCCTGCTGCTGTTGCTGCTGATTGGGCGCCATGCCGACGCCCACTCCAACGCCTGCTCCACCGCCCTG
TTGCTGCATGCCCTGCTGTTGCTGCTGCTGGTACTGATTCTGGAAGTTCTGGAACTGCACCTGCTGCTGCGGCTGTTGCTGCGGCTGCTGTTGTA
TCATGCCTTGCTGAGGCATGCCTCCCATGCCCATGTTGGGATTGTTGCCGGCACCGCCAACGCCGACGCCAACACCAACGCCCACACCGTTGCCT
CCCTGAGCTCCACCGCTCTGCATCATTTGGTTGGCATTCGGGTTGACCATGCCCACCATATTCTGTGGGATTTGTTGCTGCATCATCGGATTCTG
CGACATGCCTTGACCTCCCATGTTCATCTGATTCATCTGGTTGGGCGCCATGCCGGGTCGCATGTTGCCGCCGCGCATGAACTGCTGCTGTTGCT
GCTGGTTGGGATTCATCTGTTGCTGCTGGGCGTTCTGCTGCGGCTGCTGCTGCATGGCGTTGAATGCAGCGACAGACTGAGGATTTTGCTGGGGA
TTCATTTGCTGCTGGCGCATTTGGTTGGGGTTCATCTGCTGCTGAGGACCGGGCTGTTGTTGCGAAGCCTGTGGTTGTTGCTGCATCGGATTGAA
ACCACCCCCCGGACCCTGTTGCGCTTGCTGCTGGAATGGTTGTCGTTGTCGTAGCATCTGTGATAGCGCCTGCTTGGAGTTGGCATTCAACGGCG
GGCGCTCGATGCGATTTGCTGCAATGGTAAGTGACACGGATTACAATCTTTAACCGTATATAATATCAAACACTCGACTTACACTGCATGTTCTG
CTGATGCGGAGCGTATTGGTTGTGGTACGGTTGTGGCGGCTGCTGCTGCTGCGGCGCATTGTGCCACTGTTGCTGCTGGCCAGGCATACCCTGCG
GTCCGGCTCCACCGCCCCCTGGTCCCTGCTGCATGAAGTTCATCTGGGGATTTGGCTGCCCGTTCCCACCGCCCACATTCAGCTGCTGCTGCATC
GGGTTGTTGCCCATTTGCTGCATCTGCTGCTGCTGCTGCTGTTGTAACATGGCATTCTGCTGCATCATGTTGTTCGGATTGGGTGCAAACTGCTG
CATGTTCATCTGTGGAAAAAATTTATATGAGTTATAATTTAAACTCGAAGGTAACAGAAGAATGGTTTAGCACCGAAAAAGGTTAAGAAAATCTG
GATTACAAGTTTACAACTTTCGAATTTTTCTGCCATCATGTTGCTTTAAGAGGCTTGCTTCGATTCCTTCATAAACCAAATCTAAGAATTTAACT
ATTAACGAAAACAATTTTATTACCGGCATGTTCATTGGCATCTGGCCCATTTGGTTGGGCTGCATCTGCTGCTGTTGCATGTGCTGCTGCTGCAT
GTGCTGCTGTTGTTGCTGCTGCTGTTGCAACTGCTGTTGCTGCACATTCTGCGGCTGTTGAGGCTGCTGTGCCAGCTGAGGCTGCTGTTGCTGAG
TATTGACCACCGGTGGCGTTTTCGGGTTCTTCGGCTTGCGTTTCCGCGTGGTCGTTCCCTTGCCGCGACCTCTTCCCGTGCCGCCAACCACAGCG
CTTGGCGACTGATCCACCGACGAGGGCGTGTCCGCCTTCATTTCATCCTTCTACGAAATAGAAACAATGCATTTAGAAAGGGGCAAAGGGAAATG
CAAAAGGAAATACAAAATGGACTTACTATGCAAATCTTCTCGGGAACAGGCTCAATGTCTTCAGGTGGCAGTGGCAACGGTTCATAGTAATAACT
ACTGGGCTTGACCAGACTGTGCGTGTGATACTTCAGGTTGCGGTGAGCCTCCTCGTAAGTAAGGGGCTTGCGCTCCAGCTTGACTGCACCAAACC
ACACCCAGGACAAAGGAGCCGGGTTCTTGTGACCCTCAAGGATGTCCCACACGCTGATACGCTGTTTGTCCGAAATGCGTAGTTGTTTTTTGTCT
ATATCGCAGATCTTGTTGCCCTTGGTGTCCATTCCAGAGTGTTCGCACGCAATCACCTAAAGGGAGAAATACCACTCAGTTTCCAAGCTCGTTCA
GTTTTGGGTCATCTACTCACCTCAGTAGGCTGCTTGTAAAGTGGAAGAAGCTGCCGAATAACCCGAATGGAGGCGTTGTTCTTCTCTCCGATTTC
CTTCTTTAGCTTCTTCATCAGGTTCATGTAGTGCCTCTCGTCATCAGAGACCAGCGTTGAGTGCACCAATGTGGCCAACATGTCCACAACGGTGG
TGAACAGCTCACGATTGCAGCTGAGATCTACCACGCCCTGGCAAACCAATTGGGCCAGAAGAATAGCCCAGTCTGTGGTGGGGGTACTGTTCTTT
TGGATAGCCTCGAACATGCCGCCCACCAGCGAAAAGCGCAACTGCAGCGCATCGAGGATCTCCTCGCGCGCCTGCGGCTCATCAATGCCACCGAT
TGTGTCCAGCTAAAAGGAGTCATGTTACTAGTAAGTTTAACTTTAAGGATAGAAAGTAAACACTCACCTCAGCAAAGGATTGCAGACATTGTGAT
AACTGGGCATAGAGCGAAACCAGTAAGTTTTCCTTGTACTCGTCCTGGCCTTTCAGGCAAGTTAGGATGAGACCCAGGAAAGGCTGATAATCAAG
CGGCATCTTCTTGTTGCGTGCGGGCACGCCGCCCAGTCCATAGCTATTGCTACTGTGACAACTGTTGCTCTTCTCGCGCTCGTCACCACTGCCCG
AGCTATTGCAATCGGACTTGGACACCTTGGAGAAATAGTTCATGCTCTCAAGAACCTGACCAGCCACTCGAAGTATCCTGCCCTGCACCGCTGGT
GTTAGTTTAGCGATGAGTGGAGCCACTAGCCAGGTGGACGGTTTGGGTTTGTGGGTCGCCTTCACGGCACCCGGCAGGACAACTTCCTCCATGTG
GAAGACGTCGATTGCCGCGCGTGCCACTGTGTCGAGCCAAACATTAAGCTCCGCGTTGTTGCTCAGCGATTGGCGGTACATAAGCTGAAGATCCA
GCCACGAGATACGCAGTGTCCACTGTCCGAGATTCTCTAGTATGCGTACGATCATTGAGCGCTGATCCAGTTCGGAGATGATGTTAAACTCAGGC
TCCGGATAGCAGATCATGTGCAGAACCCGCTGTGCCTGTTTCGCGGTCAGCATTTCGTCGATTATCATGTCGCAGAGTTGCTCTGCGTTCTTTAG

GCATCTTTCCAGAACGTGTTCCTGGGCGCAGATCTGCTTGAGCACCGCCTGGGCGAACTCCAACAGCGAGATCTGCTCCATTCCTCCGACCGATG
GCTGTTGCAGGGCTTCGGGTTCGCTTGTCAAACTGCTGCCCAATTGTAAATCGCTGGTGCCCAGGATCTGGCTGAGATCGGCCGGTCGTTGTTCG
TTGCTCTTGGGTGTGCTTCCCGGATGGACCGGTGTATTGAAGCCACTACGCTTGCCGCTTCCAAAAGCTCCGCCCAATCCGCCAGAGGAGGTGCC
GCTGCCGGAAGCCAATGGTGTTTTAAGCGCCGCATTGTCCACAACAATGAGAATGGCCTTGAGCACGGCAAGCACTGCGGCAATGGGAATGGTCT
TATGGGCACCCACCAGAAGATGACGATCGCAGCTCAGCCGAATGCTAAAGTCGTTTCCCACAGCGTGCAGTGGATTCGGGGAAGTGCTTACCGAG
TACATGCCAGGTTGAGGAATCTCCAAGGTCTTAAACAGCTTCAGCACCAAGTGACATGTAAGACGAGCACCTGCCTCTGCATCTACACTCAGTTC
GGCTCCACCAGCGCTTACCGATCGGGCCAATGTAGGCAGGGCGAACTTACTTACAAAGTCGGCTAGTGAGAAGCAATGTCTGGCCACCAGAATGC
ATACGAACACGGCCAGGGCGTTGTGAGTCTTAAGTTGTCCAATGTCGACCTGTCCGCCCAGGTGCGGATAACGCGGACTCTTACTGCCGCTGCAC
AGACTCTGCAGTGCGTATATCCACTCCTCAGACAAGACGTTGCAGCTGGCGGTCAGTTCGGCACATGCGAGGGCCACATCGTTCAGCCGCTCGTT
GTCCGTCTCTCGGCAGACGGCTATTAATGCGTTAGACACGAAACTGTATACATTGGCCGGCGACTCGTGCAGGGTTCCCAGCCAGTGAGGATCCA
GTTTACCACCGCGTCGAGGGGCCATGAAAAGCTCCTGCAACAACAGTGGGTTGTAACCCTGAGGTGGTAGGCTAAATAAAAAATGGTAATATTTG
TTAATATTATATATTATATTATTGGGGAAGAACTTGCGATCTAAACTCACTCAAGCTGCTCTGGAGTGTTGAATATGTCCTTGAACCGCTTGATG
CACTGCAGCTGCTGGTAGTACTCCGTGGATTGTTCCTTTCCCTGGAGCAAAACACACGACTCGTGTAGGTCGCTCAGGTAGGCAATAATGCAGCG
CTCCGCCGAAGTGCACTCACTCGGATTCGATACGTGCCGAATGGTACGACAGACTCCCTCAAAAACAGACAGCGTCTGCTCCGGTGAAAGAAGAA
GGCAGCTGTGGTAGCGGCCGCAGGATGCTGACGATGTAGAGGGCAAGTGAAGTGGTGTAACTGCGCACTAGGTTTGACTTCTTTAGCTGCAACTGG
TGCTCCACCTCAGGCAACTCCTTCAACAGACTATCGCACAGTTCCAAAAGACTGTAGATATTAAGAGCCAGCTCCATCAGATCAAAGAGGAACGC
CACGTGCTCCTGTACCGGCAGGTAGTTGTTGTTCCCTAACGCGAATCCGTTCAGCTGCTCCAGGACATTGGCCGCACATTGGGCTGTGACCACAT
GCTGGTCGAAATAAGCCATCTGCTGGCACTTGGACGTGGTAGCTTCGAAGTTAAACTCGTTGCGCGAGTGCTTCTTCACATGACCGGCCGCCGCC
ACATCTATGCTAAACTTTTTTGTGAAAAGCTTTCCAATTTCCTTAGACATCTTCTTGACAGCATGCTTCTTCTCGTCCCTCTCTTTGCCGACTCC
GAAGAGCAGGATGTATCGCTGGTTGCTTTCACTGCTGTAGCTGCTCATGCTGGGATCATCCTGGGGGATGGGGAAGTGCTTGGTGTACACGTAAT
GCCGCGATATGCTACCGCCAGGATTGGTTTCTCCATCGCCTGGAGGACCAATCTTGGGACTGTCTGGAGCTTCGTGCTGTTGTCCTTTCTCCTTA
ATATTTTGCACCAGTTTGTCCAAATCGTCGTCCACATTGGAATCATCAAATTCGTTGTGTTTGAAGTCCAGGCCCCCGCCGAATCCGTCATCATC
GAAACCGTGCGTCGTCGTTGGTGGTGGAGCTGGAGGTGGCGGCGATGTTTTCGTGGCCGTTGTTCCTGATTTGATCACCAGCACCGACTCCAGGA
GCAGATCTCCTCGTGAAATTAGAGTGTGCATGTACGCGTTGTGCGAAAAGACATCGTGGCGAATCAATGCACTGAACAGCTGAACAAGGTTGGTA
AATTCCGTGCGCTGCTGTGGACTGCTCACGTGCTCATCGAGGACGGGAGCATCGTGGTCAAGGAAGTGCATTAACACGTGCTGAAACACAGGCAG
GCCATCAATTAAGCCGGCGCCCGAAGCTAGCGAGTCCTTGTCATCCTTATCACTGGATTGTTGATCCGCCGGCGTGCTTGTCACGTCGATCTGGC
GCTTGTCAAGTAGAATGGCCACCACCATGGCTCTGTGTTCTCCCCAACGCTGCCCCGACACAGCCCACTCGCACAGAATGCGTACCGTGTCCTTG
TCTTGTTTGGGTTCATAAGGCGGACGAGGTTCCACCTGATCCTCCTCCCGCCTGCGACTGACAGTTGGGCTGGGAAATATTTGTGCGTATAGGGT
ATCGATACTATTATTGTGTTCCATGCGATCGAAGCAGTGCGTGTCCAAGTGGTCCAGTGTAGCCAGCACACTGGTGTATTGATTCTTGCCGGCAC
TCAGCCACTTGGCTGCAAACCAGCGCTGCTCTGCATGCTGAGTGCGCAATACGATGTCCGACTCGGCGGCCCGCAATTGACGTCGAATCTCGTGA
TTGGTTCGCGGACAGCGTGTGGGCATCGGCAAGACTGAGGGCGCCAAAGGCAAATGGTCCAGCGGACTACCCAACAACGAGGAGGGTGCTCGGTG
AGCTGCTATCCCACTCCAGACCAGAGCTGTGGGGCACTCGATTGTGATGATCTGTAGGATCGTGCTTAAATACAGCACTATATCCCGATGATGGG
GACAACTCATTTGTTCCTGAAGCGCCAGCTCATAGGGATCTTGTTGCAACTTCGGCTCGTCCAACTCTTTGATGGTCTGCTGTTCTACGACAGTG
TTCAGCAACTGGGCCAGTTTTTTGGACACTATGTAGGCCATCTTTCTGCAAAGACGCTCCGACTGGACGAAGTCGTGCATGTACTGAAGGGCAAA
GCTGAGCACCAATTTCTTCAACGGTTCGTCGAAGCTTGCCTGCGTACGCATCTTGTCCAAAAGGTCGAGGATCCAGTTTAGAAATTCCTGTCGGT
CCAAAAGTGATTCCTCGTACATGTACTTGCTCAATTGGTGGCAGTATTTCCAATACTTAAGCGCATTGCGACTATCTTCGAACTGGCTTCCAATT
CCAGAAATTGTAGAGCCTGGTGGAACTGCAGCTCCTGCACCCGCTGCGCCTCCTACCACAGAAGACCCCGGCCCACCGACTACTCCGCCAAGGCT
TCCCGTCGTCGGCATGACACTGCCGGCATTCACTCCTCCGCCAGGAGCTGCCTGTTGGCCATTAGCTGGGCTATGAATCGGTGGCAGTGGACTGG
CCATGCTGGGTACCGGGATTACGTTCGTGGAAGCACTGCTACCGGTGACGGAGTTAATAGAGCTGGTGCCAGTGGAGCCATTGCTGGCAGGACCA
TTACCGGCGGCGGTCAGGCTTCCGGAAGTGGTGCCATTCGAAGAGGACTTGTCGTGGTCTAAAATCAAGAAGTTGAATAAGGGAGTTGATAGATT
ATAGAACTTAAGGACTGTACTCACTCTGCTGATAATACTCTTGGAGCTTGGGAAGCAGCTCTTTCATGAACTTGATCATGTTGCCGGTCCACTCG
GCAGCCGGGTCGTAAATGGATCGCTTTTTGTTCTTAGACTCGGTGAAGCTAAGCGTATAGGCGGCGCTCAGCTTGATGAACCAGGTGGCGCGTTG
CATGTTCACCTGGTTCTCGCACAGAGTAATGAAGATCTCCTCCTTCTTGTTGAACGATGGAGCCCGTTTGGCTAGGCTAAGTAGGGGTTTGTTAC
CGGCGAGGTCCTTAAACCAGGCGTCCACCGTACACTTGCGACGCGGCGAAACGGGCCAGAAGTTGTCCTTGCAGTTGATCTGCTGCTTCTTGCGC
CCCGTGTCCGGCAGGGTCATCAGCTCCTCCTTCTTGGCCAGGACGCCGCTAAAGAATGCGCTCACTTTGCTGGCGTTCACATTCGAGTTGTGGGC
CGTACCGAATTCATCGGACAGCGGTGGCGTCGTCGTGAATCCGTGCTTCACATTCGTGGGCGTCAGCTCGTCCTCTCGCTGCTTCGCGTCCTGCG
GATAGATGTCCGGCGGACCCAGACGGGTGCGCTTCAGCGGACGCTTCTCCTGCAGCATGGACAGCATCTTCGCGGCCCTCTAGTTGCGTTTTATA
AACAGATTTTCTTAGCGAATTCCCGATTTCCTCTGTTCGCCAACCCAACAACAAATCAAAATATCAGTGGTGGGGCGAAAAAATGCGATGAGCCA
TCGATAGTTCGATAACATCCCGCGAACAATCTAGCGGATGCAATCGAATTTAAGCTAAGTGTTAAATGGTTGTAAATATTACAAATGTAATCTTA
TCATGTTCAGCCACACATCCCCAATCAACCTGATACAGTACTTTAAATATGACGTAATTTTTTAATTATGCAGTGAAAAAGTTACATCGTTGTGC
ACTAACAAAAGAAATACCACTCAAAGTGGTAAGATCACGAATAAAGCTGCGTATAAATATTAAATAATTTACGTTGTATTTTTGGTAATGATTGA
AGAAACATTCGTTGTTAAACGAATAAGGCCTCACAAGGCTTGGCGATCGAATTCCGGCTCATCGGCATAAAAGTGTCCGCCGCTTGTCATTCCAT
CGCTGCACTCGAAGTTCAAACAGAGCATTTTCAGGGGAAATTCGTGCGGTAGCTGCAAACGAAGCACAAAGTGTCACATTAACATAAGGACTTTC
GAATATATGTATGTGCTTTAAATATTACTCACCCGTTCCATGATGTCATGCCTAATGTCAGTGGCCGCGGCAAATAGCTCTAGGGTTTGATGAGC
TGAGCGTTTCGATAAGCTGGCCAGCGTGTCCAAGACGAAGGCGTCTGTGATGCCCAGGCAATAGCAAATGTTCAGATACCGAAGGCGCTCATTGT
TGGCCACCAAAAGGGAGAGCTGCGTTTCTCCAATCTCACGAGCGGACTGTATGGAAAGGCACTCTAATCGACTCAACTTCGCCAAGTGGTGAACA
CACAGATCGTCACGAGGCTTGCAGACCAGCCACCGGAGACACTTCAAAGCACTGATGTACTGCGCCTGCTCCTCGTCAATCCAGCGTTTGCGGTG
CAGGATGAGGTATTCCAACTGA
(SEQ ID NO: 1459)

Exon: 9187..8575
Exon: 8513..5846
Exon: 5771..4058
Exon: 3999..3631
Exon: 3571..3257
Exon: 3185..2874
Exon: 2669..2363
Exon: 2298..1676
Exon: 1614..1001
Start ATG: 9178 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT24825

ATGCTGTCCATGCTGCAGGAGAAGCGTCCGCTGAAGCGCACCCGTCTGGGTCCGCCGGACATCTATCCGCAGGACGCGAAGCAGCGAGAGGACGA
GCTGACGCCCACGAATGTGAAGCACGGATTCACGACGACGCCACCGCTGTCCGATGAATTCGGTACGGCCCACAACTCGAATGTGAACGCCAGCA
AAGTGAGCGCATTCTTTAGCGGCGTCCTGGCCAAGAAGGAGGAGCTGATGACCCTGCCGGACACGGGGCGCAAGAAGCAGCAGATCAACTGCAAG
GACAACTTCTGGCCCGTTTCGCCGCGTCGCAAGTGTACGGTGGACGCCTGGTTTAAGGACCTCGCCGGTAACAAACCCCTACTTAGCCTAGCCAA
ACGGGCTCCATCGTTCAACAAGAAGGAGGAGATCTTCATTACTCTGTGCGAGAACCAGGTGAACATGCAACGCGCCACCTGGTTCATCAAGCTGA
GCGCCGCCTATACGCTTAGCTTCACCGAGTCTAAGAACAAAAAGCGATCCATTTACGACCCGGCTGCCGAGTGGACCGGCAACATGATCAAGTTC
ATGAAAGAGCTGCTTCCCAAGCTCCAAGAGTATTATCAGCAGAACCACGACAAGTCCTCTTCGAATGGCACCACTTCCGGAAGCCTGACCGCCGC
CGGTAATGGTCCTGCCAGCAATGGCTCCACTGGCACCAGCTCTATTAACTCCGTCACCGGTAGCAGTGCTTCCACGAACGTAATCCCGGTACCCA
GCATGGCCAGTCCACTGCCACCGATTCATAGCCCAGCTAATGGCCAACAGGCAGCTCCTGGCGGAGGAGTGAATGCCGGCAGTGTCATGCCGACG
ACGGGAAGCCTTGGCGGAGTAGTCGGTGGGCCGGGGTCTTCTGTGGTAGGAGGCGCAGCGGGTGCAGGAGCTGCAGTTCCACCAGGCTCTACAAT
TTCTGGAATTGGAAGCCAGTTCGAAGATAGTCGCAATGCGCTTAAGTATTGGAAATACTGCCACCAATTGAGCAAGTACATGTACGAGGAATCAC
TTTTGGACCGACAGGAATTTCTAAACTGGATCCTCGACCTTTTGGACAAGATGCGTACGCAGGCAAGCTTCGACGAACCGTTGAAGAAATTGGTG
CTCAGCTTTGCCCTTCAGTACATGCACGACTTCGTCCAGTCGGAGCGATCTTTGCAGAAAGATGGCCTACATAGTGTCCAAAAAACTGGCCCAGTT
GCTGAACACTGTCGTAGAACAGCAGACCATCAAAGAGTTGGACGAGCCGAAGTTGCAACAAGATCCCTATGAGCTGGCGCTTCAGGAACAAATGA
GTTGTCCCCATCATCGGGATATAGTGCTGTATTTAAGCACGATCCTACAGATCATCACAATCGAGTGCCCCACAGCTCTGGTCTGGAGTGGGATA
GCAGCTCACCGAGCACCCTCCTCGTTGTTGGGTAGTCCGCTGGACCATTTGCCTTTGGCGCCCTCAGTCTTGCCGATGCCCACACGCTGTCCGCG
AACCAATCACGAGATTCGACGTCAATTGCGGGCCGCCGAGTCGGACATCGTATTGCGCACTCAGCATGCAGAGCAGCGCTGGTTTGCAGCCAAGT
GGCTGAGTGCCGGCAAGAATCAATACACCAGTGTGCTGGCTACACTGGACCACTTGGACACGCACTGCTTCGATCGCATGGAACACAATAATAGT
ATCGATACCCTATACGCACAAATATTTCCCAGCCCAACTGTCAGTCGCAGGCGGGAGGAGGATCAGGTGGAACCTCGTCCGCCTTATGAACCCAA
ACAAGACAAGGACACGGTACGCATTCTGTGCGAGTGGGCTGTGTCGGGGCAGCGTTGGGGAGAACACAGAGCCATGGTGGTGGCCATTCTACTTG
ACAAGCGCCAGATCGACGTGACAAGCACGCCGGCGGATCAACAATCCAGTGATAAGGATGACAAGGACTCGCTAGCTTCGGGCGCCGGCTTAATT
GATGGCCTGCCTGTGTTTCAGCACGTGTTAATGCACTTCCTTGACCACGATGCTCCCGTCCTCGATGAGCACGTGAGCAGTCCACAGCAGCGCAC
GGAATTTACCAACCTTGTTCAGCTGTTCAGTGCATTGATTCGCCACGATGTCTTTTCGCACAACGCGTACATGCACACTCTAATTTCACGAGGAG
ATCTGCTCCTGGAGTCGGTGCTGGTGATCAAATCAGGAACAACGGCCACGAAAACATCGCCGCCACCTCCAGCTCCACCACCAACGACGACGCAC
GGTTTCGATGATGACGGATTCGGCGGGGGCCTGGACTTCAAACACAACGAATTTGATGATTCCAATGTGGACGACGATTTGGACAAACTGGTGCA
AAATATTAAGGAGAAAGGACAACAGCACGAAGCTCCAGACAGTCCCAAGATTGGTCCTCCAGGCGATGGAGAAACCAATCCTGGCGGTAGCATAT
CGCGGCATTACGTGTACACCAAGCACTTCCCCATCCCCCAGGATGATCCCAGCATGAGCAGCTACAGCAGTGAAAGCAACCAGCGATACATCCTG
CTCTTCGGAGTCGGCAAAGAGAGGGACGAGAAGAAGCATGCTGTCAAGAAGATGTCTAAGGAAATTGGAAAGCTTTTCACAAAAAAGTTTAGCAT
AGATGTGGCGGCGGCCGGTCATGTGAAGAAGCACTCGCGCAACGAGTTTAACTTCGAAGCTACCACGTCCAAGTGCCAGCAGATGGCTTATTTCG
ACCAGCATGTGGTCACAGCCCAATGTGCGGCCAATGTCCTGGAGCAGCTGAACGGATTCGCGTTAGGGAACAACAACTACCTGCCGGTACAGGAG
CACGTGGCGTTCCTCTTTGATCTGATGGAGCTGGCTCTTAATATCTACAGTCTTTTGGAACTGTGCGATAGTCTGTTGAAGGAGTTGCCTGAGGT
GGAGCACCAGTTGCAGCTAAAGAAGTCAAACCTAGTGCGCAGTTACACCACTTCACTTGCCCTCTACATCGTCAGCATCCTGCGGCGCTACCACA
GCTGCCTTCTTCTTTCACCGGAGCAGACGCTGTCTGTTTTTGAGGGAGTCTGTCGTACCATTCGGCACGTATCGAATCCGAGTGAGTGCACTTCG
GCGGAGCGCTGCATTATTGCCTACCTGAGCGACCTACACGAGTCGTGTGTTTTGCTCCAGGGAAAGGAACAATCCACGGAGTACTACCAGCAGCT
GCAGTGCATCAAGCGGTTCAAGGACATATTCAACACTCCAGAGCAGCTTGACCTACCACCTCAGGGTTACAACCCACTGTTGTTGCAGGAGCTTT
TCATGGCCCCTCGACGCGGTGGTAAACTGGATCCTCACTGGCTGGGAACCCTGCACGAGTCGCCGGCCAATGTATACAGTTTCGTGTCTAACGCA
TTAATAGCCGTCTGCCGAGAGACGGACAACGAGCGGCTGAACGATGTGGCCCTCGCATGTGCCGAACTGACCGCCAGCTGCAACGTCTTGTCTGA
GGAGTGGATATACGCACTGCAGAGTCTGTGCAGCGGCAGTAAGAGTCCGCGTTATCCGCACCTGGGCGGACAGGTCGACATTGGACAACTTAAGA
CTCACAACGCCCTGGCCGTGTTCGTATGCATTCTGGTGGCCAGACATTGCTTCTCACTAGCCGACTTTGTAAGTAAGTTCGCCCTGCCTACATTG
GCCCGATCGGTAAGCGCTGGTGGAGCCGAACTGAGTGTAGATGCAGAGGCAGGTGCTCGTCTTACATGTCACTTGGTGCTGAAGCTGTTTAAGAC
CTTGGAGATTCCTCAACCTGGCATGTACTCGGTAAGCACTTCCCCGAATCCACTGCACGCTGTGGGAAACGACTTTAGCATTCGGCTGAGCTGCG
ATCGTCATCTTCTGGTGGGTGCCCATAAGACCATTCCCATTGCCGCAGTGCTTGCCGTGCTCAAGGCCATTCTCATTGTTGTGGACAATGCGGCG
CTTAAAACACCATTGGCTTCCGGCAGCGGCACCTCCTCTGGCGGATTGGGCGGAGCTTTTGGAAGCGGCAAGCGTAGTGGCTTCAATACACCGGT
CCATCCGGGAAGCACACCCAAGAGCAACGAACAACGACCGGCCGATCTCAGCCAGATCCTGGGCACCAGCGATTTACAATTGGGCAGCAGTTTGA
CAAGCGAACCCGAAGCCCTGCAACAGCCATCGGTCGGAGGAATGGAGCAGATCTCGCTGTTGGAGTTCGCCCAGGCGGTGCTCAAGCAGATCTGC
GCCCAGGAACACGTTCTGGAAAGATGCCTAAAGAACGCAGAGCAACTCTGCGACATGATAATCGACGAAATGCTGACCGCGAAACAGGCACAGCG
GGTTCTGCACATGATCTGCTATCCGGAGCCTGAGTTTAACATCATCTCCGAACTGGATCAGCGCTCAATGATCGTACGCATACTAGAGAATCTCG
GACAGTGGACACTGCGTATCTCGTGGCTGGATCTTCAGCTTATGTACCGCCAATCGCTGAGCAACAACGCGGAGCTTAATGTTTGGCTCGACACA
GTGGCACGCGCGGCAATCGACGTCTTCCACATGGAGGAAGTTGTCCTGCCGGGTGCCGTGAAGGCGACCCACAAACCCAAACCGTCCACCTGGCT
AGTGGCTCCACTCATCGCTAAACTAACACCAGCGGTGCAGGGCAGGATACTTCGAGTGGCTGGTCAGGTTCTTGAGAGCATGAACTATTTCTCCA
AGGTGTCCAAGTCCGATTGCAATAGCTCGGGCAGTGGTGACGAGCGCGAGAAGAGCAACAGTTGTCACAGTAGCAATAGCTATGGACTGGGCGGC
GTGCCCGCACGCAACAAGAAGATGCCGCTTGATTATCAGCCTTTCCTGGGTCTCATCCTAACTTGCCTGAAAGGCCAGGACGAGTACAAGGAAAA
CTTACTGGTTTCGCTCTATGCCCAGTTATCACAATGTCTGCAATCCTTTGCTGAGCTGGACACAATCGGTGGCATTGATGAGCCGCAGGCGCGCG
AGGAGATCCTCGATGCGCTGCAGTTGCGCTTTTCGCTGGTGGGCGGCATGTTCGAGGCTATCCAAAAGAACAGTACCCCCACCACAGACTGGGCT
ATTCTTCTGGCCCAATTGGTTTGCCAGGGCGTGGTAGATCTCAGCTGCAATCGTGAGCTGTTCACCACCGTTGTGGACATGTTGGCCACATTGGT
GCACTCAACGCTGGTCTCTGATGACGAGAGGCACTACATGAACCTGATGAAGAAGCTAAAGAAGGAAATCGGAGAGAAGAACAACGCCTCCATTC
GGGTTATTCGGCAGCTTCTTCCACTTTACAAGCAGCCTACTGAGGTGATTGCGTGCGAACACTCTGGAATGGACACCAAGGGCAACAAGATCTGC
GATATAGACAAAAAACAACTACGCATTTCGGACAAACAGCGTATCAGCGTGTGGGACATCCTTGAGGGTCACAAGAACCCGGCTCCTTTGTCCTG
GGTGTGGTTTGGTGCAGTCAAGCTGGAGCGCAAGCCCCTTACTTACGAGGAGGCTCACCGCAACCTGAAGTATCACACGCACAGTCTGGTCAAGC
CCAGTAGTTATTACTATGAACCGTTGCCACTGCCACCTGAAGACATTGAGCCTGTTCCCGAGAAGATTTGCATAAAGGATGAAATGAAGGCGGAC
ACGCCCTCGTCGGTGGATCAGTCGCCAAGCGCTGTGGTTGGCGGCACGGGAAGAGGTCGCGGCAAGGGAACGACCACGCGGAAACGCAAGCCGAA
GAACCCGAAAACGCCACCGGTGGTCAATACTCAGCAACAGCAGCCTCAGCTGGCACAGCAGCCTCAACAGCCGCAGAATGTGCAGCAACAGCAGT
TGCAACAGCAGCAGCAACAACAGCAGCACATGCAGCAGCAGCACATGCAACAGCAGCAGATGCAGCCCAACCAAATGGGCCAGATGCCAATGAAC
ATGCCGATGAACATGCAGCAGTTTGCACCCAATCCGAACAACATGATGCAGCAGAATGCCATGTTACAACAGCAGCAGCAGCAGATGCAGCA
AATGGGCAACAACCCGATGCAGCAGCAGCTGAATGTGGGCGGTGGGAACGGGCAGCCAAATCCCCAGATGAACTTCATGCAGCAGGGACCAGGGG
GCGGTGGAGCCGGACCGCAGGGTATGCCTGGCCAGCAGCAACAGTGGCACAATGCGCCGCAGCAGCAGCAGCCGCCACAACCGTACCACAACCAA
TACGCTCCGCATCAGCAGAACATGCAGTCAAATCGCATCGAGCGCCCGCCGTTGAATGCCAACTCCAAGCAGGCGCTATCACAGATGCTACGACA
ACGACAACCATTCCAGCAGCAAGCGCAACAGGGTCCGGGGGGTGGTTTCAATCCGATGCAGCAACAACCACAGGCTTCGCAACAACAGCCCGGTC
CTCAGCAGCAGATGAACCCCAACCAAATGCGCCAGCAGCAAATGAATCCCCAGCAAAATCCTCAGTCTGTCGCTGCATTCAACGCCATGCAGCAG
CAGCCGCAGCAGAACGCCCAGCAGCAACAGATGAATCCCAACCAGCAGCAACAGCAGCAGTTCATGCGCGGCGGCAACATGCGACCCGGCATGGC

Confidential - Do not copy, circulate or disclose

GCCCAACCAGATGAATCAGATGAACATGGGAGGTCAAGGCATGTCGCAGAATCCGATGATGCAGCAACAAATCCCACAGAATATGGTGGGCATGG
TCAACCCGAATGCCAACCAAATGATGCAGAGCGGTGGAGCTCAGGGAGGCAACGGTGTGGGCGTTGGTGTTGGCGTCGGCGTTGGCGGTGCCGGC
AACAATCCCAACATGGGCATGGGAGGCATGCCTCAGCAAGGCATGATACAACAGCAGCCGCAGCAACAGCCGCAGCAGCAGAGGGCGGTGGAGCA
GGCGTTGGAGTGGGCGTCGGCATGGCGCCCAATCAGCAGCAACAGCAGCAGGCCAACATGATGGGCAACTTCAATCCGCAGATGCAGCAGGGGAA
TCGCAACAATCCCGACTTTATGGCCGCCGCAGCGGTTGCCCAGCAGCAGCAACAACAACAACAGCAACAGCGCGTTGTTCCCGGAGGAATGATGG
CCGGCAACCGGAACCAGTACATGAACCAGGCGCCCAACGTAACCATGTCCACCATGATGGGTCCGGGGCCGGGTGGCGTCGTCGGCCAGGTGCCT
CCGTACGCCCGTCAGCAGTCGGCGGGAGGAGGCAAACCCGGCGTCCTCAACACCCAGCAGCAGTTCCAGCAGCAGCAACAGCAACAACAGCAGCT
GAGGCACCAAATGATGCAGTTGCAGGGTATGGGTGGTGGGGCAGGCGGCGGCATGGGAGCCGGGCCTCAGCAGGGGGGTGGCGCCGTTGGCGGTG
GCGCCGGAGGCGGAATGGTGCCGCAGCAGCAGAGCATGAACCAGCAACAAACGCCGAATCTGGTGGCTCAGCTCCAGCGGCAGAACATGATGGGC
CAGCAGCAGTATCAACCACCACCGTACTAG
(SEQ ID NO: 1460)

Start ATG: 10 (Reverse strand: CAT)

MLQEKRPLKRTRLGPPDIYPQDAKQREDELTPTNVKHGFTTTPPLSDEFGTAHNSNVNASKVSAFFSGVLAKKEELMTLPDTGRKKQQINCKDNF
WPVSPRRKCTVDAWFKDLAGNKPLLSLAKRAPSFNKKEEIFITLCENQVNMQRATWFIKLSAAYTLSFTESKNKKRSIYDPAAEWTGNMIKFMKE
LLPKLQEYYQQNHDKSSSNGTTSGSLTAAGNGPASNGSTGTSSINSVTGSSASTNVIPVPSMASPLPPIHSPANGQQAAPGGGVNAGSVMPTTGS
LGGVVGGPGSSVVGGAAGAGAAVPPGSTISGIGSQFEDSRNALKYWKYCHQLSKYMYEESLLDRQEFLNWILDLLDKMRTQASFDEPLKKLVLSF
ALQYMHDFVQSERLCRKMAYIVSKKLAQLLNTVVEQQTIKELDEPKLQQDPYELALQEQMSCPHHRDIVLYLSTILQIITIECPTALVWSGIAAH
RAPSSLLGSPLDHLPLAPSVLPMPTRCPRTNHEIRRQLRAAESDIVLRTQHAEQRWFAAKWLSAGKNQYTSVLATLDHLDTHCFDRMEHNNSIDT
LYAQIFPSPTVSRRREEDQVEPRPPYEPKQDKDTVRILCEWAVSGQRWGEHRAMVVAILLDKRQIDVTSTPADQQSSDKDDKDSLASGAGLIDGL
PVFQHVLMHFLDHDAPVLDEHVSSPQQRTEFTNLVQLFSALIRHDVFSHNAYMHTLISRGDLLLESVLVIKSGTTATKTSPPPPAPPPTTTHGFD
DDGFGGGLDFKHNEFDDSNVDDDLDKLVQNIKEKGQQHEAPDSPKIGPPGDGETNPGGSISRHYVYTKHFPIPQDDPSMSSYSSESNQRYILLFG
VGKERDEKKHAVKKMSKEIGKLFTKKFSIDVAAAGHVKKHSRNEFNFEATTSKCQQMAYFDQHVVTAQCAANVLEQLNGFALGNNNYLPVQEHVA
FLFDLMELALNIYSLLELCDSLLKELPEVEHQLQLKKSNLVRSYTTSLALYIVSILRRYHSCLLLSPEQTLSVFEGVCRTIRHVSNPSECTSAER
CIIAYLSDLHESCVLLQGKEQSTEYYQQLQCIKRFKDIFNTPEQLDLPPQGYNPLLLQELFMAPRRGGKLDPHWLGTLHESPANVYSFVSNALIA
VCRETDNERLNDVALACAELTASCNVLSEEWIYALQSLCSGSKSPRYPHLGGQVDIGQLKTHNALAVFVCILVARHCFSLADFVSKFALPTLARS
VSAGGAELSVDAEAGARLTCHLVLKLFKTLEIPQPGMYSVSTSPNPLHAVGNDFSIRLSCDRHLLVGAHKTIPIAAVLAVLKAILIVVDNAALKT
PLASGSGTSSGGLGGAFGSGKRSGFNTPVHPGSTPKSNEQRPADLSQILGTSDLQLGSSLTSEPEALQQPSVGGMEQISLLEFAQAVLKQICAQE
HVLERCLKNAEQLCDMIIDEMLTAKQAQRVLHMICYPEPEFNIISELDQRSMIVRILENLGQWTLRISWLDLQLMYRQSLSNNAELNVWLDTVAR
AAIDVFHMEEVVLPGAVKATHKPKPSTWLVAPLIAKLTPAVQGRILRVAGQVLESMNYFSKVSKSDCNSSGSGDEREKSNSCHSSNSYGLGGVPA
RNKKMPLDYQPFLGLILTCLKGQDEYKENLLVSLYAQLSQCLQSFAELDTIGGIDEPQAREEILDALQLRFSLVGGMFEAIQKNSTPTTDWAILL
AQLVCQGVVDLSCNRELFTTVVDMLATLVHSTLVSDDERHYMNLMKKLKKEIGEKNNASIRVIRQLLPLYKQPTEVIACEHSGMDTKGNKICDID
KKQLRISDKQRISVWDILEGHKNPAPLSWVWFGAVKLERKPLTYEEAHRNLKYHTHSLVKPSSYYYEPLPLPPEDIEPVPEKICIKDEMKADTPS
SVDQSPSAVVGGTGRGRGKGTTTRKRKPKNPKTPPVVNTQQQQPQLAQQPQQPQNVQQQQLQQQQQQQQHMQQQHMQQQQMQPNQMGQMPMNMPM
NMQQFAPNPNNMMQQNAMLQQQQQQQMQQMGNNPMQQQLNVGGGNGQPNPQMNFMQQGPGGGGAGPQGMPGQQQQWHNAPQQQQPPQPYHNQYAP
HQQNMQSNRIERPPLNANSKQALSQMLRQRQPFQQQAQQGPGGGFNPMQQQPQASQQQPGPQQQMNPNQMRQQQMNPQQNPQSVAAFNAMQQQPQ
QNAQQQQMNPNQQQQQQFMRGGNMRPGMAPNQMNQMNMGGQGMSQNPMMQQQIPQNMVGMVNPNANQMMQSGGAQGGNGVGVGVGVGGAGNNP
NMGMGGMPQQGMIQQQPQQQPQQQRAVEQALEWASAWRPISSNSSRPT*
(SEQ ID NO: 1461)

Classification: receptor

Celera Sequence No. : 142000013384518
ATCCATACGAGACATGCAACCACTCTGAGGTCAACCGGTTGTCTAATTTATCTATTCTAGAGAGTTGAAGATCAGCCATTCAGCCATTTGGCCAA
CTTATTTTTGTTGCCAACTCTATGTGGCGATGTCTCGGCACCCGCAATTATTTAAATGTCCCAGAGACAGAGATTTGTAAATTGCACGGCTACAA
AGTGCATATTGTATGGTGCCATTAAATGGACCCACAGGGCGTATGCGCAATGTGTCGCACTGAACTTTTTCACCTAGCCCCAGCTCATGAATTAA
TTCAGCTCTGCATAAATAACAAAGTTATTCAAATTCGCGAACTGTCTACCTAAATCACCAATGACTTTGGACTCCTCAATGCATTTCATAGAATT
TTCCACATTTTTCCAGCAGTATGCAGTATCGTATAAAATGATCTTGAAAGAACCTTAACGTTTGGGGCACAACTATTGGGGTTCTTGACCAACCT
TTTCTGGTTTTCAATGATAGAGTCAAACATACGTTTGTAAAGAATGGATATGCAAATATTCCATTCGTCGTGTACAACATTAAAAAAAATATATT
GATTGTTTTTCTGCGGGGATTTTGTTGTTTCGATTTATTCGGCTTCGGTTTTGGATTTCGTTTTATTCGGAATTCTCTTTTTGCGCTTCCGGCTT
GCTATCTTTGTATCAGTTTTGAGTATCATTGAAGCTGGCCAACTGCCGAAGGTCGCCGATCGGCACTCACCTCAATTGTGGTCCATAATTAGTCG
TGCAGCTGGGGTGATACCTTCCATATGAAGATTCATAGTGCCATAGTGAAATAGCAATGCGTCCTGCATTTAAATGAGGGAAAGCACTGCCACAG
AGGAGCACCCACAGATAGATTTGCATCTCCGTGCGGGCTCCACATAGTCGAGACGACAGGCCATAAATCAGAATGAAGAATACTATTGAATGCTA
ATGTTGTATACTAATTGCCGAATATGTATCTTTTCCGGTTACGCTTGCAGATGTCGCCCAACATAATAGGCAGTACCTTTATATTGGCCGAGACG
GCCATTGCCGATGGCAACAACAACAAAATGGCTGCCACACCAGCTGCTTCCGCCGCCCCTTCAGCAGCCACGCCCAGCCAGAAGGTGGCCAAGAA
AGCGGAGGCCAAGACGCCCGAGAACAAGCCCTACGAACTGGAGATCGTCTGGCGCAACGTGGGACTCTTCGTCATCCTCCACTCGATGGCCCTGT
ACGGTCTGTACTTGGTGTTCGCCGAGAGTGCCTATTGGGAACTCTTGCCAGGTGAGTTTGAGTATCAACACGTTTCGTCTTTGCCTTACTAAGCG
TCTTGGTTCATCTGCAGTCTATGCCACCATGTTCCTCGGCGGTCTGGGCATCACGGCCGGAGTGCATCGTCTGTGGTCGCACAAGGCCTACAAGG
CCAAGCTGCCACTGCGCATCTTCCTCATGCTGTGCCAGTCACTGGCCTTCCAGAACAGCATCTGGGAGTGGACCCGTGACCACCGCGTGCATCAC
AAGTTCACCGACACACACGCCGATCCCCACAACTCCCGACGAGGCTTCTTCTTCGCTCATATGGGCTGGCTGATGTGCAAGAAGCACCCCGATGT
GACCAGCAAGGGCAAGCAGATCTCCATGGAGGATATTGAGCAGGATCCCGTCGTTATGTTCCAGAAGAAGTGAGTAGTGTGCTATCTATGATTTG
AAGGCTATAGTATAATAGATCTGAAAGGTTTATACATCCAGGGTGTTCTTGAAGTTTCCCAAGTAATTAATTTGCTCGCCCAAAAGTAGGCAATG
AACAATAAACAATGTTCTATTGATTCTTAGAAGTTTAACTTTAATCCCTCTATTATATGTACTTATAACACCTCTTATTTCCTTAGAATGTACTT
TGTGGTTATGCCCATCTGCTGCTTCGCCCTGCCCATGATCTTCCCCTACTACGTGATGGGCAGCTCGCTGCGCGCTCTGCTTCTTCACCTGCTCCA
TGCTGCGCTTCTGCCTGTCGCTGCACTTCACGTGGCTGGTAAACAGCGCCGCCCACTTCTACGGCATGAAGCCCTACGATGTCAATGTGAGCGCC
ATGAACAACAAGCTGGTATCCACCCTGACCATCGGCGAGGGATGGCACAACTACCACCACGTCTTCCCCTGGGATTACAAGGCAGCCGAGCTGGG
CACCTACAGTTTCAACTGGACGACGGCCTTTATCGATGTGATGGCTAAGATCGGTAGGTTCTGCTGCGCTCCATGCCCTTGCATATTAACTTTAT
CTTTATCTCTCATAGGACAAGCCTATGACCTGAAGTTCGTCTCGCAGGAGATGGTCTACAAGCGAGTCCTTCGCACTGGCGATGGCTCCCACATT
GCCGCCCTGCTGGATGCCAACAACAATAGTGCCATTCCGACCAGCGAGCTGGTGGCCCACCTGGATCACGAGAAGGAGGAGCATGCCATTTGGGG

ATGGGACGACAAGGATATCAGCGAGGAGGATCGCAAGGGAGCCAATGTGGTGAACAAGGAATCCGAATGCAAGCTGGATTAGAGATCGGGGATCA
GTGGGAGCTCACCCAAAACGAACACACTTCTTGCTGCCACATCGGGTCTTCAGTATTTAATTATATTAATTGCCTATTCTCCGTACTGCCTGTGC
ATCTGAGTGGTGGCTGTAAACTGCAAACTGAAAATAACTACCTAAGGGGGATTCCGATCGTGGGACCTGGTATGATGGTAGCAAGGACATCTTAT
ATATCAATGGCTTCAATTCCAAATACTACAAAACAAATGAAAACTATTCGAGATTAGTCAATGCAACTCGTTCGCAGCAACAGAGTGTTAAAAAA
AACCTGCACCCTCTACACAATCCCAATCTCGCACTTGTCGTTCGGGGATAATGAACACATCTGCCACCCTCTCCCTCTCACTATCTCTATCTCTA
TTTTTATATATATTAATTAACTGTATATTTACGCAAGAGGTTCTAGAATTAAGCGTACCTGCTAAGATCTATTTTAAGCATCGACTTTTATGTGT
GTGTACATTGTGTTAGTTATGTAGGTCTAAATTGTATATTTCGATCCAACTATTGTTGAAAATTATAACAAAAATTATAAAAAACCAAACAAAAA
ATATTGTAAGCAACTTATTATCGAAAAGGGATGAAATACGCAATACTTCTCAAGATCCAAATGAGTGTTTAATTGCTTAATTGATTAAATATTTT
CATAGTGAGAACTAATTGTAATGGTGAGTAAGTACAACATATCAATAAACATTAATACATTTGTTTAACTCGTGCCTACTCTCGGTTTCTAAATG
TTTACGACTTCTACTGTGTATAATTGCTGTAATTATATTTTGAAGTACAATAAATTTCCCCATTTCAAATTTATTAGGTGTCATTAACCTTTTAA
CACCTTGAAAGGGCTTTAATTCTGTAGTTAGCTTAAAGTTGGTCGTTAAACTAAAAAGTCAAATGCATTTTGCGATTGCATTGCAATGCATTTGC
GGATAATAAATAAATATGGCAAAAAGTTTATATTTTT
(SEQ ID NO: 1462)

Exon: 1001..1286
Exon: 1348..1684
Exon: 1892..2238
Exon: 2296..2552
Start ATG: 1073

Transcript No. : CT25031
ATGTCGCCCAACATAATAGGCAGTACCTTTATATTGGCCGAGACGGCCATTGCCGATGGCAACAACAACAAAATGGCTGCCACACCAGCTGCTTC
CGCCGCCCCTTCAGCAGCCACGCCCAGCCAGAAGGTGGCCAAGAAAGCGGAGGCCAAGACGCCCGAGAACAAGCCCTACGAACTGGAGATCGTCT
GGCGCAACGTGGGACTCTTCGTCATCCTCCACTCGATGGCCCTGTACGGTCTGTACTTGGTGTTCGCCGAGAGTGCCTATTGGGAACTCTTGCCA
GTCTATGCCACCATGTTCCTCGGCGGTCTGGGCATCACGGCCGGAGTGCATCGTCTGTGGTCGCACAAGGCCTACAAGGCCAAGCTGCCACTGCG
CATCTTCCTCATGCTGTGCCAGTCACTGGCCTTCCAGAACAGCATCTGGGAGTGGACCCGTGACCACCGCGTGCATCACAAGTTCACCGACACAC
ACGCCGATCCCCACAACTCCCGACGAGGCTTCTTCTTCGCTCATATGGGCTGGCTGATGTGCAAGAAGCACCCCGATGTGACCAGCAAGGGCAAG
CAGATCTCCATGGAGGATATTGAGCAGGATCCCGTCGTTATGTTCCAGAAGAAAATGTACTTTGTGGTTATGCCCATCTGCTGCTTCGCCCTGCC
CATGATCTTCCCCTACTACGTGATGGGCAGCTCGCTGCGCGTCTGCTTCTTCACCTGCTCCATGCTGCGCTTCTGCCTGTCGCTGCACTTCACGT
GGCTGGTAAACAGCGCCGCCCACTTCTACGGCATGAAGCCCTACGATGTCAATGTGAGCGCCATGAACAACAAGCTGGTATCCACCCTGACCATC
GGCGAGGGATGGCACAACTACCACCACGTCTTCCCCTGGGATTACAAGGCAGCCGAGCTGGGCACCTACAGTTTCAACTGGACGACGGCCTTTAT
CGATGTGATGGCTAAGATCGGACAAGCCTATGACCTGAAGTTCGTCTCGCAGGAGATGGTCTACAAGCGAGTCCTTCGCACTGGCGATGGCTCCC
ACATTGCCGCCCTGCTGGATGCCAACAACAATAGTGCCATTCCGACCAGCGAGCTGGTGGCCCACCTGGATCACGAGAAGGAGGAGCATGCCATT
TGGGGATGGGACGACAAGGATATCAGCGAGGAGGATCGCAAGGGAGCCAATGTGGTGAACAAGGAATCCGAATGCAAGCTGGATTAG
(SEQ ID NO: 1463)

Start ATG: 73

MAATPAASAAPSAATPSQKVAKKAEAKTPENKPYELEIVWRNVGLFVILHSMALYGLYLVFAESAYWELLPVYATMFLGGLGITAGVHRLWSHKA
YKAKLPLRIFLMLCQSLAFQNSIWEWTRDHRVHHKFTDTHADPHNSRRGFFFAHMGWLMCKKHPDVTSKGKQISMEDIEQDPVVMFQKKMYFVVM
PICCFALPMIFPYYVMGSSLRVCFFTCSMLRFCLSLHFTWLVNSAAHFYGMKPYDVNVSAMNNKLVSTLTIGEGWHNYHHVFPWDYKAAELGTYS
FNWTTAFIDVMAKIGQAYDLKFVSQEMVYKRVLRTGDGSHIAALLDANNNSAIPTSELVAHLDHEKEEHAIWGWDDKDISEEDRKGANVVNKESE
CKLD*
(SEQ ID NO: 1464)

Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013383864
AATCCAAAATCTTGCCCTGAACTTGACTGTCTGCATGTGATACGGTTGAACGCCTTTTGCGGAAATTATTGCAATTTTCTTGTCTTGTCTTCTAG
CCGAACACACATAGCACCGTACATTGGGGTTTTGACGGTGGGTTTACTTTCACTTTTGCCGCACTTACTCAACAAGTTGTGGGGGCCCGCTGAAG
TTTGCTCACAGGGGAAACATTCATCAAAAGATTGAAGAGCTCGTCTTTTCGCTCTAACTCAAATAAGAAGTTAAGTGCATAAGTGAAGTTAGCTG
CACATAAAAATAGTTTTTTATTGCAGCGCAATTTTTTCTAGTTTCTAGCGAGTTTTAAAAGCGTTGTGTTTACAATCTTTTAAAAAGAAATTTCA
AAGATTTTTACTACGAAGTATTCTTTGCATTACTCCTTATATAAGTTCTACTTTATATTGAGATCAAATATTAAAGTCTTGTCTTAAAGCTTGAT
AGAACTTAGTAATGACTTATAAGCTTCAAATTAGAGTATTTAATTACACAGAATAATTAGTTAGTTAAATTGAATTCATTGGTGTGACTTAGAAA
GCGCCACAATTCCTTTTGTTTATTTTCCCTCACTTTTCCAAACGAGTGCAACGTCAAACCCTTAAACAAAGTCCACTCCACACTGATTGCAACTT
TGCCAAAGACCAACAAATCATTTAAACAAATCAAACATCAACAGGCGACCGGCGAACAACATGGAGACCTATTTGACGGAGATCAAACAGTTGCG
CATACCACGCCCGAAATTTGAGCCCAACAGTTGCCATCAGCAGCACCATCATGCGGTGACAGCCGTCGGAGCCACGCCCATCCAGCCGCCCCCGC
CCCTGCACCACCGTCAGTGGCGACACTTTGTGCGACCCTTTACGCCGCCACGCGATTACCATCTGCCCATGGTGGCCGAGGGCTCCTCCATGCAC
GACAAGATGTGAGGAGGATTCACATTCAGTGGATGGGCAAACATGATGCATTACTCCCACACATAGCCCCACATAATATACGATACCTACTTAGG
ATAGTGCTTAAGTCTAGATGTTAGCTTAGTTAACGTACGATAGATACAGATACAGTTGCAGATACAAAGAATTAAAGTATACAAAAAATGGAGAT
TTCTTTATAATTCGGGTTTTTAAGTAAGTGTGCTGATCATGAAATGAAACTTCATGGCATGAGCAAATGGATTTTTGAGAGTGTTACTTGGAACT
ATGTTGATAATCTGTTGCTCTACCATTTATAAAATATTATATTTAATACCCAGAGATATCAGAACCTACGACAAAATCACGATCGTTTCGCTTAC
TCACCGCATCTGGTTCGTATTCCGGTAAAAGGGTTTCGCTGCCCCGGCGAGTTCTGTGCTCATCACAGCCGTATTCCTAAGCCGGGATAAAAGAA
TTTACAAGATACATTTTTCAGCGGCTTATGTGCTTCTTTGCTCGACGACCAATTCGGTTTGGCACTGGTCTAAATGCGACTTAACAGTATTACAA
CACTCAATAGCCAATTGGACAACATTTAATAAGGAAGTACAACATAACCGGAAACAGAGACAAAAACGCAAACATCAACCACATTGAGCAGTTGG
ACAAACATGGAAAAAGATTCAAAAGTATAAAAAACGACAATAGACGTTACACACAACAAGAGACAAAGATACAAAAAGTAGATAGACAGAGAGAG
ATAAAACCACTAAAGATACAAAATAAAGTAAGACATATACAACAGACAGACAAGAGCTGCAGATTGCAAAACTCGGCGATGTAACAGCCGAATGT
CAATTTTTTTCAATAAAAGCTTAGAAAAACTTAAAATACAGCATATTCATCAGGCAGAGATTTCGGTGCCAAAAAAAAAATATTGTTAGAAAATA
AAGAGGAAACTTTATCAGGAGACTCATCGAGTAATTTTCTTCAAAGAGCCTAGATACGAATGTTTCAAGATAGGTATCTTTGACAGATTAAAAGT
TTTTAGAACAGCTTGCGGAACAGTGAAATTAGACCTTCAGTGGTAACAATATACATATATAGAACTTTTTCAGCTTGCTACCCTATTCGCGCGAC

TCGCTTCAGTCCTGACCTGTTGCTGATTGTCTTTGGTCTGCCTGAATTTCAATTGACTTGGTCCCAACGGATGGTGATGATGACGACCGGATCCC
ACGTTGCCGCCGATACCGCCCAGATGACGCAATGAGGCATGGTGGGGTTGATAGTGTTGCTGCTGCTGTTGTTGTTGTTGTGGAGGCGACAATGA
TGATGAGGACTGGTTGCTGCCTGTCTGATAATGTGATGCTGGCTGTGAGCGATGCAGTATGGGTCCCGCCGACATGGGACGATGGGGCAACTGTA
GTGCGGGTCTAGCGTATACATATACACAGGTCAGTTAACGGTTATGATGGGAAATGGGTGCTTAGGGGTCAGTGTTGGGAAATTCCTGAATAATA
TTTTCGAGCTATATATCTATATAGCTATATATCTATATATATATATCTATATATAGTATATATATATATACTTTTATAATAAGTAAAATTTTAAT
TTACACAATGCTAAAATTTTGTAGTTCCGAATAAAAGCACTTTTAGTTCTATAAGCATTAATCATCATCATCTTTTCTTTTCACACTATGATAAT
GTTAAAAACGCATTTGTGAATCTTTTGTAAACTACTACTACCCTATCCAACACTGTTCAGGATGGGATATTTTGGAATATGGGATTATATGGATT
TTAGGTAAGTGGCTAGGTACCGTTTGTATATATCCGTTACGGTCATGCCCAGGCCCGAGTCCGACGAAGGACTCCGTCCGGTGGCGGCTATTATT
TCCAAATCATCAGCAGTTACCTGTTGGCGAACGGAACGGAATGGTACGGAATGGAACGAATCGAACGATTTGGTTTGCATACGATTTGCGAGTGA
GACAGTGACAGCTGAAAGGTTTGACAGTGAGTGAGAGTGAGAGGGGCTCTAGCCTAGGCTTCTGTAGAATTCTACCAAGCATAGACAGAGAGATG
AAGAGAGAGCGAGTCAGAGAGAGAGCCTAGGTAGAGCGACAAAGATAGAGTGATAGGGAGTGCATTCGTACTTCGATCGGTTGTTAAATCAATTG
GTATTTTATATATTGGTGCTGATTCATGGTGACTGTTGTGGTTTCTTGGTTATCCTTTTAAGTGCATTTTTAACGTGGGATTACATGAGATCAAT
TTGATATTGTACAATAATTTTATTACTTAGTGTACTAAATCTAAAGATTACTATTAGGTTGAGCTTTGTCATACCCCAATTATCAAAGCAGATAT
GTTTTTTATATTCCGTATGTATGTACATCTACAGTTTGGCTCATTTGGAGTCAACTGCACTTTTGAAAATAATTAAATTGGATTAAGTTTCCACA
AAGCAATTTTTCCGATCGATTTGGTTTTCTTTTTGGCTTAAAATACATAAATTTTACAAACAGTCTTCTTCTTATTGCTATAAAATATGTAAAAAC
TTCGCCACTACAATGTAGAGTAAAGTTGTATGTATTTATATGTGGGTATTGGTTGGAAAAATTGACATTCGATTTGATTGTTTTTGTTTTGAAAT
GCAATTTTACTTGCAAAGGGCCGAATCAGATGTAAGCGAGTTTCTGAAAGCTTTCTCAAAAGTAAATAAAAGAAAATTACATGCATTTGTTTTGT
AAATGAAAGAAGCAATAACTGGTTTAGAGTCGGGTGCCTAAAGAAAGTATCAAGTGTACGTATCTCGTTCAACAATTAAACTACAAGTTTTGTTT
TGATTTTCTTTTGTCGAGTGTTATTTGTATTTTTTCTACAGTTGGAACAAATAAGTTAAAGTAAAAGTTACAAACATACAGTGACAACAATTATT
AACGACAACAGCAAGAAGAGAAAGATATACTAAACAATAAACACATTGTGGGAATTATATAGTATAGTATAGGTAGTAGAGTAGGTATATAGACG
AATAGTAGACAGTAGACCGGTTGAACAGTAGTCAAAGTTATTTAGAGTTTATTTGGCTGAACATGCTCAGTGTGTATTTTTGGGGGATATAGTCG
TGTCTCCCTCTTAACTAAGTGTATATAGTGTCTGTGTCGTAGAATAAATCTTCTAAAAAGCTTACCGGCAAATCACGGGCGGGGTCTCCCTTACG
CTGTAAAAGATTATAAAGTTTACATATGGGATTAACAGGGTATAGAGATCAACGGGCTTACCCTATGCCTATCCACGCTATAAGGATCGCGTTCT
CTGCGATAGACGAGCTCATCGTATCGCGTGCGATCCTCGGGGAAAACTAATTCCCGTATTTCCGTCACTAGCGTGTGCTAAGATGGGAAATTGAT
TGATGTATATTAAGTTTCTCTTATTCTCTTATCAGGTATCCCTTGACTAGGTTAAACACTCACCTTTTCGTACGTATCTAACATCTCTAACAAGA
CGGCAACAAAGGCATCTATGGTCATTGCTTTCGCACTATATTCGGCAATATAGTAGGAAAGGCTTGCAAAGTGATGACGGGGCAGCAGGGAGCGC
GCCTTCTCCTCCACCATGGTCGCAATTTGACCTTTTCGGCGTGCTCTGTAAGGCAAAAGCTAGATGTTGTAGAATCTCTTGAAAAGAGATTTTAG
ATCAGTCGAGACCCACCGTGTGCCCGTTGGACTGTAGGCGTCCCAGGGCTCCATCTCGATGGAGGTGCAGGAGTGGGGCACCTTGCCCACGTCAC
GTATCACCAGCGACATGCGTTTGTGGTACTTCAACTGACCCACCGCCTCGTCGTGCGTCACATCGAGAAAGGATTGCCCATTGACCTCGAGGATC
TCGTCGCCAATCATCAGTCCGGATCGATCTGCCACGCTGTCCTTATCTACGCCGGTGACAAAGATCCCCAGGCCGTACTCCACGCCGCCACGGAT
CATCAGGCCCAGAGACTGACCAGGTTCGATCAGCAGCTCCACGCGACGTATGCTATCGGGTATAGAGTGTTAAGTTGTTAACTAAGAGCTAGAAG
CTAGATGAGGTAGGAAAAACAGGTATGTATTTAAGGGTAAACCCTATATTTATCGGGACGACATTATCAAATTTTTTAGTTCAATCTCAGAGTAG
CGAATCCTAAGTATTATGAATATTGGTACATTTTAGTGCCTTTTGTTAAAATTTTTTTTTTTTTTTTCAAAAAGGTCTGCTTTATTTTGAAATAT
TCTATATATACTCACCGATCCCTTCGCTCGCTGCGCCTGCCCCCGTACTCCATGGGCGGGGAGGCGGGTCGTCCGTGGCGGTCCATCCAGGAGCA
GGTCTGGCGGAAGGGCAGACCCGCCCCGGAGGCCGCCGCCGCCGCTGCTGCCGCTGCCGCCTGGTTCTGTGGGTGCAGGGGGGGAGCCATCGATG
CGTACATGGGGTCGCGGGAGGGCGGACCGAAGCCGTGGAGCGGGGCGGTCGAGTTCAGAGTGGGCGGCGCTCGCACCGTCATACTGATTTGACGT
GACGATTTCAATATCTGCACACATCTCTGCGTTAAGAAAAAATGTGGCAATAGAAGAGACACAAAAAAGAGAGGACAGATGCAAGCAGAACGGAA
CGAACCAACAAGAGAAGAGAGAAAGAGAGAGAGAGAGTGGGAAAATGGAGCAAAGTACTAAAGGAAAATTAACAAAATGAAATGGAAATTCGCCA
ATTGCTTGGACAAAAACGTGTACGTAACGTGGTGCCAGAATTTTCCGATATTATTAATTAACTTTTACTGTGAGCGTGTTCGTTACTCGAAATAC
CACCCAAAATTTCGCCTGACTTTCATTTGTCGGCGGCCTTTTGCGGTCTGATTTTGTTGTCCGTTCTCAGTGAAGCTTGCCACAATTTGCTGTCA
TTATTTTAATTGTTTCTGACCAAAAAACTAATGTGAGAATGTGCAAAGTTGTGTTGGTCCATGGAGAAAGGGGCTATGTGCGGGTGCTTTGTGCA
AATTGGTCTGTGAATTCTCGCAGGTGTTGCCTGCTTTTAGGGGCTTCCAGGTTCGGTTAAAGTCCTAATTTTTCGGTTTGTGGTGAACTTTTCGG
CCAACTGCACTTATTTTTAATAAATGTATAAGGATTATATCAAACTGAAGTGCAGCATCATAGCATTTGTGGTTAGATTCCTTGACATCCAGCAA
GGATGTAAATGTGTTGTGAAATGCTTTTCAGCTCAGTTTTCTAGTTAAAAGGATGTGTGGCAGCGTTATGGAATCTTAAATTTATAAAATTCGAG
CTCTCTACTGTGTTGGCAGAAACGTCAGTCCTTTGCAGTCGGTCAACAGAAGCTAACAACTAAAAGTGTGTAAATAAAAAGCATTTAACAATAAT
AGAACATACCAAAATAATTCTGATACAAAATGCGACTAATCTATTGCCAATTTTTTCTCAGTGTATATTTGTATTAGTGTATTATTGATTTTATA
TTCATGGTTTTTCTCAAATATATGTTCGTATTTGGTT
(SEQ ID NO: 1465)

Exon: 5497..5241
Exon: 4992..4672
Exon: 4605..4434
Exon: 4352..4242
Exon: 4180..4151
Exon: 2870..2796
Exon: 2370..2107
Exon: 1406..1335
Exon: 1036..1001
Start ATG: 5497 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT25276
ATGACGGTGCGAGCGCCGCCCACTCTGAACTCGACCGCCCCGCTCCACGGCTTCGGTCCGCCCTCCCGCGACCCCATGTACGCATCGATGGCTCC
CCCCCTGCACCCACAGAACCAGGCGGCAGCGGCAGCAGCGGCGGCGGCGGCCTCCGGGGCGGGTCTGCCCTTCCGCCAGACCTGCTCCTGGATGG
ACCGCCACGGACGACCCGCCTCCCCGCCCATGGAGTACGGGGGCAGGCGCAGCGAGCGAAGGGATCGCATACGTCGCGTGGAGCTGCTGATCGAA
CCTGGTCAGTCTCTGGGCCTGATGATCCGTGGCGGCGTGGAGTACGGCCTGGGGATCTTTGTCACCGGCGTAGATAAGGACAGCGTGGCAGATCG
ATCCGGACTGATGATTGGCGACGAGATCCTCGAGGTCAATGGGCAATCCTTTCTCGATGTGACGCACGACGAGGCGGTGGGTCAGTTGAAGTACC
ACAAACGCATGTCGCTGGTGATACGTGACGTGGGCAAGGTGCCCCACTCCTGCACCTCCATCGAGATGGAGCCCTGGGACGCCTACAGTCCAACG
GGCACACGAGCACGCCGAAAAGGTCAAATTGCGACCATGGTGGAGGAGAAGGCGCGCTCCCTGCTGCCCCGTCATCACTTTGCAAGCCTTTCCTA
CTATATTGCCGAATATAGTGCGAAAGCAATGACCATAGATGCCTTTGTTGCCGTCTTGTTAGAGATGTTAGATACGTACGAAAAGCACACGCTAG
TGACGGAAATACGGGAATTAGTTTTCCCCGAGGATCGCACGCGATACGATGAGCTCGTCTATCGCAGAGAACGCGATCCTTATAGCGTGGATAGG
CATAGGCGTAAGGGAGACCCCGCCCGTGATTTGCCGGTAACTGCTGATGATTTGGAAATAATAGCCGCCACCGGACGGAGTCCTTCGTCGGACTC

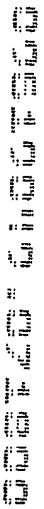
GGGCCTGGGCATGACCTTGCCCCATCGTCCCATGTCGGCGGGACCCATACTGCATCGCTCACAGCCAGCATCACATTATCAGACAGGCAGCAACC
AGTCCTCATCATCATTGTCGCCTCCACAACAACAACAACAGCAGCAGCAACACTATCAACCCCACCATGCCTCATTGCGTCATCTGGGCGGTATC
GGCGGCAACGTGGGATCCGGTCGTCATCATCACCATCCGTTGGGACCAAGTCAATTGAAATTCAGGCAGACCAAAGACAATCAGCAACAGGAATA
CGGCTGTGATGAGCACAGAACTCGCCGGGGCAGCGAAACCCTTTTACCGGAATACGAACCAGATGCGGTATCGTATATTATGTGGGGCTATGTGT
GGGAGTAA
(SEQ ID NO: 1466)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MTVRAPPTLNSTAPLHGFGPPSRDPMYASMAPPLHPQNQAAAAAAAAAASGAGLPFRQTCSWMDRHGRPASPPMEYGGRRSERRDRIRRVELLIE
PGQSLGLMIRGGVEYGLGIFVTGVDKDSVADRSGLMIGDEILEVNGQSFLDVTHDEAVGQLKYHKRMSLVIRDVGKVPHSCTSIEMEPWDAYSPT
GTRARRKGQIATMVEEKARSLLPRHHFASLSYYIAEYSAKAMTIDAFVAVLLEMLDTYEKHTLVTEIRELVFPEDRTRYDELVYRRERDPYSVDR
HRRKGDPARDLPVTADDLEIIAATGRSPSSDSGLGMTLPHRPMSAGPILHRSQPASHYQTGSNQSSSSLSPPQQQQQQQQHYQPHHASLRHLGGI
GGNVGSGRHHHHPLGPSQLKFRQTKDNQQQEYGCDEHRTRRGSETLLPEYEPDAVSYIMWGYVWE*
(SEQ ID NO: 1467)

Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000012806290
TCTGACATCACTCCTGCCTTATCTCATTACATATGTACGTATGTGAATTCGGTTTTTACATTCCTTTTTGTACTTGTTAATCATTTTCATTTGAT
ACTTGATGAACGTGAGCTGGGGCTTCGCTTCGATTTATGCTTTTGTCGGCAAATTGTAATCAGCTTGAAAATTTCCACTGTCAAATTGATAGAGC
TTAAAAGCTTCGACAGTCCCGAATTTTTCAATTGTTGTGTTTGTTTATCACAAAAATATACCTATCATTATAATTGGAATCATTGTTGCTTCCGA
TCACATTACGCTGAGATAATCTCGAAATTCCACACTTGCTGGTGTGTAAGGGGTATCTGATAGTCGAGACAGTCTTTACCTGCGTTTACTCTAGT
TTAAATTTTCTCTTAATTCAAATATCTTAACGGAATAAGAATATATTATTATTAAAATAGTTTACCTAACTACTTACTTTTGCTTAATCCATTGA
CAGTCGACCTAGTCGTTCCATAATAATTTCACGTATTTATTTGATTTCTCATTAATAATTTATGGGCTTAAGAATTTACAACTAGTTTGCTTAGA
GATGATAATTATTCTCATTTATCGTATATTGTTTGTTTCGTTATCAATCAAACATTTAACAATTATAGCACGTTCAGGGAAACTACGAGTAGTAC
ATACATACTGATATTACATAATACGACCGTTGAGAAGGCAACTCAAAAATTGCACTAAAACATTCTTTTACACAGAACCAATTCCATTCGAAATG
AAAACAAAATCAATTTTACATGTAGAATTTATACAGGGCAAAAACATTGGGATTCCACCACACTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGTGG
GCGTGGCTGGTGTTGCCTACTTTGGGGATGCCCCATTAACCACTTCGGCTCGTCGCGTTTCATTAGCTACCTCGAATACAATATGTTCTTAATTA
ATTTTAATAAATTCACGCTTTGATTGCTATTATCCCATCCACTCCTCCGCTCACTCCATGGCCTGCGAAACGCTCTGCTGCGGAGATTGGGCAGG
TGAAAGGCTGCGGGGCGTTGCCGTGGCGCCGCCCGAATCCCCAATTCCGATCCCACTGCCATTTCCGTTTCCGTTGGCGGCCGCCCTCTGTTGAT
TCTGGGCCTGGCTGAGAAGCTCCTTGTTCAGCCGGTAGCTGCTCATGACGTTGGCACAACTCTGGTGGAAGTAAAAGTTACGGCCGCGCAGAAAC
GCATCCGTGTTGAGATCCTTTAAGCCTGTCTTGAAATACACAAGAAAAGCGGTCGCAAATTATAGAAGTTAGAGATGAAGATTTACGTCTTAAGT
GTGCATTGACTAGTTAAAATTGCTAGAGTGGAAAGCGAAAGTTAGGGGTTCTCGGGATTGTGCATAGATCGAGCTGATCGAGGTAAAGTGAAAAC
TGAAGCAAACTGAGAAATTACCTTACAAATGAAACATTTGTTTTCATCGTCCGGTTTTAAATCCGAACTAATCCCCACCTTTGTGTCCAATTGCG
TTAATCCCGGCACGCCCATCGACGACAACTGCGACAGGCTGTTCTCCATGCTCTCTGCGTATTTCGTCGACGGATTGTTGTTGTTATTACTGTTG
CTATTGTTGTTGTTGTTGTTGTTATTGTTGTTGTTGTGAGATATGTCCATGGGTCCGGGTTCGGTGCTGCTCACCTGCGGCTCCGACCGCGG
TCGCTCCTCCACCGGTGAGATGTTCTCGAGGGATCTGTAAGTGATAAATATTTTGGGATAAATACTTGGCGCAGAACATGCCCACCAGCAGCTAT
CGTGCACAAAAAAAGATACTGATTCCAAAAGCAATAAGAATATGCAGAAAAAGCAGACTTTAATCTTTATCTTTTTTTTTTTTAACAAATGTTAAC
CTTTTGAATAAATAAATACACCAGAAGTGTCCTTTGTTACGCAGTATGCACAAGTTTGAATAAACTGTATAAACCTAAACATATTTATATAGGTA
TCTCCGTACTTAAGAAATCTTTAAACGCTTTAAATCTTTCAGTAAGCATTACTTATATACAAATAATAAGATTTGATTTCATCATTATCGAAAAA
ATCTTGCAATACACCACCAAGCAAGTTACTAAAGTTTTGGTTTCTAGGAAGTAATTGTTATTATTCGAACGACTGGAACGACCGCCTCACCTGCT
GCTGCCGACGTTCTGCTCGTCCTGGCGGCGCTGAATCTTGCCATAGTTGATTTTGCTCGTCAGCTTCACGGTGTCGTCGTCGTCCACAATCACGT
CCTCGTCGCTGTCGTTTTGGCAGGAGGCCGTGTCCATCATCAGATCCTTGTTGCTGCCACCGCCGTTGTTGTGGGTGCTGCTGCTGCTGTTGGTG
TCGTTTACGCCCACGCCGCATGAGTCCGCGTTGTAGTAGTGGTGTGTGGTGGATGACAGCTCGCTGACGGTTTTAACTGCGGGTTAAGTGGAATG
GGACAATTTGCATAAGTTGCGGGACATAGATATAAGTCTCATAAAACAAACCAAATCTAAATAACTGATATGGTTTTGGAAATCTTTGGATTTGG
TTCATTTCAACTTCTAATCAGTAATATTCTTTGATAAAACTAAGCTTATATTTTGAATGTAGATTTTGGATTCAAGCAATATAGGACATTTGAAT
CTGACAACTGGAAACCCACCACTGATATGTGCCTGGGTTGGTGCCTCTCCCGGCCAACTACTGCTGCTCGCCGTTGTCACATTGGTGCTCACGTC
ATGCTCGTCGGGATGCGGATCCTTCTGGCTGAGCACACAGCCCGTCCGGTAGAGAATCCCGTCCAGCTTGCCCGGCTGCGAGTTGCTGTTGTGCA
TACTGGAGGGCGGCATAACCGTGCCGGATGACCCAGAACTCGGAGTAGCCAGCTCCGAACCTGAGTCGGGCACTTCGTCGTTGCAGCTCTCCACA
TCCACCGTTTCGATCTCCTCCTGCGATTTGGCATCGTCCTGGAAATATAAAGGAGTTCATTTTAATATTAATATTGAGATATTTTAATATCTAGA
ACTTTGTATTCCTTTAAATTTAATTTAAGACTGATATTTATTGTAGGACATTCCACTTACCTCCGGAGGAATCTTCCCCGTCTCCAAGGCGTACT
TCCTCTTGCAGATCGGACAACTGCTACAGTAAAGACTCTCCATCATGTACATTTCGCCGTACTTGCGCTTTCGCACTTTGAGTCTCAGTCGGTTC
TGGCGATTGTTACGTATTCTCTGAAAGGTCTGGGGAAATCGAGAAGATAAATGGTTAGATTCGCACCAGATTAGCTCCTGAGGAACACCCACCTC
CCAGCGGTTGTGACTGGTGCGAATGGCGTTCTCCTGCGCGGGACATGGAGGAGCAAACATGTAGGTGGCCTGCAGACTGGCCCTCTCGAATCCCG
CACTCAGCTTGTAGAGCCTGTCCAGTTCGGTGAGGAAGTGGGTGTGCCACTCCTCGGCGCTCAGCTTCAGTCCGCAAACGGGGCACATCTCGGGA
ATAGCACCGCCGGCAGCTGCCGCCTGCAGCCCACTGACCAGGCTCAATCCGCCGGGAACTGCTCGCAGACCCGCCATGCTCAAGCTGGCCAAGGC
CGCGTGGTGGGCGGCGTGGTGGTGCGACAGCGGATGGGGATGGGCCATGTGGTGGTGCGTCGTCACCGCCGTGGACACCGGAGGTGCCCCCACAT
GGTGGCCCACGTGGTGATGGCTATGGGCGTGCGGATGGGCCAACGGATGCGGGTGCGAGTGGGCGTGCGTGTGGGGGTGATGGTGCGGCGAGGAG
GCGGCCAGGTGGCTGGCCATCGAAACGGCAACGCTGCTGGTCGCCGTGCTGATGGCGGGATTGCTGGTGGAGCAGGAGGAGGACGAGGAGCTGGA
CGCCGACGAGGAAGTGGCCAGTGCCTGGTGGCTCTTCCCCGCATTATGCAGATCTGTGTGGGCGGGAAGAGGAGAAGACATCGTTGAATTCCAGT
CAAGTGCGCAATCATTAATCATGAGTTGATACAATTGAAATGGAAAACACAATCTAGCATGGATTGGCTGGCACTTAAAGAAATATTAAATAGTA
TCTACAAATTTCTAGAATCTAGAATTGTTAGCTAACCCTATATACTTTAATTAAAGCTCAAATAGAAGTAAATTTATAATGGATCAATCTTATAT
GAATTTATCTTAAATCGATTTTTCCAGTGCAATTTCCACCTTTTTTTTCCAGCCAATAAATCTGCCAGGCATTTTCTAATTGCCTCATGCCTCTT
TTCAGCACATCGGTGGAAATTAATTGGAGCTCGTAATTCTTAAAGCGAATCTGGTTGCCACCAACTGGGGATCAGGGAATCCAGGAGTCCGCTGC
AGGCTTCCTGATGTCAGACACACGTCGACCCCATGTATTCCGGGGTCGAAATACCACTGGCGAAAAAATGAATAAACCACCGGCAACCACAATAA
ATACAAACTGTTTGCTGCGAACCCAGCAAACAAAATGTGTCCGCCGTTCTGCACGTGACTGCGGCCGGCAATTAAAATAATATTACAATAAACAT
ATCGCAGTACGTTCCGAACAGGCCCAGTCTAGCAGCGGTCCAACAGTAAAACAGTTTTATTTATATTCTTCTAAATTATTGCCCAACAAAATATG
TCGGTTAACCGCGCCCATCACCGCCACTCGAATGGATATGCTTAACATAAATGGAGATACATTCGAGTCGTGACTCCGGTTCAAATTAGCTGGCA
GTTTGGTGCTCCACATCTCTCACTTTAGCTGGGGTTGCTCCTGGTTACCATTTAGCTAGTTCATAAACTTCACTTTTGAGATCAGAATTTGGAAA



ACTAAGCGAAATTTAATTTTTGTGGCTATTTTGTTGTATGTATTTCATAAGAAAATTTAGCTCTATATTAAAACAGCAACTGTTGAAAGAAGAAA
TACCATTTGAGTAAGATACAATCGAGAGCAATACAGATTACAACTAGTTTCAGTAGTTTTATTTTTGTGATTAGCTAAATCTGCATAATAACTTC
TTGGAACCCATGGGGCATTGTATAAACTCTTTGTAGTATGCAATATATATAGTACTCATGACTGGCATAACTGAAAATATGTCCAGGTTCGATGA
CCACCCACTCCACGCCGATTTGTGACACGTGCTCAACGATGCTATTTCATAATCCTCCCCGTCCAAGGAATGGGCGTTTCATATATCGCCGGATG
AAATATGACTTTGCCATTAATATTACGGAAATTAATATGAAAATTCCAAGTGTGCATTCAATATAATACATCATCGGCGAACAAAAACCGCGGAG
CAGAAGTAATAGCAATAATAACGCTCGTCATAACAATGGCAAACAATGCAATCAAAGCGATTCGCAACACTTGCGCATCCTTTGAGCCAACAAAT
CGCAGAGTAAACCGAAAAAGTGTGTCCCCCAGCCGGCGATAAATGAGCAAACATTATGGAATCTCGAGGGTGGCTACACAATGCCTCCGGAAGAG
TTGCGGCAATGTCCTGGATGAGTAATTAGCCGCCACTGGAGAGGACGTCTTCGTGTGCCGAGCACGAGCCGCCCGAAAGGATGTGCGGTCGGTTT
GACTTTGTAGTCAAGTGGTCGGGTTGCCTGGAATGGGGTTGTTGTAACATTTCATTGGGACCACTCCAGTCAAGTATCCTTGTATCCTTACACGT
ATATATCCTTGTGCCATTTAAAACACTTACGACATGCACCCCTTCTCTTAACCCTTTGCCGCCCTCTCATTCCTCGGATGCCCTTTTGACTTCTG
CCCCGCAGTGGGGTTAAATTGGCCTGTTCGTCGCTAACCTTCAGTTAGTTTAACCCATTGATGAATGCTGGCCTGCGCTGCAGCTTCAGCTAATT
AAAAGTGTATTATTTATCGAAATTAATTTATGGCGCTCCTGTCTATCCACGACTACACGCTAATCTAAAAGTTAAACACAAATATCCACATGTTG
AGTATGGGTGGTGGGTTCATGTGGCGAGGGAAAACTGGTTTTCCGGCTTAAGTTGAAAGGCAAATAATGGCCGAAAGATAAACAGAGTTGTCACT
GTTTTAAGCAGAGGTGTTGGAAAGGGGGGGTCGACAAGTGAATATCATTAAATAAATTTTACATTTATGTGTAATATTTATTGCAAAAATCTAA
CATTTCATGTTCCAACTCCCGGTTTTCAACTGAATATTCTAATTGGTATATCTTCTAATTAGAGTGCCTTATAATGCCTACATAATGTAACATTT
AGGAAACCCTTTTGAACTCTCTTGGCACTACGCCCCTGTCATTTATCCCATTTGCTTTATTCATTTGCATTCATATTTATCATTTTCATATGCTG
CAGCCCGATTTTTGTCATAAGGCGCTTAACTCGATCAGCTTTACTAGACCAATTAGCAACGCATTTGCAGACGAGACGGTTTAGCCTACTTTTTG
GTAAGGTTGGGATGGAAATTTGGGGAAAACGGAAAAGCTGGAACAGAAACCACCCCCAGGTAAATAAAAGAGAATTTAAGCAACATTTATCTGGA
CTCGAGAAAACTAATAAAAAACGAATTGAAGTGCAGGAGATGAGAGGTCCTGTCGCTGTCCTTACGCCTGCCAGTCAAAGTTAACCTACTGAAGC
GTTAAAATTGCTCGGCAAAAGTAAAATTGAAACAAATACGCCCGGCGATTTTTATCAGCAAAAAAAAAAACGGGAGTTCGAAAGGGCAGAACTTT
CCAATTTTTCCTTTTATCGCAAACATGCAAATTTTTTTGTGCGATGTCGATGTAAATTTGCTAAATAAATAAATGCGGTGCAAGCAACCCTACTT
ACGTCTCAAATCCCTGGGATCCTGAGAATTATTGCTGCGCGGACTTTCACCCTTTTCAACGGCATCGTAATCCTGTGATCCCTCCATGGATTCGT
GCGATGTGCATGTGGGGCTGGCCGAATCCGTGCGAAATGATTCGCTGCCATTGAACAGATTCTGCCGGATGGAAATCGAAGTGCAAATCCCATTA
TGACACGTGTCAATCTTGCGCCGATTAACAGCTCATAGCATCAGCGGATTCCGCAGCGGATTCCGATTGGATACCATCCCAACCCGATCCCAACT
CACCTGATCCAGGGATATGCCGATGTACTTGGGCGGCGAGAAGGCCGACGGCAGCGAGAAGTTGGACAGCACCGACGGCTTGCCCAGCGGCGAGC
GGTCACTGGCAAAGTAGCTGGCCGGTCCCGCTCCCGCCGCCGCCGCTGCCGCCGCCGCTCCGTTGGCCACCAGCATCCCGTGGTTGAGCAGCAGG
TGCGGATTGAAGTAGTTGCCGACTAGTGACATATTGTGCAGATCTTTGGCGTCGGGTAGCTGCAAGAGGGGGAAATCGAAAGGGATTACCTAGGA
AGCACAGTTGGGGCGAGAGAAATGGGGAAAGTATTGTAGAATCGTGGCATTAGCAAGTTTTCATTCATTTTATATTACTGGATTTTCGTTGGGTA
CCATTATACATATATCAAGGTCGATGCATCTATTCAGTTTATGAGTGGGAGCAAATCCAACAAAATATTTACCAAAAATTTATAGATACTTCTTT
GTGTGAGAGAAGAAAGCAAAACTTTAATACTGCTAACTAAAACTGCTAACTTAAACAAATTTATATGTATTCAAATAAATTTGCATACATATTTA
TTATATACTTTTAATACTATTGTTAAATAACAAATCGATTTATTAAACCGAAGTGGAATTTTATAGTTAAGCTAATGCCAAAAATGTATTGTATT
CGTTGCATAATTAAGAAATAGTAATAGTAGTTGTTATAATCTAGATTAAGTTCCTTTAAAGAATCCTTCAGGTATTTTATCCTACCTTCCCTTAT
CTAAGCTTGTAATTCTTTAAAACGTGAGAATCTAAATATATAAATATGAGATCTAAATATCTATAAATTACAAGAGGATATTTAACCGCAAATAA
GAATGGAAATAAAAATGCTAGGAAGCATGCTTAGTAAGCATCTAAGCCTAGAGTTTTTAAAAGTTAAGTGAGCGTATAATTTAAGCGTTAAATAT
GCGCATTACTCGAGTCTGAGCATCGGAACGCGCAACAAATTATGGGAGCTACATGACTTGGCGTTAAAATTAGCCAATTATGGAAGGTGGAGGCC
CAAACGCGGATGTGTGTAACATATGCCAAGGCTTGGAAAGGTTTGGAAAAGCAGGAAAACTGCGATACCTAATCCCATTCCCCTGGAGAAAAGAT
GGAAGAATCTGCGAAGGGCGGCGTCGATTTGCATCGATACAAATTGTGAACAAAAATGTTTAATTTACGACGAATAAATGTTAAATTGAGAGATT
TTAGAATTACGATATCGAACATTGCCATAAACTGTGTCAATATCGAAGGGAAGTGGCGGATAGCTCACTTCCAATGGGGTGTAAAATAACGAGAA
AAACGCTTTGGCCCCCGCCCCAAACTTTCTCCGATCCAAAATTCACACAAGGACTCTGGTAAATGATATGGGTGAAGTGGGCAGGGTGAGTCCGC
TGTAGTCCGTGGTCTGGGGCAGATAACCCACAGGACTCACAGACAGCGTTCCCAACAAATTGAGGCTGACGAGTGAGCTAAGCGGCGGTTGCCGC
ACAGACAAGATACGAAGATACGAGTAGAACATAAGCGGCGACATGTGTGACAAGTATTAACCCTCACCCACACCACCGTCACTCCAACGACCCCT
CAGCCACGGCAAACTTGGGAACAGCAAAATTTACATACAAATTTGTCTGCCAGGAAGTATTTTTACGGCGAAAAATGCGAGCAAATTATGGGATC
AATGTTTTTGCAGGAAACTGTAGGTTATTCCATTTAAAATCCAATCTAAATATTATCCATAACGAATATATTTAACTGGTTATAGTAAATAGTAG
TGGTTAGTAGTAGTTCTAAACTTATGTGCTACTTGATAAACTAAAAAATCGATTATAGTTGTATTGAAGTTATGTTTTCAGTACGGAATTGACAC
TTTAGTCAATCAATCTCATTAATTACAGTTGATTAATCTGGTCCCAAGTCCATCGTAATCCTGGTCACACGCTGCACCCAAGGCGAGTCCAATAA
ATTGGGGATTATCAAGTGAAATTAGCACCTTCACTTGGGCGCATATGTTGCCACATCGGATCTGAATAATCACCACATCACATCATCCCCATCTT
CATTAGGCTCGAATGTTACAAGTCAGTGGGAGCAGGAGGAGATTGGGGTATTGCAACCGCATGAGTTGCACTTTGTCTAAGTCTGTACATTGGTC
CACGCGTGTTTAGGGGCTCCATTCCGGGGTTGGAATCGAAAACCCCAACAGAAGTGGTCAGCCACTTGGCACTCCCATTCCAAACGACTTTTTAA
TGCAATGCGTGATGGAGGATTTTCAGCGTGACTTTCGCCGATTGATTTATGCCCGTTAATCAGTGCAATAAATGCCATGCACAGGGAAATGCTTC
TGATTAACCAATTTGGATAGTGCACTGAAAGTTTAAATGTTCTAATGGCTTAATGGTATCTATTGTATATTTCAAAGTTTGATTCATTTAGAGTG
TGATTGTGTAACTTTAGACAAAGGCATTAAAATAGTTAAGAGATAAAAAACAAAATCTAAAATGTTTAAATTCTCATTTAACTAAGCACTTTGGA
TGTCTACAATTCAGATTTGAAACCCATTCTCCATAGAGGTGAATACAAAAGTATTATAAGATGGCACTATGGATTAATTCATTTTTCCCAGTGCA
GGAGCAGGTGCTCGTTTTATCCCTTGGCTGGAGTGAGGAGTTTGGTTCTACTCCCGCTTTGTTTGCTTTTCTATTAGCGCCGGGCGGGTGATTTG
TTATCCCAAATTGTAGCATTCCTTATCCGGCGAGGGGGATGATGACTGCGACCAGATTTGCATAAATTCGTTCTGTTTGCCCTTAGCACTTGAGT
TATTGGCGTTTGCCACTCGCCCCGCGGAGGGGACGCACTTATTCGGTGCAACTCTCAGCTGCATCACATACATACCAGCAACAACAATAACAGCT
TAATTACAACAACACGATAACGAGTGGCAAATAGCAATTGTCCACATACAATTGCCAATTTCGCTTAACTTGGCCATAAAACACGGAAAGCGACG
GCAGACGGCCCAGAAGAGCAAAGCAAACAACTTGGCCTCCGCGCCACTCCGCAAATAAATCTCAATTTGTGGCACTAACACGGAGTAAACGAGGC
TCAAATCGAACCGAAGAGCGGCTGGCGATGCTAAAAACGCTTAGCAATTGGCAAATTTTCGCAAACTAAATGTTTATGGCTGGCCTCAACCTGTTC
GACTTTGGCCTTTTCCGTGCCCCAAAGCTACGGAACTCAAGGAGCAGAAAATTGCGATGCCAGTGGATGGCGTAGCATACCTCTGGGCGTCTTTT
AAGTTTGGCGAGAGCGACGGGAGTTGTGTGTTACTTTAATCTAATACTTTTAAATTAAAAATATTGTATTTGATTAATGTTTCAGTTCACAAACA
ATCTTTGCCAGCATAGATGACAAAAAAGCCAAGAATGTGCAACGCTTTTGTTTAGTTTCATTATAGCATCATCATAAATGCGTATACGTAATAAT
AATAATTTTAAGTTGGCAACTAACTTGCGGATGTGCATAGGCAACAAGGCCTATTTATATATGAGGATTATTCCGATTTGATGGTTAAGTTCATA
TGATTTAACCCAAAAATAAAACGGTCCCGATATTAATTCGCCTGGTGATAAAATAAAGTTGCTGTGACCAACTCAAAACAACACCATTTCTAACT
TCATAACTGAGTTGGGGTTTTCAATTAGGTGATACGACTTTAACACTTGCAAATTTCTTTTTTGATATTGATATTTTCCTTAATTCATGTATTTG
TACATACATATGTTCATTTCAAATAAGAAACCGCTTGTAAGGAACATGATATCACCTCTCCCTATCTCTACATTCTGTTGGAATTCTCTTGGCTA
ACTATCACTGACCATTTGGACATAATACTCCATTTGGTAGTAAGTACTGCTGGTTAAACGCCTCGCTGCCTCCGCATTTCGCTGCTTGGTTCCTA
GCTGCCTTCCTGATAAATTGCCATAAATTAAATTAGGCTCAGACACACACACACACACACACAGATAAATATAGAGACACACACTCGCATATG
CAACACAACTCAACTACTCATACTTAGTGGCAATAAGTGGCAAAAAAATGAATTATTTTTCATATGTTGGCCCGCCTCAGTGCCATAACTCTGCC
CAACCCAACTTGACTGCCATTTTCTGAAGGGGTCAGTCTGTTTACCTTTTGTTGTTCCTGCTGCCGTCGTGGTTACAGAATTGTTATGGTGCCTG
GTGGGTTTCTTTTCCGCTGCCCTTCACCCACCCAAACAATCAGGTCGGTGGTTGAAGGTTCGTTGGCAAGCGGAGTGGAGGAGTGGAGGAGGCAG
TTCCACTGGAAGCAGGCCCATATTAAACCATTTGACATTGCTTTTAATATGCTCGCTCGGCTTGTTTTTATTAATTTTTATGGTTTGCCCCATGC

CCAATTGTAATCGGTTTCATAAATTATGCTAGATAAGCGACTTGTGCAGTGGCCTTAGAAGGAATCGTCATTGGAAGAAGAAATGGCAAAGAAAG
CTGAAGAAACTAATACTCAGCTATGGAATGCAGAGAAAGCTAGCTGAAGATGTATGTATGCTAAAAGATATTTAAAGATATTGAAAAGTAAAAAT
TTACTTCTTGTTCTTCTTATATAACAGATTTAAACCTATATCTAGTATTGCATTTTATGATGATTATTTATTAAGAACTTTATTGAAAATATTTA
AGTGACATTGAGGCGGCTAAAACTTGATAGGTATCAATATAGGCCCTGTTTCGCGACAAGAATTCCTCAAAAGCAAGGTAAATACTTGATCTTTC
TAAGCGATATTCCTGCTTTTCCACTGTCTTCCGTGGCGAAAATCGGTTCCTCACAACCCAACTCGCATCTGAACGCCGAGGACATATTGTTGTCA
TGTTTAACATATCTTAACGCTACTCAATGCTATGCAGGGCAGAGATACATATGTACGTTCCTATTCGGACTGCAGCTCCGATCGGAATAACCAGT
TTCGCCAAGCGGACTGTTCGAACATCATCAGCGCCCGAGTTCTTCATCATTTGTAGCATCAGCGTCAAGATCATTGCTCATGTTTACAATGATGA
CAGGCAGCAGAATGAGCAGAAGCTGGCCGGGAATCGACTTCCAGCCAAATCAAATGGGTCTGCTCTGTGGGATCGGTATTGGGACTGGAATCGGA
ATCGGGCCAGTAGTTAACTGCGGCCCGCTTCCACTTCCACTCCATCAGGCCCGACTCGCAGTTCGGAATTGAAGCTATCATAAATCTGTTCGTCG
CAAAAATCTACACACAATGGGGCGTTTGCAAACGCATTCGCCGATCGGAATGCGAAGACGAACTCTCTGAATCTGCCTCTTGACTGACTGCCGCA
TTGGAAATGCGATCGTGATCGGGCAGTTCTTTTGGGATATAGGAAAGAACAGAAATTGTATGAGAGGATGGAAAAATTCGACTATTGAACTATTT
AGAAGTGTTCCTATAGAGCTTTTATCTTTGCTTTAAATAGGAACGCGAAATAAAAACACCCATATTCTCTCAATGGAGAAGTTCATTCAAACTAT
GTTCAATTTAGGGTCCAGATACCGAAAATTTGATTATCGTTGTAGTTGTTTCTTTTTTTTTTTTTGTAAATTAACATTATGAGATCTATCATTTTG
AACAAGGATACTGGCTTCCTTTATGTACATATTATATATAATAACTCCATTTTAACCTATGCTCCATCTAAATAAAGTAGCTCACATTATACACT
GCACTTAAACGAGCTCTCACAGCTTTCTCCTCACTTTCTCTCTACGTAATGGATCCTTAATTGAGTGCATGATCGGCAATCACGCTGTCATCCCT
AGGCGCATCGCCAACTGGAAGTTCACTTGGAACTTCTGGTCGGATTTGTTGTTTTACAATGCAGCATTGTTTTGCTTGCTGTTGGGGTTTTGGCC
GCCGTTTCGCGATTCCTTTGCCTCGCTAGCGGTGTGCTGATTTATGGCATCTTTCGGCATTTCGGCTACCGGCCCCCAGTCTTTATGATTTGTCA
TAAATATGTCCCCTCTCCGTCCGATCAGAATCGATCGGCTGGGCGATTCCAATCAGCGGCTGTCCGGATGGTTTGGGCTGAGGTTGAGTTTCTGG
GCTCTACTTACTCTCGATGGAAACGGACGTTGTCCACGTAGAGCCTCGTGCAGACCGGAAGCGGCTTCCGAGAGGACAACGAGCGCTTGGGACGG
CAAATGGCTGCTGCCAAATGCGTTGCTTTCCATCTGCAGCTCGTTTGTGTTTTGTTTTGGTTTTGGTTTAGACTAATTTGGCACTAGGGGGCACT
CATAACCTCACTTTCGCTTGTGTTTCAATGTTGGCACATGCAAAGATCACTCGGTATCGGTGATAATCGGTTGGGAATTGTATTTGCGCGTCGGT
AAAACGGTAAAGCTCGGATCAGCTGACAGCTCGCTCGCTCTCCTTCTCTCTAAAACTCTCTCGCTCGCTCGACACAGGACACCCGCACGTACGCG
CTGCAGAAATCCAACTGAAGCCAAATGGAAACCAGTTGCCGTTAGTTGGCCCGTGTTCTTCCTCTTCTCCAGCCTTGCCGCTGCGCAGTCGGCGT
CGGCGTCGCCGCGTAACGCCTCACGACCTCTGATTGGCCAGCGGCCACAACCGGTTTGTCTACACTGTCGCCATCCCGCTCTCGCGCACGCCCAC
TCCCACTGCGGCAGTGTCTTTACATTATGTTCTCACCTCCTTGGGCGCGCAGTTTGTTGTTGCCGCTGCATTATTATCCCAAAATGGTTGCGTTT
GTCCATCCGTTGGCCATTGAACGCCTGTTTGTCTGGCAGCACCTGGTACTCGCACTCGAACTGGTACTGGCACTGGTACTGGCACTCTCCGGGTT
TCCCCGCCCCCACAACCATTTTCCACCTCGATCAGCTCCCCTCCCTTGGACGTAAACTTCTGACATTTTGTGTAAATAAACCGTATGGGAAACAT
TTTTACTTTTGGCTTTGGCATTTTGTTGTTGTTTGTCGGACACTGTCCCGGACAAAAGTATCTTGGAAGTAGTCTCTTTCCTTTTTTCTGCCCCT
GCAGCTGGGTTTTTGCACACCGTCCACTTAATATAGCGCATTACTGTGGTATTTATTGGGCGCGAAGTGGCGAAAATATTTCGGAAGCAGGGTGT
CAAGAAAATTGGAATTTAATAGGCCGCGACTGCTATTCTGGTTAAAAGAACCAAGTCAATTGCACAACGACAAAATATTGTTA
(SEQ ID NO: 1468)

Exon: 13428..13312
Exon: 7374..7129
Exon: 6996..6843
Exon: 3948..3323
Exon: 3259..3101
Exon: 2983..2680
Exon: 2451..2181
Exon: 1744..1504
Exon: 1264..1001
Start ATG: 13428 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT25312
ATGGAAAGCAACGCATTTGGCAGCAGCCATTTGCCGTCCCAAGCGCTCGTTGTCCTCTCGGAAGCCGCTTCCGGTCTGCACGAGGCTCTACGTGG
ACAACGTCCGTTTCCATCGAGACTACCCGACGCCAAAGATCTGCACAATATGTCACTAGTCGGCAACTACTTCAATCCGCACCTGCTGCTCAACC
ACGGGATGCTGGTGGCCAACGGAGCGGCGGCGGCAGCGGCGGCGGCGGGAGCGGGACCGGCCAGCTACTTTGCCAGTGACCGCTCGCCGCTGGGC
AAGCCGTCGGTGCTGTCCAACTTCTCGCTGCCGTCGGCCTTCTCGCCGCCCAAGTACATCGGCATATCCCTGGATCAGAATCTGTTCAATGGCAG
CGAATCATTTCGCACGGATTCGGCCAGCCCCACATGCACATCGCACGAATCCATGGAGGGATCACAGGATTACGATGCCGTTGAAAAGGGTGAAA
GTCCGCGCAGCAATAATTCTCAGGATCCCAGGGATTTGAGACATCTGCATAATGCGGGGAAGAGCCACCAGGCACTGGCCACTTCCTCGTCGGCG
TCCAGCTCCTCGTCCTCCTCCTGCTCCACCAGCAATCCCGCCATCAGCACGGCGACCAGCAGCGTTGCCGTTTCGATGGCCAGCCACCTGGCCGC
CTCCTCGCCGCACCATCACCCCCACACGCACGCCCACTCGCACCCGCATCCGTTGGCCCATCCGCACGCCCATAGCCATCACCACGTGGGCCACC
ATGTGGGGGCACCTCCGGTGTCCACGGCGGTGACGACGCACCACCACATGGCCCATCCCCATCCGCTGTCGCACCACCACGCCGCCCACCACGCG
GCCTTGGCCAGCTTGAGCATGGCGGGTCTGCGAGCAGTTCCCGGCGGATTGAGCCTGGTCAGTGGGCTGCAGGCGGCAGCTGCCGGCGGTGCTAT
TCCCGAGATGTGCCCCGTTTGCGGACTGAAGCTGAGCGCCGAGGAGTGGCACACCCACTTCCTCACCGAACTGGACAGGCTCTACAAGCTGAGTG
CGGGATTCGAGAGGGCCAGTCTGCAGGCCACCTACATGTTTGCTCCTCCATGTCCCGCGCAGGAGAACGCCATTCGCACCAGTCACAACCGCTGG
GAGACCTTTCAGAGAATACGTAACAATCGCCAGAACCGACTGAGACTCAAAGTGCGAAAGCGCAAGTACGGCGAAATGTACATGATGGAGAGTCT
TTACTGTAGCAGTTGTCCGATCTGCAAGAGGAAGTAGCGCCTTGGAGACGGGGAAGATTCCTCCGGAGGACGATGCCAAATCGCAGGAGGAGATCG
AAACGGTGGATGTGGAGAGCTGCAACGACGAAGTGCCCGACTCAGGTTCGGAGCTGGCTACTCCGAGTTCTGGGTCATCCGGCACGGTTATGCCG
CCCTCCAGTATGCACAACAGCAACTCGCAGCCGGGCAAGCTGGACGGGATTCTCTACCGGACGGGCTGTGTGCTCAGCCAGAAGGATCCGCATCC
CGACGAGCATGACGTGAGCACCAATGTGACAACGGCGAGCAGCAGTAGTTGGCCGGGAGAGGCACCAACCCAGGCACATATCAGTGTTAAAACCG
TCAGCGAGCTGTCATCCACCACACACCACTACTACAACGCGGACTCATGCGGCGTGGGCGTAAACGACACCAACAGCAGCAGCAGCACCCACAAC
AACGGCGGTGGCAGCAACAAGGATCTGATGATGGACACGGCCTCCTGCCAAAACGACAGCGACGAGGACGTGATTGTGGACGACGACGACACCGT
GAAGCTGACGAGCAAAATCAACTATGGCAAGATTCAGCGCCGCCAGGACGAGCAGAACGTCGGCAGCAGCAGATCCCTCGAGAACATCTCACCGG
TGGAGGAGCGACCGCGGTCGGAGCCGCAGGTGAGCAGCACCGAACCCGGACCCATGGACATATCTCACAACAACAACAATAACAACAACAACAAC
AACAACAATAGCAACAGTAATAACAACAACAATCCGTCGACGAAATACGCAGAGAGCATGGAGAACAGCCTGTCGCAGTTGTCGTCGATGGGCGT
GCCGGGATTAACGCAATTGGACACAAAGACAGGCTTAAAGGATCTCAACACGGATGCGTTTCTGCGCGGCCGTAACTTTTACTTCCACCAGAGTT
GTGCCAACGTCATGAGCAGCTACCGGCTGAACAAGGAGCTTCTCAGCCAGGCCCAGAATCAACAGAGGGCGGCCGCCAACGGAAACGGAAATGGC
AGTGGGATCGGAATTGGGGATTCGGGCGGCGCCACGGCAACGCCCCGCAGCCTTTCACCTGCCCAATCTCCGCAGCAGAGCGTTTCGCAGGCCAT
GGAGTGA
(SEQ ID NO: 1469)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MESNAFGSSHLPSQALVVLSEAASGLHEALRGQRPFPSRLPDAKDLHNMSLVGNYFNPHLLLNHGMLVANGAAAAAAAAGAGPASYFASDRSPLG
KPSVLSNFSLPSAFSPPKYIGISLDQNLFNGSESFRTDSASPTCTSHESMEGSQDYDAVEKGESPRSNNSQDPRDLRHLHNAGKSHQALATSSSA
SSSSSSSCSTSNPAISTATSSVAVSMASHLAASSPHHHPHTHAHSHPHPLAHPHAHSHHHVGHHVGAPPVSTAVTTHHHMAHPHPLSHHHAAHHA
ALASLSMAGLRAVPGGLSLVSGLQAAAAGGAIPEMCPVCGLKLSAEEWHTHFLTELDRLYKLSAGFERASLQATYMFAPPCPAQENAIRTSHNRW
ETFQRIRNNRQNRLRLKVRKRKYGEMYMMESLYCSSCPICKRKYALETGKIPPEDDAKSQEEIETVDVESCNDEVPDSGSELATPSSGSSGTVMP
PSSMHNSNSQPGKLDGILYRTGCVLSQKDPHPDEHDVSTNVTTASSSSWPGEAPTQAHISVKTVSELSSTTHHYYNADSCGVGVNDTNSSSSTHN
NGGGSNKDLMMDTASCQNDSDEDVIVDDDDTVKLTSKINYGKIQRRQDEQNVGSSRSLENISPVEERPRSEPQVSSTEPGPMDISHNNNNNNNNN
NNNSNSNNNNNPSTKYAESMENSLSQLSSMGVPGLTQLDTKTGLKDLNTDAFLRGRNFYFHQSCANVMSSYRLNKELLSQAQNQQRAAANGNGNG
SGIGIGDSGGATATPRSLSPAQSPQQSVSQAME*
(SEQ ID NO: 1470)

Name: Om protein

Celera Sequence No. : 142000013384150
GTTATCGGTGGCTTTAAATTCGTAATAAATCTATTGTTGAATAAAATATTCCATTCCCCCCGAAATTTGAAAAATGAGAATCGCATACAGGCACA
TTTCGAGTTAACATTATTTTTATTTTTCATACAATTCGTACAATGCCTACCTATAATTAATATTAAATCGCAAAATATTGGCTTTACCTAGTGAA
AAGTACTTAGCATCCTAATAGCCGATAATATAAATTTCTGTGAAACATTTCGTATACTTTAGGAATAATATGTGTATATTTGCGTGACTTCCTAA
AGGTGAAGGTTCCGGAACCTACAAAAATATATAAAATGATTGTTTGAACTGGTTATCGTAACACTAATTAAGGTAGTTCTTTGTTACACGCTAGA
TTATATATTTCTATACATATCGGTCGAGCTGTATATTAATTATGAACAATTAACGATTCTGAAAACTAAGAACTCGTTGGGGACTGTTCAAGCTT
TGCGAAATAATAGAGATATTTGTACATTTATATAAACCTAATGATTTAAGCGATCCGCATTAATACCAATCAGCATTAACACATCAAAAATATGG
ATCGCTCTATATATAATTATAGATTCTACTTGTGGATTACAAGAAGATTAAGAACGAAAAGATTTCGATTCCCAAGTATATTTACAATTTAAATT
GAGCTGGCGCTTTGAAAAAATTGAAAAAATTAACTATTTTAAAGTAGGGGGATGCAATAAATTTGTCTAGCTGTGACCGATATGCCGATGTGCCC
GAGACCCTATAAACTCATTCGTTCCGGCATGCCCGATTGAATTGACGAACTCTATGGACTAGTTTCGCGTTGGTATATCATAAGAAATTGGCGCG
GCCTACAACATCAATGGCCAATGACATTGCGCAGTGGCAATGTCATACCCATACGTATTTGATAACAGCTCGCATAAATTCTTTTGTGACTATAC
AGCGAGTCTGAGACCTTATCTCAGCTCTACAGCAACCAAAACACTCGGCGCTAGGACTTATTACTATTGCAGCTATTGACATTGTTATTGTTGTA
CAAGTATGGTATAAGATTGGGCTCAATCTCCAGCTGCTGCCTGAGTATCGAGCTCATGACGAACTCCGTTGAAACGATATGACACTTGGGATTTC
CGTGCCGCGTGAGATCCGCACAGAGATGCATGTCCGTGGGACAGGTTACTATGATGTAGGAATCGGGCGCTTGCATGTGTGTTTCCGCCACAGAT
GCACCGCTTCTCCGCTTCGGCTCCACTTTACCACCAGACGATTCAATCATTCGTATAATTTCTTCGCGAGCTGGGAACACGTCCGGCGTCACATG
GAAGTATTTGCCGGCAAACAGCGTTGAACGAGTGGGGGCGCACAGCACGGTATTCAGATTGAACTGCAGGTTCTCGTCCACCGGTATGTGCTGAA
TGCGGTATGGATCTGTAGGCACAAATTTACCAGCTTTGGCACTATCAGCAATCCAGCTCGACTTCAGCACATAATCGACGTGGCAGCAGGCCTGG
ATTAGCTTGCATGTACGACTCTCGCGTGTCATTACCAGGTGAGTGGCATCTGCAGGGCTGTCCACCACAATTCCACCCAAAATTCTAAAAAAAAA
AAAAGGGAAAAGTTAAAAAACGAAACTAAGAATACGTTGTATTATACTTACAACACAGCTTTTTTAAGAGCCTCGGCATCTGCGACCTGGGAAAA
TATGACCTTTGGTGGTTTGGTGGTAGTTGGATATTCTACGCAGACAATTTGCTCTGGCAGCTGCTCCTGCTGGAATGCGTTCATCTTCTGGCGCT
TAAGTTTTTGCTCGTTGCCGTAAGGATCGGATAAGTGTCGCTTGACCCGTTCGTGTGCCTCCTGAGTTAGATTGATGGGCGCCTTCCAAGCAGCT
GTTAAGAAACAAATCGTCAAATGATTTTACAATATAATACGAGTTTAGTTTGTACTTACTTAGCAGATGAGCCACCAGATTGCATTCGATGCGGA
AGGGAGCGACCAAGTTGTACTGCTGATACTTGGGATTCTCATACTGGGAGAGGCCACTAAGGTTACCGATGCACACGTCGCTTAACCAAAGCGCA
TTGACCATCGGTATGTTCCACTCCTTGGCGGCATTAAACTTGTTGCCCTCGAGCTGCTTGCACACGACCACTGTGTTCACCTTGGACAGATAGGA
TGTGTAGATGGCACCGCACTCCTCTGCCATCTGCTGTAGTCTCACAACCTCCTCGCCTTCAAATCCCTCGGAGGTTATGATGTAGCGTTCTAGGG
GCTTACGATAGCCAAACTGGCTGGGGAACGGTAGGTGCAACGGCTGCCACGGTGGCATCAGTTGGCGCTTTAAGCAAATATCACTCAGCCAGTAG
GCAGTGACGCAGCGCTTGGCATCCCGCAACGCCTGCATCACCACGCCATGACGCTGAGTGCGACAAATAACATGGGTTACTCGGGGGCAGTAAAC
ACGTTCGATGTCACCGCCAAACTGTCTAATCGTATCTAGCCAAATGGGCAGTTCATCACCGTCTGTTTCATCGTATTCCACAATGTAGAACGTAC
AGCCCACCAAAAAGAGATCGGCTGGTAACTTTAGGTTCGGATTGTGCCCGTAGAACTGCGGCATAGGGATCGGTTGCTGACCAGGACGAGTTTGA
ATGTAGCCGTGAGGAGTCCGCTGCACTGGCACACCCACGCCCACTCCCACAGCCATCTGTTGCTGCTGCTGGGGGGACTGTGTCGGAGCGACTAC
GATCTGTTGTTGGACTAGATGTTGCTGCGGTGCCTGCTGCTGTTGTGGCAGGGCGACAACTCTGCGCATTTGCTGCTGTTGCAGCAGTTGTTGTT
GCTGCTGTTGCTGCAACATGAGCAACTCCTGCTGAGTTCGCGGTGGTCCAGGAACTCCGGCTGTTGCGTTATGTTGCTGGCCCATCATTCTAAGA
GCACCAGCTGCCGACGGTGGCTCGACGTGTTGCTGTGGTGGTAATTGCTGTTGGACAACCATTTGTTGTTGTTGCGTGCTGCTGCTGTTGCTGTTG
TAATAGTAATTGTTGCTGCTGCTGCTGAATGGCTCCGGTCACCACCACCTGTTGTACAATCTGCTGTTGCTGTGGCTGCTGTCCATCGGGAAGTT
GAATTATTTGCTGTTGTGGTGTTTGAGCTCCATTATTTCCTAAGCGATTGCTCAACATGTTGGCCAGGGCTGTCTTCGTTTTGAGGTTCATTTGC
TGCGGTGATTGTTGCGGCTGTCCATCGGGAGCTGTGCAAAAGGAATTGGTTACTATGTGCATTGTCCTTTTTTTAATGATTAAAGATGATTCGTA
TAATTGTAAAAGTCACTGTAGCAGACAAATGCATTTACTTACTCGTTGATGTCATGACCAAAGTTTGCGTCATTATGTTGGCATTTCCGGGAAGA
ACACCTCCTGCTCCTGGAGTTGTAGGTGTGCCTGGTGCGGACTGCTGCTGCGGCTGTTGGACGATGGTCTGTTGTTCAATCAGCTGACCATTGGG
TCCGGTGATAAGCTGCACTGTTTGCTTGCCCAGCTGCTGAGGTCCCTGTTGCTGAATGGGAATCTGCTGGACTCGCAACTGCTGCCGCTGCATCA
GCATTTGCTGGTTGGGATCATTGGGGTTGAAGGGCTGCTGTTGAGGAGACTGCTGCTGTTGCTGTGGTCCCGCTCCTGGCTGCTGTTGAATCGGA
CTCAAGCCAGGTGTTCCGGCGCGTACAACAACCTGTCGTTTTCCCTGCTGCTGTTGCAGCCAGAGGACTTGTTGCTGCTGTGTTAATCCGGGTGG
CATTTGGTGTTGGACAATAATGTGCCCGGGCGGAACCGGACCTGCCGGTCGCGTCGCTACTATGCTGCCCGGTGCTCCAGGTCGCGGCTGGTAGG
CAACCTGTTGGCGAAGCATTACTCGAGGTTTGTTCTGCTGATTCAACTTAGTAATATATTCGGCTCTTTTGTGAGCATCCAATGACATGAGGTGT
GCATGCGTTTTTTCGTCCACCACGATTTTTTGTTGCTGTGGCTGTTGCATTACCAACTGTTGTTGCTGACCAAGATGCTGTTGCTGCTGCTGCGG
CTGTTGTTGTTGCGGTGGCGGCAGCACGATCTGTTGCTGTTGTTGAGTGGGTTGAGGCTGTTGCTGTTGAGGCTGGCCGGGCCAAGAGGTTTGCG
GCCGCAATCCACGCGGAACAAATTGCTGCTGAGGCTGCGGCTGCGGCGTTGTTGGTCCACCGGGCAGGGGTGATTGCATCCCAACACTGGTGGGT
GTGCCTGGAGTGCTGGACGCCATTTGACCGCCAGCAGGACTTTGCGGTGACCAATGCTGCTGCTGCATTTGTGGATGGTGTTGTGGAGACTGCTG
TTGTTGCTGAAGCAACAACTGTTGTTGTTGCTGCTGCTGCGGAGGCGGCGTGCGTTGAGGCAGTTGTTGCTGCGTGATAAGCTGCATTATTTGTT
GCTGCTGATTATCGTTGGACAGTTTTTGCTGCAGTATCTGCTGTTGTTGGGGCGTTTGCTGCTGTTGTATAAGGATTTGCTGTTGTTGTTGTCCC
ACTAGCTGTTGTTGTTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGTTGTTGTTGTTGCTGTTGTTGCTGCTGCTGTTGCTGTTTTTGCATTAACTGCTGTTGTTG
TAGGTACTGCAAGCGCTGTGGATCACTGAGTATTTGCTGGTTAACAACAATCTGCTGCGGCTGCTGCTGCATTTGCATCCTCTGCTGTTGCTGCT
GTTGTGGTATAATCTGCTGCTGCTGCAACATTTGTTGTTGCTGCACAAGTTGCTGTTGTGTCTGATTGACCACGTAAACGTTTTGGCTCTGCGGA
TTTTGGGCTAGGATTTGCTGTTGCTGTTGTACGCTAAGCTGATTAAAGTGCTGCTGGCTAATTATAAAGGTCTTTTGTTGCTGCTGCTGTTGTTG
TGGCTGCTGAACTCCAGAAATTTGCTGGTGTGAATCAAACGAAAATTTATTGGGGTAAATATTTAAAAAAAAAGACAAAAAACTAAGAGTAGGCA

Filed: 2001-08-30 09:00 EST

TACCTGCTGTGGTTGTTGTTGCAGCTGCTGTTGCTGGGGAAATTGACCAATAATCTGCTGTTGTTGTTGTTGTGGAACCTGCTGCTGTTGCTGAA
CATTGGTTGGTGGACGTTGTATGGTTTGTTGAATTATCCGCACTTGACCACCAGCTCCAAGTGCTATTTGCTGCTGTTGTGTAAACTGAACTTGT
TGCGGTTGTTGTTGTTGAACTTGGTGCTGTTGCGGAAGCTGTTGCTGCTGCTGTGCCGGTGGCAGTTGCTGCACTTGAGTAATCTGTTGTTGCTG
CTGCGGCTGCTGTTGTGCTTGTTGTTGAACGTGCAACAATTGCTGCTGCTTCTGCAAGGCCAAAGACATATGACTTTGAATGATTTGTTGTCCTT
GAGCCGTGGATGTGTTTATAACATGGCGCTGAGTGATGACTTGTTGCTGTTGTCCAGGCTGTGGCTGTTGCTGCGTCAGGACCTGCTGTTGTTGC
TGCTGCTGTTGTTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGTTGTTGTTGTTGCTGCTGTATTTGCTAAAAAGAAGTAATCATTAATTTCCGGTAAAAAAT
AATATATGTTCTTTATTTTACTTGAGCGTTTTGTTGGTTTGGCTGCTGTTGCAAGGTGGGGGTAGTAGGTTGCTGTTGCAGTGGCGATTGTCGCG
GAGAAGGGGTGTGCTGCTGTTGTGGTTGCTGCTGCTGCTGCTGTTGCGGTTGCTGTGCCATTTGCTGCTGCTGGGGCTGCGGTGCCATTTGTTGT
TGCTGTTGCATCTGTTGTTGCTGCTTCAATTGTTGCTGCCTCATTATCAACGAGTCCTGATTGCTGCTCAATGCAGATCGACTGAGCACTTGAGC
TACCTGAACGGGGTCCGTTGGGTCGATAGGCTTCTGCTGGGAGAATGATTGCTGCGGCTGAGTGGCTTGTCCAGGAACCACCTGATGCTGATGCA
GCTTTGCCTGCATGGGTGGAGTTTGAGAAATCTGGGGCGATTGCGGAGAAATATGCTGGGGACTCTGCTGTTGCTGTTGTTGCTGCTGTTGGGCC
AATTGTTGTTGCTGCTGCAATTGCATGCGCTGCTGTTGATGGACGGGCTGTTGAAAGGGCTGCATCTGTTGCTGCTGTTGCGGCGACATCATAGA
TTGTGGTTGAGGTTGTTGTGGCGAGCCCATCATGTGCTGTTGTCGATTCTGTTGCATTTGCTGTTGCTGGCGCAAATGTTGTTGCTGGGCGTTTT
GCGGCGAGGGCGGAGGTGGCGGAGTCATTTGGGGAGCTGGGGATTGCAGTTGTCGCGGCGATTGTGGCGGCAACATATTGCTAGTTGCATGATGC
TGCTGTTGCTGCAACGATGGGGATGGCGTACTTGGTGGCATTACCGGCGAACGGTTTTGCACCATCCGAGGCGACTGTTGTTGTTGTAGATTCTG
TTGCTGTTGTTGCTGCTGCATTTGCATCTGTAATTGCTGCTGCTGCTGCATAACTTGTTGCAGCTGTTGTTGAATTTGTCTCTGTTGCTGCTGCT
GTTGCGGCGTCAATGCTTGTCCGCTTTGCACGATTTGCTGCAATTGCATTTGATTCTGGTTCAAAATTTGTTGCTGCCGCATTAGATGTTGGTGT
ATGATTTGCGGCGAAACCGGCACAGATTGTTGTTGTGGCTGCTGTTGCTGAACAACTTGCTGCTGAACAATTTGCTGTTGCTGAACTATCTGCTG
CTGCTGTACCATCGTTTGCTGCTGGCCCACTTGTTGCTGCACCACCTGTTGCTGTTGAACTATCTGCTGGTGGTGCTGAGGGGATTGCACGGGCT
GCGGCGTTGTAGATGGTGTACGTGGTGTCTGCCGGCCTGTTGGAGTCGTTGGCAGTCGGGGCGACTGCTGTTGCTGAGGAATTTGTTGTGGATGT
TGTTGAGAAAGTTGCTGTGGAAGTTGCTGTGCGATTTGTTGCGGGTGTTGTTGCGCAAGCTGCTGTTGAAGTGGTTGAGGATGCGGGCTGTTGC
(SEQ ID NO: 1471)

Exon: 6757..5627
Exon: 5569..5039
Exon: 4964..3368
Exon: 3261..1960
Exon: 1898..1667
Exon: 1604..1001
Start ATG: 6757 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT25344
ATGGTACAGCAGCAGCAGATAGTTCAGCAACAGCAAATTGTTCAGCAGCAAGTTGTTCAGCAACAGCAGCCACAACAACAATCTGTGCCGGTTTC
GCCGCAAATCATACACCAACATCTAATGCGGCAGCAACAAATTTTGAACCAGAATCAAATGCAATTGCAGCAAATCGTGCAAAGCGGACAAGCAT
TGACGCCGCAACAGCAGCAGCAACAGAGACAAATTCAACAACAGCTGCAACAAGTTATGCAGCAGCAGCAGCAATTACAGATGCAAATGCAGCAG
CAACAACAGCAACAGAATCTACAACAACAACAGTCGCCTCGGATGGTGCAAAACCGTTCGCCGGTAATGCCACCAAGTACGCCATCCCCATCGTT
GCAGCAACAGCAGCATCATGCAACTAGCAATATGTTGCCGCCACAATCGCCGCGACAACTGCAATCCCCAGCTCCCCAAATGACTCCGCCACCTC
CGCCCTCGCCGCAAAACGCCCAGCAACAACATTTGCGCCAGCAACAGCAAATGCAACAGAATCGACAACAGCACATGATGGGCTCGCCACAACAA
CCTCAACCACAATCTATGATGTCGCCGCAACAGCAGCAACAGATGCAGCCCTTTCAACAGCCCGTCCATCAACAGCAGCGCATGCAATTGCAGCA
GCAACAACAATTGGCCCAACAGCAGCAACAACAGCAACAGCAGAGTCCCCAGCATATTTCTCCGCAATCGCCCCAGATTTCTCAAACTCCACCCA
TGCAGGCAAAGCTGCATCAGCATCAGGTGGTTCCTGGACAAGCCACTCAGCCGCAGCAATCATTCTCCCAGCAGAAGCCTATCGACCCAACGGAC
CCCGTTCAGGTAGCTCAAGTGCTCAGTCGATCTGCATTGAGCAGCAATCAGGACTCGTTGATAATGAGGCAGCAACAATTGAAGCAGCAACAACA
GATGCAACAGCAACAACAAATGGCACCGCAGCCCCAGCAGCAGCAAATGGCACAGCAACCGCAACAGCAGCAGCAGCAACCACAACAGCAGC
ACACCCCTTCTCCGCGACAATCGCCACTGCAACAGCAACCTACTACCCCCACCTTGCAACAGCAGCCAAACCAACAAAACGCTCAACAAATACAG
CAGCAACAACAACAACAACAGCAGCAGCAGCAGCAACAACAACAGCAGCAGCAACAACAGCAGGTCCTGACGCAGCAACAGCCACAGCCTGGACA
ACAGCAACAAGTCATCACTCAGCGCCATGTTATAAACACATCCACGGCTCAAGGACAACAAATCATTCAAAGTCATATGTCTTTGGCCTTGCAGA
AGCAGCAGCAATTGTTGCACGTTCAACAACAAGCACAACAGCAGCCGCAGCAGCAACAACAGATTACTCAAGTGCAGCAACTGCCACCGGCACAG
CAGCAGCAACAGCTTCCGCAACAGCACCAAGTTCAACAACAACAACCGCAACAAGTTCAGTTTACACAACAGCAGCAAATAGCACTTGGAGCTGG
TGGTCAAGTGCGGATAATTCAACAAACCATACAACGTCCACCAACCAATGTTCAGCAACAGCAGCAGGTTCCACAACAACAACAACAGCAGATTA
TTGGTCAATTTCCCCAGCAACAGCAGCTGCAACAACAACCACAGCAGCAAATTTCTGGAGTTCAGCAGCCACAACAACAGCAGCAGCAACAAAAG
ACCTTTATAATTAGCCAGCAGCACTTTAATCAGCTTAGCGTACAACAGCAACAGCAAATCCTAGCCCAAAATCCGCAGAGCCAAAACGTTTACGT
GGTCAATCAGACACAACAGCAACTTGTGCAGCAACAACAAATGTTGCAGCAGCAGCAGATTATACCACAACAGCAGCAACAGCAGAGGATGCAAA
TGCAGCAGCAGCCGCAGCAGATTGTTGTTAACCAGCAAATACTCAGTGATCCACAGCGCTTGCAGTACCTACAACAACAGCAGTTAATGCAAAAA
CAGCAACAGCAGCAGCAACAACAGCAACAACAACAACAGCAGCAGCAGCAGCAACAACAACAACAGCTAGTGGGACAACAACAACAGCAAATCCT
TATACAACAGCAGCAAACGCCCCAACAACAGCAGATACTGCAGCAAAAACTGTCCAACGATAATCAGCAGCAACAAATAATGCAGCTTATCACGC
AGCAACAACTGCCTCAACGCACGCCGCCTCCGCAGCAGCAGCAACAACAACAGTTGTTGCTTCAGCAACAACAGCAGTCTCCACAACACCATCCA
CAAATGCAGCAGCAGCATTGGTCACCGCAAAGTCCTGCTGGCGGTCAAATGGCGTCCAGCACTCCAGGCACACCCACCAGTGTTGGGATGCAATC
ACCCCTGCCCGGTGGACCAACAACGCCGCAGCCGCAGCCTCAGCAGCAATTTGTTCCGCGTGGATTGCGGCCGCAAACCTCTTGGCCCGGCCAGC
CTCAACAGCAACAGCCTCAACCCACTCAACAACAGCAACAGATCGTGCTGCCGCCACCGCAACAACAACAGCCGCAGCAGCAGCAACAGCATCTT
GGTCAGCAACAACAGTTGGTAATGCAACAGCCACAGCAACAAAAAATCGTGGTGGACGAAAAAACGCATGCACACCTCATGTCATTGGATGCTCA
CAAAAGAGCCGAATATATTACTAAGTTGAATCAGCAGAACAAACCTCGAGTAATGCTTCGCCAACAGGTTGCCTACCAGCCGCGACCTGGAGCAC
CGGGCAGCATAGTAGCGACGCGACCGGCAGGTCCGGTTCCGCCCGGGCACATTATTGTCCAACACCAAATGCCACCCGGATTAACACAGCAGCAA
CAAGTCCTCTGGCTGCAACAGCAGCAGGGAAAACGACAGGTTGTTGTACGCGCCGGAACACCTGGCTTGAGTCCGATTCAACAGCAGCCAGGAGC
GGGACCACAGCAACAGCAGCAGTCTCCTCAACAGCAGCCCTTCAACCCCAATGATCCCAACCAGCAAATGCTGATGCAGCGGCAGCAGTTGCGAG
TCCAGCAGATTCCCATTCAGCAACAGGGACCTCAGCAGCTGGGCAAGCAAACAGTGCAGCTTATCACCGGACCCAATGGTCAGCTGATTGAACAA
CAGACCATCGTCCAACAGCCGCAGCAGCAGTCCGCACCAGGCACACCTACAACTCCAGGAGCAGGAGGTGTTCTTCCCGGAAATGCCAACATAAT
GACGCAAACTTTGGTCATGACATCAACGACTCCCGATGGACAGCCGCAACAATCACCGCAGCAAATGAACCTCAAAACGAAGACAGCCCTGGCCA
ACATGTTGAGCAATCGCTTAGGAAATAATGGAGCTCAAACACCACAACAGCAAATAATTCAACTTCCCGATGGACAGCAGCCACAGCAACAGCAG
ATTGTACAACAGGTGGTGGTGACCGGAGCCATTCAGCAGCAGCAGCAACAATTACTATTACAACAGCAACAGCAGCAGCAGCAACAACAACAAAT
GGTTGTCCAACAGCAATTACCACCACAGCAACACGTCGAGCCACCGTCGGCAGCTGGTGCTCTTAGAATGATGGGCCAGCAACATAACGCAACAG
CCGGAGTTCCTGGACCACCGCGAACTCAGCAGGAGTTGCTCATGTTGCAGCAACAGCAGCAACAACAACTGCTGCAACAGCAGCAAATGCGCAGA

GTTGTCGCCCTGCCACAACAGCAGCAGGCACCGCAGCAACATCTAGTCCAACAACAGATCGTAGTCGCTCCGACACAGTCCCCCCAGCAGCAGCA
ACAGATGGCTGTGGGAGTGGGCGTGGGTGTGCCAGTGCAGCGGACTCCTCACGGCTACATTCAAACTCGTCCTGGTCAGCAACCGATCCCTATGC
CGCAGTTCTACGGGCACAATCCGAACCTAAAGTTACCAGCCGATCTCTTTTTGGTGGGCTGTACGTTCTACATTGTGGAATACGATGAAACAGAC
GGTGATGAACTGCCCATTTGGCTAGATACGATTAGACAGTTTGGCGGTGACATCGAACGTGTTTACTGCCCCCGAGTAACCCATGTTATTTGTCG
CACTCAGCGTCATGGCGTGGTGATGCAGGCGTTGCGGGATGCCAAGCGCTGCGTCACTGCCTACTGGCTGAGTGATATTTGCTTAAAGCGCCAAC
TGATGCCACCGTGGCAGCCGTTGCACCTACCGTTCCCCAGCCAGTTTGGCTATCGTAAGCCCCTAGAACGCTACATCATAACCTCCGAGGGATTT
GAAGGCGAGGAGGTTGTGAGACTACAGCAGATGGCAGAGGAGTGCGGTGCCATCTACACATCCTATCTGTCCAAGGTGAACACAGTGGTCGTGTG
CAAGCAGCTCGAGGGCAACAAGTTTAATGCCGCCAAGGAGTGGAACATACCGATGGTCAATGCGCTTTGGTTAAGCGACGTGTGCATCGGTAACC
TTAGTGGCCTCTCCCAGTATGAGAATCCCAAGTATCAGCAGTACAACTTGGTCGCTCCCTTCCGCATCGAATGCAATCTGGTGGCTCATCTGCTA
ACTGCTTGGAAGGCGCCCATCAATCTAACTCAGGAGGCACACGAACGGGTCAAGCGACACTTATCCGATCCTTACGGCAACGAGCAAAAACTTAA
GCGCCAGAAGATGAACGCATTCCAGCAGGAGCAGCTGCCAGAGCAAATTGTCTGCGTAGAATATCCAACTACCACCAAACCACCAAAGGTCATAT
TTTCCCAGGTCGCAGATGCCGAGGCTCTTAAAAAAGCTGTGTTAATTTTGGGTGGAATTGTGGTGGACAGCCCTGCAGATGCCACTCACCTGGTA
ATGACACGCGAGAGTCGTACATGCAAGCTAATCCAGGCCTGCTGCCACGTCGATTATGTGCTGAAGTCGAGCTGGATTGCTGATAGTGCCAAAGC
TGGTAAATTTGTGCCTACAGATCCATACCGCATTCAGCACATACCGGTGGACGAGAACCTGCAGTTCAATCTGAATACCGTGCTGTGCGCCCCCA
CTCGTTCAACGCTGTTTGCCGGCAAATACTTCCATGTGACGCCGGACGTGTTCCCAGCTCGCGAAGAAATTATACGAATGATTGAATCGTCTGGT
GGTAAAGTGGAGCCGAAGCGGAGAAGCGGTGCATCTGTGGCGGAAACACACATGCAAGCGCCCGATTCCTACATCATAGTAACCTGTCCCACGGA
CATGCATCTCTGTGCGGATCTCACGCGGCACGGAAATCCCAAGTGTCATATCGTTTCAACGGAGTTCGTCATGAGCTCGATACTCAGGCAGCAGC
TGGAGATTGAGCCCAATCTTATACCATACTTGTACAACAATAACAATGTCAATAGCTGCAATAGTAATAAGTCCTAG
(SEQ ID NO: 1472)

Start ATG: 1 (Reverse strand: CAT)

MVQQQQIVQQQQIVQQQVVQQQQPQQQSVPVSPQIIHQHLMRQQQILNQNQMQLQQIVQSGQALTPQQQQQQRQIQQQLQQVMQQQQQLQMQMQQ
QQQQQNLQQQQSPRMVQNRSPVMPPSTPSPSLQQQQHHATSNMLPPQSPRQLQSPAPQMTPPPPPSPQNAQQQHLRQQQQMQQNRQQHMMGSPQQ
PQPQSMMSPQQQQQMQPFQQPVHQQQRMQLQQQQQLAQQQQQQQQQSPQHISPQSPQISQTPPMQAKLHQHQVVPGQATQPQQSFSQQKPIDPTD
PVQVAQVLSRSALSSNQDSLIMRQQQLKQQQQMQQQQQMAPQPQQQQMAQQPQQQQQQQPQQQHTPSPRQSPLQQQPTTPTLQQQPNQQNAQQIQ
QQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQVLTQQQPQPGQQQQVITQRHVINTSTAQGQQIIQSHMSLALQKQQQLLHVQQQAQQQPQQQQQITQVQQLPPAQ
QQQQLPQQHQVQQQQPQQVQFTQQQQIALGAGGQVRIIQQTIQRPPTNVQQQQQVPQQQQQQIIGQFPQQQQLQQQPQQQISGVQQPQQQQQQQK
TFIISQQHFNQLSVQQQQQILAQNPQSQNVYVVNQTQQQLVQQQQMLQQQQIIPQQQQQQRMQMQQQPQQIVVNQQILSDPQRLQYLQQQQLMQK
QQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQQLVGQQQQQILIQQQQTPQQQQILQQKLSNDNQQQQIMQLITQQQLPQRTPPPQQQQQQQLLLQQQQQSPQHHP
QMQQQHWSPQSPAGGQMASSTPGTPTSVGMQSPLPGGPTTPQPQPQQQFVPRGLRPQTSWPGQPQQQQPQPTQQQQQIVLPPPQQQQPQQQQQHL
GQQQQLVMQQPQQQKIVVDEKTHAHLMSLDAHKRAEYITKLNQQNKPRVMLRQQVAYQPRPGAPGSIVATRPAGPVPPGHIIVQHQMPPGLTQQQ
QVLWLQQQQGKRQVVVRAGTPGLSPIQQQPGAGPQQQQQSPQQQPFNPNDPNQQMLMQRQQLRVQQIPIQQQGPQQLGKQTVQLITGPNGQLIEQ
QTIVQQPQQQSAPGTPTTPGAGGVLPGNANIMTQTLVMTSTTPDGQPQQSPQQMNLKTKTALANMLSNRLGNNGAQTPQQQIIQLPDGQQPQQQQ
IVQQVVVTGAIQQQQQQLLLQQQQQQQQQQQQMVVQQQLPPQQHVEPPSAAGALRMMGQQHNATAGVPGPPRTQQELLMLQQQQQQQLLQQQQMRR
VVALPQQQQAPQQHLVQQQIVVAPTQSPQQQQQQMAVGVGVGVPVQRTPHGYIQTRPGQQPIPMPQFYGHNPNLKLPADLFLVGCTFYIVEYDETD
GDELPIWLDTIRQFGGDIERVYCPRVTHVICRTQRHGVVMQALRDAKRCVTAYWLSDICLKRQLMPPWQPLHLPFPSQFGYRKPLERYIITSEGF
EGEEVVRLQQMAEECGAIYTSYLSKVNTVVVCKQLEGNKFNAAKEWNIPMVNALWLSDVCIGNLSGLSQYENPKYQQYNLVAPFRIECNLVAHLL
TAWKAPINLTQEAHERVKRHLSDPYGNEQKLKRQKMNAFQQEQLPEQIVCVEYPTTTKPPKVIFSQVADAEALKKAVLILGGIVVDSPADATHLV
MTRESRTCKLIQACCHVDYVLKSSWIADSAKAGKFVPTDPYRIQHIPVDENLQFNLNTVLCAPTRSTLFAGKYFHVTPDVFPAREEIIRMIESSG
GKVEPKRRSGASVAETHMQAPDSYIIVTCPTDMHLCADLTRHGNPKCHIVSTEFVMSSILRQQLEIEPNLIPYLYNNNNVNSCNSNKS*
(SEQ ID NO: 1473)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384150
CATTAATTGTAATTATTTGATTGGGTATTTTCGATAAGCTACAAATTCAGGGATTTCGTTGTATACCTTTTAGATTTTCATGCTGCTTGATTACA
TATACTTTTTTTGTTGCTGCCACTTTTGTGCACTTTTTTTTTTCACACACAAACTCGAAACAGAAAATGCCATTAATGATACTGTTGTTGTTGTTG
TTGTCTTGAGCACTGGAAATTTTCGTTACGCTTTGGCAGACATTACGAGCCACGCTCCGCATCCGCGACCCCCAATCCACAACATCCGCAATCCG
CTAGCGATATGATGATGGCTATATCTATATTGTTGTTGCCGCGGTTTTTTTTTTTTGGACTACTGGGATCCGAACTCGGACTCGTCTATCTTTGG
TTACACGTAGTTTGCGACTGAGCTGAGAGCACCTGGCGAAGCACACGCCGAACTCAAAACTGAAGCTGGTCCCGTCTTTTGGCCAAGAGCCTCAC
TCTCGCTCTCACTCTCTCTCTCTCTCTCTGCGGATGTTAACAAAGGCAGGCGGCTGCAGCGGAGAGCCAGGTAGCTTTGATTTTTTGACCAAACG
ATCTACCTGGGTAAATAGCACCACCGAGGCCCATGTTAAAAAGATCCAGCGAATATCGTAGCATTGCTATACCTGTACGGATAAGTAAGAATCTC
TTTGACACCATAGAGTTCTGATCGAGACTCGTACTCCCTCCCAATTCCAATTGATATTAGAAACACTACTGTTGATGATCAATCGCCTGACAGTC
ACAGTTACAGTTCCGATTTTACAACTATTTAAACCAAGATCAAAAGATCTTAAGATCTTAATAAAAACTAATGTCTCGATCATTCACACTTTAAA
CATCTAACTGTAAACTGTTTGGTGATAGCGACAGTTGTAAAAAAAAGCAATCCAATTTGACCAAGCCCAATGTTTAATTAACCAGTAAGTGATTG
ACTTTAAAATGGAGAGAAAGCCAATTTATTTTATTTACTACTATTTACAGTCAATGTTTGCTCTTCTTCTTCTTCTTCTTGGCCTTGTGCTTGGA
TTCTTCGCTCTTTTTCGATTTTTTCTTGGACTTCAGCTTCGATTTCTTAGACTTTTTCGAGCTGGAGCCCTTGTGCGATTTCTTGGGCTTACTGA
GTTTGGATCTCTTGTCATTGTCATCAGAAGAATCGGATGATGAGGATTCGTTGCTAGAACTAGCATCGCTATCTTCGCTGCCGGATATGCATTTC
TTTTCCACCCACTTTTCAGCTTTGCGCTTTTTAGGCGCGTGCTGCTGCCAAAGCTGTTGAAGTCTGTCGTCAATATTCGCCTCTGCCTGAATCTC
TGGAGCAGCCGGCTTTTGAGGAGGTGCTGTCGGTAACTTTGGTCCATAAATATCCTCTGGCGCCACCTCAGCCATTGCCAACTCCCTATCGTTTC
TCAGTCGCTCCTTTCGTGGTTTGTATGCGATTTTCAGTTTGCTTCCCTCGATGGGACCAAACTTGGTCGGTGCTGGTTCTTTGGCAGCATCCTTT
ATCTTAGGACTAAATAGGGAAGCAAAGATTCCTCTGGGTGGCGAAGTGTTTCTCAGGACATTTTGGGCGGCAGCTGAGGTGGTCGATGTTACGGG
TAAGCCAAAAGACTCTTGCAGGATAGCTAATTTATCCTGCTCGGATAGTTCCGTCTCTTCCTCATCGCTGTCCTCGAAAATGCTTTTGAACAGGT
CCACTTTCTCTGAGATGGGTTTGTTGCGGGATTCATCTACAGCCTGCTCCAGGGGAGTTTTCGGCACGAAAGTATGCTTAGACGGCTCTTCTTTT
GTATTAGGTTTATCCTGTATCTCAGCTTCTGGTTGAGGAGCTGGTGGCGGGGATGGTGGTGTTTCTACCTTTTCCGGAATTGATTTTTCGATGTG
CTTGGGAAAAATAGAGGGGGTTTCGAAGTTTGCTTTAGTGTTTACGGATGTCTCTAGATAATCAAATACTGAAATTTTTGCCTTGGCTTTCAGTT
CCTTTTCTGGTTCCAGCATGGCACCACCAAAGGGCTCGGCTATATTGTACCGCTTGCACAGCAGTGCGGTGGGTTTCCACATGGTCTTGGTCCTC
TCCATCACGATCTTTCGCTCCTCCGGCGGCTTCTCTTGCTGCTCTACTTTCTCTGCTTGAACATTGGCTTCCGAAACGAACCTGTCATTCATAAG
GCCAACTAATGGTCGATATATCTTTGCCGCCTGAATAAACTCCTTCTTCTCCATCTCCCTATCCCACAGAGATAGTGTAACTGGTTGCATTCTCG

CCAGGAACTCCGTAATTTCCTTGTCATCCGTAAGCTTTGATGATACGAATTTCTCATATCGCAGCTGCTTAGCTTCATCAGCTATAAAAGGTTTA
AAAGCGCTTGAAGAATTCATAGCAGAAGCTGAAATAATTGAAATGTTATAATATAATAATTTCTAGGCACTGTAAATTTTGCTTACGCAAGTCCT
TCGTCTTGAGGGCTGCTCTCTCTTGTATGGCGGCATTTGCCTCCTTTACTTCCTTGGCTAGTTCAGTTTGCTGCTCCTCGCCATTTTCGGTTATC
ACTCCGCCCTTGGTAAAGCCCTCAGTTCTGGCATTAATGCGTTCCATTAAAGATTTACTATGATCCTTAAAGGGATTTCGTTTTGGCTGCTCTTC
CGCAGTCTTTTCCTCTTGTTGTTGCTCGCCTAAGATCTGCGCACGTTGATCCGGATTGAGATCGTGTCTTCCCAGACCAGACCGTTTGTACTCTG
AGGCTGTCTCCAGTTTCTGGGCTCTTTCTTTGTCCATCGGTGCAAAGCGGCTTCGTCGCTGCAGCCAGTTTCTGGGCTGAAAATCCCTAGGTAAA
TCAATGGCATAAGGCCTCTGCAGCACTGCCGGCGAGTTGTCCTCACTGAAGCCATCGATGACATGACGCTGTTGGACATGCTGCTGCTTTTTTG
CTTGGGTTTCTTGTCCGCCAGGGAGAAATCGTAGCGGGTCATATCATCGCGGGCATATATATCCTCGTCCTCTTCCTCAAAGGCTCCCACTCCGA
AGGCTTGACCTCGTATGGATAGTTGCTTTTTGTTAGCCTGCGCCTCCATCTCACCAAATAGATTGATGTGTTGCATAGGCTTGGCAGAAGAAGAA
GACGATTTGGACAGAATGGGATCACGGTTGAGACCGGAGTAGCTCATGCCAAAGCGGTTCTCCTTGGGTGTGTAAAAGATCGGCTCGTAGTCGTC
CGGAGCAAATGTAATATCTTCATCGTCTTCGTCCTCATTATTGCTATCTTCTTCTCCTTTGTTCTCTTTATTAGATGGTAGTCCCTCCGCGCCGT
AGTGTTCCATAAGATACTGCTCTTTGGAATTTCTGGCCGTAGCTTGGCGCTTCTCCTTTCGAGTTTGCCGCGGGCCTACACCTTGGCCAGGTTTC
CAGCCCATGCTTTTAAGTATTCGCACGGCCACTTTATCTCGAACCGGTCGTAGAAGTTGCTCCAGCACTGGAAGACCTGGTATGGCCCCGACACC
CAACTCAGGCTGCATTAACTTGCGGCGCCTCTGATCAGAACGTTGCTTCTGCTCGTCCTCATTGGCGAACTCATCACGCGTGCGAATGCCTTGCG
GTGCGATGCCAAACTCGCCCAGATCCTCCTGGTCCATAAAGTCTTCCGGTTTCAGCTGAGCCTTTGACGACGCCCGCTCGCCCCGCGAACTTTTA
AAGGTCTGCGGCGTCCAGCCCTCCAGTGAGCCAACCGTGTTCCAGAAGCCCGCACTGAAGCCGCCGGTGAAGGCTCCATGGAATCTCCGCTTTCC
ATTTTCGTCCTTCACAATTTGATCCTCGATGGCCACTGGCTTTTTAGCCGGCACAACATCTGTAAAAGAGGTTTTAATGGTATTGGGAAAGCTGA
TAAATATTTATTACAGTACTCACCCTTTTGCAAGGCTGGCAGCGGAGTTCCAAATCGGTGTAAATGCTCCTCCTCGTCCATTCTATGCTACAAAT
TCCATATATTAGCGAAACAATTTGTTTGGTCTGGGCGCCAGTGAGTGCACACCACATTACAGATGACAGCTGACTGGAGTGTTCGCCTATCGGTC
ACGTTTTGCTGAAAACTGTGACCGGAACTTTAATACGAAATTATTAAAAAAAATTAAAACAAGAAATAAGCTAATTTATTGAAATACTAAAATAC
TAAAGTTTTAAAATTAAAAATAAAAAACTACAGTAATACTTTAAAAAATGTTACAAATTATGTTAATGTTAATTTTTAAAGCCGGCGGCTTACTT
GTCTGAACTAAATTATTAAAATACCGTTTACTTAATTATTTATCAATCTGGTATTAAAAAAAAACTTGTGAAGAAATAATAAGCAATATTTCAAT
TACTATTGATGTTTAACTGACCATTGCAATCACGGCTTTGAGTAGCGATATTATTTGCAATCCGACAGGTGAGTTCTGCCATCTCTAGTTCAACC
GCACGGTCACATTTAAGACATTGCAAATATTTTAGAGGAACTATTTCGTTGCAATTTTCAGCTGCCTGCAACGGAAATACAGTGCAAATGGTAAG
CGCAACGGCGGTGACAAAGAAAGGCACACCTATCCGATTGGAAAACCAGGTAAATACCGAGAATAAGACCAGAACGGGAGTCGCGACAGACTGGA
GCTACCTGTGCTGCCTGTATGGGTGACTAATGATGTCAACATTTTCTGTTTTCTCTCCTCAAGCCGACGGCCATTTTTGGCTAGCTAAGACGTGA
TTATTGGCCCGAAAGCACAAGAAGTGCAGCGCAGTAAGTAGGCTGGCATTCCGTGTCCAGGGAACCCGATAACCACAGCTCCATTCCCAACGAAC
AGCAATCATAAGTACATCAGTTATACCCACATCCTGGTCTCATACACGCACACAAACACAGCGAGAGCGAGATGTCCGAGAAAAACCTGAAAGTG
GGCGCCCGGGTCGAGCTGACCGGCAAGGATCTGCTTGGCACGGTTGCCTACGTGGGGATGACCAGCTTCGCCGTCGGCAAGTGGG
(SEQ ID NO: 1474)

Exon: 4025..3919
Exon: 3859..2462
Exon: 2403..1001
Start ATG: 3976 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT25382
CCCAGACCAAACAAATTGTTTCGCTAATATATGGAATTTGTAGCATAGAATGGACGAGGAGGAGCATTTACACCGATTTGGAACTCCGCTGCCAG
CCTTGCAAAAGGATGTTGTGCCGGCTAAAAAGCCAGTGGCCATCGAGGATCAAATTGTGAAGGACGAAAATGGAAAGCGGAGATTCCATGGAGCC
TTCACCGGCGGCTTCAGTGCGGGCTTCTGGAACACGGTTGGCTCACTGGAGGGCTGGACGCCGCAGACCTTTAAAAGTTCGCGGGGCGAGCGGGC
GTCGTCAAAGGCTCAGCTGAAACCGGAAGACTTTATGGACCAGGAGGATCTGGGCGAGTTTGGCATCGCACCGCAAGGCATTCGCACGCGTGATG
AGTTCGCCAATGAGGACGAGCAGAAGCAACGTTCTGATCAGAGGCGCCGCAAGTTAATGCAGCCTGAGTTGGGTGTCGGGGCCATACCAGGTCTT
CCAGTGCTGGAGCAACTTCTACGACCGGTTCGAGATAAAGTGGCCGTGCGAATACTTAAAAGCATGGGCTGGAAACCTGGCCAAGGTGTAGGCCC
GCGGCAAACTCGAAAGGAGAAGCGCCAAGCTACGGCCAGAAATTCCAAAGAGCAGTATCTTATGGAACACTACGGCGCGGAGGGACTACCATCTA
ATAAAGAGAACAAAGGAGAAGAAGATAGCAATAATGAGGACGAAGACGATGAAGATATTACATTTGCTCCGGACGACTACGAGCCGATCTTTTAC
ACACCCAAGGAGAACCGCTTTGGCATGAGCTACTCCGGTCTCAACCGTGATCCCATTCTGTCCAAATCGTCTTCTTCTTCTGCCAAGCCTATGCA
ACACATCAATCTATTTGGTGAGATGGAGGCGCAGGCTAACAAAAAGCAACTATCCATACGAGGTCAAGCCTTCGGAGTGGGAGCCTTTGAGGAAG
AGGACGAGGATATATATGCCCGCGATGATATGACCCGCTACGATTTCTCCCTGGCGGACAAGAAACCCAAGCAAAAAAAGCAGCAGCATGTCCAA
CAGCGTCATGTCATCGATGGCTTCAGTGAGGACAACTCGCCGGCAGTGCTGCAGAGGCCTTATGCCATTGATTTACCTAGGGATTTTCAGCCCAG
AAACTGGCTGCAGCGACGAAGCCGCTTTGCACCGATGGACAAAGAAAGAGCCCAGAAACTGGAGACAGCCTCAGAGTACAAACGGTCTGGTCTGG
GAAGACACGATCTCAATCCGGATCAACGTGCGCAGATCTTAGGCGAGCAACAACAAGAGGAAAAGACTGCGGAAGAGCAGCCAAAACGAAATCCC
TTTAAGGATCATAGTAAATCTTTAATGGAACGCATTAATGCCAGAACTGAGGGCTTTACCAAGGGCGGAGTGATAACCGAAAATGGCGAGGAGCA
GCAAACTGAACTAGCCAAGGAAGTAAAGGAGGCAAATGCCGCCATACAAGAGAGAGCAGCCCTCAAGACGAAGGACTTGCCTTCTGCTATGAATT
CTTCAAGCGCTTTTAAACCTTTTATAGCTGATGAAGCTAAGCAGCTGCGATATGAGAAATTCGTATCATCAAAGCTTACGGATGACAAGGAAATT
ACGGAGTTCCTGGCGAGAATGCAACCAGTTACACTATCTCTGTGGGATAGGGAGATGGAGAAGAAGGAGTTTATTCAGGCGGCAAAGATATATCG
ACCATTAGTTGGCCTTATGAATGACAGGTTCGTTTCGGAAGCCAATGTTCAAGCAGAGAAAGTAGAGCAGCAAGAGAAGCCGCCGGAGGAGCGAA
AGATCGTGATGGAGAGGACCAAGACCATGTGGAAACCCACCGCACTGCTGTGCAAGCGGTACAATATAGCCGAGCCCTTTGGTGGTGCCATGCTG
GAACCAGAAAAGGAACTGAAAGCCAAGGCAAAAATTTCAGTATTTGATTATCTAGAGACATCCGTAAACACTAAAGCAAACTTCGAAACCCCCTC
TATTTTTCCCAAGCACATCGAAAAATCAATTCCGGAAAAGGTAGAAACACCACCATCCCCGCCACCAGCTCCTCAACCAGAAGCTGAGATACAGG
ATAAACCTAATACAAAAGAAGAGCCGTCTAAGCATACTTTCGTGCCGAAAACTCCCCTGGAGCAGGCTGTAGATGAATCCCGCAACAAACCCATC
TCAGAGAAAGTGGACCTGTTCAAAAGCATTTTCGAGGACAGCGATGAGGAAGAGACGGAACTATCCGAGCAGGATAAATTAGCTATCCTGCAAGA
GTCTTTTGGCTTACCCGTAACATCGACCACCTCAGCTGCCGCCCAAAATGTCCTGAGAAACACTTCGCCACCCAGAGGAATCTTTGCTTCCCTAT
TTAGTCCTAAGATAAAGGATGCTGCCAAAGAACCAGCACCGACCAAGTTTGGTCCCATCGAGGGAAGCAAACTGAAAATCGCATACAAACCACGA
AAGGAGCGACTGAGAAACGATAGGGAGTTGGCAATGGCTGAGGTGGCGCCAGAGGATATTTATGGACCAAAGTTACCGACAGCACCTCCTCAAAA
GCCGGCTGCTCCAGAGATTCAGGCAGAGGCGAATATTGACGACAGACTTCAACAGCTTTGGCAGCAGCACGCGCCTAAAAAGCGCAAAGCTGAAA
AGTGGGTGGAAAAGAAATGCATATCCGGCAGCGAAGATAGCGATGCTAGTTCTAGCAACGAATCCTCATCATCCGATTCTTCTGATGACAATGAC
AAGAGATCCAAACTCAGTAAGCCCAAGAAATCGCACAAGGGCTCCAGCTCGAAAAAGTCTAAGAAATCGAAGCTGAAGTCCAAGAAAAAATCGAA
AAAGAGCGAAGAATCCAAGCACAAGGCCAAGAAGAAGAAGAAGAAGAGCAAACATTGA
(SEQ ID NO: 1475)

Start ATG: 50 (Reverse strand: CAT)

MDEEEHLHRFGTPLPALQKDVVPAKKPVAIEDQIVKDENGKRRFHGAFTGGFSAGFWNTVGSLEGWTPQTFKSSRGERASSKAQLKPEDFMDQED
LGEFGIAPQGIRTRDEFANEDEQKQRSDQRRRKLMQPELGVGAIPGLPVLEQLLRPVRDKVAVRILKSMGWKPGQGVGPRQTRKEKRQATARNSK
EQYLMEHYGAEGLPSNKENKGEEDSNNEDEDDEDITFAPDDYEPIFYTPKENRFGMSYSGLNRDPILSKSSSSSAKPMQHINLFGEMEAQANKKQ
LSIRGQAFGVGAFEEEDEDIYARDDMTRYDFSLADKKPKQKKQQHVQQRHVIDGFSEDNSPAVLQRPYAIDLPRDFQPRNWLQRRSRFAPMDKER
AQKLETASEYKRSGLGRHDLNPDQRAQILGEQQQEEKTAEEQPKRNPFKDHSKSLMERINARTEGFTKGGVITENGEEQQTELAKEVKEANAAIQ
ERAALKTKDLPSAMNSSSAFKPFIADEAKQLRYEKFVSSKLTDDKEITEFLARMQPVTLSLWDREMEKKEFIQAAKIYRPLVGLMNDRFVSEANV
QAEKVEQQEKPPEERKIVMERTKTMWKPTALLCKRYNIAEPFGGAMLEPEKELKAKAKISVFDYLETSVNTKANFETPSIFPKHIEKSIPEKVET
PPSPPPAPQPEAEIQDKPNTKEEPSKHTFVPKTPLEQAVDESRNKPISEKVDLFKSIFEDSDEEETELSEQDKLAILQESFGLPVTSTTSAAAQN
VLRNTSPPRGIFASLFSPKIKDAAKEPAPTKFGPIEGSKLKIAYKPRKERLRNDRELAMAEVAPEDIYGPKLPTAPPQKPAAPEIQAEANIDDRL
QQLWQQHAPKKRKAEKWVEKKCISGSEDSDASSSNESSSSDSSDDNDKRSKLSKPKKSHKGSSSKKSKKSKLKSKKKSKKSEESKHKAKKKKKKS
KH*
(SEQ ID NO: 1476)

Celera Sequence No. : 142000013384150
ACATTTGTGTCCAATGGATCCTCGCAACCAACTATCTCGAAGGGTATTAATGGGTTCATAGTACCTCTTCTGCAATGGGATCTACTCAGATTTGA
GTTTGATTTATCGAGCTGGAGGAGCTGGGAAAAGAACTGAAAACTCTGCTCACACTTGTGACGGAAGTGAAAGGCATTTTGAGCGGCCACCAGGC
AGGTAGGACAGATCTTTTGTGGCATTTCATCCCGTTTCACGCGACAGATCTCCGGCAGAATTGAGTTCAACATTTCCCAAATGGGGGGATCAGAG
ATCTCCTTGGAGAAAAGGTCCACCAGTATGGATGAGTGTTCGGCGCAGGCTCGGCAGTTCTTTCCCATGCTGGCGTCCACTGATCTTTCCATTTT
TCCCGATGATCTCCCAACCATAGAGGCCGGAATTTCAAAAGAATCAACAAATGTTGGGCACTTGCTCTCCTGCCAAGTAGTCAATGTGAACGTAT
TCGCACAGAGTTGTCAGCTGCATCCGATGATTACTCGATAGTCGATAAGGTTTCATATGCCATCTCCATTAACGTCGTGAGGTTAACTGTGACTG
GGAACAAATCTGCGGCATTCAAAACAATGGTGTCGATAGGTAGGATTCCAATCATATTTAAATCAAAATGTATGTAAATCTATATTAAAGGCATT
AACAATGAAAATAAGAATATTAGAGATAATTTTAATTTTAATAAATAATTTACAAATCAAGTAAAGTTACAAATCAGTCTGTATTATAAAAACGT
TTAATTAACATATAATCTTTAACAAGCGTGCATGCAATGATTTAGGTATTAAAGGTTATCATTTTAATATTTATCTTCATATTTAAGTTGAAATT
TGCTAACTTTGCCAACAGCTGCAATAATTACTTTCACTTTCGCTTTCACAGTCACAAGATTGACTCATCGGCTTAAAAATACCAGTGACTCGCCA
CGGAATCGCGGATATCGCTCATCTCTATCAGCTTTGAGCAAAATTAGTATCTTGTATTGGCCAAACAGACAAGCGAGCGAAGGCCTTTTTGTTGT
CGTTTCTGGCAATGATTTAGGTCTTCATCAAGTGTTATTAAGCTAGGCATAAAGTTTTACCCATCGCTGGACATGGATATCCTGGACATCGATGA
GGCACTAAAGGATGATTCATATATGTGAGTGAAACCACTCCTGTTGTTTTTGTTCCTGTTGTTGTTGCTGCTGCAGCTGCTGCTACTGCTGCTGG
CACTTCACAGGCAGAGGCATCGATGCTATAAATACTCATATGCCTGGTACTCCTTGGCAGATTTCTGGCGGATAAGACCCACGACGATGTCTCCA
ACATATTGCAGCAGTGGAAGACGAACAATCAGCCGCCGTTGCAGCAATTGCACTTGCAGTACAACAACGAGGGTAAGCCTTTTCCACACATACCG
ATGCACCCGATCACAAACATACACACATGTGCAGCACATCATGCAGTTGCGCTTTCTAAATCAAATTTGGGTTAAACTGGCGGCTACGTTGACAA
AGTTCAAGTCGCATGTGGGCAGCATTACTTGGCCAGTAGTTACCGTTGTCTTTCAAAGTGGCCGATTGCCATAATTGGCAACAGCGCCAATGTTA
TTGTTACGGTAATTAATCAAGTCTCAATACGCACACACACACACGCGTTCCCATTGCAAACAGCTGTGCGTGGTACGGCAATAATATTGAAGGAA
AAAAACTGGCTATGCTAATATGGCAAGAATCTCGCATTATACGCAAACATTATTATATAAATCCAATTTACTTCCTGCCCAGCCAGCGAAAGTCA
ATCAAGCAATACGCAAATAAACTATTTGCGTACAATTAAATAAACAATTACCACCGAACTAAAGACGAGGATCAAAAATCGATTAGGCGATTTAA
TTTGAGTGAAATATTGTCATGCTGAGCTATTTTTAATGATTTTCCAAAGTGGAATGCCAGAATTCCAAATATTGCTAAAAATATAAGTTAAATAA
AACTATTTACAACAAAGTTCATACTTAATAGTCATTCCTGTAAATGTATGCAATGGTTAAACTCAGCATAGATAAATATTTTAAATAGCTTAAAT
AATATATACAAAATATTCTTTTAAGCGATAACAATAGTAGAAGTGGAAGTAAGAAAATTACGTTAACAAACAACAATTACTTATAATTATATATG
AAAGCTTCAGGGCGTTTATCCAGTAAGTTAAAAAATAGCTAAATGCTAACTTAACGGTAAAATATCAAATAGTGTGCTGAACACATCGCTTTTGC
GAAGCGTCCTTTGGATCTTTACTAACACTAAAAAAATTGTAAACTCCCGGAGATTGCTAGTAGTGTGCACGGAATTTAATTACTGGGTTTATTTC
CTCAAAAGATTTTGTAATTTTACTAGTTTCCTGAAAACTTTGCGATGCAAATATTTGCCACTTTCAAATCCCACGAGCCGGACAGCCGCTTGATC
CAAAACTTCAAAAAGCACGTGAATTCGCAGTCGCCACTTGACGATTTGCGAAAAAATCTAAATGAAAAAAGTAAAATTCGAGAATATGTACAAGA
GCTGATTGGAAATGAGCAACAAATGGGATCCGTGCTGGACACGATCTCTTCCACCGAAGAGGACCACCGCGTGGCCACTGTGACCGGATGGTCCA
CGGTGAACATCGCCAACTGCGCCGGCGTTTCCAATTCTTCAATTTTTGTGGCACTGAAGTGGGTGATGATGCCCATTAAGGTGGAGATATTCAAC
TTCAAGCGAAGTGGACCGGAAGATAATATGGCACGTGGACAATTTCTGTTGGACAACCTGTTAAGCGCAAATCGCCTAAAACGCTTGCAAGAGGA
AGTAGCAGTTATTAACACGTGCCAGAAAATCGAGGTGCGTGTCACACCCGGTCTGCCCAAATCGATGATGTGTGCCCAGATAACAGACGAATTTA
CAACTGCCATTCAGGAGGCCCTTAGATCACGCTATGAGGTGGATTCACGCACCTTAGATCTCTCCAGGTTCCACGCCAGTCCGGAGTTGTCTCTG
CACTTTTGTCCGCTGCATATGGTCAAGCTGCTAGAAACAGTGCTAGTTCTTTCAAACCATTTATTTCCCCATGTGACCAGCCTAGTACTGAGCAA
CAATTATTTGTGTTCCCTGAAAGCGTTTGCGGGAAATTCCCAAAGTTTTGCCAGCCTAGAGCGGTTGGACATGAAGCGCAAACAGGATTCAAGATT
TGGGAGAACTCAATTACATCAACAAACTGAGTTGCAAGACGATCTTCTTGGCAGGAAACGGTTTGGCCAAGCTAAGCGTGGACGTCATTCGAAAA
ATGCTACCACAGTTGAAAAATGTTCATGGCTGTGTGCAGTTGGGGGAAAGTACAGAAGCTGTTGATAATATTCCGAAGTCTCAACAACTTCAAGG
CGGTGGGACTAATGGTTTAAAGTTTTGCCAGGACTTCATAAGTTCATACTACACTTTCTTTGACGATACCGAAGAGCGTTTCAAACTTAAGAAGT
ATTACGACGACCAAGCCATGTTCTCGCTTAGCGTGCCGGTACAACTAAATTATGTCTACGGCTACAAGCTGTACAACAGAAACCAGAAGCGCCAG
CATTCCTCGTTTGCACAAAACGCCAAGCTGCAAGTGGGTAGAGCTGCGCTACTTCTCGCTTTAAGCCGCTTGCCTTTGATGCATACAGACTTAGA
GAATGTCGGGCTAGACATCCAGGTGTTCACTTCGAGTCTACGCATCTTTACGTTGACGGGATACTTTAAGGAGATATCATCGGATACTCTGGAAC
CACGACGCTTTCAGCGCACATTCGTATTGCAGACTTCCAATAGCCCCGGCTGGTTGATAACCAACGACATGCTGTGCATAACTTCGACTATGCCG
GACCCGAAAAAAACCATTAAATTTAAACCAGAAACTAATATGATAAATACCGACCCGTCGGTAGAAAAAATAAATAAACCTGCAGTGACAGTTTT
AGACAGAAAGTCTAAAGAGGATGTCCAAATTTCTAGACCCCTATCAGGAAAAGAGCTGAATCCTCTTAATAAGGCAGTGCAGAAAATGAGCCTTT
CCCAGGTGGACCATCTTCCCAGTGAGAACTTCAACGATATGCCACCATTAGTAGCCATTGGTCCATTGACTACCGGGCAAAATTGTTTGGACTAT
GAAATGGAGGATATTTTAGTGGCCGATGAGAATAACTTTGACTTGGACATTGATGATGACATCCTGTTTGGATGCGATGACCTTTAAATATGAAC
AAAAAAAATTAAACAATTCAAACAAATAGCTTTTAGAAACCTTGCACCTATCGGTTAAGACACCATACATTACTATTCATTACTTTAACGAGTGC
AGAACTCAAGGATCTAATTTATTTTTAAACTTTTATATTTTACGAAAGCCTTCAAAAACAATTCGAAAACCTTTACTCGCCCAAAGCGTCGGAAT
CTGGATTTCGTAAGTACAAATAAGCAATTGCAACTAATTTGTATATTAAAGTATCTTATTTTTTCAGAGCCAAAATGGAGCGGGAAATGACAGCG
GTGTTGGAACCGGGTCGGTCGCGGGTGCCCCAGCAATGCTTCAGCTGGAAATTGGCGGTCTTGTCACGACGAATATGCACAAATCCTTCCTGCAA
GACACCTCACCGCCGTCTTCCATCTGCTCCTCCATGAACACTGAACGGATGAACAACTCGCTAATCACCTCAGCAGACTTTACGAACTTGAACTT
CCTTCAATCCACAATTGGTCTTGAGCAGGATCCAAACCTTACCACTACGCTTACCAACCAGACAACTGATAACATGGGAATCGGCGGCAGCATAG
GCGGATATACGCTCAGTGACATGATCCGGGATCGCAAGGCGCTGGAGTCGCTGACCATGTGTGAGGACGATGGGACTCTTATCAAAGACTCGCAC
ATCGGGCAAATTGACGAAATATCGTTGACACTGAGCAAAACTGCTTCCGGCTGCAGCACAATGGACAACAGCACAGACAGTATGTCCATTCCCCT
GGCCGCAGATCGAACGATGCCCGTTGTGGTATCGGCAGTTTGTCCTGCCCTACAGCGTACCATGATTTTAGGGGAGGAGATGATCGGCGACACAA

Date Recue/Date Received 2020-06-04

FIGURE SHEET 800

CTTTTAACCTCGTGGATAGCCTTACAACTTCTGCGCTGCAATCAGAGTCTGAGTCTCTGCCAGTCGATGGAAATGCGACATTCAAAAGACCCACT
GCGAGTGCTACTACAGCGGACGAAACCCAGGTGCTAACAGGTAGGCAGATGAATACTACCTTCACCGACGGTTGCAACACTCCTGAGGGCCGCTG
TGAAACGCCTGAAAATATTGACAGGAAGCTGGCCTTGCTCACCATGGAATCCTCCACACCACTTACAACAAACATGCGCTCACACTGCTACCACA
ATAACAACAATAATAACAAGGCAGGATATACCCCTACCCTAAAGGGAAGGGGAGATATGAACCTGTCCCCAATTGTTGGCGCAACACCGCAAAAA
CCAACTGGAACCGCACCAGGGCGATTAAACAACACCTTTGAGCCCGTGGCAAAAACAGCTCCGTTCAACGGCGAGAAGTTCGTGCTGGACACTAT
GGAGCTCTTGGAGCAGATCGAACAGCCGCTGGATGGCACTTACAACCTGCAAATGTCTGAACAGCACAGGCAGATGCAATGCGTCATGGACTTGG
CTGAGGCGGAAGTGGAGATGCTGGCCCAGCAGGGCGACGAAGAGCAATTCGAGAATATGCTTGCCGAGCTGGGCAAGGTGAATACCCTAAACGAG
GAGCAACTGAAGATGCAAAAGTCGCTAGATACCATCAAACGGCGCTTCCATAGAGATGAGGCGGAGGCAGAGGAGCGTGAAGAGGAATTGCAGCA
GTCGGCAGCCGAAAAGGTGGACACCCCAGTTCTAAATCAGAGCCACTCCAGCAGCAACAGCAGCGGCGGTGGTGGCGAACGGCTGCTCAGTCGCC
GAAGTCGTCTCTACGACGATGTCAACCTTAGTGCAATGCACGGCAGTAATGGAAGTTCGACCAGCACCAACTCTGCCTCATTCATCGTCCAGCGT
AGAGATATGCCACAAGTGGAGCAGCCTGCACCAGATCCTGATCCCGAACCAGCGGAAGAGCCTCCAAAGTCCCAGGTGACAGCAGAGATTGATCC
GGCAAGCTATAAGCTGCCGGAGCGAAGAGAGCGGGATCGCGATCGCTTCAAGACCATTAAGATTTCGAAAGAAATGCGACTGCAGCCGGAAATTA
TTGTGCCTTGTATAGACGATGAACCACAGCAACTCGAGGACGAGCAAAAGCAATTAGTAGAAGATGTTCGGTACGAGGAGGATCAGCGACAGGGT
TCACCACCGGGTCGACTTTCTCGTCGAGATCAGACCACAGCAATTAGCAACAACGCAGATGCTAGTGCGAGTAACTATCTGACCTACAAAAAACC
CAAGGAAAAGAGCCTTATCCAACGACGTCCGCAGCAGCAGGAAGCGCCTTTATTAGCCGAGCCAGCGCCTGCGTCGACTCTTCCCCAGCCGCGTT
CCTTGTCCAGGCCTCGCTACATCAGTGGTCTTCAGAAGTTTACTACGGTGAGCAAGGCAACTTCAGCCGGAGCGGGACTAAACGCCACTCCAGCC
GCTGCTATGCCGACTACTGTTACAGTGCCGGCCAACGGTAACGGGGAGCTGAAGAGCCCTATGGGTATTAAATCCAAATCTTTCCACAACTTGTC
CTCCACAATGAGCGGCGTTGGCTCTGGAGCCCTGCCAAGACCTAGTTTGGGCGGTGGACTGCGGCGTCCCAGTGCGCAGCCGAGCAAGCTTATGA
GCGGATTGCGTGGACCAACTCAAGCCCAAGAGGTTCGTTTCGAAACTATTTTTCTTATCGACCTGTTTAATTCTCATATTTTTGACTTTTCAGGA
TGACTCCGCTGTATTTAAAGTACCGAAATTGGTGAGTGGGCTGCGTGCTCCTGGCCTTGCCCCGAAACGAGCAGGAGCTAATGGTTTAGCTCGAC
CTTCGTCCGGATATTACAGTCTGAGTGTTAAGACGGCACCAGAGGCAGACACTCCTGAGGTTAGTTAATGCAAGATTTGTTAAGGGAACGCTCAA
GATCTAGCTTTTGTGCTTAGTTAAAACTAAAATTGGAAACTGCCAATCTTGGCGCAAAATATTTCAGAGCCTCTCCTCAGCCTCTTCGCGTGGCA
GCCTCTATGGCCACAAGGACTCCGGTAGAACCGTTAACGGCGGAAATGTTCCTCAACAGAATCCACAGCAAACCTTCGACATGCAGGCGCTTACC
TCTAAGCTGACCCAGGTGACTACGGGAGCGACCGGCATACCAAAGCCCTCGGGGTTGAGACCACCATCGCAAATAAAGCGTAGCGGTCTGCCGCG
ACCTTCCAGCATTGTTAGGCGCTGAGAGCTGATCACTTCCTCCGCCGCCGATTGTATGCATATGTCACACACCCGCCTGAACCGACTTTCCATGT
TATCAGTAAAATAGTCTAAATCTATTCTTTTTGTACTTTGTGTTCAGTTCTATTTTTGTGTTTGTCATCCCAGCATAGATGCTCATCTTGCCTAG
TGGTTTCAAGGCACTAGCAACTATGATTTTGAATTAATATTACGACAAATTGTGCATTTAGTTGAACGATACATAAATAGAGAACTTGGCGACTT
GTAAAACAATTACGCACTCCCAGAACCGCTTACATTTATATATAGAACAAATACATCAACACGAACTTTGCCTTACGAACCATAATAATAAAACA
AACGATTTAGGGGATGAGAAAGAGAAGATTGAAGCGAGAAATAATAACGATAATGAATTGATAATAACTGTATATTTTTGTAAAGCGATGCAAAA
ATTCTACGAACGTTATTTTTTGTTGGAGCGGCAAAGCAAGCAAGCAAATCGAATAAATATTACTAAATAACGAATATACAATAAGATCCTGCTCA
GTGGCCACTAAACCACAAAAAAAAAGGAACGTATAAAACCAAACTGAAATTGATAGTAACTGATAAGAGTATTGAGAAACGTGTTAAAAATCGAA
CTTACAATATTATCTATTATTATCGCATATATATACAAATACAAAAAAGAAAAAAAACGACAGCAATATACATTGACTCATCAGATACTTAGACC
AGAAGGTTAATGACCTGTTTATATTTTGCTATTGCTAGTTCTGAAACGAAAATGATCATACTTGTAATTTCATGAGGTGCACAGTATATTACAAT
TCCCTTTGTACCCCAATGAAAATTATAAACTTCGGCTCTGCTGATGTGCTATATACATACATATTATATAGATTTTTGTAAACCATCTGAAAAAT
TAAGTTTTCAGTTATTTTCGGTTGCCAAATTGAAAAGTGAAACTAAACTTTTGTTAGTTACCATCGAAAAATGTCTTAATAAATCTATGCCGTAT
TGGTCAAAAATAAAATTCCTAAAGATCTTCAATCTATTGAAGCCTTTGTCCATCACACATGCATATCCTAAGTTAAGTTTAGTGCGCATTGTTTA
ACCCTAATGTAGAATTAGTTTAATCTGTAAGGGACAAGTATTGTTTCACCCTCATCAACTAACCAATAACCACATAACTAACCCAAACCAAGCCT
CTATTTTGTATTCTAGCGCTAACCCATTAAGCTTTAATCCTATTCGGTGATGATTTGCATGGATCGAATTTAGTTAGCTACTAAGACTAGTATGG
ATTATTATTTTTGCTAACGCTTTCATATGAGCCTTATA
(SEQ ID NO: 1477)

Exon: 1001..1164
Exon: 1296..1402
Exon: 4419..4474
Exon: 4533..6872
Exon: 6934..7089
Exon: 7193..7778
Start ATG: 1118

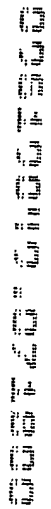
Transcript No. : CT25798
CTTGTATTGGCCAAACAGACAAGCGAGCGAAGGCCTTTTTGTTGTCGTTTCTGGCAATGATTTAGGTCTTCATCAAGTGTTATTAAGCTAGGCAT
AAAGTTTTACCCATCGCTGGACATGGATATCCTGGACATCGATGAGGCACTAAAGGATGATTCATATATATTTCTGGCGGATAAGACCCACGACG
ATGTCTCCAACATATTGCAGCAGTGGAAGACGAACAATCAGCCGCCGTTGCAGCAATTGCACTTGCAGTACAACAACGAGGCCTTCAAAAACAAT
TCGAAAACCTTTACTCGCCCAAAGCGTCGGAATCTGGATTTCAGCCAAAATGGAGCGGGAAATGACAGCGGTGTTGGAACCGGGTCGGTCGCGGG
TGCCCCAGCAATGCTTCAGCTGGAAATTGGCGGTCTTGTCACGACGAATATGCACAAATCCTTCCTGCAAGACACCTCACCGCCGTCTTCCATCT
GCTCCTCCATGAACACTGAACGGATGAACAACTCGCTAATCACCTCAGCAGACTTTACGAACTTGAACTTCCTTCAATCCACAATTGGTCTTGAG
CAGGATCCAAACCTTACCACTACGCTTACCAACCAGACAACTGATAACATGGGAATCGGCGGCAGCATAGGCGGATATACGCTCAGTGACATGAT
CCGGGATCGCAAGGCGCTGGAGTCGCTGACCATGTGTGAGGACGATGGGACTCTTATCAAAGACTCGCACATCGGGCAAATTGACGAAATATCGT
TGACACTGAGCAAAACTGCTTCCGGCTGCAGCACAATGGACAACAGCACAGACAGTATGTCCATTCCCCTGGCCGCAGATCGAACGATGCCCGTT
GTGGTATCGGCAGTTTGTCCTGCCCTACAGCGTACCATGATTTTAGGGGAGGAGATGATCGGCGACACAACTTTTAACCTCGTGGATAGCCTTAC
AACTTCTGCGCTGCAATCAGAGTCTGAGTCTCTGCCAGTCGATGGAAATGCGACATTCAAAAGACCCACTGCGAGTGCTACTACAGCGGACGAAA
CCCAGGTGCTAACAGGTAGGCAGATGAATACTACCTTCACCGACGGTTGCAACACTCCTGAGGGCCGCTGTGAAACGCCTGAAAATATTGACAGG
AAGCTGGCCTTGCTCACCATGGAATCCTCCACACCACTTACAACAAACATGCGCTCACACTGCTACCACAATAACAACAATAATAACAAGGCAGG
ATATACCCCTACCCTAAAGGGAAGGGGAGATATGAACCTGTCCCCAATTGTTGGCGCAACACCGCAAAAACCAACTGGAACCGCACCAGGGCGAT
TAAACAACACCTTTGAGCCCGTGGCAAAAACAGCTCCGTTCAACGGCGAGAAGTTCGTGCTGGACACTATGGAGCTCTTGGAGCAGATCGAACAG
CCGCTGGATGGCACTTACAACCTGCAAATGTCTGAACAGCACAGGCAGATGCAATGCGTCATGGACTTGGCTGAGGCGGAAGTGGAGATGCTGGC
CCAGCAGGGCGACGAAGAGCAATTCGAGAATATGCTTGCCGAGCTGGGCAAGGTGAATACCCTAAACGAGGAGCAACTGAAGATGCAAAAGTCGC
TAGATACCATCAAACGGCGCTTCCATAGAGATGAGGCGGAGGCAGAGGAGCGTGAAGAGGAATTGCAGCAGTCGGCAGCCGAAAAGGTGGACACC
CCAGTTCTAAATCAGAGCCACTCCAGCAGCAACAGCAGCGGCGGTGGTGGCGAACGGCTGCTCAGTCGCCGAAGTCGTCTCTACGACGATGTCAA
CCTTAGTGCAATGCACGGCAGTAATGGAAGTTCGACCAGCACCAACTCTGCCTCATTCATCGTCCAGCGTAGAGATATGCCACAAGTGGAGCAGC
CTGCACCAGATCCTGATCCCGAACCAGCGGAAGAGCCTCCAAAGTCCCAGGTGACAGCAGAGATTGATCCGGCAAGCTATAAGCTGCCGGAGCGA

AGAGAGCGGGATCGCGATCGCTTCAAGACCATTAAGATTTCGAAAGAAATGCGACTGCAGCCGGAAATTATTGTGCCTTGTATAGACGATGAACC
ACAGCAACTCGAGGACGAGCAAAAGCAATTAGTAGAAGATGTTCGGTACGAGGAGGATCAGCGACAGGGTTCACCACCGGGTCGACTTTCTCGTC
GAGATCAGACCACAGCAATTAGCAACAACGCAGATGCTAGTGCGAGTAACTATCTGACCTACAAAAAACCCAAGGAAAAGAGCCTTATCCAACGA
CGTCCGCAGCAGCAGGAAGCGCCTTTATTAGCCGAGCCAGCGCCTGCGTCGACTCTTCCCCAGCCGCGTTCCTTGTCCAGGCCTCGCTACATCAG
TGGTCTTCAGAAGTTTACTACGGTGAGCAAGGCAACTTCAGCCGGAGCGGGACTAAACGCCACTCCAGCCGCTGCTATGCCGACTACTGTTACAG
TGCCGGCCAACGGTAACGGGGAGCTGAAGAGCCCTATGGGTATTAAATCCAAATCTTTCCACAACTTGTCCTCCACAATGAGCGGCGTTGGCTCT
GGAGCCCTGCCAAGACCTAGTTTGGGCGGTGGACTGCGGCGTCCCAGTGCGCAGCCGAGCAAGCTTATGAGCGGATTGCGTGGACCAACTCAAGC
CCAAGAGGATGACTCCGCTGTATTTAAAGTACCGAAATTGGTGAGTGGGCTGCGTGCTCCTGGCCTTGCCCCGAAACGAGCAGGAGCTAATGGTT
TAGCTCGACCTTCGTCCGGATATTACAGTCTGAGTGTTAAGACGGCACCAGAGGCAGACACTCCTGAGAGCCTCTCCTCAGCCTCTTCGCGTGGC
AGCCTCTATGGCCACAAGGACTCCGGTAGAACCGTTAACGGCGGAAATGTTCCTCAACAGAATCCACAGCAAACCTTCGACATGCAGGCGCTTAC
CTCTAAGCTGACCCAGGTGACTACGGGAGCGACCGGCATACCAAAGCCCTCGGGGTTGAGACCACCATCGCAAATAAAGCGTAGCGGTCTGCCGC
GACCTTCCAGCATTGTTAGGCGCTGAGAGCTGATCACTTCCTCCGCCGCCGATTGTATGCATATGTCACACACCCGCCTGAACCGACTTTCCATG
TTATCAGTAAAATAGTCTAAATCTATTCTTTTTGTACTTTGTGTTCAGTTCTATTTTTGTGTTTGTCATCCCAGCATAGATGCTCATCTTGCCTA
GTGGTTTCAAGGCACTAGCAACTATGATTTTGAATTAATATTACGACAAATTGTGCATTTAGTTGAACGATACATAAATAGAGAACTTGGCGACT
TGTAAAACAATTACGCACTCCCAGAACCGCTTACATTTATATATAGAACAAATACATCAACACGAACTTTGCCTTACGAACCAT
(SEQ ID NO: 1478)

Start ATG: 118

MDILDIDEALKDDSYIFLADKTHDDVSNILQQWKTNNQPPLQQLHLQYNNEAFKNNSKTFTRPKRRNLDFSQNGAGNDSGVGTGSVAGAPAMLQL
EIGGLVTTNMHKSFLQDTSPPSSICSSMNTERMNNSLITSADFTNLNFLQSTIGLEQDPNLTTTLTNQTTDNMGIGGSIGGYTLSDMIRDRKALE
SLTMCEDDGTLIKDSHIGQIDEISLTLSKTASGCSTMDNSTDSMSIPLAADRTMPVVVSAVCPALQRTMILGEEMIGDTTFNLVDSLTTSALQSE
SESLPVDGNATFKRPTASATTADETQVLTGRQMNTTFTDGCNTPEGRCETPENIDRKLALLTMESSTPLTTNMRSHCYHNNNNNNKAGYTPTLKG
RGDMNLSPIVGATPQKPTGTAPGRLNNTFEPVAKTAPFNGEKFVLDTMELLEQIEQPLDGTYNLQMSEQHRQMQCVMDLAEAEVEMLAQQGDEEQ
FENMLAELGKVNTLNEEQLKMQKSLDTIKRRFHRDEAEAEEREEELQQSAAEKVDTPVLNQSHSSSNSSGGGGERLLSRRSRLYDDVNLSAMHGS
NGSSTSTNSASFIVQRRDMPQVEQPAPDPDPEPAEEPPKSQVTAEIDPASYKLPERRERDRDRFKTIKISKEMRLQPEIIVPCIDDEPQQLEDEQ
KQLVEDVRYEEDQRQGSPPGRLSRRDQTTAISNNADASASNYLTYKKPKEKSLIQRRPQQQEAPLLAEPAPASTLPQPRSLSRPRYISGLQKFTT
VSKATSAGAGLNATPAAAMPTTVTVPANGNGELKSPMGIKSKSFHNLSSTMSGVGSGALPRPSLGGGLRRPSAQPSKLMSGLRGPTQAQEDDSAV
FKVPKLVSGLRAPGLAPKRAGANGLARPSSGYYSLSVKTAPEADTPESLSSASSRGSLYGHKDSGRTVNGGNVPQQNPQQTFDMQALTSKLTQVT
TGATGIPKPSGLRPPSQIKRSGLPRPSSIVRR*
(SEQ ID NO: 1479)

Celera Sequence No. : 142000013384010
TTTTATAAGTTCAGCAATGAAAATAGACTAAAAGTGTCTCATTCACGAGACCCTAATGGAAGGCCTAATTGATTTACATATGTCAGGGGAGCACC
CTCACATAAAAGAAATGCGTGGGCAGACACATAAAACCAAAACCCACTCACAAATGAGTCGAGTGGTGAATAATGTCCCATATTCAATTGAGTGC
GGAAGAGGCCCTTATAAATCTGTGTGTGAAATATCTTTTATAATAAAAAACAATTTAACTAATAATACCAATTCTAGTTCGTAAGGCTATAAATA
TTGAACTGAACAGACCAGAGGCTATAACCTATCGACTTCGATAAGATAAATATTTAAAAAGCTGAGACGGAAAAAGTGTTTGCCAAACTCCTTGA
AATTCACTTGAGCGCCACGAGGCTCAGTGGGAAATTTGATTTTGGGAGATGGGATGCTTCCCGTGCATGTGATCATGTCTCGAGGGGCTGACACC
CGTTTTGACTTTTGTCACCGCCAGTGGCGCCAAAACTAATCAAAGCAACTAGGACCGACGCTAAATCGAAACCACAACTACAATCACTGCGGAAT
ACCAAAATGCAATCAAAATATGCAAGCCACGTCGATCAGGAGAGAGAGAGAGAGTGAGAGAGAGACCGGGGCTATTCTAGAAACCTAACGCGAGT
TCAGAACGCTGAATTATGTATACCCTTTAAAGTACTAACAGAGCAGAAAACTTAACTGTTTTATGTGGTCGTTCATTAGTAGTAAAAATGGGATG
ATTTTATTTTATTCTGCTTTACTGTTATTTCTGTTTTCTGTTTTTATATACTGGCCTCTTGAATATATAACATTCTGATAACATTACAAACGCTC
CACTAACATGTCTATATGTCTTGGAAGGGAATTCAAACAACCAATCTCTCTCTTTTTCTTTTTCTCTCTCTCTCTTTTTCTGTCGCCCCGATCAA
GTCTTAACGGCAAGTTGCAGCAACAAACATTTTCATTCGTTTTCGCATCGTCGAAGCGTACGGTTCATAGGAGGAACGGAACGAAGCGGGGAACG
CGACGGAAACTAGTTGCTGTTTTTTTGTCCGTGTTAAATAATTGACACAAGAAAATTTAGCTACACTTAAGCAAAGTCCGCGAAAAATCTATTAA
AAATCGTTCGTCGTTTTGTGTGTGTGACCACGAAAAAAGTGCCCCGATCGGAGGATTTTAATAAATTCAATTAAGGTTCCGTCCCAACGATCGTT
TTTCATTGTCTGACGCTCACGCGTGATGTACAAATGAAAAAGTAAAAATTTAAATAAGATCAAAGAAAGAAAGATCCCAGTAAAATTTAAAGTGG
ATTGACTGCACAAGAAAAAGAAAAGTTCCTTACCTCCTAGCCAGAAGTCAAAAGTGAAGCGGAAAACAGAGTGGAGATAACAATTAACGGTTAGT
TGTAAAGCTAAAACTACACAATAAACATATCATGAAAAACTTTATAAAACATAAGAAGGGGGGCATTTTATTATTTTGGGTATCAGCATTTACAT
CACCTTGTTTCGAATCAAACTGATTTTAACATGCATTTGGACCAAACTAACAACGTTTCGAATGTTATCTCTTATGGAAATGGTATTGCTATATT
ATACCATCATTAATTCCGATTCCACCTGAGATTAGCAATTAATATGAAATTTCATAAACATATATTATATATTCGGATCATGCATTCTATTTACA
CATTACTTTCCAATTAAACGTTCATTTATTGCCGCGCTTCGATTAGCAACAAAAACAAATCGTTAATTTTCTATATTTTTCCACAGGGGCTTCCA
TACCAAAGTTCCTTGTTTGTAGAGATCATTGTAATCAGCGCAGATCGAAGCCATATATAAAATGATTTCGCACAGTCCGCCCATATTCAGTCACA
GTCCACCCGTTAGTTTTCTGGCGGACTTCATGAGCGGACATCCCCGTCAATCGTTGAAGTAAGTTTACAAAAGTATATAACTCATAAATAAATAT
AGCCAGCAATTGGACTAATTTAACACAGAATTGCTCTAAGTGAATCCACGAGTTTCGGCAGCCAATCAAAACAAATTAAATAGCCAAACATCATT
GAAAGAGTACCAATTCTCAGGTTTTTTCATGTCGAAAGAAAATATTTTTTTAACTTTCTTATCGATTGATAAGGAACTAGAAGCATTTTCTGATG
CATCATCTTTTATGAATTTAACAAGTGGTGTACGTGTTAATAAGAGAAACGATATAAATGTCTGATAACCTGAAAAACCATGTGATAGTAAATGA
ATTAAACTGAGAGATAAAAAATACATAACAGATAAAAATGATTAATACCCTTTTGCATTAGGCGTTCTCTCTGGCGAATATTTAAACAATAATTT
TAAACATTCAAATTTAAAACAAATTTCAAAATACCCAAACATAACCCACATTAACAAAATAAACAGACCGGAATGCCGTAATTCCATTTAATGAA
TATAAGAACTCAGTTGTTTACACAATCCAGAAAAGGAATATTATCGATCTCTCGAGGGCTGCCCATATTGATTCACATGAAACACCTGTTTCAAG
TGTCGTCTATGGAAATTTTAACACCTGATCAAAGGCAGGAAACATGTCTTACCCAATACATAGTATTAAAACCTGAGAACTATTCGAAAACACAA
TGAATGCAGGTACTAAAAATATTCGTGCTAAGGCTCGTTTTTGGTTGACAACAACAGATTGGCAAAATATGAAAAGCAAGCATTCAAGATCAAGG
CAAGACAGAATACTGAACCAAAACAAACATTTCGCCGATTCTGAGGTGATCTTTCGCTGGTGGAGCCAACTGAGATTTGAAGATTCGTTCACGAG
TCGTGGGGGTGACGCCAAAAATTTGCTTGGCGACAATTTGCGCGTGGCGCTTGACGCAACTTTTTTTCTCAGGGGCACACGAGCAAGCCGAAAAT
TTGACAAATTGGTAAAGGGAAGAAGGGTAATATCTATATATTATATTTATACAGAGGCGAGAGCAATTGATTGAATTAAAGCAATTTGCCGTGCT
TCATTTGCTGCACGCGCTGCATTTTCATCATATTTGTTGAGAGTATTTTATTTTTGGGAATGATAAATATACAATACCGAAAATTCGTATAACTT
ATATTCGTATATATGAGGACTTCAGCTAAAAATAAATCTATATCTAGAGTATGGCCAAGCAAAACAAACGCTACAAGAACCGGTAAAAAACTAAA
TAATCAGTTAAGATTAAAGAGGTTCAGTAGATAAAACTGTGGGAGGTAATACATGCGAAAGCCCTACTGCGATCCCTACAACTATGAACATTTCT
TATCGGGGCACGTGAGCGGCATGCCTTCAAACAAACCGAGTACTCCAACCAACTCAAGTAACTCAGCTGCTAATGCGTCAACTCACTTGAAATTT



CACAGCGTGATTTTACAACAGTTTACCCCACCCAATACCTAGAACTACCCACGTAACTGGGCGGGTCGTCATCGAAAATGATTGAATTCTTTTGG
TTGCCAACTCAAGCACTAAATATGCTGATATTGTCTCCAGACAGCGCCAATTAGCCAAAAAAAGTTGATGATAACAGCAGAGCAGACGGAAATGT
TCCCATAGCCAGGCCCACGCCGAAAAAGACGTATCAGCATGCCGTCAACATATGTTTAGCATGCAAAAGTCCACGCGAACCCCATTGAACGATCC
TTATCAACCATTGACTTTTAGTTTTATGAATGTCTAGCCGAAAAATTATGATAACTACAAATGGGATGTGAACTGTGCCAAATGAGTAAGACCAG
CGAGTCTCTCCGACTATACAATTTTAGAAATGACTCACTGAAGAACCCAAACAAATATGCTTCATATTCATACTATACATTTCCCACCCACGGCA
AACCCGAATTAAGTGAGGAGGTCGCGCGCAACTCCTCTTATCAGCGATGTTTCTTTATAGACAATATACACGTATCAGTAGGACTACACAAGTAC
AAGTACAAATACAAGTAGTACATGGGCCTCCGAACAATGAAGGCAGGCATTGAGGCAGTAAAAATTAAAGCCACCACTCTTATCAGGACTGATAA
AAGGCAGCTTAATGCGTAGATGCTTGAAATAAAAGACTGATCTTGGGAATTTCTTTTCTGCTTTCCAAACGAAAAAAGAATCACAAAAAATGGTC
AAAACAATTGAAAGATGGCTACCATCTGCTGATGTTTAAATATAGAAATTATATTTTCAATTAGTGGTGTTAGAGATATATATTTTAACTGATTG
TGATATATTCAACCTTCGATATTCAACCTTTTGATTTTTTGAACGAATTCAACACTCATTTAAAAGGACAGAATAGTAACGAAATTAAGTTATGA
AATAAATATTAAATAAATTTATTTTAAGAAACATTTTTATAGTTATTAATTTAAGTTTTGAAATACAAAAATAAACCAATTAAACTTGCATACCT
TGTTTCAGCTACAATGACGAGCCCAACAGAGCGTCGCGCTACTGCCGGCCCCAAGTGATAACGCTGGCCTCCAAAGCCATGGTCAACAACGCCTC
GGCGGCGGTCCAGGGTCAGGGTCCCAGTCAGCAGAAGGCGGGTGCCACGCCCCTGGGCGTGGGCAGTCGTTCCGGACGGAGTTACCTGGAGCGAA
TGGCCTCGGCGCCGCTACTCACCAATCAGCCCAAATCCTGTCTCAGCCGCAAATCCTGCCTGCACAAATCCCAGAACACTACAGCCAGTTCCGCA
GATCTCTCGCCGACGGACACCGATGTCGCGGACAGTGCCAGTCATAGCTGTATCTGCAGCAAGGATAGTGACAGCAACGGCGAAGTGAGGTGAGT
GTGCGGGCGATAAGATTACGTAATGTAGGTAACTCGATACAGCGGCGCCGAAACGATCAAGAAGGCTGTAAATGCCGGCGGACTCAGTCACTTTG
ACGTCAGGCCTTCAAAGATTATGGCGCCGCACTTATTAAACCACCAACTGAACTAGATGGGAACTTAGTGGTGTGAGAGCCTGGGTAATTGTGGT
CAGAATTGGGTGTATCAACCTATAACAGATTCATTAAATAGTAAGATGTCAATTGAGGGGAAATCTTAAGGAAAGTCCGAGAAAGTAACACAAGA
AGCTGTAGATGGTTTTCATAGCGCATCTTAACTATGTAGACTGTGGTCAAAAAGAAATCGAAAGCTTATGATTCAAACTTAAATCTTTGAATTTT
AATATGGGGAGGATAGGATTTTGGTTCTAAAAATTGGAACGTGAAAAGATCATTTCTTATAAAACTGCGAAAATACCACTTCCGCCATAATATTT
TATAAACAAAGATTAATCGTTTATAAGACATTTGCAATAGTTCTAGTAAAAGGAATAAGAAAATCTGTTGGCAGTCGAACAACTTTCCCACAGAC
GTCATAGCCGAGCACATGTCATTTATTAAATAAGCTGAGAAAGCCAATTGCAGACGGCCGCCAGGCTAAACAAATGCAAAAAGATCATGAAATAT
ACTTGAAAATATATTTTATATATTTTTAAGAGCATGCAATTTCACAAAAACAAAATATAAATTATCTAAATGACTGTAGAAATAAGCCAAAATAA
AAACACGCCACTGCATCGCGAGTCGAGAATCTGTATCTCGTATATCTGAGATAAAAAATCTCACATTTTAAGACTCAAATGGGAATAGACTGGTA
TTTAGTATAGACCCCAACAGCGAGGCGCCATTATTTTCGTTTCCATTTCCATTTATTCGCTATATATAGGGAAGATACATTATCGATTCATGTG
CAGGCCATGAAAATATTTGGGTTATCGATGTCTCGCAGATATTTTGTAAAATTGTATACATATGTATATTTCGCTTTCAACGAGCCCTAGAAATA
ATTTCCTTTTTGCACTTGAATCTGACATTTTGAGAAATGCCTAAAAATACATATGCCACGAGATAGAGAAAATAATTTATACGTTCATTTGCGTC
AAATGCGAACACTATTTCTATTTGGGCTGCGTCTCTAGACAAGAGATCAGGCTTAAAGCTACGCAGCTACTCAAACGAATGCAATTAACCATAAT
ATTATCAATGTAAACCAGACGTGTGCTTGTTGCTGTTGGAGATTTTGTGTACACTTTGCGGTTGCGTATTTTGTATGCCTCGTTTTATCAGTTAC
GAAATCCACTGGGAAAAAATTAATTTACCAATTCAAATCTTCAGAGTAAATTATAATTCATTTAAGTTAACACAAGAACGTAAAGCAATGCAATA
GAAAAATTATTAAGAATTATATTTATTGGAGGCTTGATTTAAGAATTGAAGACCTTATTCATCACCTTCCAAAGCATATCGCATCTGCTCGTCAC
CCATTTGGCCCCACATTTTACAATGAGTTTTGACAGCCAATGAAAGATCTTTCTTTTGTCTTAATTAGCCTCCCCAAAAATCATCAAGATCAACC
ACAAAACGAGGCAGACGGTTCACGTCAAGGCCGAAGAATTATTAGCATAGAAGCGTGATCAAGCGAAAGGCGTCATCTCATAAAAGACACAATTT
TTTCGGGTGTAATGTAACTAAAAATATTTCAACATTACAAGCCTCGGAATACGAATGCACACAAACGTAAGGTTATATATAGAGATGGGGAGATA
TGTCTGATGTTCATGCAAAGATCACGTGAATCGATCGGAAAAGTGAGTCTGGGGCACATGGGTCTGCTGTAAAAATGTTGGCGCACCTTTAGCTG
AAAAATGTGAAAGAATTTCGTACATTTACAACAATTTATTTCATTCGTAATTAAATTTATATTTATTGGTAGCGATCGAGATAATTAAGAAAAA
CCAAATCCACGACAGAATTTTCCGAGTTAAAACTATTTTCAGTCTCTTACTATTGGACTTTGCTTAAAATTTCAGAAAAATATAAACGATAGGTA
TATTTGGCGAAACTGAAATTCTTATGGGGGAAATAAAATAGAAAATACAGAAAATTTGGCGACATACAATACGGAACTACCTTGATTCGTTTACA
AAAAAGTAGTTCGATTGTAAGGTCAACCAGAATGACCATCAAATCAGTCAGTTGTAAAAATTTCAACAGGTCTTGCCAGAATATTTTTATCGGAC
AGGTTATTGACTTTAGAAAATGAGGGAACTCGAACAAGGTCTGCAAATTGAAAACTGAGGAAATTAAAAAGTATTTTTAAACACAATTTTCATTT
ACATTACAAGCGTTTCGATTTTAAAAAGCCCTTTTGGTGCAGCCAAAACTTGTTTCTCCTGCACCCATCAACGATCTTAATGCGGCTTGCATATT
GAGGAGTTTACAAATTTATGGACTTTAAACCGGACCCACGAAAATAAATGCGTTCCGTAACGCATACGGAATTGTGACTGCCTTTGGGTTTTAAG
AAAAAACAGTTGATAGTCGTATCTCGTTTCCCTTGGAGAAAATGTAAGCCAAGTCGGGGAAAATCAATGAAAATGTAAATGATTTTTTTTTTTTA
ATTTGATTTTTCGGGTGATCTCTTTCAAGTTGACAAGTTTTAGGAAAGCGGTCGGTAAAAAATGAGACCCGTCCGCGGTCTCCGGTTTCTGGTTG
GCGGCCTGCTGGGCGTTGAGACCCACCCCACACACACCAGATAAGCGATCGCTAAGAAACCTGTTGAAGAAAATGCAGCAACAGCAGGCGCACAC
CGATCATGCCCTCGATGCGTGATGTCGTCGATGTCGGTAGTCGGTAGTCGTTACGATCCGATTCTGGCCGAGTCGGGTGGTACGATCTGCCATCT
CAGATACACCATCACCATCACCGATCTCTGGCAATACGGCTGGGGTACAATCAACAGAGAGCCAGTCTGTCGATAGCCATTTCAATTGTTGGCTA
TTTGTACTTCCCATATATATTTAGCACTCGATGCGTTCCCGCCGACTCTCCTCCAATTTGCAGACCAAATAGAGTCTGCTCTGTGTGGGGCCATT
AGTCGTAGGTCTGCTCCAACTGACGGAAACTTTTCGCTTTGGGTTTGGCAACAGCAAAGAACCATACAAAAATCGAGCCCCTACCGAAGCTGATT
AGCCAAAATTAGTCGCTATATCTTATCGAATTTATGGCCAACTTTCTAAATAGAACTTGTATGCGTATTTTTTTCAGTAATATGAAAGTCAAAAG
GGCGGAACATTTGTTCGAAGAGTTTGGAAAGTAATTAACTGCAGCAAACATTTGTATTGAACACAATATATTATTATGTATTATTCGTATCT
GCATTTAAATTAGGTAAAATTTTAAAAGTCCAATGAATTTCAGATTCCAACTAAATTTCGTTGAATAACTTATATATTTTGAATCACGAGTTATC
CTCTATATTTTATATATCTTAGTGGGTGTGTTTTTATTTACATTTAAGCAAAAGAACCGTGGGAAGAGTCGCCCAATAACATGGGTGCAAAAAGA
AAGGAAAAGCAAAAGTAGGCGTGATTTACATATAGATTAAGGCAAATCTTTGGCAAAGCCGTACGTGACTTCTAAAAATAAAACCAACAAAAAAA
TATACAATACACATTACTCTTTTTATGACGCAGGGAATTTTTCGGGAAACGCAAAGGAATAAAAATGATCAGCAGAATAGAAAAAAAAAAACACT
AAAGGAAAAGTTTCACTCGACCGGGATTTTATATTACCAATTGTCAGACAATCGACAACTTTGGCACATATAGTAGGAGCTTTCAAAAATGGTTT
TAAAAACTGCATTTGGCAAAGACGCAGTTTGCTTAACTAAAGTAAAAACAAACCAATAAAATGAAACTGTTAAGGATAGAAATCCGGGCAAAGAA
AGATGCTGAGTCAATGACCACAAAGAAATAAAATAAATAATTCTGAATGGGGGGTCAAGTCAAACTGATAAAGCCAGGGTCAAATCTATATTTGA
TAATGTATATTTTAATAATTAATAATTTGCTTATAATAGATTGCGATGTACTCAATGGATGGTATTTCTTTTTTTACTTTTTGCAGCCGTGGCCC
CAAAAAGCATGTGATCTTCGCTGATGATGAGGGTCTATCGCTAACCGAGGTTCGTGTGATGTCCGAACCCTCGAATGTGCCGCCATATTGGAGCA
TGAAGTTTCTGGAGCAAATTACACAGGGCCTGGTCAGCCCACATCCTCCGGATCAGTGGACAGTGGACTTCAAGCAGCCAGCCTCAGACTATCTA
TCATTTAGGTTGGTACCCTATTTACACAACTGTAAAATATATACGAGTATTCTAAATATTTGTATTTACACAGACAAAAGATAGAACGCGACTTT
GTTTCCTTGGAGAATGTGATCGTCAAGGATGAGGAATCGATTGTCGTGGGCACCATCAAGGTGAAGAATATCGACTTCCAGAAGGAGATCATTGT
CCGTGTGACCTGGGATGATTGGAAGAGCCAGCAGGATATCTTCTGTACATACGCCAGGGCCTATGGACCGGCTACTTGTGCTCATGTAGTCTTCG
ATACATTCTCCTTCAAAATCACCTTGCCGCCATCCTCCAAGCGCCTGGAATTCTGCATCTGCTATCGCACCAACGAAACAGAATATTGGGATAAT
AATGATGTGAGTTTGGCATCAAAATAACTTAAAAAATATTTTACATAATTTGTATTTGCTTACAGGGTAAAAACTACACCATTAGCAAGCGATCG
CCCTTTTATTACAACGCCTTGTCGCCCTATGATAAGGGTCAGAATCGCAACTCGAGCCAGCAAATAAGGTCCACCCTGACCGATGCCTTGGCCAA
GGTGCAAGACCAAAATGGCTGGCACCAGGAGCCACATACGCCATATTGGTGAAATCGCCTGGGAACGGGATTGGATTTTCCTGACCCAAGCGATT
GAATAAAGTTTCTCATTTAGGCCACATGAACAGAAAGAAACAGAATTGGAAAAGATTTAAAGTGTTATAATCAGTTTCATTGACAGAGGGAGAGT
CCAAAAGATTTTACCACTAACGAAACTTTTTGACCTAAGCTAATACCCGGTACAAATATCCCAATTTTAATGTGCCATTGACTTGAGGTTTACTC
AATATAAAATGAGATAGGAGGGCTTATAACTACTTCTACTGAGCGAAGCCCGAATTTGTATGTCTTGTCTTTAGTCAACTTGATGGAATTTCAAA

FIGURE SHEET 803

ATCTATGTATAACTTTTTAAAATGTTTTATGTTTGACTGTAAAGAATTTTTGGAAAAGATAGATTTATATGTTTACCTGTATGCCTGTGTGATCG
TCTACATCTATATAACTGATACTAGATTTATGTTAACTAAAAACGAAAAAAAAAACCTTATAAAAATGAAAGGAGATGAATTTTGAGGCGTGAAG
CATTCAAGCAAACCATTGTTTCGAAATTTACTGCAACTGCAAAATAAAGAAAACAAAAACCAACAAAACACACATTATGAAAGAACACAAGAAAA
GCAACAAAATTGTAGCCCTAAGTTTATTCGTTTTATTACTTTTTATTTCTATTCTTTTTATTTCATTATACACTTTTATCTTTTTGGTTACTTGA
AACGCTAAGACTGAAATGGCTTGTTATGGAGAAGAAAACACGTCCTGCAATACATTATATAATAAAAAGAACCCAGCAATTTTCGCATCACCACA
TTACAGACAACAAAGTACTTTGTCCTCATCGTTCTGTGTGATCCAGATCCCCGACTATATATGATATATACACCTAGCTAGATTTAAGCGATTTG
TACATACAGAAGCAAAAGCAAAACAATATACCAGAAAATTGCCTGTTAAATACATTTATATACACATATGAATTTAGTTATATCACGATGACTAG
TTTTTAG
(SEQ ID NO: 1480)

Exon: 1001..1419
Exon: 1797..1958
Exon: 4474..4839
Exon: 9017..9223
Exon: 9289..9601
Exon: 9661..9837
Start ATG: 1867

Transcript No. : CT26380
TCGAAGCGTACGGTTCATAGGAGGAACGGAACGAAGCGGGGAACGCGACGGAAACTAGTTGCTGTTTTTTTGTCCGTGTTAAATAATTGACACAA
GAAAATTTAGCTACACTTAAGCAAAGTCCGCGAAAAATCTATTAAAAATCGTTCGTCGTTTTGTGTGTGTGACCACGAAAAAAGTGCCCCGATCG
GAGGATTTTAATAAATTCAATTAAGGTTCCGTCCCAACGATCGTTTTTCATTGTCTGACGCTCACGCGTGATGTACAAATGAAAAAGTAAAAATT
TAAATAAGATCAAAGAAAGAAAGATCCCAGTAAAATTTAAAGTGGATTGACTGCACAAGAAAAAGAAAAGTTCCTTACCTCCTAGCCAGAAGTCA
AAAGTGAAGCGGAAAACAGAGTGGAGATAACAATTAACGGGGCTTCCATACCAAAGTTCCTTGTTTGTAGAGATCATTGTAATCAGCGCAGATCG
AAGCCATATATAAAATGATTTCGCACAGTCCGCCCATATTCAGTCACAGTCCACCCGTTAGTTTTCTGGCGGACTTCATGAGCGGACATCCCCGT
CAATCGTTGAACTACAATGACGAGCCCAACAGAGCGTCGCGCTACTGCCGGCCCCAAGTGATAACGCTGGCCTCCAAAGCCATGGTCAACAACGC
CTCGGCGGCGGTCCAGGGTCAGGGTCCCAGTCAGCAGAAGGCGGGTGCCACGCCCCTGGGCGTGGGCAGTCGTTCCGGACGGAGTTACCTGGAGC
GAATGGCCTCGGCGCCGCTACTCACCAATCAGCCCAAATCCTGTCTCAGCCGCAAATCCTGCCTGCACAAATCCCAGAACACTACAGCCAGTTCC
GCAGATCTCTCGCCGACGGACACCGATGTCGCGGACAGTGCCAGTCATAGCTGTATCTGCAGCAAGGATAGTGACAGCAACGGCGAAGTGAGCCG
TGGCCCCAAAAAGCATGTGATCTTCGCTGATGATGAGGGTCTATCGCTAACCGAGGTTCGTGTGATGTCCGAACCCTCGAATGTGCCGCCATATT
GGAGCATGAAGTTTCTGGAGCAAATTACACAGGGCCTGGTCAGCCCACATCCTCCGGATCAGTGGACAGTGGACTTCAAGCAGCCAGCCTCAGAC
TATCTATCATTTAGACAAAAGATAGAACGCGACTTTGTTTCCTTGGAGAATGTGATCGTCAAGGATGAGGAATCGATTGTCGTGGGCACCATCAA
GGTGAAGAATATCGACTTCCAGAAGGAGATCATTGTCCGTGTGACCTGGGATGATTGGAAGAGCCAGCAGGATATCTTCTGTACATACGCCAGGG
CCTATGGACCGGCTACTTGTGCTCATGTAGTCTTCGATACATTCTCCTTCAAAATCACCTTGCCGCCATCCTCCAAGCGCCTGGAATTCTGCATC
TGCTATCGCACCAACGAAACAGAATATTGGGATAATAATGATGGTAAAAACTACACCATTAGCAAGCGATCGCCCTTTTATTACAACGCCTTGTC
GCCCTATGATAAGGGTCAGAATCGCAACTCGAGCCAGCAAATAAGGTCCACCCTGACCGATGCCTTGGCCAAGGTGCAAGACCAAAATGGCTGGC
ACCAGGAGCCACATACGCCATATTGGTGA
(SEQ ID NO: 1481)

Start ATG: 490

MISHSPPIFSHSPPVSFLADFMSGHPRQSLNYNDEPNRASRYCRPQVITLASKAMVNNASAAVQGQGPSQQKAGATPLGVGSRSGRSYLERMASA
PLLTNQPKSCLSRKSCLHKSQNTTASSADLSPTDTDVADSASHSCICSKDSDSNGEVSRGPKKHVIFADDEGLSLTEVRVMSEPSNVPPYWSMKF
LEQITQGLVSPHPPDQWTVDFKQPASDYLSFRQKIERDFVSLENVIVKDEESIVVGTIKVKNIDFQKEIIVRVTWDDWKSQQDIFCTYARAYGPA
TCAHVVFDTFSFKITLPPSSKRLEFCICYRTNETEYWDNNDGKNYTISKRSPFYYNALSPYDKGQNRNSSQQIRSTLTDALAKVQDQNGWHQEPH
TPYW*
(SEQ ID NO: 1482)

Name: putative protein phosphatase
Classification: protein_phosphatase

Celera Sequence No. : 142000013384010
TTTTATAAGTTCAGCAATGAAAATAGACTAAAAGTGTCTCATTCACGAGACCCTAATGGAAGGCCTAATTGATTTACATATGTCAGGGGAGCACC
CTCACATAAAAGAAATGCGTGGGCAGACACATAAAACCAAAACCCACTCACAAATGAGTCGAGTGGTGAATAATGTCCCATATTCAATTGAGTGC
GGAAGAGGCCCTTATAAATCTGTGTGTGAAATATCTTTTATAATAAAAAACAATTTAACTAATAATACCAATTCTAGTTCGTAAGGCTATAAATA
TTGAACTGAACAGACCAGAGGCTATAACCTATCGACTTCGATAAGATAAATATTTAAAAAGCTGAGACGGAAAAAGTGTTTGCCAAACTCCTTGA
AATTCACTTGAGCGCCACGAGGCTCAGTGGGAAATTTGATTTTGGGAGATGGGATGCTTCCCGTGCATGTGATCATGTCTCGAGGGGCTGACACC
CGTTTTGACTTTTGTCACCGCCAGTGGCGCCAAAACTAATCAAAGCAACTAGGACCGACGCTAAATCGAAACCACAACTACAATCACTGCGGAAT
ACCAAAATGCAATCAAAATATGCAAGCCACGTCGATCAGGAGAGAGAGAGAGAGTGAGAGAGAGACCGGGGCTATTCTAGAAACCTAACGCGAGT
TCAGAACGCTGAATTATGTATACCCTTTAAAGTACTAACAGAGCAGAAAACTTAACTGTTTTATGTGGTCGTTCATTAGTAGTAAAAATGGGATG
ATTTTATTTTATTCTGCTTTACTGTTATTTCTGTTTTCTGTTTTTATATACTGGCCTCTTGAATATATAACATTCTGATAACATTACAAACGCTC
CACTAACATGTCTATATGTCTTGGAAGGGAATTCAAACAACCAATCTCTCTCTTTTTCTTTTTCTCTCTCTCTCTTTTTCTGTCGCCCCGATCAA
GTCTTAACGGCAAGTTGCAGCAACAAACATTTTCATTCGTTTTCGCATCGTCGAAGCGTACGGTTCATAGGAGGAACGGAACGAAGCGGGGAACG
CGACGGAAACTAGTTGCTGTTTTTTTTGTCCGTGTTAAATAATTGACACAAGAAAATTTAGCTACACTTAAGCAAAGTCCGCGAAAAATCTATTAA
AAATCGTTCGTCGTTTTGTGTGTGTGACCACGAAAAAAGTGCCCCGATCGGAGGATTTTAATAAATTCAATTAAGGTTCCGTCCCAACGATCGTT
TTTCATTGTCTGACGCTCACGCGTGATGTACAAATGAAAAAGTAAAAATTTAAATAAGATCAAAGAAAGAAAGATCCCAGTAAAATTTAAAGTGG
ATTGACTGCACAAGAAAAAGAAAAGTTCCTTACCTCCTAGCCAGAAGTCAAAAGTGAAGCGGAAAACAGAGTGGAGATAACAATTAACGGTTAGT
TGTAAAGCTAAAACTACACAATAAACATATCATGAAAAACTTTATAAAACATAAGAAGGGGGGCATTTTATTATTTTGGGTATCAGCATTTACAT
CACCTTGTTTCGAATCAAACTGATTTTAACATGCATTTGGACCAAACTAACAACGTTTCGAATGTTATCTCTTATGGAAATGGTATTGCTATATT
ATACCATCATTAATTCCGATTCCACCTGAGATTAGCAATTAATATGAAATTTCATAAACATATATTATATATTCGGATCATGCATTCTATTTACA

CATTACTTTCCAATTAAACGTTCATTTATTGCCGCGCTTCGATTAGCAACAAAAACAAATCGTTAATTTTCTATATTTTTCCACAGGGGCTTCCA
TACCAAAGTTCCTTGTTTGTAGAGATCATTGTAATCAGCGCAGATCGAAGCCATATATAAAATGATTTCGCACAGTCCGCCCATATTCAGTCACA
GTCCACCCGTTAGTTTTCTGGCGGACTTCATGAGCGGACATCCCCGTCAATCGTTGAAGTAAGTTTACAAAAGTATATAACTCATAAATAAATAT
AGCCAGCAATTGGACTAATTTAACACAGAATTGCTCTAAGTGAATCCACGAGTTTCGGCAGCCAATCAAAACAAATTAAATAGCCAAACATCATT
GAAAGAGTACCAATTCTCAGGTTTTTTCATGTCGAAAGAAAATATTTTTTTAACTTTCTTATCGATTGATAAGGAACTAGAAGCATTTTCTGATG
CATCATCTTTTATGAATTTAACAAGTGGTGTACGTGTTAATAAGAGAAACGATATAAATGTCTGATAACCTGAAAAACCATGTGATAGTAAATGA
ATTAAACTGAGAGATAAAAAATACATAACAGATAAAAATGATTAATACCCTTTTGCATTAGGCGTTCTCTCTGGCGAATATTTAAACAATAATTT
TAAACATTCAAATTTAAAACAAATTTCAAAATACCCAAACATAACCCACATTAACAAAATAAACAGACCGGAATGCCGTAATTCCATTTAATGAA
TATAAGAACTCAGTTGTTTACACAATCCAGAAAAGGAATATTATCGATCTCTCGAGGGCTGCCCATATTGATTCACATGAAACACCTGTTTCAAG
TGTCGTCTATGGAAATTTTAACACCTGATCAAAGGCAGGAAACATGTCTTACCCAATACATAGTATTAAAACCTGAGAACTATTCGAAAACACAA
TGAATGCAGGTACTAAAAATATTCGTGCTAAGGCTCGTTTTTGGTTGACAACAACAGATTGGCAAAATATGAAAAGCAAGCATTCAAGATCAAGG
CAAGACAGAATACTGAACCAAAACAAACATTTCGCCGATTCTGAGGTGATCTTTCGCTGGTGGAGCCAACTGAGATTTGAAGATTCGTTCACGAG
TCGTGGGGGTGACGCCAAAAATTTGCTTGGCGACAATTTGCGCGTGGCGCTTGACGCAACTTTTTTTCTCAGGGGCACACGAGCAAGCCGAAAAT
TTGACAAATTGGTAAAGGGAAGAAGGGTAATATCTATATATTATATTTATACAGAGGCGAGAGCAATTGATTGAATTAAAGCAATTTGCCGTGCT
TCATTTGCTGCACGCGCTGCATTTTCATCATATTTGTTGAGAGTATTTTATTTTTGGGAATGATAAATATACAATACCGAAAATTCGTATAACTT
ATATTCGTATATATGAGGACTTCAGCTAAAAATAAATCTATATCTAGAGTATGGCCAAGCAAAACAAACGCTACAAGAACCGGTAAAAAACTAAA
TAATCAGTTAAGATTAAAGAGGTTCAGTAGATAAAACTGTGGGAGGTAATACATGCGAAAGCCCTACTGCGATCCCTACAACTATGAACATTTCT
TATCGGGGCACGTGAGCGGCATGCCTTCAAACAAACCGAGTACTCCAACCAACTCAAGTAACTCAGCTGCTAATGCGTCAACTCACTTGAAATTT
CACAGCGTGATTTTACAACAGTTTACCCCACCCAATACCTAGAACTACCCACGTAACTGGGCGGGTCGTCATCGAAAATGATTGAATTCTTTTGG
TTGCCAACTCAAGCACTAAATATGCTGATATTGTCTCCAGACAGCGCCAATTAGCCAAAAAAAGTTGATGATAACAGCAGAGCAGACGGAAATGT
TCCCATAGCCAGGCCCACGCCGAAAAAGACGTATCAGCATGCCGTCAACATATGTTTAGCATGCAAAAGTCCACGCGAACCCCATTGAACGATCC
TTATCAACCATTGACTTTTAGTTTTATGAATGTCTAGCCGAAAAATTATGATAACTACAAATGGGATGTGAACTGTGCCAAATGAGTAAGACCAG
CGAGTCTCTCCGACTATACAATTTTAGAAATGACTCACTGAAGAACCCAAACAAATATGCTTCATATTCATACTATACATTTCCCACCCACGGCA
AACCCGAATTAAGTGAGGAGGTCGCGCGCAACTCCTCTTATCAGCGATGTTTCTTTATAGACAATATACACGTATCAGTAGGACTACACAAGTAC
AAGTACAAATACAAGTAGTACATGGGCCTCCGAACAATGAAGGCAGGCATTGAGGCAGTAAAAATTAAAGCCACCACTCTTATCAGGACTGATAA
AAGGCAGCTTAATGCGTAGATGCTTGAAATAAAAGACTGATCTTGGGAATTTCTTTTCTGCTTTCCAAACGAAAAAAGAATCACAAAAAATGGTC
AAAACAATTGAAAGATGGCTACCATCTGCTGATGTTTAAATATAGAAATTATATTTTCAATTAGTGGTGTTAGAGATATATATTTTAACTGATTG
TGATATATTCAACCTTCGATATTCAACCTTTTGATTTTTTGAACGAATTCAACACTCATTTAAAAGGACAGAATAGTAACGAAATTAAGTTATGA
AATAAATATTAAATAAATTTATTTTAAGAAACATTTTTATAGTTATTAATTTAAGTTTTGAAATACAAAAATAAACCAATTAAACTTGCATACCT
TGTTTCAGCTACAATGACGAGCCCAACAGAGCGTCGCGCTACTGCCGGCCCCAAGTGATAACGCTGGCCTCCAAAGCCATGGTCAACAACGCCTC
GGCGGCGGTCCAGGGTCAGGGTCCCAGTCAGCAGAAGGCGGGTGCCACGCCCCTGGGCGTGGGCAGTCGTTCCGGACGGAGTTACCTGGAGCGAA
TGGCCTCGGCGCCGCTACTCACCAATCAGCCCAAATCCTGTCTCAGCCGCAAATCCTGCCTGCACAAATCCCAGAACACTACAGCCAGTTCCGCA
GATCTCTCGCCGACGGACACCGATGTCGCGGACAGTGCCAGTCATAGCTGTATCTGCAGCAAGGATAGTGACAGCAACGGCGAAGTGAGGTGAGT
GTGCGGGCGATAAGATTACGTAATGTAGGTAACTCGATACAGCGGCGCCGAAACGATCAAGAAGGCTGTAAATGCCGGCGGACTCAGTCACTTTG
ACGTCAGGCCTTCAAAGATTATGGCGCCGCACTTATTAAACCACCAACTGAACTAGATGGGAACTTAGTGGTGTGAGAGCCTGGGTAATTGTGGT
CAGAATTGGGTGTATCAACCTATAACAGATTCATTAAATAGTAAGATGTCAATTGAGGGGAAATCTTAAGGAAAGTCCGAGAAAGTAACACAAGA
AGCTGTAGATGGTTTTCATAGCGCATCTTAACTATGTAGACTGTGGTCAAAAAGAAATCGAAAGCTTATGATTCAAACTTAAATCTTTGAATTTT
AATATGGGGAGGATAGGATTTTGGTTCTAAAAATTGGAACGTGAAAAGATCATTTCTTATAAAACTGCGAAAATACCACTTCCGCCATAATATTT
TATAAACAAAGATTAATCGTTTATAAGACATTTGCAATAGTTCTAGTAAAAGGAATAAGAAAATCTGTTGGCAGTCGAACAACTTTCCCACAGAC
GTCATAGCCGAGCACATGTCATTTATTAAATAAGCTGAGAAAGCCAATTGCAGACGGCCGCCAGGCTAAACAAATGCAAAAAGATCATGAAATAT
ACTTGAAAATATATTTTATATATTTTTAAGAGCATGCAATTTCACAAAAACAAAATATAAATTATCTAAATGACTGTAGAAATAAGCCAAAATAA
AAACACGCCACTGCATCGCGAGTCGAGAATCTGTATCTCGTATATCTGAGATAAAAAATCTCACATTTTAAGACTCAAATGGGAATAGACTGGTA
TTTAGTATAGACCCCAACAGCGAGGCGCCATTATTTTCGTTTTCCATTTCCATTTATTCGCTATATATAGGGAAGATACATTATCGATTCATGTG
CAGGCCATGAAAATATTTGGGTTATCGATGTCTCGCAGATATTTTGTAAAATTGTATACATATGTATATTTCGCTTTCAACGAGCCCTAGAAATA
ATTTCCTTTTTGCACTTGAATCTGACATTTTGAGAAATGCCTAAAAATACATATGCCACGAGATAGAGAAAATAATTTATACGTTCATTTGCGTC
AAATGCGAACACTATTTCTATTTGGGCTGCGTCTCTAGACAAGAGATCAGGCTTAAAGCTACGCAGCTACTCAAACGAATGCAATTAACCATAAT
ATTATCAATGTAAACCAGACGTGTGCTTGTTGCTGTTGGAGATTTTGTGTACACTTTGCGGTTGCGTATTTTGTATGCCTCGTTTTATCAGTTAC
GAAATCCACTGGGAAAAAATTAATTTACCAATTCAAATCTTCAGAGTAAATTATAATTCATTTAAGTTAACACAAGAACGTAAAGCAATGCAATA
GAAAAATTATTAAGAATTATATTTATTGGAGGCTTGATTTAAGAATTGAAGACCTTATTCATCACCTTCCAAAGCATATCGCATCTGCTCGTCAC
CCATTTGGCCCCACATTTTACAATGAGTTTTGACAGCCAATGAAAGATCTTTCTTTTGTCTTAATTAGCCTCCCCAAAAATCATCAAGATCAACC
ACAAAACGAGGCAGACGGTTCACGTCAAGGCCGAAGAATTATTAGCATAGAAGCGTGATCAAGCGAAAGGCGTCATCTCATAAAAGACACAATTT
TTTCGGGTGTAATGTAACTAAAAATATTTCAACATTACAAGCCTCGGAATACGAATGCACACAAACGTAAGGTTATATATAGAGATGGGGAGATA
TGTCTGATGTTCATGCAAAGATCACGTGAATCGATCGGAAAAGTGAGTCTGGGGCACATGGGTCTGCTGTAAAAATGTTGGCGCACCTTTAGCTG
AAAAATGTGAAAGAATTTCGTACATTTACAACAATTTTATTTCATTCGTAATTAAATTTATATTTATTGGTAGCGATCGAGATAATTAAGAAAAA
CCAAATCCACGACAGAATTTTCCGAGTTAAAACTATTTTCAGTCTCTTACTATTGGACTTTGCTTAAAATTTCAGAAAAATATAAACGATAGGTA
TATTTGGCGAAACTGAAATTCTTATGGGGGAAATAAAATAGAAAATACAGAAAATTTGGCGACATACAATACGGAACTACCTTGATTCGTTTACA
AAAAAGTAGTTCGATTGTAAGGTCAACCAGAATGACCATCAAATCAGTCAGTTGTAAAAATTTCAACAGGTCTTGCCAGAATATTTTTATCGGAC
AGGTTATTGACTTTAGAAAATGAGGGAACTCGGCAATACGGCTGCAAATTGAAAACTGAGGAAATTAAAAAGTATTTTTAAACACAATTTTCATTT
ACATTACAAGCGTTTCGATTTTAAAAAGCCCTTTTGGTGCAGCCAAAACTTGTTTCTCCTGCACCCATCAACGATCTTAATGCGGCTTGCATATT
GAGGAGTTTACAAATTTATGGACTTTAAACCGGACCCACGAAAATAAATGCGTTCCGTAACGCATACGGAATTGTGACTGCCTTTGGGTTTTAAG
AAAAAACAGTTGATAGTCGTATCTCGTTTCCCTTGGAGAAAATGTAAGCCAAGTCGGGGAAAATCAATGAAAATGTAAATGATTTTTTTTTTTTA
ATTTGATTTTTCGGGTGATCTCTTTCAAGTTGACAAGTTTTAGGAAAGCGGTCGGTAAAAAATGAGACCCGTCCGCGGTCTCCGGTTTCTGGTTG
GCGGCCTGCTGGGCGTTGAGACCCACCCCACACACACCAGATAAGCGATCGCTAAGAAACCTGTTGAAGAAAATGCAGCAACAGCAGGCGCACAC
CGATCATGCCCTCGATGCGTGATGTCGTCGATGTCGGTAGTCGGTAGTCGTTACGATCCGATTCTGGCCGAGTCGGGTGGTACGATCTGCCATCT
CAGATACACCATCACCATCACCGATCTCTGGCAATACGGCTGGGGTACAATCAACAGAGAGCCAGTCTGTCGATAGCCATTTCAATTGTTGGCTA
TTTGTACTTCCCATATATATTTAGCACTCGATGCGTTCCCGCCGACTCTCCTCCAATTTGCAGACCAAATAGAGTCTGCTCTGTGTGGGGCCATT
AGTCGTAGGTCTGCTCCAACTGACGGAAACTTTTCGCTTTGGGTTTGGCAACAGCAAAGAACCATACAAAAATCGAGCCCCTACCGAAGCTGATT
AGCCAAAATTAGTCGCTATATCTTATCGAATTTATGGCCAACTTTCTAAATAGAACTTGTATGCGTATTTTTTTCAGTAATATGAAAGTCAAAAG
GGCGGAACATTTGTTCGAAGAGTTTGGAAAGTAATTAACTGCAGCAAACATTTGTATTGAACACAATATATTATTATATTGTATTATTCGTATCT
GCATTTAAATTAGGTAAAATTTTAAAAGTCCAATGAATTTCAGATTCCAACTAAATTTCGTTGAATAACTTATATATTTTGAATCACGAGTTATC
CTCTATATTTTATATATCTTAGTGGGTGTGTTTTTATTTACATTTAAGCAAAAGAACCGTGGGAAGAGTCGCCCAATAACATGGGTGCAAAAAGA

AAGGAAAAGCAAAAGTAGGCGTGATTTACATATAGATTAAGGCAAATCTTTGGCAAAGCCGTACGTGACTTCTAAAAATAAAACCAACAAAAAAA
TATACAATACACATTACTCTTTTTATGACGCAGGGAATTTTTCGGGAAACGCAAAGGAATAAAAATGATCAGCAGAATAGAAAAAAAAAAACACT
AAAGGAAAAGTTTCACTCGACCGGGATTTTATATTACCAATTGTCAGACAATCGACAACTTTGGCACATATAGTAGGAGCTTTCAAAAATGGTTT
TAAAAACTGCATTTGGCAAAGACGCAGTTTGCTTAACTAAAGTAAAAACAAACCAATAAAATGAAACTGTTAAGGATAGAAATCCGGGCAAAGAA
AGATGCTGAGTCAATGACCACAAAGAAATAAAATAAATAATTCTGAATGGGGGGTCAAGTCAAACTGATAAAGCCAGGGTCAAATCTATATTTGA
TAATGTATATTTTAATAATTAATAATTTGCTTATAATAGATTGCGATGTACTCAATGGATGGTATTTCTTTTTTTACTTTTTGCAGCCGTGGCCC
CAAAAAGCATGTGATCTTCGCTGATGATGAGGGTCTATCGCTAACCGAGGTTCGTGTGATGTCCGAACCCTCGAATGTGCCGCCATATTGGAGCA
TGAAGTTTCTGGAGCAAATTACACAGGGCCTGGTCAGCCCACATCCTCCGGATCAGTGGACAGTGGACTTCAAGCAGCCAGCCTCAGACTATCTA
TCATTTAGGTTGGTACCCTATTTACACAACTGTAAAATATATACGAGTATTCTAAATATTTGTATTTACACAGACAAAAGATAGAACGCGACTTT
GTTTCCTTGGAGAATGTGATCGTCAAGGATGAGGAATCGATTGTCGTGGGCACCATCAAGGTGAAGAATATCGACTTCCAGAAGGAGATCATTGT
CCGTGTGACCTGGGATGATTGGAAGAGCCAGCAGGATATCTTCTGTACATACGCCAGGGCCTATGGACCGGCTACTTGTGCTCATGTAGTCTTCG
ATACATTCTCCTTCAAAATCACCTTGCCGCCATCCTCCAAGCGCCTGGAATTCTGCATCTGCTATCGCACCAACGAAACAGAATATTGGGATAAT
AATGATGTGAGTTTGGCATCAAAATAACTTAAAAAATATTTTACATAATTTGTATTTGCTTACAGGGTAAAAACTACACCATTAGCAAGCGATCG
CCCTTTTATTACAACGCCTTGTCGCCCTATGATAAGGGTCAGAATCGCAACTCGAGCCAGCAAATAAGGTCCACCCTGACCGATGCCTTGGCCAA
GGTGCAAGACCAAAATGGCTGGCACCAGGAGCCACATACGCCATATTGGTGAAATCGCCTGGGAACGGGATTGGATTTTCCTGACCCAAGCGATT
GAATAAAGTTTCTCATTTAGGCCACATGAACAGAAAGAAACAGAATTGGAAAAGATTTAAAGTGTTATAATCAGTTTCATTGACAGAGGGAGAGT
CCAAAAGATTTTACCACTAACGAAACTTTTTGACCTAAGCTAATACCCGGTACAAATATCCCAATTTTAATGTGCCATTGACTTGAGGTTTACTC
AATATAAAATGAGATAGGAGGGCTTATAACTACTTCTACTGAGCGAAGCCCGAATTTGTATGTCTTGTCTTTAGTCAACTTGATGGAATTTCAAA
ATCTATGTATAACTTTTTAAAATGTTTTATGTTTGACTGTAAAGAATTTTTGGAAAAGATAGATTTATATGTTTACCTGTATGCCTGTGTGATCG
TCTACATCTATATAACTGATACTAGATTTATGTTAACTAAAAACGAAAAAAAAAAACCTTATAAAAATGAAAGGAGATGAATTTTGAGGCGTGAAG
CATTCAAGCAAACCATTGTTTCGAAATTTACTGCAACTGCAAAATAAAGAAAACAAAAACCAACAAAACACACATTATGAAAGAACACAAGAAAA
GCAACAAAATTGTAGCCCTAAGTTTATTCGTTTTATTACTTTTTATTTCTATTCTTTTTATTTCATTATACACTTTTATCTTTTTGGTTACTTGA
AACGCTAAGACTGAAATGGCTTGTTATGGAGAAGAAAACACGTCCTGCAATACATTATATAATAAAAAGAACCCAGCAATTTTCGCATCACCACA
TTACAGACAACAAAGTACTTTGTCCTCATCGTTCTGTGTGATCCAGATCCCCGACTATATATGATATATACACCTAGCTAGATTTAAGCGATTTG
TACATACAGAAGCAAAAGCAAAACAATATACCAGAAAATTGCCTGTTAAATACATTTATATACACATATGAATTTAGTTATATCACGATGACTAG
TTTTTAG
(SEQ ID NO: 1483)

Exon: 1001..1419
Exon: 4474..4839
Exon: 9017..9223
Exon: 9289..9601
Exon: 9661..9837
Start ATG: 4544

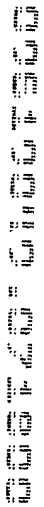
Transcript No. : CT26388
TCGAAGCGTACGGTTCATAGGAGGAACGGAACGAAGCGGGGAACGCGACGGAAACTAGTTGCTGTTTTTTTGTCCGTGTTAAATAATTGACACAA
GAAAATTTAGCTACACTTAAGCAAAGTCCGCGAAAAATCTATTAAAAATCGTTCGTCGTTTTGTGTGTGTGACCACGAAAAAAGTGCCCCGATCG
GAGGATTTTAATAAATTCAATTAAGGTTCCGTCCCAACGATCGTTTTTCATTGTCTGACGCTCACGCGTGATGTACAAATGAAAAAGTAAAAATT
TAAATAAGATCAAAGAAAGAAAGATCCCAGTAAAATTTAAAGTGGATTGACTGCACAAGAAAAAGAAAAGTTCCTTACCTCCTAGCCAGAAGTCA
AAAGTGAAGCGGAAAACAGAGTGGAGATAACAATTAACGCTACAATGACGAGCCCAACAGAGCGTCGCGCTACTGCCGGCCCCAAGTGATAACGC
TGGCCTCCAAAGCCATGGTCAACAACGCCTCGGCGGCGGTCCAGGGTCAGGGTCCCAGTCAGCAGAAGGCGGGTGCCACGCCCCTGGGCGTGGGC
AGTCGTTCCGGACGGAGTTACCTGGAGCGAATGGCCTCGGCGCCGCTACTCACCAATCAGCCCAAATCCTGTCTCAGCCGCAAATCCTGCCTGCA
CAAATCCCAGAACACTACAGCCAGTTCCGCAGATCTCTCGCCGACGGACACCGATGTCGCGGGACAGTGGCAGTCATAGCTGTATCTGCAGCAAGG
ATAGTGACAGCAACGGCGAAGTGAGCCGTGGCCCCAAAAAGCATGTGATCTTCGCTGATGATGAGGGTCTATCGCTAACCGAGGTTCGTGTGATG
TCCGAACCCTCGAATGTGCCGCCATATTGGAGCATGAAGTTTCTGGAGCAAATTACACAGGGCCTGGTCAGCCCACATCCTCCGGATCAGTGGAC
AGTGGACTTCAAGCAGCCAGCCTCAGACTATCTATCATTTAGACAAAAGATAGAACGCGACTTTGTTTCCTTGGAGAATGTGATCGTCAAGGATG
AGGAATCGATTGTCGTGGGCACCATCAAGGTGAAGAATATCGACTTCCAGAAGGAGATCATTGTCCGTGTGACCTGGGATGATTGGAAGAGCCAG
CAGGATATCTTCTGTACATACGCCAGGGCCTATGGACCGGCTACTTGTGCTCATGTAGTCTTCGATACATTCTCCTTCAAAATCACCTTGCCGCC
ATCCTCCAAGCGCCTGGAATTCTGCATCTGCTATCGCACCAACGAAACAGAATATTGGGATAATAATGATGGTAAAAACTACACCATTAGCAAGC
GATCGCCCTTTTATTACAACGCCTTGTCGCCCTATGATAAGGGTCAGAATCGCAACTCGAGCCAGCAAATAAGGTCCACCCTGACCGATGCCTTG
GCCAAGGTGCAAGACCAAAATGGCTGGCACCAGGAGCCACATACGCCATATTGGTGA
(SEQ ID NO: 1484)

Start ATG: 490

MVNNASAAVQGQGPSQQKAGATPLGVGSRSGRSYLERMASAPLLTNQPKSCLSRKSCLHKSQNTTASSADLSPTDTDVADSASHSCICSKDSDSN
GEVSRGPKKHVIFADDEGLSLTEVRVMSEPSNVPPYWSMKFLEQITQGLVSPHPPDQWTVDFKQPASDYLSFRQKIERDFVSLENVIVKDEESIV
VGTIKVKNIDFQKEIIVRVTWDDWKSQQDIFCTYARAYGPATCAHVVFDTFSFKITLPPSSKRLEFCICYRTNETEYWDNNDGKNYTISKRSPFY
YNALSPYDKGQNRNSSQQIRSTLTDALAKVQDQNGWHQEPHTPYW*
(SEQ ID NO: 1485)

Name: putative protein phosphatase
Classification: protein_phosphatase

Celera Sequence No. : 142000013385203
CGTAAGAGCGAACCGGCTTTTCTACCATTTGTTATTATTACTTTCACAGGATCTGTTAATATTTCGGAACCGAAGAGAAACCCAGTCCCGATACA
TGTCTATTTTAATCTAAACCTATCAGATTCTTTTGATTCCTGTGTAACCCTCAGTAGCATTACACTTGTTCCCAGAAAAATGGAATCTGGTATCT
TAAAAAGAAAACTGAAAGTAATTTATTCTGAACCCAATACCCTTCTAGATTTTGGTGATCAAACATAATAAATTGTTAGATTAGGGACTCGTTCT
ACGAAAATCTGCTTATCGATTTAATCATAGCTAATGTTGGAATTTATTTTTAATACAATTGCTCGATACCTTAGCTAGAATAATTCAAAAACGTT



CTGAATTGTTTATCCTTCATTTTTAAACTGTAAAATTTGAGCTTATTCAGAGTGGAGTAGTATAAGAAAATGTTGAATATTTTGATACCGGATCC
GATAGTTATAGAACCGGAACCTACGGATCCCGTTGACCTTTTTCTTATCGCACTCTGATATTCCAACCGGTCGGACACATGTGTTTTTCATCCGT
GAAGTCGGCCCAGAATATTTCCATCATTCAATATTTACCACCTTTTATAGTTTTGTTTACTATCTTGCCGACTTTTTTGTCTTGCCGTCTTGCTC
TCCTCTCCATCCTAAAAATACTCTTCCTGCGCTCCATCTGGCAATGCCGCTCGACAACTGTACTTCAAAGAGCGTTGCCAGGCAGGTCACTTCTC
TCATAGATACACAGATACAGGCGCGCACGCACACCAGCACGCAAAATAACCACCACCAGCAGTACAGAAATTACACATTTTCTCCCCGAGTAGAG
AACTGAAAAACTGGCCGCGCTGGCAGCGCCGGAGCAGCGAAATTCGATCGAAACCATTTACTCAGTCTCAGTTCGAGTTATCCAACGTTGGCGAG
CGGACAAACAAGCAGGAGAAAAAAGCGTACGGGCAAGAGAAAGAGAAGGCACAAAATCACCCACAGCCACTGAAATTTTCTTTTGCGCTCCGGTG
AGAAGATAATTTCACAAACCAAAACCGAACCAACAAACAAAAAAAGTGCGCTCCGTGAGCGGGAAAACAATAACAAAATCAAGAGACATGCGATT
ATAAAACGAACAAAATAACTGAGTGACAAAAAAAAAATTAAATGCGTGTCTCATGGCTTGACTGTACTGTGTATTAAAAAATGTGATTGTGTCGGC
TGTCCGTCTGTCTGAGTTTGTGCGCGTGTGTGTGCTGTTGGCGTTTTTAAATGTGGCGCGCTATTTTTGTGTGATTTTTGTGGGCAGCAACGAAT
TTTGAAACATCAATTGTATACTAGTTGTCAGTCCCCTTGTGAAAAAGTCTTCTCCAACAACAAAATTCCTGTGAGCAGCCTACACACATGCGTTG
TCTCGCTCTCGCGCGCTCTGGCCCCCAAAGAGTGCGAGAGCGGGAGAGTGAGACCGAGAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGCTAATAACTAACGTC
TGTACTCTTTTTCTTTTCCATTTTTCATTTCAGTTTCGAGAAAGCAGCGCGCCAAGCAGCAAGAAGAGGAAGAGCAAAGGGAGTTGGAAAAGCAG
TGGCGTCGTGGAGGAGGAGTAGAAAGGGGATTTTTGCGAAAAATCCCAACTTGAAGAGAATTTTCCCCGTAACCGTTAAACATTAAATCGTCGTG
TTGGAGACAAATAGCAGCGAATACGCTAGCAACGCTGGGGAGGAACAACAATTGTTGGATTTGGACGCGACCGCTTTGATGTCGCTGCCAATGAA
TTCGCTGTATTCGCTCACCTGGGGCGATTACGGCACCAGCCTCGTATCGGCAATCCAATTGTTGCGCTGCCATGGCGACCTCGTCGATTGCACGT
TGGCCGCCGGCGGGCGGAGTTTTCCCGCCCACAAGATAGTCCTGTGCGCCGCCTCCCCCTTTCTGCTGGACTTGCTAAAGGTAAGTGCTCGGTTC
GGAAACACTGCCTAAAACACCTTTCAATAAGAGAGCTTGTACATAACCTCAAACGTTTCGTACAGTTTGTAAACAGAGAAATCCAATCGCAGAAA
TAGGTTAATGTTTGGAGCGCAGAGAAACTGACACTCGCACGCAAATGCATACATATGTATAAATAACGCAGATTTACGCTCCGCTCCAAAAGTTG
TCTAGAGATTTTTGTACAAGTTTTCCACTGTCAATTGAGTTGAATGAGTGGCTCCGCCCCCCGCATTCCCGCCGTCTATCTTGCTTATCAGCTTT
TTCTTGTTGCAAAGTTCACCGGAGAACGAGAGAGTGAGACGTAGAGACAGAGCGCAGACAGAGAGGGAGAGAGCGAGAGAACCAGTTGGTTCGGT
CGACAGAAAAGTGGTTTTGGGCCCGGTGGTGTAACAGAGAGGGGAGAGCCGAAAGCTGGTGCGCCAACTTTAAATCGCATGTGTTAGAGCGAGC
GCAAACGAGAGCGCCAAAAGCAGCGCGGCAACTGTTGTAGTTGTTGGATGGTTGGAGCTTTCGTCTTGCCTTTTGGTTCTTGCTGTTGTTGGGTG
CACACGAGCGCGACCTCTTTCTTCACAGACAGAACTGTACAGTTGGCTCTGGCTAGGGGGAACTTGAAATATTGGGGGGAATATGGATACATATA
CAAAGATAATTAAAATTAAATTTGTATTGATTGGTTTGATTTCCTTAACCCATTTCCTAAGCTAAGTCTTTTGTATTTTGTATGTCACCATTTTA
GATTGCTAGATTGATTGTCTAACAGCAAACTTCGCTCAATTAAAAGTTCCTGGACTTTAATAGACTTATCTACTTCAAATCTTTATTTAAACTTA
TAACATAGTGACCAAGTCCAGATTGTACCAAAGATAAGCAAGCCTGTCTGGTGCGCTTCCCTCGTATCGAATCCAACCCGTATTTCTATAAACTA
AAGCATTTCATATTAGGAAGGCGCACTTTTAAATGGAGCTTGCAAGTTTTTTCATGAGCTGTATTGCGATACTGTACTTTTTAACAACTCATTTG
CACTTTAACTTTGACGCTTTTCCGCCACTCTGTCGATTGTTCAAAGTGTGCGCTTAAGTATGAAAGTTGGACCGTCTTCAATGCGTGGCCCTATC
GTAATGGAAATACTGACCAAAACAGAGCGCGGCCAGCGAAATGAAAACACCTGATGCGACGCCGACAGCGGCTACTCTGCGCTTCGCTCCCCCTT
ATTCTCAGCGCTCCTCATCTCTCCTCTCCTTTTCTGGGCCGTGAAAAAGTAAACAGAGCGAAATTTTTGAAAACGCCGCTCAGAGCCGTCGTGGG
GAAATGTCAAAGAAAAAAAAAAAAAAAACAAAAAGAACGGGACCAATGCGGCTGTGAACTCTGCAAGAGTCCGAAAAGTACAAGATGTACTGATCT
CGTTACACTCACACACGCACGCAAAAACACATGGCGGTCGCTCTTTGTTGCTCTTGCTCCCTCTCCCTTGCTCCTACGGCAAATGGAATGCAACT
CTGAAAAATCGATGAGCGAGACTTTGGTTGGAGGCAGAGTTCAAAGAGCGCAAATGGGAGTGCGGTGAGATGTGTCATTTCAAGAGATTGGCATT
GGATGAAGGGAGGGTGTTGGTTGGTGAGTCCGTAAATGGAGAGGGGTTGTTTTCTGAGCAATGCTATATAATTAAATGTTTGGAGCGGGAGCGGG
AGCGGGAGAGGACACAGAAGAAGAACAGCTAAGCGCTCTTTCTTTAAGCGCTGCTCTGTTTTCTTTTTCAGCATCTGAAATCTCAAAATCCTGCT
GCAGAATGTGCAGAGCGCGCAAAAGTAAAAGCCGGTTGTCTTTTGTCTGTGTCACTGTGTGCGTGAGCGGAGGAGAGTGTGAGCGACGCGTCGCA
CCGCGAGTTTCCATTATTTCCATCTCCGTCCGACTGTTTTTGTTATTGTTTTTATTTGGATTGGCGGACGGACGAACGGGCCTCTCAATTCACGC
CAAAAATGTGAGACGATTTCAAAACAAACACAACTCTCTACGATGAAGTTCGAGCCAAGAGAAATGTTGGATGAAGAGCCTACGAACTTTGCAAA
GTGTCAAGAAGTTTTTCTTATAGAACATTTTTAGATTTCAATTAGAAAATTTCTATAACTTACTAGAAACCGGTTTTGGTTATCGTACATACCTT
AAACAATAGAGAAATATTTATATATCATTTAAAATCAATTTATCTTGCCCTATTCTTAATAACTCCTTTTAATCTCATTAGTTTTACTTATATAA
ATACAAACTTATCAGCTCTAAATAAATTAGATTATATATGTCTTCTCGATATTTACAGAATACACCATGCAAGCATCCAGTGGTTATGTTGGCTG
GCGTCAATGCGAACGATCTGGAGGCGCTGCTGGAGTTTGTGTACCGCGGAGAGGTGAGCGTGGATCACGCCCAGCTGCCGTCGCTACTGCAGGCT
GCCCAGTGCCTGAACATCCAGGGACTGGCACCGCAGACGGTTACCAAGGACGACTACACCACGCACTCGATACAACTGCAGCACATGATTCCACA
ACATCACGACCAAGACCAACTGATTGCCACGATCGCCACGGCTCCACAGCAAACGGTTCATGCCCAGGTGGTGGAGGACATCCATCATCAGGGCC
AGATTCTCCAGGCAACGACCCAGACCAACGCAGCAGGACAACAGCAGACCATTGTGACAACCGACGCGGCTAAACATGACCAGGCAGTGATTCAG
GCTTTTCTTCCGGCACGCAAACGCAAACCACGCGTAAAGAAAATGTCACGTAAGTTAAAAACTTATTTTTGTAAACAGTTGATTCAGAAAATTTG
TCCAATAAACTCTGAACGTATTGGGTAAGAATTAGAAACAAAAAATAATAACATGCATTTCTACTTGTGCAGCTACGGCACCGAAAATAAGCAAA
GTTGAAGGAATGGATACGATTATGGGCACACCGACCTCTTCACACGGCTCTGGATCCGTGCAGCAGGTGCTTGGCGAAAATGGAGCCGAGGGCCA
ACTGCTATCATCCACACCGATCATCAAGAGCGAAGGACAAAAGGTAGAGACTATTGTGACCATGGACCCCAACAACATGATACCGGTAACGTCGG
CTAATGCGGCAACTGGCGAGATAACACCAGCACAAGGAGCCACTGGCTCATCTGGCGGCAATACAAGCGGCGTCCTATCCACGCCAAAGGCAAAA
CGCGCTAAACATCCGCCCGGAACAGAGAGTGAGTTTTAATTTCGGTGTATTCACTTGCCGGCTTAAAGTTATTACTAATTATAAGTATATATTTG
AGAATAATGCATTTTGTTAGAGCCAGTGAATACCCAATATACCATCCCACAACGTGTTCCAAGAACTAAAGAACGCTATTTTCCGTTTTTAGAAC
CACGTTCACGATCACAATCTGAACAACCTGCTACTTGCCCCATTTGCTATGCTGTCATTCGTCAATCCCGGAACCTGCGGCGCCATCTCGAGCTG
CGGCATTTTGCCAAACCCGGCGTGAAGAAGGAGAAGAAAAGTAAGTCCGGTAACGATACAACCCTAGACTCCAGCATGGAGATGAACACCACGGC
AGAGGGCGACAACACAGTGGGCAGTGATGGAGCAGGCGGAGCAGGATCAGCAGGAGGACAATCATCTGGTACGACGCCAACGAGAGTGATATCGA
ATGCACCGCAGGCCGCGGGGGCGCCGGCCATCCTGGCCCAAGGTGTGCTGCCCCAGCAGCAGCAACAGCAGCAACTGCAGCAGCAACACCAGCAG
CACTTGACAGCAACATTAGCGGGTGGTGGACAGGCATACATCAAACATGAGGGCGGCGGCGGGGGCGGCACTGGGCAGCAGCAACAGCAAGC
GGCACAACAGCAGGGCATGCAGAACGTCATACACATTGTGGGCGATCAGGTCTTCATACCGCAGCAGCAACAGCCGCAGCCGCAGTAGCCACCTC
CAGCCGAGCCTTCAATCATTCCAACGCACCAACGACACCATCATCCACATTTCCAAAAAAACATTAAAAAAAAAAACATAACACTCACAAAAACG
ATTTGTAAATAACAATCAGCAAACAAACAAATTCCCCGTGATCTGATCGAATGATTTGTGTTCATTTCCTGTATCATTTTTAATTTTTCCATAAT
TAATTGCTGCGTAAGTTTATATTTTGCATAACTTTTCAAAATTGCGCTTTTTAACATATAACATTTTCTTATGCAGTATTTTCTTGCATATTGTA
GCACAGAGAAAAGGACAAAAAGAGAGAATTCCGTATGTCTCCACCTAAATGAATACTCGATTAACTTACTTAAATAATCTAATTAGTAGTGTCGC
AAATAATTGTTGTAAAAATTAATTGTACAATTACAATCGAGGATCGCAATCGGTTTAAGTTTCTCTATTTTAGATATTATATTACAAATTGTTTA
ATTAATAAAATATTATATATTTTTTTATATAACAAAAACAAAACCAAAATTAATCTCTGCCTGTGGCACGGACTTTAATTTACTGCAATTGGCTG
TTTATAATTATTGTTTCTCTTAGTTGCAAGAAAATACTGTTGGTCGATTTCCAAACCTACTAACTTCGTACTGATCTTTGTAATGTTTCGCAATTT
CCTCTGGAGCAAATCTTGCGCATTTAGAATTGACAATCTGGCTGATAATCGTATTTAAAAGTCTTGAATTAACGTTGAATATTGTTACGTTGTTT
TTGTATCTTTTTTAATTATAACTACACGTTTGTTTTATTTTTTAACAGTTTTTCACTAGATTTTTTTTATTTCTATTATTAGTTTTGTTATTTGT
TGTTCATATTGATTTAAACCTATATTAATATTTGTTTTGTCTTGCGTTTTTAAGTTTTTTGTTTGTAACACCTTTCATCTACACAATCAACACAT
CTTCATGTCCTGTTTCCGGCTGTAGTCCTTAAAGGCCGCGTTGTTTCTCTTTTGGGCCAGAGATGTTGCTGTAGTGTCGTCCTCTCGCTCTGTAT
TACTCCTACTATCCAACAGTCTACCTTGGCTAACTCCAGCGGCAGTCTTCTCACCAGCAACTCATTCCTTCCTTGCAGCAACCAGTGGCAAGAAG

FIGURE SHEET 807

TCTAGTAGCGGATCCAGCGGTTCAGGCAGTGGGGCACTGAGCTCCAGTGGCAGTGTGCCGCAGGTCCAGACGGTTCAATCCCTGCACACTTTACA
GGGTGTGCAAGTCAAGAAGGATCCGGATGCCCAGCAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAACAACAACAACAGCAGCAAGCAATGACAGTGA
GCGGTGCGACGGGCGGACAAGTGCAACAACAGGTGCAGCAAGTGCAGCAGCAGGTCCAGCAGCAACAGCAGCAGCAGCAACAACAACAACAACAG
CTGCAACATCACCAAATCATAGACTCGTCGGGCAACATTACAACAGCAACAACGAGTGCTCAAGCGGCAGCTGCCGCACAGCAACAGGCGGCTGG
CCAGCAGCAGCAACTGGTGGCACAATCCGATGGCAGCGAGAGTGGAGCTCCGCTTTCAATTGCCCAGGTGCAGACGCTGCAGGGCCATCAGATCA
TAGGCAATTTAAATCAGGTGAATATAACTGACTTTCAACAACAACAACCGCAGCAGCAACAACAGCAGCAGCAACAACAGCAGCAACAACAACAA
CAGCAACAGCAAACACAACAGACGCTCTGATCGGACCGAAGTCTTAGATCCATCTTGTACTATTCTATACAATTATTAATTTGGGTTTTTGCTAA
ACGCTTTAAATATTCTCTTTGCGGAATGCGTAGACAAATTCTAAATTAGTTTTAGAAAGCCAGAAAGGCATATTTAGTTGTTTACCGTTTTGTTG
TACAATCTTATGACTTTAAATGTTGATTTACCCCTCCTACAACTTATTTTGTTGCTAGACAAACGCTTAAGTGCTCTATGGTTATTGGAAATTAC
GTGCATATTTTACATACTTTATAAATATTATCATTTTGTATGGTTTTACAAATGTCCCAATGCTAGAGGACCTCTAGTCATTTTGAAGTCCTGCA
GATCAGTAAACACCTTAATCCAACAAGGATCCCTTGCTCACGTCCAGATTTTGGCCATGAACGAATGCACCTTGATTTAAAAAATATTAACAAAT
ACATTAAGTTTAAAAATCCTTGAGTTACAAAGATTTACTTAAGCAGCTCAAAAGTAATTGATCTGATCAAAAGAGAGTTCGCTCAACAAGGTTTC
TAAAAACCCACCCACCAACAATCACTTAAGTAATCAATCAACCAATCAATAAATCAACTCGATATCTCTGCTTTCGTTTTTGTTTAAGAACTAGG
CGTTCTATGTTTAAATTGAACCAATTTTATATGTATATTACTTAATTTTAATAGTTGCAAATTTTTCCTAAAATTTAGACCCCGTTGTACTAGTT
TTGGATGATGAAATATACATATTCCTGGAAACTATGATTTAATTATATAAATTTGAACGAAAGGGTATATTTCATCTACCTAAACTGGACGAATT
ATTGTTAGTCTTCTTACACACTTAAATAAAATCTAATTTTATTTAAAACCAATTACAAAAAATAAGTTTAATAAAACAAAACTTTTTCAAACAAA
ATTATTATTAGTATTTTCTTTTGTTTTTCGCTTTTCGGTGATGGAACTTTTTGATTTAATTTTTCAATTAATTTACTCATAGTCCCTTTAGCAAC
CAACCTTACCTATTAATTAAGTATTTCTGTAATTTACAGCATGAATTAACGTTTTAAATATTTTTTGTATATTAGTTTTTTGCTTTTCCTGATTT
GCAGTACGGCTGACCTAAAAAATGAAGACAAACTTAATTGAAAAATCAAATAGTGACTAATGACACTTCACACACCAGCAACGAAAACTCACCAA
CACCACATGCATTCTGCACTGCAGTTTACACCATTTTGCAACACATGAGCAATCATTAACAAATCGTTTTTATCTTGTCTTCTTCTCTTTCTCGC
TGCCACGTTAATAACAACTAAACGTCATCTAACCAATCAAATTCAATACATCTGTGTGTAAAAACTAAACATTCATGCATCCGACAACAAATCAA
AATCATTCAAAAAAAAAAAAAAACAGGGCAACAACAAGAACATTTTGGTAAAGAAGGTTTTCATTTTGAAAGGCGGTAATAATACGTAATGATGA
TCCAACGATATGTCCAGCGGCCCTGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGAAGGTGGAGGCGGCGGCAGCGGGCAACAGCAGCATAACACCAGCAGCTC
GAGCCACAACAACAGCAGCAACAACTGCGGCACGGCAGCAGCAACTCAATTGAGCAGCAGCAGCAACAGCAGAAGCATCACACCAGCAACATCGA
CATCATCGACTGGAACTGGAACAGGAACCACATCCACGCTGCAGCGTCGTATACTGCGCGGTCATGCGGCGCAAACGACCAGCGGCGAGCGTGTC
CTGCTCATCAACTATGTGCCACAAACAGGAGCATCAGCCACCGCATCCACTCAAAGTACTTCTCAATTGCCCACCCGTAAGATACTCCAGGCCAG
AGCCTCAGCGGCAGCAGCAGCGGCGGCAGCATCATCGTCATCATCTG
(SEQ ID NO: 1486)

Exon: 1001..1400
Exon: 1554..1980
Exon: 4334..4799
Exon: 4918..5253
Exon: 5413..5550
Exon: 7109..8642
Start ATG: 1789

Transcript No. : CT26545
ACAAAATCACCCACAGCCACTGAAATTTTCTTTTGCGCTCCGGTGAGAAGATAATTTCACAAACCAAAACCGAACCAACAAACAAAAAAAGTGCG
CTCCGTGAGCGGGAAAACAATAACAAAATCAAGAGACATGCGATTATAAAACGAACAAAATAACTGAGTGACAAAAAAAAATTAAATGCGTGTCT
CATGGCTTGACTGTACTGTGTATTAAAAAATGTGATTGTGTCGGCTGTCCGTCTGTCTGAGTTTGTGCGCGTGTGTGTGCTGTTGGCGTTTTTAA
ATGTGGCGCGCTATTTTTGTGTGATTTTTGTGGGCAGCAACGAATTTTGAAACATCAATTGTATACTAGTTGTCAGTCCCCTTGTGAAAAAGTCT
TCTCCAACAACAAAATTCCTTTTCGAGAAAGCAGCGCGCCAAGCAGCAAGAAGAGGAAGAGCAAAGGGAGTTGGAAAAGCAGTGGCGTCGTGGAG
GAGGAGTAGAAAGGGGATTTTTGCGAAAAATCCCAACTTGAAGAGAATTTTCCCCGTAACCGTTAAACATTAAATCGTCGTGTTGGAGACAAATA
GCAGCGAATACGCTAGCAACGCTGGGGAGGAACAACAATTGTTGGATTTGGACGCGACCGCTTTGATGTCGCTGCCAATGAATTCGCTGTATTCG
CTCACCTGGGGCGATTACGGCACCAGCCTCGTATCGGCAATCCAATTGTTGCGCTGCCATGGCGACCTCGTCGATTGCACGTTGGCCGCCGGCGG
GCGGAGTTTTCCCGCCCACAAGATAGTCCTGTGCGCCGCCTCCCCCTTTCTGCTGGACTTGCTAAAGAATACACCATGCAAGCATCCAGTGGTTA
TGTTGGCTGGCGTCAATGCGAACGATCTGGAGGCGCTGCTGGAGTTTGTGTACCGCGGAGAGGTGAGCGTGGATCACGCCCAGCTGCCGTCGCTA
CTGCAGGCTGCCCAGTGCCTGAACATCCAGGGACTGGCACCGCAGACGGTTACCAAGGACGACTACACCACGCACTCGATACAACTGCAGCACAT
GATTCCACAACATCACGACCAAGACCAACTGATTGCCACGATCGCCACGGCTCCACAGCAAACGGTTCATGCCCAGGTGGTGGAGGACATCCATC
ATCAGGGCCAGATTCTCCAGGCAACGACCCAGACCAACGCAGCAGGACAACAGCAGACCATTGTGACAACCGACGCGGCTAAACATGACCAGGCA
GTGATTCAGGCTTTTCTTCCGGCACGCAAACGCAAACCACGCGTAAAGAAAATGTCACCTACGGCACCGAAAATAAGCAAAGTTGAAGGAATGGA
TACGATTATGGGCACACCGACCTCTTCACACGGCTCTGGATCCGTGCAGCAGGTGCTTGGCGAAAATGGAGCCGAGGGCCAACTGCTATCATCCA
CACCGATCATCAAGAGCGAAGGACAAAAGGTAGAGACTATTGTGACCATGGACCCCAACAACATGATACCGGTAACGTCGGCTAATGCGGCAACT
GGCGAGATAACACCAGCACAAGGAGCCACTGGCTCATCTGGCGGCAATACAAGCGGCGTCCTATCCACGCCAAAGGCAAAACGCGCTAAACATCC
GCCCGGAACAGAGAAACCACGTTCACGATCACAATCTGAACAACCTGCTACTTGCCCCATTTGCTATGCTGTCATTCGTCAATCCCGGAACCTGC
GGCGCCATCTCGAGCTGCGGCATTTTGCCAAACCCGGCGTGAAGAAGGAGAAGAAAACAACCAGTGGCAAGAAGTCTAGTAGCGGATCCAGCGGT
TCAGGCAGTGGGGCACTGAGCTCCAGTGGCAGTGTGCCGCAGGTCCAGACGGTTCAATCCCTGCACACTTTACAGGGTGTGCAAGTCAAGAAGGA
TCCGGATGCCCAGCAACAGCAGCAGCAGCAGCAACAACAACAACAACAGCAGCAAGCAATGACAGTGAGCGGTGCGACGGGCGGACAAG
TGCAACAACAGGTGCAGCAAGTGCAGCAGCAGGTCCAGCAGCAACAGCAGCAGCAGCAACAACAACAACAACAGCTGCAACATCACCAAATCATA
GACTCGTCGGGCAACATTACAACAGCAACAACGAGTGCTCAAGCGGCAGCTGCCGCACAGCAACAGGCGGCTGGCCAGCAGCAGCAACTGGTGGC
ACAATCCGATGGCAGCGAGAGTGGAGCTCCGCTTTCAATTGCCCAGGTGCAGACGCTGCAGGGCCATCAGATCATAGGCAATTTAAATCAGGTGA
ATATAACTGACTTTCAACAACAACAACCGCAGCAGCAACAACAGCAGCAGCAACAACAGCAGCAACAACAACAACAGCAACAGCAAACACAACAG
ACGCTCTGATCGGACCGAAGTCTTAGATCCATCTTGTACTATTCTATACAATTATTAATTTGGGTTTTTGCTAAACGCTTTAAATATTCTCTTTG
CGGAATGCGTAGACAAATTCTAAATTAGTTTTAGAAAGCCAGAAAGGCATATTTAGTTGTTTACCGTTTTGTTGTACAATCTTATGACTTTAAAT
GTTGATTTACCCCTCCTACAACTTATTTTGTTGCTAGACAAACGCTTAAGTGCTCTATGGTTATTGGAAATTACGTGCATATTTTACATACTTTA
TAAATATTATCATTTTGTATGGTTTTACAAATGTCCCAATGCTAGAGGACCTCTAGTCATTTTGAAGTCCTGCAGATCAGTAAACACCTTAATCC
AACAAGGATCCCTTGCTCACGTCCAGATTTTGGCCATGAACGAATGCACCTTGATTTAAAAAATATTAACAAATACATTAAGTTTAAAAATCCTT
GAGTTACAAAGATTTACTTAAGCAGCTCAAAAGTAATTGATCTGATCAAAAGAGAGTTCGCTCAACAAGGTTTCTAAAAACCCACCCACCAACAA
TCACTTAAGTAATCAATCAACCAATCAATAAATCAACTCGATATCTCTGCTTTCGTTTTTGTTTAAGAACTAGGCGTTCTATGTTTAAATTGAAC
CAATTTTATATGTATATTACTTAATTTTAATAGTTGCAAATTTTTCCTAAAATTTAGACCCCGTTGTACTAGTTTTGGATGATGAAATATACATA

TTCCTGGAAACTATGATTTAATTATATAAATTTGAACGAAAGGGTATATTTCATCTACCTAAACTGGACGAATTATTGTTAGTCTTCTTACACAC
TTAAATAAAATCTAATTTTATTTAAAACCAATTACAAAAAATAAGTTTAATAAAACAAAACTTTTTCAAAC
(SEQ ID NO: 1487)

Start ATG: 636

MSLPMNSLYSLTWGDYGTSLVSAIQLLRCHGDLVDCTLAAGGRSFPAHKIVLCAASPFLLDLLKNTPCKHPVVMLAGVNANDLEALLEFVYRGEV
SVDHAQLPSLLQAAQCLNIQGLAPQTVTKDDYTTHSIQLQHMIPQHHDQDQLIATIATAPQQTVHAQVVEDIHHQGQILQATTQTNAAGQQQTIV
TTDAAKHDQAVIQAFLPARKRKPRVKKMSPTAPKISKVEGMDTIMGTPTSSHGSGSVQQVLGENGAEGQLLSSTPIIKSEGQKVETIVTMDPNNM
IPVTSANAATGEITPAQGATGSSGGNTSGVLSTPKAKRAKHPPGTEKPRSRSQSEQPATCPICYAVIRQSRNLRRHLELRHFAKPGVKKEKKTTS
GKKSSSGSSGSGSGALSSSGSVPQVQTVQSLHTLQGVQVKKDPDAQQQQQQQQQQQQQQQQQAMTVSGATGGQVQQQVQQVQQQVQQQQQQQQQQ
QQQLQHHQIIDSSGNITTATTSAQAAAAAQQQAAGQQQQLVAQSDGSESGAPLSIAQVQTLQGHQIIGNLNQVNITDFQQQQPQQQQQQQQQQQQ
QQQQQQQTQQTL*
(SEQ ID NO: 1488)

Name: Trithorax-like
Classification: transcription_factor
Gene Symbol: Trl
FlyBase ID: FBgn0013263

Celera Sequence No. : 142000013384405
CCAGTCTGCAAATATCCATGGAATTATTTACTACGGGCATCATTATTAACCACCGCGGTTGCTACTCACGCGAGCTTGATGAGATTGGGGCTGGT
CAGCAGCTGCGGACAACTGTGCCCATTGCTCACCGTCTCTATGAAGTGCTTAAGCTGATCCAACAGGTTCTGGCGCAGCATTTTGTCGTCCTAGG
CATCGGGAACGCAGCACCGAAGTTGGCCAAGTGAGCAAATGCATCGCAGCAGCGGGTCGCTGCGTCTTTCACTCGGAATACCAAAACGACGGGGC
ACAACTGCAGGCATTTGGAATCCGCCGCCACCTGGCCACACTAAGGCGGCAGAAAATTCGAAATTCTTTAATATCTGAAAATCATAAAATTAACA
GAATAATAAATATCTTAGCACTCTAACGTGTCATTACATTCATTATAAACTAGCACCTGAGATTAGTTTAAGATGACACTTTACATTCAAGTTAA
ATTAAGCTGGAAAAGATTTCTAATCGGAATTATGTGTTTACTACAATGCTAACTTTCGAATCGAGGATGTAATTACTGAGTAATCAAACTGTTTG
CTCTTTTTAATACTAAGTAAACGTACTTATAGCTCTATTTTCTAATTTTATAATATTTAACGTGTTTTTGTTTTAAAATATTATCGTAACAGTAG
GGAGTGCGAAAAACGGTAACACCAAAACCCAGTTCGTGCATTATTGCACACTCTTTTGGGGCGAATCAAGAGCGAAAGACAACATGGCGTCGAAG
CGGCGAATCTGTCTCGCAGTTTGTCGTGCTGTTTGCTTTTTTTCTGCTCTGATTTGTACAAATATTCATTCAAGGTGCTCCAGTTTTGCCAAGTAT
ATGTTAATAGAGTACCATAACAATGGTGGCGTCACAGGGGTGCTAGAGTTCGATATCGATAACAGCTCACATTCTCGTCATATGCAACTATCGCT
GTACTCTCTGGCCGAGTATCGATACGCAGATATTATCGTCGTGGTCAGACCAACGCTCTAGCGTCGGTCCGCGGAAAATAGCGAAAATTACAATT
ATCCGGGAAGATATATTGGTCGAAAACTAACTCGTGATCCCCCAATAAATATGCGCAAGAGAAAATTGTATATAAACTGATCGAATGCAGCCAGC
GTGCTAAGCACTAAAAGCGAAAAACGCCAGAAACAGAAACAAGGAATTGCAGCGTGAGTGTATAACTTTTTGGTTTTTGCCCCCGCGCTCTTTCT
CTCTCTTTGCTGCTCTCTCTCTCCCGCTCTCTTTTGCCCTCTTGCGGCTTCTGTGTTGTCTGCGTGCTAGTGTGTGTGTTTGAATTTTACTGT
GAATGTGACCGACGGTGTGTTCTCACGTACTCCGTGGATGATTTGCGGCCTTGCCAGGGAATCGGACTATATATCCCGGCAATAGCCCATATTGG
ATCCCGATTTTGAATACAACTCGGCTGATTTGCTTCTTTCAGTGTCTCCCCTTTTATCGCACTTTATGCAACAACGCATACCGTCGTGTTGAATT
TCCTCGCTCTCCGCTGTGTGTGGTTTGTAGGTGTGCGTGTGTTCGAGGTGAGTTAGCCGTCGTCTGTTTTTCTTTTCCCTGCGTTTTGTGTGCGT
TTCAATGAAATGCAAAATCGCCAGCGAATATCGCGGAAATGCGCTGCTCCTAAATATTATGTATACATAAATAAAGTATCGAATCAAAACAAAAT
CGGCTTGCAACAACAACAAAAACATTGCAGAGTGTGGGTGGCGCGTGTAGCGATCAAAATTGCGTGCATGTGTAATGTGTGTGGTGGAGAGACGG
CATTTTTCTTTACCACACGCCTCTTCTTCTTTCCCACAATACACTGCAATTTTTGCGATTCTGTTTTGCGCCTGCCATTCGCAATAATTTTTATTG
AATGAACCGCAAAAGAGACGGCCCAAAAAGCGATGTACTTGCCAGACGTTGTGTCTGTGTGCGTCCAAGTGTCTGTAGCGCGTTGTGTGTGTATC
GCGTATGAAAATACATCAACTGTTGGGCATCAACAAAAAAACGGAATCAAAAATTTATAATAAAAAATGAAAGGAAATTAGCTGACTTTGTAATC
GCAATCGGAGAGTGTTTACTTGCTAAATTTTCGAGTTCTCCGCCCGTCTCTTTCCCTTCATCCCTCCTGCCTTCACCGCCAATACCACCCCAAAA
AATTGCATACATGCACACACGCCTTCGGTTGTGCGAGTGGTTTAGTGTGTGAGCGCGCGCGTATTCTGCACACATTGTCATGCATGCAAAAAACA
AGATACGACGCGTTCGCAATCGTTAGATTCCGTCTCCCCCAATTCATGGCGTTTCATTGCTGGGGGCGAAAGTAAGAAGATAACGAAAGGGATAT
GCGAACCACTTCCTAATGAAGTCCTGCATCCTTAGCTTTTGGATTCCCACCTCTTCGCCTTCTCCTTCTTCACACGGACACTTGCAGCGTTCGCG
CCCATGCGTGTGTATGTGTGCGAAGAACAGGAAGAGAGCAGCGAGACTCCAATTATCCATTTACAGTTGCGGTTGAAATGATGGAGCATAGTTGT
ATTATTTGTATTCACACAATTACCGGTGGTATTTAAAGTCTTAACAATATTTATTAATTTCCTGCTACCTTCCTAAATTTTATTCATAGTTTTAA
TACTGTACCCAAGTACCTTAAGTTCCCTAATCAGATGTAAACTTGTTGATAGGCATAATTCCTATCTTAGTTTGTATTTTTGTCTACTATAACCT
AAACTTAATTCTACTACGAATTTAATTACAACATACTAAGACTGTAATCTACAAACCAAACGAAAATGCCTTGAATAAAAGAGGTCTAGTGATTC
ATAATACGATTTGCACACGTGTTATTAACTAGGTAGTAGCGAAATAGAGTCAAAAAGGCCACCGACTTGTTCACAACTGTATCTCTTACTAACTT
CCCTATAAAAACTAATTGTTGCTGGGGCGAAAAAATACTGCCAAGTTGTCATATTTGCCGGACTTTATTGATGACTCGACTCCAGAGCTCTATAT
TTCGCACACAGATTTTCTCTCGGCACTTTTCGCAACCTTCTGCGGCCGCTGGTTATTAATAAAAATTAATAATAAACGAAATCTGTGGCGCTGTG
CGGCACTTGGACACACTTATGTACACATGAGCATTCTCGTGTTTTTCGCAGCTGATTGCGTAAACGAAACCGCTCGCTACGTTTGTTTTGAATTG
CTACTTTTGTTTTGGTACCGATTCAGACTTGGAATCCGATTCAGTTACAGATTGAGATTGAGATTGAGATACTCAGGCTCTCCGCCTGGGCTTCA
ATTCTCCTGCGGGCGTTATCAGTGGCCTATGGCGCTTATTGGAATTACCATGGAAGTGGGAACTTAATCGCTGTGCAAATCGCTTCGAAACAGC
GCAGCACGCATTTTCCCCGACGTCTTGCAACCTTGGGCGAGTGGCACTGCGGGCGGTGGGTGGTGAGCGGTTGGGTGATCTAGAGTGACGTAAAT
ATTTGTGGTGGACAGTCAACATTGAGGTGGCGCTCTTCAACGATGACGTAGCTTTTGCCACTTCTGTTTACTCGCACATTATTTCACACACTTCT
CCATTGATTTTCGCCGTGCAGATAACGAAATAGTGGACTGATTGTTAACTGTGTATAAATGAAAATATGGGTATGATATGTGTTTATTTACACTT
TTTTTCTGTGTACGAGAATGGTTAGATTACTCCCCTTCCTCGTTTTGAGTCACCCGCTCTCTGGCCCTCGCCGCTGTTTGTTTTCTTCGCGCGCG
TGTTTGCTCTCGCCGTGGGGCGAAAGCGCAGCGATAATAGTGGCTCAGATATAGTGTATACTATATGTATAGTAAACCTACTCATACCGAAAACC
CCATCGCACAGATACGGATACATTTACAGATACACGCGCGCACTGCGGAAGGCCTAGATCTAATGGAAAACGCTAAATGTTTGTAAACAGACCGG
GCACATTTCTTTTCTTTTCTTAATTATTTTTTGCATTTCGCATTTTAGTTGGCATGGTCTTCTCACGGCTTCTCTCTCTTCACACATCTTTCTTC
CGAAAATACACTCACACACACGCACACCGAACGTAGCTTTCACATTTTCATTCATCGCAATCTTCGCCATGAAGTGTTGCAAAGGCCCCAAGATA
AGATATAGGATGCACTTGGATACCTTAACCTCACCTTTTTGCGACAATAGCACACGAATAATCCAATTTTTTGTATGACGTTGTTGGGCGAACAA
TTTTATAAGTCTTGGAAAGGAATTTCTGTGCTGTGTTGATACACAAAACAACAAAATAATAAAAAATTATAAATGGTATTGAACTACTGTACTAG
TGAATAGTTTGAACCAGACTTTAAATTAAAGGCAATTATGATGTTGAAAATATTTAAGTACCTTTATGCATGCATATAGTTAAAATACAATTTTT
TAGATAACAAACAACATATGCGTTTACTGTCATTAAAAAAGGGATTATAAAACCATAAAAAAAGGATTTCGAAAAAGTAGTGTTTTTTAATATTG
TATGATCTTTGAACGTTTTTTTTTTTAATTGTTTTATTTTCCTAACTTGCAGTGCAGTCTCGTCGTGCGCCCATCCCAATCCCATCAGACCCCAC

CCGGCGTTGGAGTGCAAGAATAACATGGATATAGAAGTCAAGCATAAAGATTAGCCGAATCCTTTGAATTTTAAATTCAAGATCCTAATTTAAAT
TAGCTAAGTAGCATAGCCTAGCCAATAGTCCCTAGCCAGAGGAACGGTTCCAAGCCGCAAGCACTCGCGTTCATAGTCCCGATCGAAATTCAAAC
GAATCCCAAGGGCACCAACAGCGTGTAGAACCGCAGAAGCACAGCAAGGAGGAACATCATCATGACGACTGACACCCGCCGACGCGTCAAGCTGT
ACGCGCTGAATGCGGAACGGCAATGGGATGATCGTGGCACTGGCCACGTGTCATCCACCTATGTGGAAAGACTAAAAGGTGGGTTTACGAAATTA
ATGAAGCCTTGCGAAGTGATTTAAGTTTCCTATTGCTCACTAACAACTTACAGGCATCTCGCTTTTGGTGCGAGCCGAATCCGATGGATCTCTAC
TTTTGGAGAGCAAGATACAACCGGACACCGCATACCAGAAGCAACAGGATACGCTGATCGTGTGGTCCGAGGGGGATAACTTTGATCTGGCCCTG
AGTTTCCAGGAAAAGGCGGGCTGCGACGAAATATGGGAAAAGATATGTCAGGTAAGCGTCGTTGAATAAGCATATGCAGTTATAAATGTGCTTAT
CTATATATCAATGAACTTAAACAATTTCTATATGGTTTTCACATCAATTGCCAACTAAAACTTTTGCAGGTGCAAGGCAAGGATCCATCTGTAGA
AATAACTCAAGACATCGTCGAAGAGTCTGAGGATGAGCGGTTTGAGGACATGTCGGATACTGCGCCACCCATTGAGCTACCACCCTGCGAGCTTT
CCCGGCTGGAGGACATCTCGGAAACGATACAAAGCTGTCTCTCCACGCCGCTGCGAAAGGAAAAGTTGTCGATGGCTCTGGAGTCGGAGAGCTAT
ATCAAGAAGCTGCTGAACTTGTTCCACGTGTGTGAGGACCTGGACAATACCGAGGGCCTGCATCACCTTTTTGAGATCTTCAAGAACATCTTCTT
GCTAAATAAGAACGCGCTCTTTGAGATTATGTTTGCGGATGATACCATCTTTGATGTGGTCGGGTGCCTGGAGTACGATCCGAGTGTGTCTCAGC
CCAAAAAGCATCGACAGTATCTGAAGCAGTTAGCCAAGTTCCGCGAGGCAGTGCCGATTAAAAACCTGGACCTGCTGGCTAAGATTCACCAGACG
TTCCGGGTGCAGTACATCCAGGACATTATCCTGCCCACACCATCGGTCTTTGTCGAAGACAACATGCTGAACACCCTGTCCAGCTTCATCTTCTT
CAACAAGGTGGAGATTGTCACGATGATCCAGGACGACGAGCGGTATCTCCTGGATGTGTTTGCTGTTCTCACCGATCCCACCACCGGAGACGCGA
AACGCCGCGACACAGTTCTCTTCCTCAAGGAGTTCTGCAACTATGCCCAGAACCTGCAGCCGCAGGGCAAGGACTCGTTCTACAAAACTCTCACC
TGCCTAGGCATTCTGCAGGCGCTGGAACTCACTCTCGTGATGAACGACAAGAAGACCAAATCGGCCTCCATCGACATCCTCACGGCCATCGTAGA
GTTCTCGCCTCTGGTAGTGCGCAATTACACGCTCAACCAGGCCAATCGGCCAGAAGTGGTAAGTTAACCTGGAATATGAAGATAGTCTAGATATG
ACTATGATTTACATGATTTCTTTTTTTTTTCACACCAGGAGCGTATGCTACTGAACATTGCCATCGAACAAATGCTGAATGACTCGGAGCCGGAG
CTTGGAATTGCGGTGCAGCTAATGGGTATCGTCAAGATTCTGTTGGAGCCGGAAAACATGCTCACCGAGAAGGGCGATTTTCTCAACTTCTTTTA
CAAATACAGTGTGCAAACGTTAGTGGGTAAGTGCGAGTACTCTATACCAGCATATTCTAGAGACTAACTGCTTAATGGGTTATAGCCCCGGTGAT
ACTTAACACGATAGGCGACCGTCCGCAAAACGAGGACTATCAGACGGCCCAGCTGCTGGGAATCGTCCTGGACATTCTTTCGTTCTGCGTGGAAC
ACCACAGTTATCACATTAAAAACTTTTTGTTGCAAAAGGATCTCCTCAAGCGAATACTGGTGCTAATGAAGAGCACACATACGTTCCTTGTCCTC
GGCGCTCTGCGATTACTGCGCAAGATAATTGCACTTAAAGATGAGTTTTACAATAGGTAAGCGTCCCCAAAAACTCTTATGGTTAAACAATATAA
CCAACTTACCTTACTTACAGACACATTGTCAAGTGCAATCTGTTTGCGCCGGTGGTAGATGCCTTCATTCGCAACAACGGCCGATACAACCTTCT
GGAGTCAGCAATTCTGGAGCTGTTTGAGTTTATAAAACTCGAGGATATCCGCACTCTGTGCGTTTACTTCGTGGAGAACTTCAGCAAGATATTTG
ATGAAATCGAATACGTGCAGACATTTAAGTACTTGAAGAATCGCTACGATCAGTACCAGGATCGGCTTAAGGACCGCGACAAGATGGAAAACCGA
ACTGACGGGTAAGTTTTGCTGCAGCGCCTTGTGCTACAACACAATGTGAAAATATTTGGCTGTATTATCTTAAAGTGGCCTGCCCATCATCCGTA
GCGGTGGCCGGTTTCGTCGGGATCAGCGGCAAATGGAGGAGGAAGAGGAAATGTGGTTTAACGAGGAGGACGATTTCACCGAGGAAATCGACACA
TACAACAATGTCATGAAATGTTAGTACTAAATTAATATCGTTTTAGCATTACCAAACCAAATATATTGTGGCGAATATCTAAGCAAAAAAGCTAA
TATTCAAAAACATTACATTATTATTTATGTACCATTGATGAATTGTAAATATATTCCGATCTCGACTTGCAGCCGTCAGCGAAAAGAATGGCCCG
CAAACGCAAAACCAGCAGAAATCCTCTCCGCCACACAGCACGTCGCCGCACAGTGGATTGTTGGGAAGCCTGAGCACCACCGCGTCATCCACTGC
CACATCCGCCACGTCAGGTGCACCGGTGGCCAGCGGCAGCAGTAGCCCCGAGGCCATCTCCGCCGACGAGCAGACGCAGGCGGCGGTGCATTTGG
CTGCCGCTGCCCTTCAGCACCACCAGCAACAGCAACAGCAGCAGCAGCAGAACCCATTCCAGCAACAGACACAGCCCGAGATCGCGGAGCTACAA
CAGCAGCTGAGCAGCGTGGAAGCGCCTCAAAGCCAGGAGTTGGAGCTGTCACAATCGGCCGCCGCCAGTGCATCGCCCACTTCGTCATCCTCGTC
TCTGGAAGCCTCGACGTCCTCTTCATCGGCGTCATCGTCTTCATCCTCGTCGTCCTCGTCCTCGCCGCCCGGCTCATCGGCCGCAGCATCGCTAT
GCGATTCGGCGACAGTAGCCGCCGTGGCAGCATCACAGTTTCTCTCAACGATCGCCACAGCCATGGCGGCCTCTGTGACGGCGGCGGCGGCAACA
AACAGCTCCCCGAGCATTTCGCCAGCTCCAGCTGTGTCCAGTCCGGATATCGAGAACGCCGACGCCCAGTTGCCGCCCAGCGATGACGCCAGCAG
CCCGGCCAGTGGGGAGCAAGACGCTAACAGCACGGAAGGTACCAGCAGTGAGGCCGACAAGACGACGGCCAAAAAGGTAAGTTGTGGAACCCATA
AAATGGGAATGTCATAGTGTTTTCTGTAGTATTACTTGTGAATTGTGGATTTTATCTTCAAAATGCGTGCTTAAATATTTCTATAATGAATCAAT
GTTTAAGTTGTAAATATAGGAGCATTGGCAAATATTTAAATAAAAAGCTAAAATTCCCTCACAAACTTGAAGCAACAATATGCCTGCATGTATGG
GTATACAATTACCTTCTATTCTGTGACGATTAAAGTGCACGACTATTATAAGAAGTTTAAGTAGCGTTACGTATGAATAACAAATGTGTGGATGC
ATTAATTATATTATTTTCGTTACCATAAACAGGGTCTGGTGGACTATGAGAGTGATTCTGGCGAAGATGACTACGAGGAGGATGAGTACTCCGAG
GGGCCACAAGCACAAAAGCGCGCGCGTCAGGCATAGTTGGCCGATGACGAGCACAGCGGCATCAATTATAAATTAGTACACACATAACAGAATAC
AAGAAACCACGGCAAACAACAAGCAACAAACAACACACAGACCCCACACACCAACACCAACGAATGTTAGGATTGCATTGGCGGCAACGACATAC
AGCACAGTAGGCAAGCAAGCAAATAGCCGTACGATGTAAGATCGAACAAGAAAGCATAAATTTAAATTTTAGCATAAAATTTATTTTAAAGGAGA
AGCAAAAACACCTAAAGTAAACGAGAAATTATAAATCTTACTTTACTAAATTAAATAACTACATATAGATATATATATATATATTCAAATATATA
TGCATATGAAAACACAGATAACTATAACTGATCAGCATCCACAAGCAGAGATGTAGTTGAGTGCGTGTTGTTGGAAAGTTGGCAAAGCAAAGCAT
TAACGAAACAAACCAAAATAAATTGTATTTAGTAGTTAAATCCCCCTCTCTCCAAACTGATATGAACAGCAGCAGCAGCGCCAGCGCAATGGAGG
TGTGGTCAGGTGGTGAGGGAGATTTGTATACAGCCAGCGCCAGCACATCCATTTGCAATGTCTATCGTATGAGATCGTATGAGTTAACAGATCCT
GTGAAGTTGGCTGCTGGCCCAGAATGTTTGTGCAATACTTTCGTGTCGATATTTAAATAACAATTGCAAAAGGGTGTATTTAGTTCTAAAGCCTA
GACTTAACCATTTTTACGATCCTTCTCACCATTGAGATGGATTTTCTGCCAATTGTACTATCACTATCACGATACAGCGCTGTTTTCACTTGACA
ATTTCATTAAATAATTCTTATCGCGAAAGCATTTTATGAAAGTTTCTATTGCAAGCAGTGCTGTAAATAGATGTTTTTAATTTTAAAATTTAAAC
TATTCCCACAGCAGTAAAATGTTTTTTTTTTCCATTAGGATTGCTTCTGTTTTTTGTGTAATTGCGATTGTTTTCTGAATATCAACCAGATTGCCA
GGGCCAACTTGACGAAGTTTGTTAGCCGGCCCCTTGAGTTAAATGCAGATAACACTTGAACCCAATGAACCTTGTATATAATTTAGTCACTCTCA
ATGCGCGATTAGTTGATAACTGCCCTTGCACCACTGACGCCGACATTAAACGCATATATTTGCACTTGGAGATATCGAAATCTTTGCACATTATC
GTGCTGTTCGAAATCCAGAGTCTTGAGATGTGTTGTCTGTGTAATTGACTGTGTAATTACAAACAATTGTTGCGCTATCCTTGCATTATTGAAAC
ACACAAACAAAAACACAACACACATCAATAAATTATTAATGATAATGATAACAAATAGGACGTAAAGTTAAACTAATGTGGGGCAAACAGACATC
AGCAAGCAGAGATAACAATAAAATAAAGTCTTAAGTAAAATAGTCTTCTTGAGTTTTCGAGTAAGTTTTTTTCGTATTTAACTATAATATTAATT
TGTATTTAACGAATGTAGTAGGGCTCACTTGGAACCAATCCAATCCAATTCAATCCACACTCATA
(SEQ ID NO: 1489)

Exon: 1001..1193
Exon: 4613..5018
Exon: 5089..5276
Exon: 5390..5466
Exon: 5545..6328
Exon: 6404..6581
Exon: 6641..6896
Exon: 6956..7228
Exon: 7296..7429

Exon: 7578..8341
Exon: 8678..9232
Exon: 9291..9325
Start ATG: 4907

Transcript No. : CT26561

CAACGCTCTAGCGTCGGTCCGCGGAAAATAGCGAAAATTACAATTATCCGGGAAGATATATTGGTCGAAAACTAACTCGTGATCCCCCAATAAAT
ATGCGCAAGAGAAAATTGTATATAAACTGATCGAATGCAGCCAGCGTGCTAAGCACTAAAAGCGAAAAACGCCAGAAACAGAAACAAGGAATTGC
AGCTGCAGTCTCGTCGTGCGCCCATCCCAATCCCATCAGACCCCACCCGGCGTTGGAGTGCAAGAATAACATGGATATAGAAGTCAAGCATAAAG
ATTAGCCGAATCCTTTGAATTTTAAATTCAAGATCCTAATTTAAATTAGCTAAGTAGCATAGCCTAGCCAATAGTCCCTAGCCAGAGGAACGGTT
CCAAGCCGCAAGCACTCGCGTTCATAGTCCCGATCGAAATTCAAACGAATCCCAAGGGCACCAACAGCGTGTAGAACCGCAGAAGCACAGCAAGG
AGGAACATCATCATGACGACTGACACCCGCCGACGCGTCAAGCTGTACGCGCTGAATGCGGAACGGCAATGGGATGATCGTGGCACTGGCCACGT
GTCATCCACCTATGTGGAAAGACTAAAAGGCATCTCGCTTTTGGTGCGAGCCGAATCCGATGGATCTCTACTTTTGGAGAGCAAGATACAACCGG
ACACCGCATACCAGAAGCAACAGGATACGCTGATCGTGTGGTCCGAGGGGGATAACTTTGATCTGGCCCTGAGTTTCCAGGAAAAGGCGGGCTGC
GACGAAATATGGGAAAAGATATGTCAGGTGCAAGGCAAGGATCCATCTGTAGAAATAACTCAAGACATCGTCGAAGAGTCTGAGGATGAGCGGTT
TGAGGACATCTGTCTCTCCACGCCGCTGCGAAAGGAAAAGTTGTCGATGGCTCTGGAGTCGGAGAGCTATATCAAGAAGCTGCTGAACTTGTTCC
ACGTGTGTGAGGACCTGGACAATACCGAGGGCCTGCATCACCTTTTTGAGATCTTCAAGAACATCTTCTTGCTAAATAAGAACGCGCTCTTTGAG
ATTATGTTTGCGGATGATACCATCTTTGATGTGGTCGGGTGCCTGGAGTACGATCCGAGTGTGTCTCAGCCCAAAAAGCATCGACAGTATCTGAA
GCAGTTAGCCAAGTTCCGCGAGGCAGTGCCGATTAAAAACCTGGACCTGCTGGCTAAGATTCACCAGACGTTCCGGGTGCAGTACATCCAGGACA
TTATCCTGCCCACACCATCGGTCTTTGTCGAAGACAACATGCTGAACACCCTGTCCAGCTTCATCTTCTTCAACAAGGTGGAGATTGTCACGATG
ATCCAGGACGACGAGCGGTATCTCCTGGATGTGTTTGCTGTTCTCACCGATCCCACCACCGGAGACGCGAAACGCCGCGACACAGTTCTCTTCCT
CAAGGAGTTCTGCAACTATGCCCAGAACCTGCAGCCGCAGGGCAAGGACTCGTTCTACAAAACTCTCACCTGCCTAGGCATTCTGCAGGCGCTGG
AACTCACTCTCGTGATGAACGACAAGAAGACCAAATCGGCCTCCATCGACATCCTCACGGCCATCGTAGAGTTCTCGCCTCTGGTAGTGCGCAAT
TACACGCTCAACCAGGCCAATCGGCCAGAAGTGGAGCGTATGCTACTGAACATTGCCATCGAACAAATGCTGAATGACTCGGAGCCGGAGCTTGG
AATTGCGGTGCAGCTAATGGGTATCGTCAAGATTCTGTTGGAGCCGGAAAACATGCTCACCGAGAAGGGCGATTTTCTCAACTTCTTTTACAAAT
ACAGTGTGCAAACGTTAGTGGCCCCGGTGATACTTAACACGATAGGCGACCGTCCGCAAAACGAGGACTATCAGACGGCCCAGCTGCTGGGAATC
GTCCTGGACATTCTTTCGTTCTGCGTGGAACACCACAGTTATCACATTAAAAACTTTTTGTTGCAAAAGGATCTCCTCAAGCGAATACTGGTGCT
AATGAAGAGCACACATACGTTCCTTGTCCTCGGCGCTCTGCGATTACTGCGCAAGATAATTGCACTTAAAGATGAGTTTTACAATAGACACATTG
TCAAGTGCAATCTGTTTGCGCCGGTGGTAGATGCCTTCATTCGCAACAACGGCCGATACAACCTTCTGGAGTCAGCAATTCTGGAGCTGTTTGAG
TTTATAAAACTCGAGGATATCCGCACTCTGTGCGTTTACTTCGTGGAGAACTTCAGCAAGATATTTGATGAAATCGAATACGTGCAGACATTTAA
GTACTTGAAGAATCGCTACGATCAGTACCAGGATCGGCTTAAGGACCGCGACAAGATGGAAAACCGAACTGACGGTGGCCTGCCCATCATCCGTA
GCGGTGGCCGGTTTCGTCGGGATCAGCGGCAAATGGAGGAGGAAGAGGAAATGTGGTTTAACGAGGAGGACGATTTCACCGAGGAAATCGACACA
TACAACAATGTCATGAAATCCGTCAGCGAAAAGAATGGCCCGCAAACGCAAAACCAGCAGAAATCCTCTCCGCCACACAGCACGTCGCCGCACAG
TGGATTGTTGGGAAGCCTGAGCACCACCGCGTCATCCACTGCCACATCCGCCACGTCAGGTGCACCGGTGGCCAGCGGCAGCAGTAGCCCCGAGG
CCATCTCCGCCGACGAGCAGACGCAGGCGGCGGTGCATTTGGCTGCCGCTGCCCTTCAGCACCACCAGCAACAGCAACAGCAGCAGCAGCAGAAC
CCATTCCAGCAACAGACACAGCCCGAGATCGCGGAGCTACAACAGCAGCTGAGCAGCGTGGAAGCGCCTCAAAGCCAGGAGTTGGAGCTGTCACA
ATCGGCCGCCGCCAGTGCATCGCCCACTTCGTCATCCTCGTCTCTGGAAGCCTCGACGTCCTCTTCATCGGCGTCATCGTCTTCATCCTCGTCGT
CCTCGTCCTCGCCGCCCGGCTCATCGGCCGCAGCATCGCTATGCGATTCGGCGACAGTAGCCGCCGTGGCAGCATCACAGTTTCTCTCAACGATC
GCCACAGCCATGGCGGCCTCTGTGACGGCGGCGGCGGCAACAAACAGCTCCCCGAGCATTTCGCCAGCTCCAGCTGTGTCCAGTCCGGATATCGA
GAACGCCGACGCCCAGTTGCCGCCCAGCGATGACGCCAGCAGCCCGGCCAGTGGGGAGCAAGACGCTAACAGCACGGAAGGTACCAGCAGTGAGG
CCGACAAGACGACGGCCAAAAAGGGTCTGGTGGACTATGAGAGTGATTCTGGCGAAGATGACTACGAGGAGGATGAGTACTCCGAGGGGCCACAA
GCACAAAAGCGCGCGCGTCAGGCATAGTTGGCCGATGACGAGCACAGCGGCATCAATTATAAATTAGTACACACATAACAGAATACAAGAAACCA
CGGCAAACAACAAGCAACAAACAACACACAGACCCCACACACCAACACCAACGAATGTTAGGATTGCATTGGCGGCAACGACATACAGCACAGTA
GGCAAGCAAGCAAATAGCCGTACGATGTAAGATCGAACAAGAAAGCATAAATTTAAATTTTAGCATAAAATTTATTTTAAAGGAGAAGCAAAAAC
ACCTAAAGTAAACGAGAAATTATAAATCTTACTTTACTAAATTAAATAACTACATATAGATATATATATATATATTCAAATATATATGCATATGA
AAACACAGATAACTATAACTGATCAGCATCCACAAGCAGAGATGTAGTTGAGTGCGTGTTGTTGGAAAGTTGGCAAAGCAAAGCATTAACGAAAC
AAACCAAACAGCGCCAGCGCAATGGAGGTGTGGTCAGGTGGTG
(SEQ ID NO: 1490)

Start ATG: 488

MTTDTRRRVKLYALNAERQWDDRGTGHVSSTYVERLKGISLLVRAESDGSLLLESKIQPDTAYQKQQDTLIVWSEGDNFDLALSFQEKAGCDEIW
EKICQVQGKDPSVEITQDIVEESEDERFEDICLSTPLRKEKLSMALESESYIKKLLNLFHVCEDLDNTEGLHHLFEIFKNIFLLNKNALFEIMFA
DDTIFDVVGCLEYDPSVSQPKKHRQYLKQLAKFREAVPIKNLDLLAKIHQTFRVQYIQDIILPTPSVFVEDNMLNTLSSFIFFNKVEIVTMIQDD
ERYLLDVFAVLTDPTTGDAKRRDTVLFLKEFCNYAQNLQPQGKDSFYKTLTCLGILQALELTLVMNDKKTKSASIDILTAIVEFSPLVVRNYTLN
QANRPEVERMLLNIAIEQMLNDSEPELGIAVQLMGIVKILLEPENMLTEKGDFLNFFYKYSVQTLVAPVILNTIGDRPQNEDYQTAQLLGIVLDI
LSFCVEHHSYHIKNFLLQKDLLKRILVLMKSTHTFLVLGALRLLRKIIALKDEFYNRHIVKCNLFAPVVDAFIRNNGRYNLLESAILELFEFIKL
EDIRTLCVYFVENFSKIFDEIEYVQTFKYLKNRYDQYQDRLKDRDKMENRTDGGLPIIRSGGRFRRDQRQMEEEEEMWFNEEDDFTEEIDTYNNV
MKSVSEKNGPQTQNQQKSSPPHSTSPHSGLLGSLSTTASSTATSATSGAPVASGSSSPEAISADEQTQAAVHLAAAALQHHQQQQQQQQQNPFQQ
QTQPEIAELQQQLSSVEAPQSQELELSQSAAASASPTSSSSSLEASTSSSSASSSSSSSSSSSPPGSSAAASLCDSATVAAVAASQFLSTIATAM
AASVTAAAATNSSPSISPAPAVSSPDIENADAQLPPSDDASSPASGEQDANSTEGTSSEADKTTAKKGLVDYESDSGEDDYEEDEYSEGPQAQKR
ARQA*
(SEQ ID NO: 1491)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384405

AACGCCTCTCTCTGCAGGAAATACGCCACGACACGTAAGTAGGAATATTCCTTGATTGCACTTCATGATAACTGATTGTTATAATCTGCTTTTAG
TTGGTTCCGATCCGCACCGGTTAAGACCGGCCCACCGATACCCATTCCCCCCCTGAAGGGTGACAAATACCGCAACTCCACGGTGATACCTTACT
TGGAAGCTTACCACTACGGCACCCAGGAGGAGGATGTCTACTTTACAGAACACGACGTAAATCGTACGTACCAACATCAATCTAATGCCGAGTGA

ACTACTTTCATGGTTACCTTTACAGAGGAGCTCGCCCGCCAAGCGGCAGCTGCTGCCTCCGAAATTCGGGCCAAACAGTCGGCGGCAGCCCTAGC
CGCCTGCCACACCTACGAACCGCCCTCCACAAGTGCCGCAGCCGCCAGCAATTCGCTGGGCAACGGTAGCAGAGAGGAGGCGCCCGTCAAGAAGA
AGGGATCGGCACTGAAGAGGCGCGCCAAGAAGCTGACGTCCTGCATCTCCGTGCGCAAGCTGAGCCACTGCCGAACTTCGTAGGCGCCTTAGATG
CCTCCACTAAACATAGATGCTAAGATTTATCGAAAGGAATAACTTTGTTAACAAATTGTGAGCAACTTTTTGGTTTTGTTTTCCCGTTTTTATTC
TGTTGTCCTACATTCGCCAAGTATTTGTAACCATAGAATCATGTAGGAAATTCAGGCGCAACCTCGTACCGCCCGAGCAGCAGGAGCAGCAGCGG
TCGCATCAACAGCAGCAACAGCCCGCATCAGCGGAGTTGGCTGTGGAATTGGGGAGCTATGGGAGCGACACGAAAGCTATATATCCATGTGACAA
TACTGTGTATTATATGAAACAAATGAATGCGTAAATTAGTCGTTAATATATTATGATGTACTGAAGGCAGCCGAGGATTGCCGGAGGAGACGGTG
CCCATTGGTGCGTCGCACACATAAAGAAATATGTTCAAGTGAAATTGTTTGTTGGCTTCGTTATATTCTAAACTACACACGACGAATGATGCGAT
TTTCAGGCGCCGTCGGTACAATAACTGCTGGACAGTATTTGCAAGGCCTAGGTTGAGATTTTAATTTTTACAAACCAATGAAACGAAAATAAAAG
AACCCATTGAATATCAAAATACAAACACTGCATTTAGTTCGCACATTTCGCACATTCCAAATTCCACACTCAACACTCGCAGACGCTCCATTATT
CCATGCACACACGCTCATGCTCACACTACAACATTAGGCTAGCTAACTACGTTTGCTTAATCTATTTCAACGATCTGCAGCCGGGCCGTCGGATC
TGGCTCTGAGTCGCCCTCCATCAGCTCGCCCATGATGAACATCTGATGGTAGTGGGGGCCCAGGGTGGACAGCTTACGCTGCATTAGGTGGCGCA
ACGGGTCCACATATTGCGGCGGCACCTTGGCCAGCTGTGTATTCGTGTTGCGCCAGTGCAGCCCGTTGTTGTCCACGTGAAACAGCGCCGGCGAG
GGCACGTGATCTTTAAGATAGTTCCAGATGCACTCGCGCAGCAGCAGGGCAATCTGGAAATGTCATACATTAGTTGGTGCTACTACACAGTTTGG
GCAAATAATGGATCTACCTCTGCCGATTCAAAGTGCTCGATGATGAGATGCAGATTGGTGAGTGGAGGTGGAATTAGTTGGCTCATAGCCAGCAG
TTGCAGCATCTTCTTGGTGCACAGCATCAGCTCATCGTTCGCAGCAGTGGGCTGGAATCGATTGACTGCAAACGTATAATATGATTAGGCACCTT
TATAGAAAATAAGCAAGTAAAGTGACAAGCTCACCATTCTTGCCCCGCCAGTGATGCAAGCAGGTGGCGCACAGTGCGCGCAGTAGCACGGAGGA
ATAGCAAAGCGCCGGCCTATGACCGGCGATCAGTCCCAAAACAGCCCACAGCACTGGGGAGTTGATGAACGCTCTCCTGATTAGCATGTCCCGCT
CCATTGTGACCCTGGTGAACTCCTCATCCGGAAAGGGCAGGCCGTTGTACATGACATCCGTGGAGACCAGCTCGACCAGCAGCAGCGAGACCAGC
GAGTAGCCCTCCACGTTGTTGGGCTTCTCCAGATCGGCGCAGCATGCATTCAATGCCTTAAGATACAGCGCCTGCTTCTCCGCATCGCAGTTCCG
CTCGCTGGGGGGCAGCACTGGTCGCAGACCTCTGCCTATAATACCGGAATGCAGCACGGAGCGATTCGAGTTGGCGCCAGAGCTGGTGTGCAGAT
TCTGCAGGATGAGGTGTTCGTGCTCGGGTATCTCAAGCTCATCGAGCTGATACACCTCCAGCTGACCAAGCAAGTGACCGTGATAAAAGAGCGCG
CGCTCCACCAGCTCGCGCAGGCAGACGGTTCTCGCGATTTTCCGGGCGGAACACTGCCTCTGCAACAGCGTGTAGGAGCGATGCGAAGCCGCTGC
TCGACGGATCACAGCTAGAATGAGATATGGTTAATATATTGAGGCAAGGCTAAGGAACAACTATTGCGCTTACTCTTCTCGGTTAAGCCCACAAA
GAAGTACTTTACGCTTAGCGTGGCCAGCTTGAGGACTAATGGAGTGCGCAGGACAGTTGTCCGGCTGCCGGCTTCAATGTTGTTCAACAGATCCA
CAATGAGATGGGCCAAGCGCATGCGGGTAGCGTCCTCATCATCCACCTTATCTTCTCCCGGCTCCAATTTTGTGCGCTTTCCGTAATCCTTGCCA
TTGCACAATTCATTGTTGTTATTGCTATTTTTACTTTGCTGCGCCCGGAATTTATCCGCTATCCGCTCGGCGGCATCCCTGTCTATCCTCAGGAC
CAGTTTGTTAACGGTGCAGTCGAAGATTTGAAGGATTTTGGGAAGACATTCGTTGAGGGCTTGGTTCAAATGCTGCGCTTTGATGTACGGAGCCA
CATTCTTGCTCTTGTGCATCCTGATGGAGATTATGAATTTGAAACACTAATTATATGTATCTAACAATAGTAATAATTACCTGGCAAGTATGTTT
AGGTTGGAGAAAGTGTTAAAGGCTTCTGTGGGTGTGCCCGGCGGAACTGGCAATCGATTGTTAACTTGAACATCCAACGTGATGTCCTCCAAGAC
CATCTTGAAACCTGGCGTGAATCCCGGAAAGTTAACCATGCCGCTTTGTCCGCCAAGTAAGCGAATTAATGCGCCAATGCCATTGGGATTTTGAG
CATACGACTTCTTTAGAAGTTGGGATATAGTTTGGTAGTAAATATTCGGGTGCTGGGATGCTAGAAAAATAGTTCGTAAAGTCTGCCATTTCAAT
ATCTGAAGAACTTTCTACTCACAGACCACCAGCAGTAATCTCACCGCTGTTTGCTGCTCGAAGAGATTGGTGCTGAGGCAGCTCTTCCACAGCAT
GTACTTGGTTTCCTCATAGGCCAGATCGGCCAGCAACGGGAAGTTCCGCTGGTTGAGCACCCACTGTTCCAGCTCCTGCATCGAATTGTCCAGGA
AATCCTGACACCAAACATACTTCTCGGCCATTTTGGCTGCCGTAAGGAGCAACGTCGCTCCACGCTCGTTCAGGCGCAGCACGGCATTATTCAGC
GTGGGCTGCATACCGGCAAACATTTTGTTGCTCAGCCACAACGGCGCCTTCTGCACTATCACCTCGCACATGTCCTCGGTATCTACATGACATTG
TGTTAGAGAAATAATATATCTCTTTATTCAACCAGTACTTACAGATTTCGACTAGCACATTGACCAAGCTCTGCAGGATCGTGTCCGAGTAGTTG
GTGGTGATCAGCAGGAAAGGAACAACGGCCACGTCCAGCGGCTTCTTCGGTGCGAATCCCTCCCTAAGCATCTCACGAAAGGCTGCCCTAAGGTG
CTGTTCGTGGCACGAGGTCATATAATCGAGGATGCCCGCCTCCGAATCCAGGTGGCAGCGGTAGTCATCGACGAATCGCTTGATGCCGCACTGTA
GAATCTGCATGATGATCTTGTAAGGGAAACAGCCGCCCAATCTCGCCACAATCCAGTCGAAGGTCATGGGAAACCGGTGAAAGGCATTGAGCATG
ATCTCCACGCAGGCCTCCTCCTCCGGTTGGGTTAACTTTCGGAAACAACTATTTATAAGGGTCATCAGCCCGTGCATGGCGCTGCACTCCAGCCA
ATAGTTGCAGCTGGCCGTGATGGTCATCCGCCGCTGGGTGTACTTATCGGACAGCTTGGCCACTAGTTCCAGACTCCAGTTGGCGATGAGCGGCG
ACCAGGCGGGCGGTCCCTTCCACACCAGACTCTGCAGCGCGGTCTTTACCAGATTGAAAGCCTCGTATTCCGGAGCACGTTGCTGCTGCTGGCGA
TTCCCGGCCAGCTTCACCTGGGATACCGGCATACCGGTCTTTGGGTCGGCCATCTCCGGCGACACATACAGCTGCACACTGATTTCGGCCAGCAG
GGCGAAGTATTCGAACACAATGTCTCGCGTGGCGGGCAGCTCCTCCAGGAATCCCAGTCTGCAAATATCCATGGAATTATTTACTACGGGCATCA
TTATTAACCACCGCGGTTGCTACTCACGCGAGCTTGATGAGATTGGGGCTGGTCAGCAGCTGCGGACAACTGTGCCCATTGCTCACCGTCTCTAT
GAAGTGCTTAAGCTGATCCAACAGGTTCTGGCGCAGCATTTTGTCGTCCTAGGCATCGGGAACGCAGCACCGAAGTTGGCCAAGTGAGCAAATGC
ATCGCAGCAGCGGGTCGCTGCGTCTTTCACTCGGAATACCAAAACGACGGGGCACAACTGCAGGCATTTGGAATCCGCCGCCACCTGGCCACACT
AAGGCGGCAGAAAATTCGAAATTCTTTAATATCTGAAAATCATAAAATTAACAGAATAATAAATATCTTAGCACTCTAACGTGTCATTACATTCA
TTATAAACTAGCACCTGAGATTAGTTTAAGATGACACTTTACATTCAAGTTAAATTAAGCTGGAAAAGATTTCTAATCGGAATTATGTGTTTACT
ACAATGCTAACTTTCGAATCGAGGATGTAATTACTGAGTAATCAAACTGTTTGCTCTTTTTAATACTAAGTAAACGTACTTATAGCTCTATTTTC
TAATTTTATAATATTTAACGTGTTTTTGTTTTAAAATATTATCGTAACAGTAGGGAGTGCGAAAAACGGTAACACCAAAACCCAGTTCGTGCATT
ATTGCACACTCTTTTGGGGCGAATCAAGAGCGAAAGACAACATGGCGTCGAAGCGGCGAATCTGTCTCGCAGTTTGTCGTGCTGTTTGCTTTTTT
CTGCTCTGATTTGTACAAATATTCATTCAAGGTGCTCCAGTTTTGCCAAGTATATGTTAATAGAGTACCATAACAATGGTGGCGTCACAGGGGTG
CTAGAGTTCGATATCGATAACAGCTCACATTCTCGTCATATGCAACTATCGCTGTACTCTCTGGCCGAGTATCGATACGCAGATATTATCGTCGT
GGTCAGACCAACGCTCTAGCGTCGGTCCGCGGAAAATAGCGAAAATTACAATTATCCGGGAAGATATATTGGTCGAAAACTAACTCGTGATCCCC
CAATAAATATGCGCAAGAGAAAATTGTATATAAACTGATCGAATGCAGCCAGCGTGCTAAGCACTAAAAGCGAAAAACGCCAGAAACAGAAACAA
GGAATTGCAGCGTGAGTGTATA
(SEQ ID NO: 1492)

Exon: 4722..4588
Exon: 4523..3748
Exon: 3692..3598
Exon: 3519..3348
Exon: 3290..3026
Exon: 2965..2544
Exon: 2484..1840
Exon: 1775..1633
Exon: 1573..1001
Start ATG: 4423 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT27084

CTGCGTTCCCGATGCCTAGGACGACAAAATGCTGCGCCAGAACCTGTTGGATCAGCTTAAGCACTTCATAGAGACGGTGAGCAATGGGCACAGTT
GTCCGCAGCTGCTGACCAGCCCCAATCTCATCAAGCTCGCACTGGGATTCCTGGAGGAGCTGCCCGCCACGCGAGACATTGTGTTCGAATACTTC
GCCCTGCTGGCCGAAATCAGTGTGCAGCTGTATGTGTCGCCGGAGATGGCCGACCCAAAGACCGGTATGCCGGTATCCCAGGTGAAGCTGGCCGG
GAATCGCCAGCAGCAGCAACGTGCTCCGGAATACGAGGCTTTCAATCTGGTAAAGACCGCGCTGCAGAGTCTGGTGTGGAAGGGACCGCCCGCCT
GGTCGCCGCTCATCGCCAACTGGAGTCTGGAACTAGTGGCCAAGCTGTCCGATAAGTACACCCAGCGGCGGATGACCATCACGGCCAGCTGCAAC
TATTGGCTGGAGTGCAGCGCCATGCACGGGCTGATGACCCTTATAAATAGTTGTTTCCGAAAGTTAACCCAACCGGAGGAGGAGGCCTGCGTGGA
GATCATGCTCAATGCCTTTCACCGGTTTCCCATGACCTTCGACTGGATTGTGGCGAGATTGGGCGGCTGTTTCCCTTACAAGATCATCATGCAGA
TTCTACAGTGCGGCATCAAGCGATTCGTCGATGACTACCGCTGCCACCTGGATTCGGAGGCGGGCATCCTCGATTATATGACCTCGTGCCACGAA
CAGCACCTTAGGGCAGCCTTTCGTGAGATGCTTAGGGAGGGATTCGCACCGAAGAAGCCGCTGGACGTGGCCGTTGTTCCTTTCCTGCTGATCAC
CACCAACTACTCGGACACGATCCTGCAGAGCTTGGTCAATGTGCTAGTCGAAATCTATACCGAGGACATGTGCGAGGTGATAGTGCAGAAGGCGC
CGTTGTGGCTGAGCAACAAAATGTTTGCCGGTATGCAGCCCACGCTGAATAATGCCGATTTCCTGGACAATTCGATGCAGGAGCTGGAACAGTGG
GTGCTCAACCAGCGGAACTTCCCGTTGCTGGCCGATCTGGCCTATGAGGAAACCAAGTACATGCTGTGGAAGAGCTGCCTCAGCACCAATCTCTT
CGAGCAGCAAACAGCGGTGAGATTACTGCTGGTGGTCTCATCCCAGCACCCGAATATTTACTACCAAACTATATCCCAACTTCTAAAGAAGTCGT
ATGCTCAAAATCCCAATGGCATTGGCGCATTAATTCGCTTACTTGGCGGACAAAGCGGCATGGTTAACTTTCCGGGATTCACGCCAGGTTTCAAG
ATGGTCTTGGAGGACATCACGTTGGATGTTCAAGTTAACAATCGATTGCCAGTTCCGCCGGGCACACCCACAGAAGCCTTTAACACTTTCTCCAA
CCTAAACATACTTGCCAGGATGCACAAGAGCAAGAATGTGGCTCCGTACATCAAAGCGCAGCATTTGAACCAAGCCCTCAACGAATGTCTTCCCA
AAATCCTTCAAATCTTCGACTGCACCGTTAACAAACTGGTCCTGAGGATAGACAGGGATGCCGCCGAGCGGATAGCGGATAAATTCCGGGCGCAG
CAAAGTAAAAATAGCAATAACAACAATGAATTGTGCAATGGCAAGGATTACGGAAAGCGCACAAAATTGGAGCCGGGAGAAGATAAGGTGGATGA
TGAGGACGCTACCCGCATGCGCTTGGCCCATCTCATTGTGGATCTGTTGAACAACATTGAAGCCGGCAGCCGGACAACTGTCCTGCGCACTCCAT
TAGTCCTCAAGCTGGCCACGCTAAGCGTAAAGTACTTCTTTGTGGGCTTAACCGAGAAGACTGTGATCCGTCGAGCAGCGGCTTCGCATCGCTCC
TACACGCTGTTGCAGAGGCAGTGTTCCGCCCGGAAAATCGCGAGAACCGTCTGCCTGCGCGAGCTGGTGGAGCGCGCGCTCTTTTATCACGGTCA
CTTGCTTGGTCAGCTGGAGGTGTATCAGCTCGATGAGCTTGAGATACCCGAGCACGAACACCTCATCCTGCAGAATCTGCACACCAGCTCTGGCG
CCAACTCGAATCGCTCCGTGCTGCATTCCGGTATTATAGGCAGAGGTCTGCGACCAGTGCTGCCCCCCAGCGAGCGGAACTGCGATGCGGAGAAG
CAGGCGCTGTATCTTAAGGCATTGAATGCATGCTGCGCCGATCTGGAGAAGCCCAACAACGTGGAGGGCTACTCGCTGGTCTCGCTGCTGCTGGT
CGAGCTGGTCTCCACGGATGTCATGTACAACGGCCTGCCCTTTCCGGATGAGGAGTTCACCAGGGTCACAATGGAGCGGGACATGCTAATCAGGA
GAGCGTTCATCAACTCCCCAGTGCTGTGGGCTGTTTTGGGACTGATCGCCGGTCATAGGCCGGCGCTTTGCTATTCCTCCGTGCTACTGCGCGCA
CTGTGCGCCACCTGCTTGCATCACTGGCGGGGCAAGAATGTCAATCGATTCCAGCCCACTGCTGCGAACGATGAGCTGATGCTGTGCACCAAGAA
GATGCTGCAACTGCTGGCTATGAGCCAACTAATTCCACCTCCACTCACCAATCTGCATCTCATCATCGAGCACTTTGAATCGGCAGAGTTTGCCC
TGCTGCTGCGCGAGTGCATCTGGAACTATCTTAAAGATCACGTGCCCTCGCCGGCGCTGTTTCACGTGGACAACAACGGGCTGCACTGGCGCAAC
ACGAATACACAGCTGGCCAAGGTGCCGCCGCAATATGTGGACCCGTTGCGCCACCTAATGCAGCGTAAGCTGTCCACCCTGGGCCCCCACTACCA
TCAGATGTTCATCATGGGCGAGCTGATGGAGGGCGACTCAGAGCCAGATCCGACGGCCCGGCTGCAGATCGTTGAAATAGATTAAGCAAACGTAG
TTAGCTAGCCTAATGTTGTAGTGTGAGCATGAGCGTGTGTGCATGGAATAATGGAGCGTCTGCGAGTGTTGAGTGTGGAATTTGGAATGTGCGAA
ATGTGCGAACTAAATGCAGTGTTTGTATTTTGATATTCAATGGGTTCTTTTATTTTCGTTTCATTGGTTTGTAAAAATTAAAATCTCAACCTAGG
CCTTGCAAATACTGTCCAGCAGTTATTGTACCGACGGCGCCTGAAAATCGCATCATTCGTCGTGTGTAGTTTAGAATATAACGAAGCCAAC
(SEQ ID NO: 1493)

Start ATG: 236 (Reverse strand: CAT)

MADPKTGMPVSQVKLAGNRQQQQRAPEYEAFNLVKTALQSLVWKGPPAWSPLIANWSLELVAKLSDKYTQRRMTITASCNYWLECSAMHGLMTLI
NSCFRKLTQPEEEACVEIMLNAFHRFPMTFDWIVARLGGCFPYKIIMQILQCGIKRFVDDYRCHLDSEAGILDYMTSCHEQHLRAAFREMLREGF
APKKPLDVAVVPFLLITTNYSDTILQSLVNVLVEIYTEDMCEVIVQKAPLWLSNKMFAGMQPTLNNADFLDNSMQELEQWVLNQRNFPLLADLAY
EETKYMLWKSCLSTNLFEQQTAVRLLLVVSSQHPNIYYQTISQLLKKSYAQNPNGIGALIRLLGGQSGMVNFPGFTPGFKMVLEDITLDVQVNNR
LPVPPGTPTEAFNTFSNLNILARMHKSKNVAPYIKAQHLNQALNECLPKILQIFDCTVNKLVLRIDRDAAERIADKFRAQQSKNSNNNNELCNGK
DYGKRTKLEPGEDKVDDEDATRMRLAHLIVDLLNNIEAGSRTTVLRTPLVLKLATLSVKYFFVGLTEKTVIRRAAASHRSYTLLQRQCSARKIAR
TVCLRELVERALFYHGHLLGQLEVYQLDELEIPEHEHLILQNLHTSSGANSNRSVLHSGIIGRGLRPVLPPSERNCDAEKQALYLKALNACCADL
EKPNNVEGYSLVSLLLVELVSTDVMYNGLPFPDEEFTRVTMERDMLIRRAFINSPVLWAVLGLIAGHRPALCYSSVLLRALCATCLHHWRGKNVN
RFQPTAANDELMLCTKKMLQLLAMSQLIPPPLTNLHLIIEHFESAEIALLLRECIWNYLKDHVPSPALFHVDNNGLHWRNTNTQLAKVPPQYVDP
LRHLMQRKLSTLGPHYHQMFIMGELMEGDSEPDPTARLQIVEID*
(SEQ ID NO: 1494)

Celera Sequence No. : 142000013384600

CTGGCTAAGATATTTTTATGGTCCCTAGCGCTACACACTCAGAAATGCACTCTTAAAAAGAAAAGCACTCTATATGTATATATATATACAAATGT
ATATATGAGATCCAATTACTCACCTTGTTTGAATTGAAAATCGGCTAATCCACAAATAGTTGGCTGGTACAGTGGAAATCCTTCGGAACTCCCGT
TCGACTCCGATATATGTACCTAGTGAGCTTGGGTCGCGTTTGAAGACTGAAAATACAAAGCTGCTTGTCAAATCGTTTTATAGCCGCCCCTTTTA
TGCACTGCGTGCATTGCACATATGTATTGTACGACAAAGTTATAGTTATCAAGATATATACATAGGTCGGTCGGAATAGTCGGGCACTCGTAAGG
CCAGCGCGACTTAATAGGTCATTATAAGCGACCGATTCGAGTTAAGAGCTCTAAAGATCACGTCGCGAATCGCCGCATGGGATCTTCTTTTTTTT
TTTTGGCTTGTTTTGCATAAGTTCACCTGAAAATGGTTCACTGAGCTCAGCATTAATTTTATGTTATTTCCATTGTTTTTAGTACGTTAAAGTGC
CAAGACAAGTGCGGTATTTCTCACGGTGCAGCGCACTCAATCGATTTTCCACAGCAATTAACATTATTAAATATAATGTTGCAGAAGGTACACTG
AAAGTAAGTGAGTACTACAAAATTCAAGAACTTTCTTCACTTTGTGTGCACTTTTAGAAATGTTCTTGACTTAAAACAATATAGTTATTATTATT
ATTATTGAAAAAATCCGTACTTTCTATCAGGAAATCCACTTTGCTATATTTTGTAACTATATACACTTTGTAACTTGTACTGTTTAGCACTTTCG
AGAAATTCTCATCTGCCACTTGCGAAAAGTCCACTTCCTATATTTGTTCTAGAATGTAAACGAAGGAATATTTTCATTTCTCGTCGCAAAATACG
AAATTTTTAAGTTAGCTATATAGCATCGGGGCACTTTCGCAATCGCGGCACAGCTTTATATATGTATATATATTTATATTAAGTGCGTGTTCTGA
GCGTTTCGCACAGTGTATCGTGGTTAATCTTCTGATGGTTACGCGACTTGGATGCAATTAGACTTGAACTTTTGAACGCTCCGTACACGAGTAGT
TTAAAGACTAATCGCCTTCGCCACTGTGACTGAGTGAAAAACGAGTTTGTAATCCCTCTTACGGATCGTAAGTGTGTAAGTTATTGCTTTGGCTA
TCACTCCTCCCGTTCGACACAACAGTAACTTTCTGCTTTTCTGCCGGACACTAGCTAATGTACCTTCTTTCGACTGGCGTGTCCGCGTTCCACGA
TCAAGTGATCAACTGACTGACGGGGGCTGTGGGTAATTCGAGCTCATTTGCTTTTAGTTTCAAGCACGAGCAATTAATTAAGTATTTCACTGCTC
GCCGTTTCCAAATGTATTTCCATGCCATTTCTTGCGCTTGCCTGAGCCCATTCTGCGTGTCGGACCGCCATTCCGCCATTTAGCCATTCGGTCAT
TCCGTCCTCCAGTCAGACGATCACCTTCGAGCACGGAGCTACGTCAGCCTTTAAAGTCCGGCGGAATTTCGTTGGGCAGCCAAGTGCAATTAGCT

AAGTCGAAGTACAGAACGCTGAAAGTTAAAAGTAACCCACTGATGGCATTAATCAATTTACGAACACGCAATCCCAGCGACAGCTGTTGATACGC
ACAGCGCGCTTCACATGGACATACAGACAGACAGACGGACAGACACTCCATTATCTATTAGGTATTTACATGCATTTAATTTGAATGTCAAATTC
AGATTTATGGCCTAGCCTATGAGAGTTACAAACAATGAGAGTCGATTACATATGAATTTACACCTATTTCTAGTTCTACGTATGCATATCGATTC
AATTCATCCATTCATTCCGTTGTATTGTCGAGTATAAAACGTACATTTGACTAATCATATAGAGATATTGTGCAGACAATTGTTGCTAGATATTG
CTTACGATGAACTACAAAAGCGTTCTCGCCTGTTTTATACGTTTAAAGCTTAGACTACGTACAAAAGGTTTGGGTTAGTAATATGTCAACGATAT
TCAATGCTAAAGTCTTAGGTAGCGCTTAAGTGTACGGATGAGTTACTCTTAAGTACAGATCAAATCTATGCGAAGGAGAATTACGTATTTACAAT
ACAATTGTCGGAGACTCCTGGTTAGATCACTGGAGTCGGCCGAATCCTCGCTCTGCGACTCCGTCGCCTCCTCTGCAATCATTTGGGCCGAATCT
TCTCGTACATGAATTTCTGCACGTGCTTGTTGTCCGGCTGCATGAGCTTCTTCTTGTTGAACTCGAATTGGGCCAGCGCGAAATCGTACAGATCG
TTTTCCATTTGCCAGATTTTTGTCTTTTGAATGGATTTAATTGTCGATTCGCTGGGCGGAAGCTTGGAAGATGTCACCCGCAGATGAGATTTGTT
TGAATTATGATAGTGCTCACGAAAGCCGTGAAAAATTCTGCAAAAGAAAAAAAAAAGAACAGGTCAATGAAGCAACTGGAGTATTCTAAAACAGAC
AATAACATATGGTTGGGAGGCACACCTTGGAAGGGATCTCTCGAGCAGATCCACAAACTCGTACATCTGCTCTGTGACTCCGACTAGGAAGTATT
CGTTGACTAGATTGCGCTTGGCCTGGTCCAAGGCCCAACTGCTGCCGGGTTCCCAGCACTCGGCTGCATGGCCACAGAAGAAGGGTATCTGCAGC
CACATGTTTTTGGGATCACAGTCGGGTTGTTTCTGCACCACGCACTCATCGAAGGTCTGCAAAGATGTGTGAGGGCTTTGGTTACAGGGAGGTTA
ATACCTTGATGCTCTACCTACAATTTTATTGCCCGCCTTCTTGCGGACTAAATTCGGTCGGTAGTTGTCGCCAAAGCGTAGAAAGTAATAGTAGG
AGACAAGTCTGTCGAGCGGTTTGCGCACCAAATTGATGTAGATGGGCTTGTGGGCGATTTGGAATCTGCAAAGGAGTAATGCAATTGAGACGGGC
TCTGCTGGATTGGCTAGATGTTACCTACTTTGAGAAGTCTAGGAAGGCCATGTGGCCGTGATAAAGAGCTGGCTTCATCTCGTGCCACCTGGAAA
CATTGCGCACGAATTGGATTTGATTGGGAAGCGAGAGGACGTGCATGTTGGCAGTGACATTGATGTGCAGCACATGGAATTTATTGGGCTTGCAC
AGATCGTATGCTATGTTAACAAAGCTGGTGGATCCCGTTTTCGGTACGCGATTGTAAAGCACCACTAGGTGCTCCTCGAAGTCAAAGTCATCGGT
GGTGGACGAGGCATGCTGATCTGGGCTCAGAGAATCGCCCAGCTTGGAAAGCGGCTTGAAGGCTGCACAAAGTAGGTAATGGGTGTAAAAGTGAT
ATGGTTTTGCCTAACTACCGGACTCCACTTACCATGTTCCAGGCGAATCTCTGACCAAAGCAACCAGTAACCTGCACAGGTGACCGCGCACAGGG
CTATCAGGATCAGCCAGTGGGTGGGTCGGAGCAGAATCCACATCTTAAGCAGTTTCCTAAACATGCCTCGTGTCGGTTTGCCCTACAGGTCAGCA
CGGTAGCTCATATCAGCGTATTTATTTCAGCATAATCTCAGGTCGTTGTTTTCCTTGTTTTTTTTCTGCAACCAACATCGAGCAGTGTTGGTCAG
CAGCTGCTGGACAGTGCTGCAAGGCACTGAAATCTGGTGAATCTGTGGGAATGTGCAGCTGTAGCTGAGATGACTAAATTAGTGATGGAAAATAG
CTCAAAATGCTAGCTCGGATAATTGCATTTAATTTCCAGCTAGGAATCCGTAAATTAATTGCCTTATATTTATAACTTCAATAAATATGTTTTTC
CTAAAACACAACACAGAATATTTTAGGCCAGTCACAACCAGATCTGCATCACCCTTCAGCAACCCTTTTGCCTTGAGCATCACTGTTTTTATTAG
TGTGACCACCCTTGCCGGCAAATAATACCAAGCAATGCCAAAATTCTAGCGCCCATTTTTGCGAGGTTAAAATAAATTTCGCAAGCCGGCTGCAA
TCGCAAAGTACAGTGCGACTTATATACACTCGTATAAAATAATTCCATTTAAAAGCAAGCATGTCCACCTTTAACTTCGCCAGCATGGCCGCCCA
ACTGGGCCAGGAGCAGGGAATATCATTCGAGAACAAGGTGCTTTCCTGGAACACAGCTGCCGATGGTAAGTTTGGGTGACGCTTTGGGTACTCCA
TGCAGTGGCTATATTGAGGCTTTTTACAGTCCAGGATGTGGTGGATGCCCTTAACAAACAGACCACCGTGCACTATCTGAATCTGGACGGGAACA
CACTGGGCGTTGAGGCCGCCAAGGCGATTGGTGAGGGTCTGAAGCGTCATCCAGAGTTTCGGAAGGCGCTGTGGAAGAACATGTTTACTGGTCGT
CTCATATCGGAGATTCCGGAGGCACTCAAGCACCTGGGAGCCGCGCTAATTGTCGCGGGCGCCAAACTGACAGTCCTGGATCTCAGCGACAATGC
CTTAGGACCGAATGGCATGCGAGGCTTAGAGGAGTTACTGCGATCCCCGGTCTGCTACTCGCTGCAGGAGCTGCTGCTGTGCAATTGTGGCCTTG
GTCCCGAGGGCGGTAGTATGCTGTCCCGGGCTCTGATCGATCTGCATGCCAATGCCAACAAGGCGGGCTTCCCGCTCCAGCTGCGTGTGTTCATA
GGTTCGCGCAATCGTCTCGAGGATGCCGGTGCTACGGAAATGGCAACCGCATTCCAAACCCTCAAGACCTTCGAGGAGATTGTTCTGGAGCAAAA
CTCCATTTACATCGAAGGCGTCGAGGCCCTTGCCGAATCCTTCAAGCATAATCCTCATCTACGAGTGCTAAACATGAACGACAATACTCTAAAGT
CCGAGGGAGCTGAAAAAATAGCTGAGGCTCTTCCCTTCTTGCCACTGTGAGTCGGTTATAAAGTTTTTGATGAGGGAGAGTGAGTGAGTGTTATG
TGATATCTTTTTGCTTTGCAGGCTGCGTGAAATGAGCTTTGGAGACTGCCTGATCAAAACTAATGGCGCCTACCACTTCGGTGAGGCTCTGGAGA
GAGGAAACGAACGACTGGAAGTTATCGACTTAGGTTTTAACGAAATCAACAGCGACGGCGGCTTGGTGTTGGTGAATGCTATGGGAAACAAGCCC
AAGCTACGCATCTTGAATCTAGATGGCAATAGCTTTGGAGAAGAAGGCAGCGAGAAGATAATCAGCGAGATGAGTAAGTTGCCAACTGCTGCCGC
ACTGCAACCGTTTCAGCACCAGGAAGAGGAGGATTTGGAAGATGAATACCAGGCTGACAAGCAGGACGCAGATTACGAAGAGGAAGAGGAAGTAC
ACGAGCACGCCAACGATACTACCGAAGAAGCAGATGAGGATAGCGAGGGCGACGAGGACGACGAGGAAGACGAGGGAGACGAGGAGTACAGCAAC
GTCGCGGAGGAGACTGCCTATGTCACTACGAATGCCTACACGACCAAGGTTAGTTTATACTTCGGAGTACTGTGCAAATGGTAACAGCAATTAAT
CGAATTATCTTTAATTTTAAATTTTCACAGCTTTTTAACGACACAACCAACTCGATGGCCAGCGAAACTTTTGCGGTCGCGAACAAGACGATCAG
CCAAAAATGCACTCCAGAGAAGTTCTGTTTGAGCCAGAAACCCTGCTCCCAGGAAGATTTCGATTCGCTAGATATGGATAACAAACTTGAGGCTT
TGCAGTCGATTGTCAACGTAAGATATTCTCAATAATTAGAATGCAATTAGAGTAACGTAACATTTTTGTACAGCAATTCACCGGCGACAACCATT
TGCTACTGCTCGTCTTCACCACCTTGAAGTGCGCGCATTTGTCGCAATCCTCGAAAGCTGCGTTGGATCTGGCCGTCTCCTTGTACCAGGCCACC
TTTGACTATGCCATCAAGACAAAGCAGGAGACACGTGTACTCAACTATGTACTGATGCAGCTCCGTTTGTTGCCCTGCAAGGAGGTATTCCATTC
GGACTACGATGTCAAGAACTGTCGATTTGCTCTTCGCGAGGCTCTCAAGCAACCAACGTTTGCCAACGACAACATTAAGAATTCCTTTAAGACTT
TCCTGGAGGGTGCGGAGTCGTAAAGAGAATTAGAGAAGAGATTACCTTTATTTCCCACTTTCCGATTTGTGTAGCTTTCGCGAATAAAAACGTAT
TATTCCTAACCCGTAGTGGTGTTTTTTTTTTACCCAAAAAACCAATCGAAATTTAATGTATTAGCCATTCGGCAAAAGTGATTTATTTACATGAA
GAAAACTCGTATGAGACTACAAACTATCTTTATGGAACATGTTAATACATCGATATTACGTTTGTAAATTCCTCTTGGTGGCTTTCTTGCTGCTC
TGGAACAGAATCAGCTACAGTGAACGAATGTAGCGAAGTGTTTATCTATAGTTAATAAAAACACGAATTATAAAACATTGACGTTAACATCGAGG
AGAACATTGAAAGATTATAAAATAACGAACGATCGTGGCGAGCAAGTCCGCAAAAAAAAGTGCCTCCTCGAGATTCTCGATGCGGATAATGCTGA
TTCTAAGAGTCCATCTTCTATCAATATCCTGTGTGGAAATGTGTTCCTTAACAATTAAAATCAGAATCATCATCATCATCTTCATCAATCTCGAT
ATCATCATCATCGCTTTCAATTACAGCTCGCCTCTTCTTGGGCGGAGCTTTCTTTTTGGCTCCTCCACTGCTCTCATCCTCTCGTCCACGCTTAG
CTGGACGCTTGGGCGAATCATCATCGCTGGCATTGCCATCATCATCAGAGCCAACGTTGCCACCGTCTTCCTCCTCATCCGAGAAGAGCGAGCTG
TAGTCTATCTTCTTACTGGCCTGTCGACGTCCAGGACGCTCTGCACGAGGAGTTACTTCCTCCACGTCATCGTCGCTCTTTTTCGCCTAAAGATG
AAAAATATTAATTGACAATTAAATACAGATTTGGGTTAAAAACAAATATGGGCAATTACTGAAACACTTACCTTGGCCTTGCTGAAGTCAATCT
TGCTCTGCTTGAGCCCGCCGCCGTTCTCCTTCTTTTGGCGCGGCTTTTTTTCTCCCGGCTCCTTCTTGACAACCGCCTTCTTGGCCTTGGGTGAG
GTCTTAGAGCCGCCCTCGACCATTGCATCAAATTCGTCCACCTCATCGCCGCTGGCA
(SEQ ID NO: 1495)

Exon: 1001..1215
Exon: 3912..4245
Exon: 4305..4986
Exon: 5057..5558
Exon: 5636..5812
Exon: 5869..6277
Start ATG: 4146

Transcript No. : CT28175

CAGCTTTATATATGTATATATATTTATATTAAGTGCGTGTTCTGAGCGTTTCGCACAGTGTATCGTGGTTAATCTTCTGATGGTTACGCGACTTG
GATGCAATTAGACTTGAACTTTTGAACGCTCCGTACACGAGTAGTTTAAAGACTAATCGCCTTCGCCACTGTGACTGAGTGAAAAACGAGTTTGT
AATCCCTCTTACGGATCGTAAGTGTAATATTTTAGGCCAGTCACAACCAGATCTGCATCACCCTTCAGCAACCCTTTTGCCTTGAGCATCACTGT
TTTTATTAGTGTGACCACCCTTGCCGGCAAATAATACCAAGCAATGCCAAAATTCTAGCGCCCATTTTTGCGAGGTTAAAATAAATTTCGCAAGC
CGGCTGCAATCGCAAAGTACAGTGCGACTTATATACACTCGTATAAAATAATTCCATTTAAAAGCAAGCATGTCCACCTTTAACTTCGCCAGCAT
GGCCGCCCAACTGGGCCAGGAGCAGGGAATATCATTCGAGAACAAGGTGCTTTCCTGGAACACAGCTGCCGATGTCCAGGATGTGGTGGATGCCC
TTAACAAACAGACCACCGTGCACTATCTGAATCTGGACGGGAACACACTGGGCGTTGAGGCCGCCAAGGCGATTGGTGAGGGTCTGAAGCGTCAT
CCAGAGTTTCGGAAGGCGCTGTGGAAGAACATGTTTACTGGTCGTCTCATATCGGAGATTCCGGAGGCACTCAAGCACCTGGGAGCCGCGCTAAT
TGTCGCGGGCGCCAAACTGACAGTCCTGGATCTCAGCGACAATGCCTTAGGACCGAATGGCATGCGAGGCTTAGAGGAGTTACTGCGATCCCCGG
TCTGCTACTCGCTGCAGGAGCTGCTGCTGTGCAATTGTGGCCTTGGTCCCGAGGGCGGTAGTATGCTGTCCCGGGCTCTGATCGATCTGCATGCC
AATGCCAACAAGGCGGGCTTCCCGCTCCAGCTGCGTGTGTTCATAGGTTCGCGCAATCGTCTCGAGGATGCCGGTGCTACGGAAATGGCAACCGC
ATTCCAAACCCTCAAGACCTTCGAGGAGATTGTTCTGGAGCAAAACTCCATTTACATCGAAGGCGTCGAGGCCCTTGCCGAATCCTTCAAGCATA
ATCCTCATCTACGAGTGCTAAACATGAACGACAATACTCTAAAGTCCGAGGGAGCTGAAAAAATAGCTGAGGCTCTTCCCTTCTTGCCACTGCTG
CGTGAAATGAGCTTTGGAGACTGCCTGATCAAAACTAATGGCGCCTACCACTTCGGTGAGGCTCTGGAGAGAGGAAACGAACGACTGGAAGTTAT
CGACTTAGGTTTTAACGAAATCAACAGCGACGGCGGCTTGGTGTTGGTGAATGCTATGGGAAACAAGCCCAAGCTACGCATCTTGAATCTAGATG
GCAATAGCTTTGGAGAAGAAGGCAGCGAGAAGATAATCAGCGAGATGAGTAAGTTGCCAACTGCTGCCGCACTGCAACCGTTTCAGCACCAGGAA
GAGGAGGATTTGGAAGATGAATACCAGGCTGACAAGCAGGACGCAGATTACGAAGAGGAAGAGGAAGTACACGAGCACGCCAACGATACTACCGA
AGAAGCAGATGAGGATAGCGAGGGCGACGAGGACGACGAGGAAGACGAGGGAGACGAGGAGTACAGCAACGTCGCGGAGGAGACTGCCTATGTCA
CTACGAATGCCTACACGACCAAGCTTTTTAACGACACAACCAACTCGATGGCCAGCGAAACTTTTGCGGTCGCGAACAAGACGATCAGCCAAAAA
TGCACTCCAGAGAAGTTCTGTTTGAGCCAGAAACCCTGCTCCCAGGAAGATTTCGATTCGCTAGATATGGATAACAAACTTGAGGCTTTGCAGTC
GATTGTCAACCAATTCACCGGCGACAACCATTTGCTACTGCTCGTCTTCACCACCTTGAAGTGCGCGCATTTGTCGCAATCCTCGAAAGCTGCGT
TGGATCTGGCCGTCTCCTTGTACCAGGCCACCTTTGACTATGCCATCAAGACAAAGCAGGAGACACGTGTACTCAACTATGTACTGATGCAGCTC
CGTTTGTTGCCCTGCAAGGAGGTATTCCATTCGGACTACGATGTCAAGAACTGTCGATTTGCTCTTCGCGAGGCTCTCAAGCAACCAACGTTTGC
CAACGACAACATTAAGAATTCCTTTAAGACTTTCCTGGAGGGTGCGGAGTCGTAAAGAGAATTAGAGAAGAGATTACCTTTATTTCCCACTTTCC
GATTTGTGTAGCTTTCGCGAATAAAAACGTATTATTCCT
(SEQ ID NO: 1496)

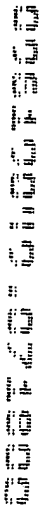
Start ATG: 450

MSTFNFASMAAQLGQEQGISFENKVLSWNTAADVQDVVDALNKQTTVHYLNLDGNTLGVEAAKAIGEGLKRHPEFRKALWKNMFTGRLISEIPEA
LKHLGAALIVAGAKLTVLDLSDNALGPNGMRGLEELLRSPVCYSLQELLLCNCGLGPEGGSMLSRALIDLHANANKAGFPLQLRVFIGSRNRLED
AGATEMATAFQTLKTFEEIVLEQNSIYIEGVEALAESFKHNPHLRVLNMNDNTLKSEGAEKIAEALPFLPLLREMSFGDCLIKTNGAYHFGEALE
RGNERLEVIDLGFNEINSDGGLVLVNAMGNKPKLRILNLDGNSFGEEGSEKIISEMSKLPTAAALQPFQHQEEEDLEDEYQADKQDADYEEEEEV
HEHANDTTEEADEDSEGDEDDEEDEGDEEYSNVAEETAYVTTNAYTTKLFNDTTNSMASETFAVANKTISQKCTPEKFCLSQKPCSQEDFDSLDM
DNKLEALQSIVNQFTGDNHLLLLVFTTLKCAHLSQSSKAALDLAVSLYQATFDYAIKTKQETRVLNYVLMQLRLLPCKEVFHSDYDVKNCRFALR
EALKQPTFANDNIKNSFKTFLEGAES*
(SEQ ID NO: 1497)

Name: RAN-GTPASE ACTIVATING PROTEIN
Classification: signal_transduction
Gene Symbol: Sd
FlyBase ID: FBgn0003346

Celera Sequence No. : 142000013384249
TTGGATATTTCCGTTTCCTGGCTGTGCATTCTCCTTGTCGTCCGCTTGCATTCCTTTCTCCAGCGCCATTAAGGTGCTGTTTCCGAAGTTGAACG
ACTGCGAGAATGCCATTGCGCCGGTGCGTTTTTATACTGAACTAAGAATTGTTGCAAACTGCTTGTTACAAGTGAAATGAATAAAATGAAAACGA
AACGTCGCGCGGTCAATGTGGCCGTCTTATGATTAGTTTCAAATATACTATTCATGTTTGTGACACTTTGAATGAACTGTTTACACCGCCAGCGG
TCCCACTGAAACCTTGTTCACACTGCACGCGACTTTCTTACAAAATATCTTAATTAAACAGATTTTATTTATACCGTTACTTTCCGAATTCCATA
TGCGTGCTATGGGGCATTTAGCACAAAGCTAAGGTCCCACTAAAACCTTGTTCACACTGCACGCGCCTTTCTTACAAAATATCTTAATTAGACAG
ATTTTATTTATACCGTTACTTTCCGAATTCCATATGCGTGCTATAGGGCATTTAGCACAAAGCTAAGGTCCCACTAAAACCTTGTTCACACTGCA
CGCGCCTTTCTTACAAAATATCTTAATTAGACAGATTTTATTTATACCGTTACTTTCCGAATTCCATATGCGTGCTATAGGGCATTTAGCACAAA
GCTAAGGTCCCACTAAAACCTTGTTCACACTGCACGCGCCTTTCTTACAAAATATCTTGATTAGACTGATTTCATTTATACCTTTACTTTCTTGC
TAAGTGTAAGCTAAGTGTAGTTAAGTGTAAGCCTGAAATCCAAGCCCAAGACCAAAACTGAAAGCAAAAGACCCACAGCAAAAACTCAAAAAACT
CCACGACGCAACAAACTCGCGTTCGAATCGCAAGCAAGCTGCGCTGAAATCGCTAACAAGCCAACCAAAAGCCGCACGAAAGTTGCGCCCAAGCC
GCAATGAATTTAACGCTGACTTTATGAACTTTAAAAGAAACCTTTGGCTTATTTTTGTTTATTTCTTTATTTGTATATATCCTTAGAATAGTTTG
TGTTGTTCAAGATTACATAAAATTTGTTTACATATCTATTAGATCAATATCCCATTTACATAGTTAGCATTATACAAAATCGCGCGCCGCAAGCT
GATGACATTCCATTTTAGTTGGTTTTTTTTTATAATATGGTTGTTGGTGGATAGTGTGTGGTTGTGGTTAATTAGCCGCGATACAAATTTGGATA
TTATGCTAGACGACAAATGTGCGACATTATAAAATAAATAACATGGTTACTGCTCGCCGCCCTTGCCGGATATCTTTTGATGGCCACTCCTTTTG
GTTTCTGGGGTTAGGCGGAATGGATCCTCATCATCTGGCCATCATCTACATCTTATAGGTGGCGGGCACGGATCGGGGATAGTCCAGATCGTACA
TCTGGGCCTTGATGAACGCCAGCTTATTGACCGGCTCTGGACGAACAGTGGCCAATCCGTTTTTGTAGGCGTACTCCACAATCCTTTCGGCAATG
GCCATCGAACAGCTGACAATGGAGCTGAGTGGTGGATACAAGCTGCCCTTGGCCAGGTCGTCCTTGGAGACCAGCTCCGCCAAGCGCTCGGCGGC
GACCAAGAATACCTGCTCGGGAATGTTCAGCATGCCGGCACACAGAACACCCAGTGCCACGCCAGGGAAAATGTACGAGTTGTTGCCCTGACCCG
GATAGAACTTCTTGTTGTTGTACGTCACAGGAGCAAAAGGCGAACCGCTGGCGAAGATGCAGCGCCCCTTGGTGTACGTATACGCCTCCTCGGCG
GTGCACTCCGCCTTGCTGGTCGGATTGGACAGTGCAAAGATGATCGGCGTCTCATTAATATCGGCCATCAGCTCAAGGATCTCCTGGTTGAAGGC
GCCGCCCTGCGCAGCCGCTCCAATCAGGACATTGGGACGCACCTTTCGCACCGCCTCTGCCAAAGTATCGATGGGTTCGTGCAGCTGGGCAAAGT
GCAGCTTGTGTTCGGTGAGTCCGCCCTTTGGACGATCGCGGGTGATGACACCACGGCTACATAGAAAGCATCTATAAGTATCAGGATGTATTTTG
ATTATATATCGACCTACCTATCCACCATCCAGATGCGGGCCTTGGCCTCCTCCTCGGTGAGACCCTCCACCTTCATGGCCATCAGGCACAGGTTG
GCAATACCAAGAGCCGCTTCTCCGGCGCCCAGGAACAACAGCGTGTTATCCTTCAGCTGGGTCTTCTTGATCTTTAGCGAGGCCAGCAGACCAGC
CACGGCCACCGACGCGGTTCCTTGAATATCGTCGTTGAAGGTGCAGAAGGAGTCGCGGTATTTGGACAACAGCCTGAAGGCATTGGCGTTGGCAA
AGTCCTCGAACTGGATTAGGCAGTTTTGACCAAAGCGACGAACGCAGGCATGCATGAACTCATCGATGAACTCATCGTACAGATCTCCAGTGGCC

Confidential - Celera Genomics



CTGCGTTCGCGCAGACCGATGTACAGGGGATCCTCCAGGATGGATTCGGTATTGGTGCCCACATCCAAGGTGATGGGCAGGCACTGCGATGGCTT
AATGCCCGCCAAGGCCGTATACAGGGACAGTTTGCCCACGGGTATACCCATTCCGTTGGCGCCCAGATCTCCCAGTCCCAGGATGCGCTCGCCGT
CCGTGACAACGATGGCACGCACATCCGTTTCCGGCCAGTTCTTTAGCACGTCGTAGATGTGTCCCTTGTCCTTGATGGATATGAACATGCCCTTG
GCGTTCTGGTGGATCAAACTGTAGCGCTGGCAGGCCAATCCCACGGTGGGCGTGTACACCAGTGGCATCATGTAGGCGATGTCTGAGCTGAGCAC
GTTGTAGAACAGACGCTCGTTCCGCTCCGATAGGCTGATCAGGTACATGTACTTGTCCAGATCCTGATCCAGTCGCGCCAGCAGAGCGCGGCAGT
GCTCCACCTGCTCACTGGGCTCACGGACCACATAGGGCAGCATGCCATGGATGCCCAACTGCTGGCGCTCCTCGTGTGTGAAGGCCAGGCCCTGA
AATTGAAAGGGATATGCATTTTAGTTACCAATACCTACTATTAATATCTGTAGGATTCGTAATAGGATGGCATGATCGCCTCATTGAATGATTAT
AGAATCTCCTCTCAAATCAAAACAAACAAAATGTAGGATGGTGGAAAAGTTTGACCCGCTTATCATGGACTTGAATTCCCAGGCACGCGCCCCTA
TTCATATAGAGTATTCCACGGCTACTAGCCACCGAGACAGAGGCAGTTATTACCGATGCTTCGCAGATCCGAGGAGATAGATCCCTCGACTTCAC
GAGTCGGGCATCAAGTTCAAAGTCGTTTTCTAGCGCCCAGTCGCTTGAAAACATATTTGCAATCGCAGCTTTAATTAAAACACATTTTTTTTCGA
GGGGGAAGTGAATCAGCGCTGGCCTCGATTCACACGCACAGCTAATATGTTTAGTACGAGATTTTGAAAGTTTTTGCTCCGTAATTGCTGCGGTT
ATTATCGAAATGGACAAAGCAGGCGGGGATTATGTTGGGGGCGTTGCTGCCGACATTAAATAAAAAAATACGTGCAAGTTGGCATTCAAATAGAA
ATCACGCTGGATTATGTGGTTTTTGTTTTTAAACTACGGATGTACCTGCTAATATGCACATTAGGGAATAATTACTCGTGCTTTGGGTTACTTTT
CCGAGTGGCTGCTGTTTTCAAATCGTGCTCATTACAAAGGTTTTCTTAATGAGTCTATTTTAAGCTTCTTGGGACATTTGATTTAGCTTAATAAT
AAATGCACATTTTTATTTCCAAGCGATATATCAAAATGCAACCAATTCCAAATCTGTTGTGTAAGTTTTCCGAATTATTTTTGTAAATTGAATAT
TTTGTTAGTATGTCAAATTAAGTTATTATTGGAAATTATACTTGATAGGTTTTCTATCATTTATCATCATTTAAAATTAATCTCGTTTGTTTCGG
TCACGCAATAATAAATTTATAGTTTTTCATATGAATTTTTAGTTTTCCGATAAAAACAAACTATTCGTATTCTAGTTAATTGATTCGTAATTCGT
ATTCTAGTTAACGTTTTTGATGCCTATCACTATGAATAAGCAATATTTAAAATAATTTTGGTCAGCTTGCAAAATATCATATATCATATTAAGAG
CTGACACAGATAAATAATATTGTTGTGTTTTTAAGGAATTTTAGCTGGAAATCGAGCTGATTCCCCTTTTTTTTTTTAAGTTTGCGAAGTAAAAT
ACATATGTATTTACATACGCATCAAATTCAATTAGCTCTGAACTGGCTGTTTGGACAATAAACACTGAAGTGATCCCCATAAACAATTGTTTACT
GCCAGAATTGCCTCGAACTTAACCATTATCGTGTGGCTACGTCATCGGTGGGCTGGTGAAATACATCCATATGTACATACATACGTTAAAAAAAG
ATTGAGAGAACGACACCGTTGACATTGAAAGCGACACACGACCGTCGATAAGCGTGCGAAAGTGTTTTCGAACCGCCTGGCAACAAGTTCTCCCC
ATTCTCCAGCACATATATGTACATACATATATATATGATGGATTAATATTCATGTATTCATGCCCCCAGCAATTGCCTCCAAACTTGCCACATCA
TGCCTAAGTCATATGAACTAAACTATAGTTTCATCATCCTCATCACCTTTTCAAGTTCTGACTTTAGTTTGTATTATATTAGTAGTTATAGCAAA
TCATGTAAGATTGCTTATAAAGAGGGGGCACCAAAAATCGAATCCAGACATGCGTATACGTAATGTGCAACTCCGATATTACGCATACACATTTC
GCATGGTATTGCAAAAAGGCAAAACGAAACGAAAACTGACAAAAGTCGCAGCCACAAGCAAAACCAAACCAAAAAATCACAAAAATGAGCTGGTT
CATATTTTTTTTTACACTGTCTGGCGCGACCAGTTCGATCATCATCATCGCAGCGGTGATCATCATTATAGCAATGGCTAATCATTAAGTCGACT
ATCAACGACCGTCTGTGTCTGAACTTTGAATACGGACTCGGATCGGATGACGAAAGCGTCGCTTTAATCAGCAACAGTTGAGCAGACACACAGAC
AACGGGCAATCTCAGCTGATTGTTTCCCTTCTGGCAAAGGTGAGCTGATGAAGGGTTTTTTTTTTTCTGTACCAGCCTCCCTCCCAGCAGGTGAA
ACGCTGCTGCTCTTTTGTGGGTCATACGATGTGGAATGATGACACAGGATGAATGCGCCACTGAATCGGAGCATAATAGTTTATGATGCACACTG
CAAAAATGCGCGTAATCTTTGAGTAATTTAGGTTATCCAAAAGGAAAACATAAATTCCAACCTATATATGTAAGCTATTTCAAAGCATTTCAGCC
ATTAATTGCAATTGACAAGCACACTATTATATATTATTCTTTCTTTAGTTGCCCAATATAAGCAATCGATAAATCATTGGGTAAACAATGAAATA
ATCCAACTATTTCAACAAGTTTCGAGCTCGCCCCGCTCTTTCGGCACATTGACCGCCTGAATTTGTTTAAATTTTTAATTTCCTCAGAGCGCCAA
TAAATAACAACAAAGAGCAGGGGAATATAATTCTATTCGCCAACTGCATGTGGTGTGAGCAAACCACACAGATAAATATTTAATGTGTGTATATA
CATATATAGGGCTGATACCAAGTGTTTTTGTGGTGATTATCGTCATTCGGTTGTTTATTTCTGCGGTTCGAAACAGAGTTAAATTTATTGCTGAA
TGTAGGTCAGTTTTCGCGGACTGGCTTTAATTTTGTTTCTTATTTTTTTCATTGGAGATAGGCACTCGAAAACTTTCCATGGGTAAATCAAAACA
AAGCTCAGCTGTTCGGGGAAGGAGGTTGAGATAAACAAGAGTCACTTGTTGGCAGCGTGTAAGAAGTACATAATAACAATCTGTAGTAAACAAGT
GCCAGCCCCTACTCGATAAGGAAACCCAAGATAATTTCTCGCTAAATTGTTAAATTATTATTTTTAAGTCTTTTCGTCCGATTGTGCCGTGACGT
AAGCGGGAAAAAAATCCACTTGGTTGTCATGGGGAAACACCATTCTGGATGGCCCTCCATTATTCTCAGTGGAGCTTCTGTTTACAATGCCAAAT
GGTTGGCCCCTTTTGGTCAGTTTTTTTTTTTTAGTAGCTACACGGGGGAAAATAATGTCTTTACTAGAAATTACGTAATTTCTTTAGATTCCTAGC
ATTTTAAATTGTAATATCCGTTCTAACCATTACCACCTTTACATTAAAACTCTGTTTTTTCAGTGCAACTGTTTTAAATAAACAAACGCAAAGCC
CATGCGCGCTCTCTCTTCTCTCTTTCAAAAATGCTCTCTAATTTTATATTTTGTGAAACAATTCGTGCATTAGCTCATTCATGTCTGCGTGGGAA
AAAAGCGTAGAAGCCAATGCAAGCTGAAAAACTGCACAAGCATTGAACTTGAAAATGCAATCTGAGATAAATTTGTAAACGAAATCTGCGTGACC
GATTCGTGTCAACTATTTCATACCGTACAATTTCGGCATGTGCCACAGACAGCTAATTGCCTCAATTATAAAAGTTGGTCTATCGATTTTCTTCG
GCTAAGGCACCAGAAAAAAAATGAAAAAAAGCAACAAAAAAAACTGACAAAAACAATGAGCTTTGGTCTTCCAGAGTGGCGCGTGTGCCATTTGC
CATCCCTTTCACTCGCTATGTCATCTAAAGGTCACCCACACCACTTGCCGAAAAATGAAGCCACTGCCAAAAAGTATCTTTTTTTCGCTCTGAAC
TCAGCAGCTGACGTTTCCGCCTAATAGTTATTTATGTATTTATGATTTGGAATTTTTTTATTCTCGTGCTTGTGGTAAAAATAGCAGGTGGCCTA
GAATAAATTCACACTTTTTCAAGAAGAAATTCCAACATTGGAACTCACTTCTAGCGAAATTTCACATAATTAACGATTATTAGTAAATATCTTTC
AGATACATATGGATGGCTAAGGTAAGTTCTAAGGTAAGGCTTAAGTTCTTCAAATTCTAGACCAATTAAACTTCTTCTAATAGTCTATAATTATG
ACTCTACCTCTAAATATTTACCCAAACACGGTTCACTAACACAATTCGCCGATATGGGGAGCGGAAAAAAAAACCGAATGCGAACCCACCCTTAA
AAACCTTTGCCTGGTATTTTTCCACTAAGTTCACGGAACTGGGCAACTTAAAAGCGTATTCGCATATTCCTACTTGTGGAACTCACCTTTGAGTA
GCGCTTGTCCAAGAGTCGGGTGAATCCGGAGAGGCTGCCGACCACCTCATTGTCACCAGTGCCCCAAAGGCCCAGGCGATCGCGCTGCGCGTATT
TATCTAGTTTCGAATCGGGTTTGCTCATCTTGTCTTCCAAATTTGTTTCGCTAGTGGAGCTGTATGAACGTAGTTGCTGTTGTTGTTGCTGTTGC
TGGTGGTGAAGGGCGTGCAAACTGCTCTGCAGCTGATTCCAGTGGTGTCGCGAGGATAACGATAACGGCAGACCCTTGGGCAGTTCCAAATCGGT
GGCTAAGGCTATATTACCCGGATTCGAATCTCTGTCCCTATGCGTTTCCGTATCCGTATGCGGCGATGTGTCCACTTCGGCGGCACTTTGCGTTG
TGATTCGTGTCGTTAGTTTTGCGAAATTGGAAAGTTCGTATTCGAGTGTGGTTGTCGTTGTGGTCGTATGATTTTTACACACACGACTACTACAA
CAGCTCTGACTCTCTCTCTCATGGCTATTGTTGTTGTTGCTGTTGCTGTTTCTCTTCGTGTAACAGCCGAGCTCGCGCTCTTTGCCGCGACTATA
TGAGGAAGGACTCTGCGAATTGTTGGCGGTGGGATAAACCGGCGTGCTGAGGGAGAGAGAGAGCAGACAATATGTGAATGAATGTCAATGCGG
GAGTGACAATAACAACCAATTCGTCACCAACATTCGGATACTCTTTCTGAAAGAACCGATGTTAACATTTTTAATTGAATTTTAATCGTACACAC
TCCACGTTCCCACACTAACAATTGTTAATAATATATATATTACATTTTAATAGTATATATATCTTATTTGAATAGTATATTATATAACAGTATAT
AATAATATATGAATTTCACCATAAAAAGCTTTTTGTAATAGCCAAAAAGTCGTAGAGCAATAAAATGGTATTTAGGGTTAAAAGAGGCCCTTAAA
GGGTGGGTACTCTTCGTTTCAGATTCCTTATCAAGGTTTTCAGAACCTTTGAAATGCGCTGATATGTTTGAACGTATGTGCATGGTCATATGATG
AGGCGATGCATCGCAGACACGCCTTCCAGATGGAAACCGATAAGTGGTGCCAAAGTGACACTGATTATTGCCAATTCAGAAACACACCCTCTTGA
TCTGTGGTCCAATCGTATGACACCACATTATACTTGTTATTCTGAAATTCTTGCATTCGACTCACGGTCCAAAAGTTTTTCTGATACCAGAACAG
CGTCGTAGGATCGAGTACATGGCGGTGCTCTTAAAAGTCTTCTATATTATACTTATTAGTATATTGATTTGCCGACAATTATCTCACTGAGTA
TTTGACTTTTGTCTGCGTTGCTGCAGCTTTCGTGCTGAACTGAACCGCAGTATTCGATTTGTTTTGCTACCACCATATGTATACACTTTGCGATT
TTGTTTTGTTTCCGCGCTCTTTGGCTCTTTCTCTCCGATTAGTTTCAGTTGTGTGGGGTATATCAGCTGACTGATAAGGGCGGTGCAAACACTAT
CTGCACATATAAACGCCATTAAACAACGATTATTACCATCAAATCATTTGTCTGGGACCTGGAAAACATTGCGATGCGGCGTGAATAGCATGCGA
AAAGTTTCCGTGAGAACAGCAGCGGTCGAAATAATAGTATTCAAATTAGACTATAGAGTATTGCAGTTAGCAATTTCTTATCTACTATTATTTAT
AATCAGTAGCTTTGATTTTAATGTAAACTTAAGTACAACGTGCGTGCATTACTTGAATTAAATAAACCGAACCTTTTCTATTAGAGATTATTAGA
CTCGATGGCGTTAAATATAAACCAATAATACCTCCTGAACTTGTGGCATCTGACTAAGTATAAATTATTTAAAGAGACGCCTCAAGGTAGAAGCC

FIGURE SHEET 816

CCAAACCCCAACCTTAACCTTCAGTGTCCCGAATCGCTTCAGTTCCCGCCCCACTTTGCACTTGACTCACTCATACGACCGGTGGGCCCGTTCCG
CTTTTGCTCGGATGTCTGTTTGATATATTCAATTATTACACAAAAATTGAAAGTAAAACACGGCAGGCGAATAAATTGGAATATATCACACATGT
TTGTGTGTGTGCCCGAGCAACCTTCATAAATATTAACAATTTACTTCAGCTTTGCCAACGAATTACATTTTCCAAGTACCTTCGTGAGCAAAACA
CACCTGTCGCTCTAACTTTTTTTTTTCTTTTTACTTCGAAAATCGTTAATTAAGAAGGTGGTGCTCTAATTTTTTATCGATGGCGTGTGTCAGAA
GTTATTCTTTTTTATCGCAACGCCGACGAGTCGCCTGTAAATCGTTGATAAAACACTAGTAAAACGAATCATTGACCACT
(SEQ ID NO: 1498)

Exon: 8675..8521
Exon: 7931..7307
Exon: 3036..2108
Exon: 2051..1001
Start ATG: 8570 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT28469
AAAGCTGCAGCAACGCAGACAAAAGTCAAATACTCAGTGAGATAATTGTCGGCAAATCAATATACTAATAAGTATATAATATAGAAGACTTTTAA
GAGCACCGCCATGTACTCGATCCTACGACGCTGTTCTGGTATCAGAAAAACTTTTGGACCCACGCCGGTTTATCCCACCGCCAACAATTCGCAGA
GTCCTTCCTCATATAGTCGCGGCAAAGAGCGCGAGCTCGGCTGTTACACGAAGAGAAACAGCAACAGCAACAACAACAATAGCCATGAGAGAGAG
AGTCAGAGCTGTTGTAGTAGTCGTGTGTGTAAAAATCATACGACCACAACGACAACCACACTCGAATACGAACTTTCCAATTTCGCAAAACTAAC
GACACGAATCACAACGCAAAGTGCCGCCGAAGTGGACACATCGCCGCATACGGATACGGAAACGCATAGGGACAGAGATTCGAATCCGGGTAATA
TAGCCTTAGCCACCGATTTGGAACTGCCCAAGGGTCTGCCGTTATCGTTATCCTCGCGACACCACTGGAATCAGCTGCAGAGCAGTTTGCACGCC
CTTCACCACCAGCAACAGCAACAACAACAGCAACTACGTTCATACAGCTCCACTAGCGAAACAAATTTGGAAGACAAGATGAGCAAACCCGATTC
GAAACTAGATAAATACGCGCAGCGCGATCGCCTGGGCCTTTGGGGCACTGGTGACAATGAGGTGGTCGGCAGCCTCTCCGGATTCACCCGACTCT
TGGACAAGCGCTACTCAAAGGGCCTGGCCTTCACACACGAGGAGCGCCAGCAGTTGGGCATCCATGGCATGCTGCCCTATGTGGTCCGTGAGCCC
AGTGAGCAGGTGGAGCACTGCCGCGCTCTGCTGGCGCGACTGGATCAGGATCTGGACAAGTACATGTACCTGATCAGCCTATCGGAGCGGAACGA
GCGTCTGTTCTACAACGTGCTCAGCTCAGACATCGCCTACATGATGCCACTGGTGTACACGCCCACCGTGGGATTGGCCTGCCAGCGCTACAGTT
TGATCCACCAGAACGCCAAGGGCATGTTCATATCCATCAAGGACAAGGGACACATCTACGACGTGCTAAAGAACTGGCCGGAAACGGATGTGCGT
GCCATCGTTGTCACGGACGGCGAGCGCATCCTGGGACTGGGAGATCTGGGCGCCAACGGAATGGGTATACCCGTGGGCAAACTGTCCCTGTATAC
GGCCTTGGCGGGCATTAAGCCATCGCAGTGCCTGCCCATCACCTTGGATGTGGGCACCAATACCGAATCCATCCTGGAGGATCCCCTGTACATCG
GTCTGCGCGAACGCAGGGCCACTGGAGATCTGTACGATGAGTTCATCGATGAGTTCATGCATGCCTGCGTTCGTCGCTTTGGTCAAAACTGCCTA
ATCCAGTTCGAGGACTTTGCCAACGCCAATGCCTTCAGGCTGTTGTCCAAATACCGCGACTCCTTCTGCACCTTCAACGACGATATTCAAGGAAC
CGCGTCGGTGGCCGTGGCTGGTCTGCTGGCCTCGCTAAAGATCAAGAAGACCCAGCTGAAGGATAACACGCTGTTGTTCCTGGGCGCCGGAGAAG
CGGCTCTTGGTATTGCCAACCTGTGCCTGATGGCCATGAAGGTGGAGGGTCTCACCGAGGAGGAGGCCAAGGCCCGCATCTGGATGGTGGATAGC
CGTGGTGTCATCACCCGCGATCGTCCAAAGGGCGGACTCACCGAACACAAGCTGCACTTTGCCCAGCTGCACGAACCCATCGATACTTTGGCAGA
GGCGGTGCGAAAGGTGCGTCCCAATGTCCTGATTGGAGCGGCTGCGCAGGGCGGCGCCTTCAACCAGGAGATCCTTGAGCTGATGGCCGATATTA
ATGAGACGCCGATCATCTTTGCACTGTCCAATCCGACCAGCAAGGCGGAGTGCACCGCCGAGGAGGCGTATACGTACACCAAGGGGCGCTGCATC
TTCGCCAGCGGTTCGCCTTTTGCTCCTGTGACGTACAACAACAAGAAGTTCTATCCGGGTCAGGGCAACAACTCGTACATTTTCCCTGGCGTGGC
ACTGGGTGTTCTGTGTGCCGGCATGCTGAACATTCCCGAGCAGGTATTCTTGGTCGCCGCCGAGCGCTTGGCGGAGCTGGTCTCCAAGGACGACC
TGGCCAAGGGCAGCTTGTATCCACCACTCAGCTCCATTGTCAGCTGTTCGATGGCCATTGCCGAAAGGATTGTGGAGTACGCCTACAAAAACGGA
TTGGCCACTGTTCGTCCAGAGCCGGTCAATAAGCTGGCGTTCATCAAGGCCCAGATGTACGATCTGGACTATCCCCGATCCGTGCCCGCCACCTA
TAAGATGTAGATGATGGCCAGATGATGAGGATCCATTCCGCCTAACCCCAGAAACCAAAAGGAGTGGCCATCAAAAGATATCCGGCAAGGGCGGC
GAGCAGTAACCATGTTATTTATTTTATAATGTCGCACATTTGTCGTCTAGCATAATATCCAAATTTGTATCGCGGCTAATTAACCACAACCACAC
ACTATCCACCAACAACCATATTATAAAAAAAAACCAACTAAAATGGAATGTCATCAGCTTGCGGCGCGCGATTTTGTATAATGCTAACTATGTAA
ATGGGATATTGATCTAATAGATATGTAAACAAATTTTATGTAATCTTGAACAACACAAACTATTCTAAGGATATATACAAATAAAGAAATAAACA
AAAAT
(SEQ ID NO: 1499)

Start ATG: 106 (Reverse strand: CAT)

MYSILRRCSGIRKTFGPTPVYPTANNSQSPSSYSRGKERELGCYTKRNSNSNNNNSHERESQSCCSSRVCKNHTTTTTTTLEYELSNFAKLTTRI
TTQSAAEVDTSPHTDTETHRDRDSNPGNIALATDLELPKGLPLSLSSRHHWNQLQSSLHALHHQQQQQQQLRSYSSTSETNLEDKMSKPDSKLD
KYAQRDRLGLWGTGDNEVVGSLSGFTRLLDKRYSKGLAFTHEERQQLGIHGMLPYVVREPSEQVEHCRALLARLDQDLDKYMYLISLSERNERLF
YNVLSSDIAYMMPLVYTPTVGLACQRYSLIHQNAKGMFISIKDKGHIYDVLKNWPETDVRAIVVTDGERILGLGDLGANGMGIPVGKLSLYTALA
GIKPSQCLPITLDVGTNTESILEDPLYIGLRERRATGDLYDEFIDEFMHACVRRFGQNCLIQFEDFANANAFRLLSKYRDSFCTFNDDIQGTASV
AVAGLLASLKIKKTQLKDNTLLFLGAGEAALGIANLCLMAMKVEGLTEEEAKARIWMVDSRGVITRDRPKGGLTEHKLHFAQLHEPIDTLAEAVR
KVRPNVLIGAAAQGGAFNQEILELMADINETPIIFALSNPTSKAECTAEEAYTYTKGRCIFASGSPFAPVTYNNKKFYPGQGNNSYIFPGVALGV
LCAGMLNIPEQVFLVAAERLAELVSKDDLAKGSLYPPLSSIVSCSMAIAERIVEYAYKNGLATVRPEPVNKLAFIKAQMYDLDYPRSVPATYKM*
(SEQ ID NO: 1500)

Name: MALATE OXIDOREDUCTASE HOMOLOG
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384351
TCACGTTCTCCTGGCAAAATGAAACAAACGCAGTGCCGCTGCAAAACTAGATATTCTCCGTCATTTGCGATTCCTGCATTAATGAAGCACTCGCT
GTGCGGCGCGCGAATGTGCGATAATTTATTAGTGCCACATTTGCGACACAGATTTCGATTTCGGACCGCCGCCGGTGGCCACCAAGTCAATTCAA
TTTCCTCACGCGCACACCGCCTGACCCCTTTTGGCCACAAATAATAATGCCGGGCCTATGTCAGTCTATAAGTCTATCAGCACCAAATTTCGCCA
AATCCCGTGGCCCATCGACACGATCCATTTAGCCACCCATCCATCCATCCGTCATCCGCCACCTGTTGCTCGAATCGCACCAGCTGAACTTCGAA
TCCGCGCGAATGTCGGGCATGCAAAAGAGGTGACGACCCTGATCCTCCTCTGAGTCGCTGGTGAAATCAATTGTATTTCACAAAACAAATAGAGC
ACCGACCGTATTCGAAAACAATTTGTTTCTATCACAAACACTCGACACGCGTCGTCTTGTTTGCATTCCAGTCCGCTCCACTTCCAATCCGACTG
TCCGCAGCTTCGCGCGCGTCTTGAAAGTCCCGCACTCGCAAACACACTCGCGTCCAGTGGGACCGCGCCGAAAGCGCTGGAAAATACCAAGCGAC
TTGCAAATAAATACCACAGTTCTCAACACCATTGCAGTTTCAGAAAATACCACTTATATTTCTATACCACCAAATTCAAATTAATTATTAAAAGC

AAAATCAAAATCAAAATGCACGCTAGACAACCTCTATAAGATAGATAGTAAGATCTTTCTTTTCTTAGCATTTTTGCATTTCACCGACGCGAATT
TGACCCTTATCGATTTTTTCGGAATACCTTGCTTACTTACTTTAAAAACGTAACAAAAATTACAATAATAAATGTTTCAATTTAATTTGTGTATA
ATATATTATTTATTTAATACGTCATTTGGTGAAACTAATTAAATTCACTGCAGCACTTCAGTTTAACTTTCACTGAAAACCAGAACCCCACATTA
CACTGCGCTGATAAGGTCCACTCTAGCGGAAAATGCGTTAGTGCGTGTTGTTTACCGGCATGTCCGAGGTCGAAAGAGCTCTGGATGTTCTGCTC
CAGGAAGCGGAGGAGCTGTGCATCGGGAGCAGCGTAGTGGAGCTGGACAGGATTCCAACCGCCTTGGAGTTTTGTCGGGAATTCTACTCCAAAAA
CCAGCCGGTGGTCATTCGCAAGGCACTCAATTGGCCCGCGATTGGCAAATGGACGCCAAAGTACCTGATCGAGGCTCTCGGGGACAGGAGCGTGG
ATGTGGCAATCACCCCGAATGGCTATGCCGACGGCTTGGCCACTCAAAATGGACAGGAGTACTTCGTTTTGCCGCTGGAGACGAAAATGAAGCTG
TCCGAGGTGGTCCGCCGCCTGGATGATCCCACTGGTGCTGTCCACTACATACAAAAGCAGAACTCTAACCTCAGTGTGGACCTACCGGAACTGGC
TGCTGATCTGCGGGTCAGTGATCTCGACTTTGCGCAGCAGTCCTTTAACAAACCGCCTGATGCTGTTAACTTTTGGCTGGGCGACGAGCGCGCCG
TTACCTCCATGCACAAGGATCCATACGAGAACGTGTACTGCGTGATATCCGGTCACAAGGACTTCGTTCTCATCCCGCCGCACCAGCTTAGCTGC
GTACCGCGAGGAATTTACCCTACAGGCGTTTACAAGACCTCAGATAGTGGTCAGTTCTACATTGAACCGTTGAGGGATGAGGAAGGCAGCGATCA
GTTCACAGAATGGGTCAGCGTTGATCCCTTGTCACCCGACCTGGCCAAATATCCGGAGTACGCCCGGGCCAAGCCTCTGAAAGTACGTGTTCACG
CGGGAGACATCCTATACCTGCCCAACTACTGGTTCCACCATGTGTCCCAAAGCCACAAGTGCATCGCCGTGAACTTCTGGTACGATCTGGACTAC
GATAGCCGGTACTGCTACTACCGCATGCTGGAGCAGATGACGTCCGCAAGGAGTGGCTAATAGAATCCGGAGAAGTATTTATTCTCAGGGATTGT
TAGGTGAATTCAAAACCCTTCTTGTTTTCAGTGTATTTATATATATTATTGTTACATAATTTAGTGTTAAATAAAAAACTGATACCCAAAATGAG
TTGCGAACTACGACTAAGGACACGACCATAAAAGATTTATCTTTTCCGAAATTCGTAAATGAAATATGAAATATCCGTACAGATGATGACTTCTT
AAATAAGGAATGTTTGCTTTGTTGGGTTATTCTCTAGTCTATTCGAGACTGACGTCCTGTTTTTCTGCGCCGGAAGGCTCCGCTGCAGCCTGTCC
ATCTGCCTCCTCGTCGGGATTTTCGTTGTTCTCGCACTCCAGTTCGCCATTTCCCGCGGAGGAGACGTTCTTTTGGTCCGCCTCGGCCAAGTCTG
CATCGTTATTCGAGTCCTGCGACTGGGATTGGGACTGTTTGCGCACACGCTGGTTCTTCAGCTTGGCCGGACTGGCTCCAGAAGGTGTCACCTTC
GACTTGGTCTTGCAGCTATCCTGCGGCTGTTCCACCACAAACAGCTGCTCCAAATAAGAACGGTACCAAAGCAGGAACTCGTCCCGCTGTCGTGG
TATGTCCATCTTCTTGATCTTGGCATATATGCGTTTGGGCGAAATTAGTGGCGAGCTGGCGGTCGAATTCTGGGCAGCAGTGGCCGTCAGCTTTG
ATACCTCTGCCAGTAGGGAGTCATTGATGACGGTGTTGTTGTGCGTCTGATTGCGAATGCGTTTGATAATGTACTCGATTAGTTCGTGATCCGGT
GCCAGTTCTATGCTGGTCCCTGGTCCTGATCCCGAGCCAGAGGCTTGTTCTAGTTTTCCCTCGAGGATTTGCTGGTAAGGAAGACGCAATTATGA
GTTAATCGATCCAGTTTACGAAAGCCTTTCTTACCTCTTCGTTCTCGGTCCTAAGAGAAGAGATAACAGCAGAAGCACTGTCCTCCATTTCATCC
AGGTGCTGCCCGTTC
(SEQ ID NO: 1501)

Exon: 1001..2055
Start ATG: 1105

Transcript No. : CT28505
CAGCACTTCAGTTTAACTTTCACTGAAAACCAGAACCCCACATTACACTGCGCTGATAAGGTCCACTCTAGCGGAAAATGCGTTAGTGCGTGTTG
TTTACCGGCATGTCCGAGGTCGAAAGAGCTCTGGATGTTCTGCTCCAGGAAGCGGAGGAGCTGTGCATCGGGAGCAGCGTAGTGGAGCTGGACAG
GATTCCAACCGCCTTGGAGTTTTGTCGGGAATTCTACTCCAAAAACCAGCCGGTGGTCATTCGCAAGGCACTCAATTGGCCCGCGATTGGCAAAT
GGACGCCAAAGTACCTGATCGAGGCTCTCGGGGACAGGAGCGTGGATGTGGCAATCACCCCGAATGGCTATGCCGACGGCTTGGCCACTCAAAAT
GGACAGGAGTACTTCGTTTTGCCGCTGGAGACGAAAATGAAGCTGTCCGAGGTGGTCCGCCGCCTGGATGATCCCACTGGTGCTGTCCACTACAT
ACAAAAGCAGAACTCTAACCTCAGTGTGGACCTACCGGAACTGGCTGCTGATCTGCGGGTCAGTGATCTCGACTTTGCGCAGCAGTCCTTTAACA
AACCGCCTGATGCTGTTAACTTTTGGCTGGGCGACGAGCGCGCCGTTACCTCCATGCACAAGGATCCATACGAGAACGTGTACTGCGTGATATCC
GGTCACAAGGACTTCGTTCTCATCCCGCCGCACCAGCTTAGCTGCGTACCGCGAGGAATTTACCCTACAGGCGTTTACAAGACCTCAGATAGTGG
TCAGTTCTACATTGAACCGTTGAGGGATGAGGAAGGCAGCGATCAGTTCACAGAATGGGTCAGCGTTGATCCCTTGTCACCCGACCTGGCCAAAT
ATCCGGAGTACGCCCGGGCCAAGCCTCTGAAAGTACGTGTTCACGCGGGAGACATCCTATACCTGCCCAACTACTGGTTCCACCATGTGTCCCAA
AGCCACAAGTGCATCGCCGTGAACTTCTGGTACGATCTGGACTACGATAGCCGGTACTGCTACTACCGCATGCTGGAGCAGATGACGTCCGCAAG
GAGTGGCTAA
(SEQ ID NO: 1502)

Start ATG: 105

MSEVERALDVLLQEAEELCIGSSVVELDRIPTALEFCREFYSKNQPVVIRKALNWPAIGKWTPKYLIEALGDRSVDVAITPNGYADGLATQNGQE
YFVLPLETKMKLSEVVRRLDDPTGAVHYIQKQNSNLSVDLPELAADLRVSDLDFAQQSFNKPPDAVNFWLGDERAVTSMHKDPYENVYCVISGHK
DFVLIPPHQLSCVPRGIYPTGVYKTSDSGQFYIEPLRDEEGSDQFTEWVSVDPLSPDLAKYPEYARAKPLKVRVHAGDILYLPNYWFHHVSQSHK
CIAVNFWYDLDYDSRYCYYRMLEQMTSARSG*
(SEQ ID NO: 1503)

Celera Sequence No. : 142000013384598
TTTTAAGTAGTTTACCCAACTCCTCCGCCTCCTGACTCCTGGATTTTAAGCAGATGGAGCCCGGAAATGAGATATCACACACGACTTAATCGCAG
GAACACGAACAGGAAACAGATGGAATCGTCGATGATGGAAGTCTACTACGTATGAGTAGGTATAAGTTATTACCACTGAAGTATTAAAAAACCAC
ATTATTAAGTAATGACAGAACACCTTCTGTGAATTACACGGTCATGTTTCATACAAATACATAGCTTGCATATCAACGATTTCCTTATAAAAGAT
ATTCTTAGTTAGAAAGAAAACTTTCACCCAATAGCAGTTTTCTCCATTAACTTTGGTATATGAACAACTAAAACAGTATTAACTGTTTATTTTAT
TACTGTACTTACTATTTACTTACTTATCAAGTCCTCGAGCATTTTTAACATTTGAAAAATAAGAACCAGTGCTAAGGAATAATTATTCTTCGCTA
TGCACATGCAATATTAATCTGCTCTTACCCAATTGGATAATATATTTACGTACAATAAGATCTTTATGAATGCATCATTGCAAATGCAGATGGTT
AACTAAGTTTGTAATTCACAAATATTCTTCCAAAGGGGCTTTACTCAACATTTAATGTCACTGACCATTCAGCCAAGTAAATCACCTTCCCAAAC
TAATTTACCAGTGATTAATTGGGCTAGCAAGTGTAGGTGATTGGAGTATACTAGCCTTATCTACCTTCGGATCATTCCTTATCAAAAGCACGGTT
GTTTGGGAGAGCCCGCCAAAAAGCCGGACTCTATATGTAGACGGAAAGCTGCTTGATGGAGGGTCTACTGACCCGGTGTCTTCTTACAATCACTG
TTTCTCAAATAAATTGGTAGGGACAACACACTAAATACACTGTAGATTTGAAACCAAGATGGTTCCACATTAGAAGGGCCCGGTGACATTAGTGG
ATGTAGTTACTTGTTTGTAGGTAGTAGCTGTTTCCCAATGAAGCACGCTGTTTATTTGAAATTAAAAAAGAACTGGATGCATATATTTCGTCTGC
TTATCTTGGCGATTCCTCGACGCCAGAGCGGAACGCACTGGGGCGCGAGTCCGGCTAGATTGGTAGACTCCATATGGAGATGTCAGGTGGTGCAC
CCAGTGCTCCTCTCCTCCGGCTGGACGAGACCTCTACTTCCTGTTCTGGTTGTTGCGGGCCATGTCCTTGGGGAAGGAACGCAGTGGCGGCGTGC
GGATGCGGCGGGCCTCGCGCGAACGGTTGCGCACCACCTTGGAGTGGATTGCGCAGGACACGCAGTAGTGGAGCTTCGCATAGAGCTTGGGCAGC
ACGTACGAGTCCCAGATGCTGGCCTCCGTGATGTCGCGCACGGCGGCAGCCTCCACGATGTTGCGGATGACGAACTTCTTGATTGCCTTGTCCTT

GGGCACGCAGCGGGCGCAGTTGGTGCAGCGCACGGGCTTCACATGGCCGCGATTGTGCTTGTTGCGTCCTCCGTTACGGCGCTTCTTGGTCATCT
TGGCGGCTGCTTGTCAGTGGGGGAAACAGTTTGCACGGCCATTAGCATTTAGCACTGCCTTTGCTCAGCGGATGGCTGCCATAATTACCTTATTT
ATCAATTTCAAAATCCGCCCAGCGAAATCCGCGTGTGTTCACGTTTCGGGAAACGAAAAGAAAGAAAATAGTGTGGACGCACCCGGCGAAACTCG
GATAAACGGCCTAAAAAATACCTAGCCAGAGCGACTAGCGTGTTTGGCAACCAGGGCTGACATTTTTACCCGCTAAAACTGGTTTGGTATTCCAA
GTTCTTTGCTTTCCTTTTTAATCTATCAGACTCTTTTAATATATTGGAAATTCGAACTGCTTACACTAAAAAATGTCACCTGAAGAATATTAGTA
AAAACGATAAAGGTTACACATTTAGCTATATATCCATATCTTATTAGCTAGATACAGCTTTAATCTGATTAGAAGTTGGCAACGCAACATGGTGT
GGCCAGGTTCCACATCGAAGTAAAATTGTTTTTAGCGGGACATTTCTTTAAAAAAGAGATGAATAACATAACTATAAATTGCTTAATTTAATGTA
CTAAATATAATATATCCTTCGATATTCCTGAAATTACCCGTATTTTTATAGCAATCTTACGATTTTAAATTTGTTTTAGAAATTTACTTGTAAAT
TACATTACTAAATTTGGTATAACAATAAATAATCTTCCGTTCAAAAAATTCCAGACAACTTCAAAAACGTATAATTTAGACTACAGCTTTTTAAG
AAAATTTGTATAAAATTTCAACAAGAAAAAAAATTAATAATAGGCGCAAGCAAAGCCTAAATTGAATTTTTTAAAGTTATTTTTTTTAATTAAGC
ATCAAATTTTAGATTTTTTTAAAAAATTTAAAACGAATAAGTCAGTAAATAAATATTTTTTGTATCGGTGAAAATAAAAATGGAATTATAATATA
TTCATTATTATAAATGATAAATATTTATAAGTGTTAAAGACCTTATATAGTATATAATCTGGTAATGTTCGTCCGTCTGTTCGTATGAACGAAGT
GAAATCAAGAATTATTACAAGCTAGAAGTTTAAAATTAAGCATACTTATTATAAAAACGGAAATTTTTTTGGAAGATGTCCCACAAACATCCCAA
ATCAGTTATTC
(SEQ ID NO: 1504)

Exon: 1671..1609
Exon: 1528..1001
Start ATG: 1518 (Reverse strand: CAT)

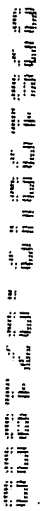
Transcript No. : CT28945
TCGTTTCCCGAAACGTGAACACACGCGGATTTCGCTGGGCGGATTTTGAAATTGATAAATAAGAGCCGCCAAGATGACCAAGAAGCGCCGTAACG
GAGGACGCAACAAGCACAATCGCGGCCATGTGAAGCCCGTGCGCTGCACCAACTGCGCCCGCTGCGTGCCCAAGGACAAGGCAATCAAGAAGTTC
GTCATCCGCAACATCGTGGAGGCTGCCGCCGTGCGCGACATCACGGAGGCCAGCATCTGGGACTCGTACGTGCTGCCCAAGCTCTATGCGAAGCT
CCACTACTGCGTGTCCTGCGCAATCCACTCCAAGGTGGTGCGCAACCGTTCGCGCGAGGCCCGCCGCATCCGCACGCCGCCACTGCGTTCCTTCC
CCAAGGACATGGCCCGCAACAACCAGAACAGGAAGTAGAGGTCTCGTCCAGCCGGAGGAGAGGAGCACTGGGTGCACCACCTGACATCTCCATAT
GGAGTCTACCAATCTAGCCGGACTCGCGCCCCAGTGCGTTCCGCTCTGGCGTCGAGGAATCGCCAAGATAAGCAGACGAAATATATGCATCCAGT
TCTTTTTTAATTTCAAATAAA
(SEQ ID NO: 1505)

Start ATG: 74 (Reverse strand: CAT)

MTKKRRNGGRNKHNRGHVKPVRCTNCARCVPKDKAIKKFVIRNIVEAAAVRDITEASIWDSYVLPKLYAKLHYCVSCAIHSKVVRNRSREARRIR
TPPLRSFPKDMARNNQNRK*
(SEQ ID NO: 1506)

Classification: ribosomal_protein
Gene Symbol: RpS26
FlyBase ID: FBgn0004413

Celera Sequence No. : 142000013384600
TCTTTTTAGTAGTACATTTAATGATCACCTAACAGGCAACAAAAATCCTAAAAGGCACTCACTAATAGATTCCCTTCTCGCCAACAGGGATGACC
GCCTTCGTACTGTGCATTCTGGCCATGTCCTCGGGACTGGCTGCACTTTTCTCCAGCCGCATCAAGAAGCTAATCACACCATTGCTGAACAAGAC
GTTCCACAACTTCCTGGGATTCGCGTGCTTTGTGATCGCACTGGTGACCCAGTACTATGGCTACCAGACGGGCTACTTTAAGAGCCGAAGTGAGA
CGGATTTCCAAATCCTGATGAAGTGCCTCACCCTCATATCGTTGGTCCTGTCGAGCTACGGACCGATGAAGGCACTCTATCAGAAATGCAAAAAT
ATATCGCAACAGTTTTAGATAGGATGAAAAGAATCACTCGAATGTATGTAGATAAATAAATGTAATTTTTTCTAAAACCCCATTTTATCGACCTA
TCCAACTATACCAACAACGATTCAAAATTTTATACCTGTTTATTGGTACAACGTGTGATCCATAAACATGACTAAGTATTTTTACAATGCCTCAT
TAGGGAAAACCCGGTTAACCAGCGGTCAGACTTTCATCGTCCGGTACTCCCCCCTGTAAAAGTTATATAACCACCCTTTTGATTGATTTGATTTG
ATAAGGTCTGAAAAAGTAATGAATTGACTATTAGATACACTGCAATTTGCATTTAAGTTTAACCGCTCACTCAAAAAGCCAGCATTTGAATTAAT
CAATCAAAATTATGATCATTTATAATTTAAGTTATACTATTATTCATTTTCCTATAACAGCATTGGGTAGCATGCATCATTTTAAAATCCAAAAC
ATGACCGGGTTTTTTATCTGATCGGTTTGTGACACTTGGAGGCCGCATAATTGATAGTAACTGTCCCAAATAAGTCCAAACTTTTGAAGCCCCGT
AAAAAGAAGATCTTGACTTCCGGCACCTTAAATTAAAAAACCGTGTATTTTGCATGGTGCAGTTTCGTATGTTTATTTAGAAAATCCATATCATT
TCTTCTTAAATCTCTCGCAATAAATAATACTTGGCGCGTGTGTCGCGTTGTGTGTGTGATACGTATATCAGTTAGCAGTAATAATAAATAGCTAG
CGTTAGGTATTAAAATTCATAGTCAATTGGGTAATACAAGGCTGTCTGGCTTTAAAACCCCCTTTCTGGGTAACTTTTGGTAAGAGAAAGTCAAG
ATCTCTATATAGAATCGGGTGAACAGATCTTTAGCATGCGGTAGGTAAATAGGAGTTATCAGCTATCGACTAAAGCCCAGTTAAGAATTGTGTGT
TGGGCAAGGCATATTCGAAATTCGACTTTCTATATCTTTTCATAGTTTCCATAGTTCGCTCCGCTCACAGCTTGTTGCTGCGTCGAATGGCGAAG
GACATTAGCGCGTGCTCCAGCCGCATGTGGTAGGGTAGCTTGCGCTCCAGAATGACTGGCTCCTGGCCATCTGGACAGCACCGGTTGCGGCAGCA
CTCGCACTGGCCGTCGTCATCGTCGTATTCCTGCTGCAGTTCCTGCTCCAGTTCGTAGGCCTTCTTGGCAGCCCGCTGCTCGAAGCGCAAATAGA
AGGCCAGGCAGACAAACAGCATAAATACCAGGGCACACATGGCTCCACTGGCAATGCTCGCCTTCTCCAACATCGGACGCGGCCTCTTGGGCAGG
TAAGTATTGTCGATCTCCTTGTATTCGCATCGCTGTCCCATAAAGCCAATCGCGCACTCGCAGCTGTAAACCGGTAGATCGGCTATCTTCACCGC
AAAGCAATGGGCATCGTTCAAACAGTACCAGGCATCGAAGGTTTCCGGACATTTGTATGTGGGGAATGTAATATTGGGCCTGGGCGTGGTCGTCG
TGGTGGTGCGCATTGTGGTGCTACTAGTGACTGGAGCCTGGGTCGGCGGCAATGCCGTGCCGGACATGGACGAGGAGATCGAAGAGCGCGGCTTG
GGCACCGTACGGCTGGAGCAGGCCTCGACGTGCCACGGATGTGCCAGACAGCCGATCAGTACCAGGGCAACCAGCCCATGTTGTACACTCATTGT
GGAATGCATTACAATTTGTAGCTTTTTAGCGTAGCGTATCGGCTTGTTCGTTTTTTGGCGTGCAACGTTTGGTTGTTTAAAAGCTTAAGAATATT
AAAACTAGTGACTATCACATAAATAAATTAGAATATTCGTTGTCCGCTGCTAGGGCGTCGTCAAATCTCTTTGGAATCGGGTTTCTCTACATAGG
TATGCTGCTGGTGGAACGTAAACGTTGAGTTAGGGGTGATGTGTGTATCTGTGGGGAAGATGGAAAGACATTAGTGGCCAGTAGTCTCCAAGCAC
CATCGATGGTTTTTAACTCTAAAACTGTGTACTCAACAGAAGGGGGAAAATCAAACTGCGTAAAATCATAATTATATATGTATGTATTTATAAAA
GTATAAACTATAATAGATCGCTTTGAATAGTAGTTATGTTACAATCAGCAAATTTTACTCCTTTCTTCACATCCAATTCACTTTCGGTTTAAAAT
TTCATTTACGTTGTCTCCCGTTGATTATCCTAGCTCATCAAAGCTGGCTGTGATATGCGTTGGGTATCCATATCACAACCACTTGATGAGGCTTA
GATAATCAACATCGTACAGGTAAGGAACAGTTTCCTTAACTTTATGAATTAGTAACATGGTTAGTAACAATATTGCACCGCATGTGTGTAAGTCA



GTTCGATAGGGCCCCCTAAGTCTGAGGTGCCAGTCCACCAGTTGAGCCATTTTTCGGTGCTGTGGCATGCATCTGTCCCCCGTTGTTCCGAATTC
AGATCTCTGTTAGCCGCGTTTATTTTCCGATTGCATTTCACTACAAATATTATACAGATTTGAGGCGGACATAGTGTGTTTTATTTATGATGGGC
GTGTGAATTATGTGGCGGGAGGTATTATTATGATTTGATGTACGATACATTACGCTAAGCTCATCAAAGCTGGCTGTGATATGCCGCGCAAAGCG
GAAATGCATTTCACAACCACTTTGAGAGCCCAGCATGAATGCGCCAATATAGTTTTATTGATTGAGGTTTCGGGATACTTGACTGCGGGAGTTCA
GAATTTTCAATTTTGGTTTTCATGCTCATGTAATGATATAAACAAAATCAGACACTTGTTACCGTTTTTATACTTTTTGTGTTCAATTATGCTTT
TTTTTTGGAATTTTCAAATTGTTTTTTGATTGATTTTTTTTTTGCCTTGAGCATCGCGTCGCTCCTCAAAGCTGGCTGTGATATGAATAGGCATA
AAAAGGCAAACATTTCACAACCACTTTGAAGAATGACACAATTCTCCTGTTTCGATTCGATGAGAGCCGAGGTGCAGATTCAGATTCATTCTT
CTAGGGGTCTTTTTGCAACGTTCTCACGGCCGTCGGCTTTGAGCCTTGTACTTTTTTGCAGCCACGGCACAATAAACAAATATGAAAAAAGTACG
TAAATAAATAAATGCGACGACGAGACTACAACACGATGATAATGACGATCATGACGACGACGACGATAATGATGATTATGATGATGAGACTACTG
GTACTGGTGATAGATAATACGCAAATGTTGATTGCAATGAATGGCGACAGAGCGAGCGCAAGTGAATGGGACAATTTCGTACATATCTACGCTAT
AGACTGGCCATTGTTTCAACAACAACAACAAAATTCAACAGACACAAACGCACACAACACCGAAGAACAACACTGAAAGAGGGCAAAAAGCAATG
CACCCCAAATAATTATAATAAAAATGTAAACATAATTTTGGCGCCAGCCTTTGGCAATTTGACGCCAAATTTGTTTTTAGATGATTTCTGAGTTC
AAGTTCGGGAATTCAAACTGATAAGAAATGCAAACGATGAATAACAAAACGGAAGAACCGAATTCAGTTGATCCTCCAGAAGATCATTTAAATAA
TCGATTTTATCGAAAAATTTTAAATGCATTACTGACGAAGTTCAATCACTTTAAAATGTGAGCAAAACAAAAACTTTTTATATGAAAAGACGAAT
GCTGTTCACCATTTCGAGCGCCCACTGTGGTGCAATGCAAAAACAGTTATACGTTGGGTGTGGAGACTTATTTATGTATTAGAATGCTTTTACGG
TTAACAATTGCTGCACTCTCTACCCTCTCTTTCTCGCTCACGCGCGGCAAGCGGGCAGCTTATTAAAATTTCCGTTATAAAAATTAAATCCACCG
CCGCTGCTTTTATGTTCATAAATACATGTGATACGTCGCATGCATGTACACATGCACAAATGTATGTATATACACATGTATGTGCGTTTGTGTGC
GAGAGGAAGTCGAAGTAAGGTAATGAGCGTAAAGTCAAGTTGAATAGCCATATAAAATGCGCTGAACTTGCGAGCGTGTAGGTCAAGATCAGCGG
CGGCCGTTTATAATATTTTGTTGGTTTTCGCAAATAGCAATTGACGAAAGTTCGATGATCTTGTAGTACATTTCAATAATGGGGGAATGAGCCAA
CTAGCACGATAGCAACAACAGCAATATATACAAGCATCACAATAATTACAACAGCAACAACAACAACGATCAACTATATTAGAGTGTGGACGGCA
AAAAGTGTGCATACATACATGACAACAAAAACACCCGCTAATAAAAAATACTGTTGTGGCTGCTTCTTCTTCTGCTCTTGCGTCTTTTACAACTT
CTTCGGCAAGCCAGTTGTTGTTGCTGTAATTTTCATGTTGCCTTGCTCTCTTTCATTCTTGGGCGTCGCTGCGAGTTCGTTGGCTCTTCTCGTTT
CTGTATGTGTGTGTGTTTAGAAAACTGTAAGGAAAGCAAAGTGTGTGAAAAATATGGTTAAGGTAAAAAATGCCAATACAGGAACAACAACACAG
CTCGCTCTCTTTTCTCTGCCTGCAGTTTCGAAAAAAAATTTACCGGTTTTTATGTTTTCGCAAAAAAGCTCAAGAAACAAGTCCTACAAGTTTTA
AATCGAGAGAGGAGAGAGCAGAAAAGGCGTGAGAGCCCAAAGAATGCGCATTTAGCAGAGACAACAACCTTTTGAGGTGTGTTGCGTATACGTGC
ATATTCGCACACACACACCACCAACGCTTCAGCTCTCGCTCTCTTTTTCTCGCTTCGCCATCTCACTCTTACTCCATGCCTTTCAGGGGATAAAT
TATGTATGTATATATGTACCATGCGTGTGTGTGTGCGCGGGAATGTTGTGAGGAATTCTAAGAATTTTGCACAAGCGACAAATGAAACGGGGCGC
GGACCACACATACATATATGTATATTCCAAAACCAAACAAAAGTTTTAATAGTTCAAAAAGAAAATTGATTATGCGTCGGTATGCGAGAAGCGCC
AACAGCCGAATGCGAAATATATCACACCAACACAAATACAGTGAAAGCAGAAAAGACGCAGAAGATGGGAAAATTCGAAGACACCGCGTGTAGGC
GTTAAAACCTATTTTTTTTGCCCAACACCAAGCTAAATGAAACACTGCTCACTAAAACACCAATTCACTATGCTTTATCTTCACAAATTACCAAC
TGTTTGCATTTAAACTTGGACAACATTAGGGGGCAGAACGCCGACAACGCACACCGCGCACACGAAAAAACACAACCGCACCGCCAAAGATTCGA
AAACCGAATGCCGAACAACAACAAAATTGGTTCTGAAGATGGAGGTGTTTTTCAGCAGAGCGAGATTCCCTGGCTCACGCTGAGCGGGAGAGAAC
GAGAGCGACAAAGTCTCTCCTCTAAAAATGCGGCATAATAACAACAAAGTGGCGAGCGGCTTTCGAGCTCATGCTGTATGTTGTTGTATACCCGT
TACTTGGAGAGTTAATTGGGTATACGGTGATGGGCTCTTAGGCAAAGAATTTTTCCAAAATACACTTTGCATAATTACTCAAATAAATTGCCTCA
GAAGCTACTTTACTCGTTTAAATCTTAAATTAATATTATTCCATTAATGTCAAGCCACACAATACAAAATTCAATAGGAATCACTCACCTATAGC
TGTCATTGCAAACAAATGATATTACCTATTGGACTAAAGGGTATATCTGAGTAGTTACGCTTCGTAAAAAGGGCTCTCTCTTGTTTTGGTTTTG
TTTTGGTGTTGCCAGAAGATTTCGCACGATGTAGGATCAACATGTTATTGACACGACGTCGCCGACGCCGCCACTTTTAAGCTTGGCGGAGCAAA
AGGCACACAAACAAGAAGCGACGCAGAGCGGCGGTGCAAAAGCACAAAAAAAAAGAGGAAAAATGCGCTCGAGAGCGGAGGGCGTGGCGGTGCGC
AGGGGCGGGGCAGGTAGCCGGACAAACAGGACGAACAGGATGAAACCCAGACGAGTTCGGCCCCACTGCAGATTTCATGGAACTGGCCGAAGGTT
GAGGATGCGGATGCGATGCGCAGGCGCGCAAGTAAACAACATTCCATTCCTCGGGAAATTTCTTCTGGCCGCTCGAGAAGCGCGCCAAAAATAAA
GCTCCGACCGATGTCGTTGCCATAAATATTGCTATTTTGACTTTCCAGATTCTCGCGATTCAACGCCCCTTGAAATGGGAGCAACTTGCTGGAGA
TTCGCGTATCAGGGCTGGAAGAGGGTTTCTCCAATAACTGCACATTCACTCAAAAATATGGTAAAAAGGTGTGCTGCAGCTTCGAGAGCTCCCAA
GAGGTAACTTTATGTTATAAAATTACATATATTTATTTTATGTATATATTCTGGGAAAATCCATACGCGATCTAAAACATTTGGGGCGCGGTTTT
CACAGGTAAATGAGATTTTGGAATTCCTTTACTGAAATGCCAACGTCGATGTCGTCGATTTTTTCAAAAAATCACAAACATCGATGTTTTTCGAG
GAATCATCGATGTTTCTCCACCTCTAATAAGGCGGATTCGACCTATGTACATGTACTGCATGTATGAAAGCGGCACAACTACCCGTTTCCGGTGG
GCAGTCGGTCCGCAATGTGGGCCGCAGACACCATTCCACAGCCAATTGACGTCACAAGCGACACAACAGCAACAACCTGGCACACGCTTTCTGGG
TTATGTCGGAATGCATCCAAAAGCGGGAGAAAAGTAGAAAAAGGCAGGAAAAGAAAGAAACCAAGAGTCACCCGGATGGCAATTCGATTCTGGTG
AGATTTGGACAATCAATCGGCTTAGTTCACAGCCCAGCGGGACGGGACTCAGTGCTACAGGTTCAACTGTACAATAATACCAAGAAGATGACGAC
GATGACGATGACGATGATGATGGGGGATGGGCGATGGGCAAAATGTTAATGGATTGCCCTAGGACCTGCCCTCATTCCGTTTGCCATCTTCGTCG
CTTCGCTTCTGCATTTGTGCATTCCCATTCCCAATCCGATTCCCCCATCAAGTTGTGCTTCTTTGCCACACCGCTTTTCTGCCCCTTTTGCGGTG
TTCTGTTGCTTTGTTGATGTTACAATTGTTGCACTTGTTGTGTGCGGCTTAGGACGTTGAACCACAGCCGGCAGAAATGCAGAAATGCACGCAAC
TGAGTGGCAAGTGTACAGCTGCAGTCACAGCACTAGCAATGCTTTGCGAAGGATTCCTCCAGACCGCTTTGTAATTGGTTTTCTTTCGCGTAATT
TGGCCGATATTAGTTAGTTCATATCTGCAATCTAAATGTTACGAACCAGCAGAGTTCCTAGAGCCCTAGAGACATTAATGTACTTTTAATTGCCC
CACTGTATGAATTTTTTTCAGTGCATTCTTGCAATTTGCTAACGTTTTTACCGCCATTACCGTCATTGTCGGTATATATTTGTATGCTCATTCGG
AAAGCCAATTCGAAGGCAATGCTAATAAAATCAATAAACAACATTACTGTCACGCACACATACATACATACATATGCATATAGCTTGGATGTCCG
GTTGAAACGATGACGATGAAAGGTCACGACGAAGAATTTTTCGCCAATTGCCTGGTGGGTCGCACAGTCTGGGTCGCGAGACGTCTGACTAGACA
ACATGCAAATAGTAACGGTAATCATTAGACGCACACACTCGCACCTATTTGCATGCACACTCTCTCTGGCTGTGGTTCTGGTCGTGGGCCCCCAT
ATTTCATCTATCTCGCGGCCGCTCTTTCTTTCGCTCACCATTTCTATGCTGAGTTCGACGGCCTTCTTACGTAAAATCAACAACAACGCTCTGC
GGTATTTCTCTTCTAATAAGCGGGTGCTTGGGGCTTGGGGTTGGGGGGATGTGCACTCGCCGACAGAGTTGCCATATCTAGCCAGACATCAAACT
CGTTTTCACTGTTTTGGCTCCACACACACACACACACACGCATGTGAGTGGCTTTGCAACTGTACAAGAACAATAAGTAGGGGCAGCATAAAAGC
AACAACACACGGCGCAGACGCCAAGCAACCGCTCCCCTCCCAACGCTCCACTCAATGTTTGTCTGTCTGTCCGGAACGTCTGTTTATGTATGCTT
TAGGCGTATACATGCATGAGTGTGTGTGAGCAATTTTTATTTTTCTGAATGTAAAGGAAGTGGCACGTACTGTACTACTCAACTCACCGCTGCCG
CAACAACAAGAGCAGTGACAGCCGGATCAGGCTGGGAATTCGAATAAGAGCGGAGCGCGTCGCATTCGGATGTTCCGATTCCCCATCGTTCCCAG
CCGCAAAGCGGTCAGCGTTCCAATGCCAACGGCACAGTGGTTGCGATGCGTAAGGTAACGTGCTACGGAACCGAAACTCGCGGATGATCGTAAGT
GGGAGATATGTACGTGGGATAAGAGCGAAAGTAGACGGATATCCGATTTGCAAAAAGATGTAGTATTAATTTAAAATGTTTAGAATAACAAAAAT
AAGCTAACAAAACTATAACCATGACAAACTATGACGATAACAATATATTTGCTATGCGTTACGATTTACAAACTTTGAATACTTTTTAAAAGATG
CTTATTTAGGATCGATCCATTGTGCAGCGAGATGAGCGGAACGAAAGGCGAAAGGGACGCTGGTTTGCGTCTCCGCTGTACGCCAGACAGACAGA
CAGACAAGACGCCGCAATATTATAAACAGGAAATGGAATTTACCCACACGGATGCAGCGCGGTGAAGTGTGTGTCTGTGTAAATTGCTGATGAGC
CGACAAACGGACGTGGTGCTCAATTGACAGATGAGCACGAGAGAGACAGGCAGAGCATAGCACACCGCCGAATGAGCGAAGGAGAAGGCCAGAGC
GCGCTTCAAAGTTGATTGAAATCAATATACGTACATACGTATGTATACACACATAGCGTGCCGGTGTGAGTGTGCTAAGACCGCTCGTGGAATGT
TTGAAAAACGCGGTCAAGCGACGGGAAGAGCAAGAATGTTGAACTCTGGAAGTGGGAAGAAGTTTCTGTAAATAGAAGCCAGGTGGAAGGGGCTT

FIGURE SHEET 820

TTGCACCTGCCACGCCCAGCAGCCCCTGGAATCAATTAACATGTTGCACAACTGCAGCGGCTCCTATATACATAGTTCATATAATGTACTTGTGA
TACAGTGACTTACGCACACAGAGGTGCAATTGCAGATGGCGACGAGTGTAGCGTGTAGTTTTTCTCGGAAATGAGCAATGAATGAAATTCGGTTG
TTTTCAGTACTCACACGCACACGAACGCAGATGCATACACTCGCAATTTGGAGCAAGAGAGAAAGTCTGCACGACATGCGCTCTGGCGTTTGTGT
GTATACAATTTGCTTACTTTTTGCGCTACAATTGGCAAATAAAACAATAGCGCAATTTTACGCAGCACTTTAGCTTACTAACCCACATTGATGGC
TCCACAAAGCGAGCAAAATAATTTGTCTGCCTAATTGAAATAAAATAAATAAAACTAAGCAGAAAAAATGTCGGCAAAAAACAAGGCGCAGCTGT
ATTGTGCGCTAGTGTGTGTAAAAAGGAGACGGCCATAGAAAAAAAAAAACACATATACACACAGGAGAATTTACTGCTGCTTGCGGCGCCCACACA
CACATACACAAAAACACTCGCCTATTTAGTACAGCAACTGCGTAAATTCAATAAAAATAGTCATCTGGAGTAAAAAAACCCAGTTTCCTGTCTTC
ATTTCCCTTTTTCCGTGAAGGTACACAGTCACTACTGTTATAATTTAGCACACACACTCGCGCATTTATGTATGCATTTGGGTTGCTTTCATTTG
GATGTTTATCACTTACTTTACCACTTACTTTGGGATTTAGCTCTTCGTTTGTCGCACTTTTTTGGCCTGTTTTCATGCCATTTTCTTTTTGAAAA
ACTGAAAGAGTACAATTCGTTGTGTCGCGTCTTAAATGAACAAGTGTTGCCAGACTTTAGCTGGAGGGAGATGACACTATCGCGAGGCAGCATAA
AAATCAGTGCTGTAAAGCGAAATTAAAAAAAATATCTGATAACTTTAATATTAGTTTATTTGTTTACTGAATTTTACATTTTCTTATGTACTATA
AATAAAAATCAATTCATAAATTTATTTGAGAGGAGTAAAACAAGAAGAATCCACCTAAACATTACAGACTTAAGTTCTAAATATCCCAAACGTTG
TTTAATTTCTATTTATATTTGTAACGATTAGTTAGTTATTAGTAATAATGAAAGAACTAGTGATAAAATCCATTTGTAATCACTGCTAGAATTGG
CTTGAAAATAGCTAGACTGACGTTAACAATACTGTTACCAGTTGGCATTTCCTGATCCGGCAACTCCACACGACGCCATTTCAAAACAAATGCGC
GGCAACGATTTTATTTTACCCCGCAACATTTAGTGAGAAGTCGCAAAATAAGTCAGATTATTTGATTAAAATGGGAGCAAAGGCAACAAAAATGG
AAGGTGAATATCTGCCGGATACGCCGACACTAAACAAAATGCGCCTGGCCAGCGAAAAGCGAGAACAAATGGAAATGACGACGCCGAATCGAGAG
CAAAACAACGCTTTGCTCGATCCTCGATCACCAAATGGCTGCCGCACGCCTTTAACCGTGAGTTTATAGGCATTAGGTATTTTTTGATATTACTA
ACCCTAGTAATGATGGCTGCGTTGTAGTTCTTGCAGGCGTCAAAACCTCGCGTTGAGGAGGAGGAGCAGCATGTGACCACCAGTGAAAATGCCTT
CTCCATGCTGCGAAAACGTTTGCTCAAGGGCTTCTCCCTGAACGATCCTCGCTCTCCTCAGCTGAATCGCACTCCACTGGTCCTCGATGAGGTTC
GTTCGCTTAATATGGATGACACATTCGCCGATCTCTTCGTGGACACCAGGGTGGGTACAGCACAGAGAGCAGTGC
(SEQ ID NO: 1507)

Exon: 10380..10289
Exon: 4869..4674
Exon: 2328..1001
Start ATG: 2087 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT29014
ACACAACGAATTGTACTCTTTCAGTTTTTCAAAAAGAAAATGGCATGAAAACAGGCCAAAAAAGTGCGACAAACGAAGAGCTAAATCCCAAATTT
TCTAAACACACACACATACAGAAACGAGAAGAGCCAACGAACTCGCAGCGACGCCCAAGAATGAAAGAGAGCAAGGCAACATGAAAATTACAGCA
ACAACAACTGGCTTGCCGAAGAAGTTGTAAAAGACGCAAGAGCAGAAGAAGAAGCAGCCACAACAGTATTTTTTATTAGCGGGTGTTTTTGTTGT
CATATACACACATCACCCCTAACTCAACGTTTACGTTCCACCAGCAGCATACCTATGTAGAGAAACCCGATTCCAAAGAGATTTGACGACGCCCT
AGCAGCGGACAACGAATATTCTAATTTATTTATGTGATAGTCACTAGTTTTAATATTCTTAAGCTTTTAAACAACCAAACGTTGCACGCCAAAAA
ACGAACAAGCCGATACGCTACGCTAAAAAGCTACAAATTGTAATGCATTCCACAATGAGTGTACAACATGGGCTGGTTGCCCTGGTACTGATCGG
CTGTCTGGCACATCCGTGGCACGTCGAGGCCTGCTCCAGCCGTACGGTGCCCAAGCCGCGCTCTTCGATCTCCTCGTCCATGTCCGGCACGGCAT
TGCCGCCGACCCAGGCTCCAGTCACTAGTAGCACCACAATGCGCACCACCACGACGACCACGCCCAGGCCCAATATTACATTCCCCACATACAAA
TGTCCGGAAACCTTCGATGCCTGGTACTGTTTGAACGATGCCCATTGCTTTGCGGTGAAGATAGCCGATCTACCGGTTTACAGCTGCGAGTGCGC
GATTGGCTTTATGGGACAGCGATGCGAATACAAGGAGATCGACAATACTTACCTGCCCAAGAGGCCGCGTCCGATGTTGGAGAAGGCGAGCATTG
CCAGTGGAGCCATGTGTGCCCTGGTATTTATGCTGTTTGTCTGCCTGGCCTTCTATTTGCGCTTCGAGCAGCGGGCTGCCAAGAAGGCCTACGAA
CTGGAGCAGGAACTGCAGCAGGAATACGACGATGACGACGGCCAGTGCGAGTGCTGCCGCAACCGGTGCTGTCCAGATGGCCAGGAGCCAGTCAT
TCTGGAGCGCAAGCTACCCTACCACATGCGGCTGGAGCACGCGCTAATGTCCTTCGCCATTCGACGCAGCAACAAGCTGTGAGCGGAGCGAACTA
TGGAAACTATGAAAAGATATAGAAAGTCGAATTTCGAATATGCCTTGCCCAACACACAATTCTTAACTGGGCTTTAGTCGATAGCTGATAACTCC
TATTTACCTACCGCATGCTAAAGATCTGTTCACCCGATTCTATATAGAGATCTTGACTTTCTCTTACCAAAAGTTACCCAGAAAGGGGGTTTTAA
AGCCAGACAGCCTTGTATTACCCAATTGACTATGAATTTTAATACCTAACGCTAGCTATTTATTATTACTGCTAACTGATATACGTATCACACAC
ACAACGCGACACACGCGCCAAGTATTATTTATTGCGAGAGATTTAAGAAGAAATGATATGGATTTTCTAAATAAACATACGAAACTGCACCATGC
A
(SEQ ID NO: 1508)

Start ATG: 530 (Reverse strand: CAT)

MSVQHGLVALVLIGCLAHPWHVEACSSRTVPKPRSSISSSMSGTALPPTQAPVTSSTTMRTTTTTTPRPNITFPTYKCPETFDAWYCLNDAHCFA
VKIADLPVYSCECAIGFMGQRCEYKEIDNTYLPKRPRPMLEKASIASGAMCALVFMLFVCLAFYLRFEQRAAKKAYELEQELQQEYDDDDGQCEC
CRNRCCPDGQEPVILERKLPYHMRLEHALMSFAIRRSNKL*
(SEQ ID NO: 1509)

Name: PROTEIN SPITZ PRECURSOR
Classification: signal_transduction
Gene Symbol: spi
FlyBase ID: FBgn0005672

Celera Sequence No. : 142000013384600
CACTGAACAATATTTAAAAAGTTCAAAATCACTGTACAGTACTTGGTATTTTAAACATCCATCACTTTTCCATTCAAAATATATAAATATTGAAA
AGCATGACATACGATGTTTTTTTTTTTTTATTTTAACTTAGTGTGTCAACTATCTTTATAAAAAAAATTAAAATTTTCTGGGAATCCAATAGAAA
GCTCAGTCTGGAGATGAATCCTCGAAAGCGGAGCTAATTTGCAAGCAAGACTCGGCATCCAATAGTGGATATCTGCAGATCGTCCGATTTGAGAA
CTCCGAAATCATATGCTTTTCATTCCTATTTTCTTTAGATCCCGGACAATTGATTTCTGTTTTTTTTCTGTTTTGATTTTCATCATCGATTGATT
AATTTCCATGAGGACATTGTTTTCAAAGCTTTTAAGACCGCGAATAAATCCAGTCTCATTCAGTAAAGATTCGTGAAGGCAATTTCGTGTGATAT
CAAGATATATATGTATATTCGGAAATAATGTTCACGTGAACCTCGCGATTTGGAAGTTCAATCCTTTGAAGGATTGAATGATTAGGACGCCATCC
TTTATATGTTTTAGATATAAATATCACCCTTCACCTTCTCCAGTTTGATACCTATCAATATTACTAGGGAATGCATTACGACGGAATTCAAAACA
TCTTGAAAAACCTCCAATTACCCCAGTTCAGATTGACCGTTTTATTGCCTCCCATTTTTATAGTTCCGAAGAAAATTACGAACGCAGAGGCATCA
TTTTAGATTACCTAGATTGCCAAGTTTCATAAAACAAAACCATCTTTAGATTAGGTTTTCAATATTTCGGGTTTGCTGATTTCGATATCGATAAG

AAACTGACGTATGTATGTGTGAAGTTTTAATGGGTAAAAATATCGATATTCTGGCGAAATTTTATGTAAAGCAAAATGTGAATGTAAAAATACTA
AAAGTGGTGAGTTCGATAGAGCCGCGTAAAAATATTTTCATTATCGATAACCGAAGTATTATTAATCTTTGCCAAAGACCAGCTTTGGCATTACA
ATACAATTTTGGGGATAGATTAACTAGTGCAGCCCAGCAGGCAGCACCGTGATTTGCAACAATTTGAGCCTCACTCATTCAAGAACCTTCCAGCA
ACTAGTTCGCCTAGTATATATACCTGCTCTCACCCAGCTGCACTTGTATACACAATCGAACGGCCGAACAAAAACTACGCAGTAGTCGAGAGCTC
CAAATTAATAGAATCCGTCACATAAATTCGCCGCAACAAGTTAAACGAGAATAAAAGCGTCAGCATCGATATATATACATACATATATTCAAAAG
TCTGTCGAAACTACAGAATACGTTGCGAAAATGCCGGAGAAGCTGTTGAAAATCACCTACCAGGGCGCTGGACCCCAGAAAAAGATAAATGCATA
CCTGCGGATGCCCTCCCAGAATTACACCATATTGCGTCGCGAAATCGAGCTGTATCTTTTCCAGGAGCGCCAGTTACCCAAATGCGACGTAAGGA
CCTTCTGGATCGGTGAGTTTTACAATGAAAATGCCGCAGAGTGAATGTTTGCTATACATACAAACAGTTATTCGCAATTGCAATCGAGTCGCAAA
GATTGCAACATATGTGCATGGTATAAGTACATTCGTTTCCATACATAACTGCATCCGTCCGAGCAGTGCTGACCATTTAGCTTTTAAGTCTCGTT
ACTTAAAAACCAGCCCAAATTATTGCGTACTTTGCCCAACAAAGCAGGGATTCACCTAGATAGTATTCCTGCTCAATGCTTATCATTGGCAAAAT
TGTGTTGACACATTAGCTGATAAATATGTACATATATATTTTTATGGTACAAACGTGGTCAACATATTAGATGCACTGTTTCATAAATGGCACAC
ATACAAAACATTTTTGATTTTACATATTTCTGAATTCTCGAATTATACATATATATTTTAAATACATCTAACGCGCTTTTTAATTTGTAAAGTAT
GTGTACATGTACTCATATACATTTACATAGATCAAACGGGTTGTGCTGGTACAACCACAACTGTAGCTAATTTGTCTAACTAGAGCCCTCAGTGA
TTCACCTTTGATAACAAAACTTCACTGATTCATAATTGATTTTATTTTCCTTTGCCTATTCTAACTTTTGCAGACGCTGATAAAGATGAAATCGA
AATAGTCAACCAAAATGACTATGAGATTTTCCTGGCCAAGTGCGAGAGCAATATGCACGTTCAGGTGGCTCCACTGGCGCCCGTAGAGGAGCCAA
AGGCCACCAAGCAAGAGGGTTCTTCGGCCAACGCTGAAGCTCCTTCTGTCGACGATCCGAGCAATTTCACCATCCACGACGCCGTTGAATGCGAT
GGCTGCGGCTTGGCTCCCTTGATTGGGTTCCGCTACAAGTGCGTTCAGTGCAGCAACTATGATCTTTGCCAGAAATGCGAGTTGGCTCACAAGCA
TCCTGAGCACTTGATGCTACGCATGCCGACCAACAATGGACCCGGTATGGTCGATGCCTGGTTCACAGGTCCAGGATTGGGACGCCGCAGTGGCC
GGCGCTCCAGGGGACATTGCCCGTTTCAGGAGACGAACCAGGCAGATCCTGCTGGCGAACCCGCAAGGGATAGTCGCCGTGAACGGCGTCAGGCC
CGCCGCCATGCCGGAGTCTTGACTCAGTTTGTCGAGATGATGACCAACTTGCCGCTGAACACAACAACGGCCACGGCACCAGCCGAACCGCAGAA
ACCGAAGGCTGCAGAACAAACTGAAAGTCCTCCACAAGCTGAGCCCACTGTTACCGCTGAAAAGGCAGCTGAATCCGAGGCCAAACCAACTGAGC
CGAAGAAGGTTAACACTGATCAAAGTGTCCCTAGAACCGAAGATCCAGTGACGACTCCACGTTCCACTCAGCCAACTACTCCAGTGATTAATCTG
GATAACATTTCGCAGATTGTGCCACCCGAGTACATGAGTGCTGGCATCGAAATCCTTAATAACTTCAGCGAAATGTTTTCCAAGATTATCGATAC
CACTGAGGGCGGTGATTCGGGAATTTTTGCGCCCTCAACGACTCCCAGTGCTGAGAATAAGAAACCAGAAGAGCAGGGTCAATCCAGTGGCCAGT
CGGGGGCATCCTCGGCCAACCAGTCAGCTGTTCCCTCTGCCGCTCCATCGGCTAATCAGTCTAATGTCCCATCTGCTAACCAGTCGGCCACTCCA
TCAATTTCTGGTTCGATCCCTGATGCTCAGCTTGAGACAGAGCCCCTGAATCCTAAGCCATCGGAAACCACCACCGAAACAGAGCAGGAAAGACG
CCGTTCAGACAGCTTGGATCCAGAGTGGCAGCTTATTGACAATGCATACTCTGCAAACAATAGTAACTTGATCAATCTGGACACAACCAATCCCA
CTGCTGCTCCTCAGGAGCCGGTGCGTGATTTTGGTCAGCTGGGCGAACTATTGCGTCAGCACATGAATGAGGAGGCTCGCGTGGAGCAGGCTTCG
GCCAACACCCAGACTGCTCAAGTTGATACGGTGAGTACATCGACCTCGACCACATCGGTGACCACCAATAGCGTCGGCACCTCCCCAGCAGCTCC
CGACGACAAGCGCACGGTCCCCGTCTACCACACTGGTAAGTGCCGAATTAAATAACTAATCGCTTTGTATTAATTATGTCTCCTAATTAGATGAA
AGCATCAATAAATCGATCCATGCCATGATGGCCATGGGTTTCAGCAACGAGGGCGCCTGGCTAACCCAGCTCCTAGAGTCGGTTCAGGGCAATAT
CTCAGCTGCCTTGGACGTAATGAACGTATCGCAGAACCGCAACTAAATATTCATATTCAATATCGATATATCTACAATGTATCTTCAATATCTAT
AGAACCCAATGAAAAAGGGATTTTACTTTATCGTATCAGTTTACTACGTAGCTTAGTTTTTCTGTGGTGCTAGATTTATCTCGTAGCCAAAATAA
ATGTGAAAATAGATATATGTTATGTTTTAAATAATCAACAAAATGTTATCGTATATATATGTATGTGTGAAATTGCAATAAAGGCACAAAGTAAA
ATGATTTAAAATGCCTGCTTTATACCTGATATGGTTTTGTTTAGTAGAGTACGATTGACAGACAACAAAAGCCTCCTCCACTTAGATAATGTGTT
TATACGTATGGTATAAATCGATTCTGGTTTTTCAGAGTTCAAATCCGCAAAGCACTCGAATTATTTCTTGAGTGATACACAAATCCACAATACTG
TGTTTCGGAATTCGATTCGTTTCCTGTAGTATTGATATTCCAGTGTGAACACTACTCGCTTGTCGAAAGAGCCTCAAAGATCTTCTCTAGCTTCT
GCTGCATCTGATCCAATAAAATAGTCTGTCGCCAAGCCGGCAACATCTCGCACAAATCTCCGGAGTTCGTAATTTGCAGTCGTAATGGTGGCAAT
AAATGTGAAAAATTTGAAGAGCTTCTGGTGGTGTGCCTTCCACTGTCGCCGACCGAATCCCGTGTTATATCCGAACATTTGAGATACCATCAGAA
CGAGGAATCCGGACAATCCGAAAAATCGATGAAGCATTTTCAAGGCGAAGCCACTGTTGATGAAATACAGCGGAAGACCGCTCAGAACGCTACCC
AGAAGAAGAGCACAACCGATTATACCTGATGGGCGAAAGATGGAGGCATAAATTATCATTATATTTGGGAAAAGAACCGACGAGAACACACCGTA
AAAAGCATGGTTGCTCTTAAAGTGACGAACGGTGGCATTGGGGTCTTCCCGTTTGCGCTCCAGCTTCTGCCATGTCTTGATTCCGATTCCGCCGG
CTCCGACCAGGAATGCCAACAGCCCCAGGACGGCGTGCAGGCGGTTGAGGTTCAATGGACCCAACGAGGACTCCAAATATGCGCTATTCCGGACC
AGCAATGCTTCGCCCATGAAAAACACAAACTATAATGAAATAGAAGATAGATGGAACAATGATTTAGGACGGGTAAAAATTTCAGGAGATAGTAA
ACCAGTTTATATTTAGGTCTTCCGGGTACAGAAAACTCTCACTCGAGAAATATATATCCTTGAAACCATTAGATTATTTGTTAACCGTGGCCTCA
AACTTTCACTTTTTCACATATGTTTCTAAATCTTTTAATATCCGAAATCAAAATACTTACGCCGATTGTGCAGTAGAAGGCATGTCCGGCGGTGT
GCACCAATTTGAGCACCAGACACTTGTAAACAATGGCTACGGTGATCCCCGCCAGAAGCACATGCGAGATCAGTGTGCAGAAGCCAAAGTAGAGG
CCTCCATAGGAACCTTGCAATTCGGCA
(SEQ ID NO: 1510)

Exon: 1001..1532
Exon: 2164..3645
Exon: 3701..4347
Start ATG: 1361

Transcript No. : CT29100
CCGAAGTATTATTAATCTTTGCCAAAGACCAGCTTTGGCATTACAATACAATTTTGGGGATAGATTAACTAGTGCAGCCCAGCAGGCAGCACCGT
GATTTGCAACAATTTGAGCCTCACTCATTCAAGAACCTTCCAGCAACTAGTTCGCCTAGTATATATACCTGCTCTCACCCAGCTGCACTTGTATA
CACAATCGAACGGCCGAACAAAAACTACGCAGTAGTCGAGAGCTCCAAATTAATAGAATCCGTCACATAAATTCGCCGCAACAAGTTAAACGAGA
ATAAAAGCGTCAGCATCGATATATATACATACATATATTCAAAAGTCTGTCGAAACTACAGAATACGTTGCGAAAATGCCGGAGAAGCTGTTGAA
AATCACCTACCAGGGCGCTGGACCCCAGAAAAAGATAAATGCATACCTGCGGATGCCCTCCCAGAATTACACCATATTGCGTCGCGAAATCGAGC
TGTATCTTTTCCAGGAGCGCCAGTTACCCAAATGCGACGTAAGGACCTTCTGGATCGACGCTGATAAAGATGAAATCGAAATAGTCAACCAAAAT
GACTATGAGATTTTCCTGGCCAAGTGCGAGAGCAATATGCACGTTCAGGTGGCTCCACTGGCGCCCGTAGAGGAGCCAAAGGCCACCAAGCAAGA
GGGTTCTTCGGCCAACGCTGAAGCTCCTTCTGTCGACGATCCGAGCAATTTCACCATCCACGACGCCGTTGAATGCGATGGCTGCGGCTTGGCTC
CCTTGATTGGGTTCCGCTACAAGTGCGTTCAGTGCAGCAACTATGATCTTTGCCAGAAATGCGAGTTGGCTCACAAGCATCCTGAGCACTTGATG
CTACGCATGCCGACCAACAATGGACCCGGTATGGTCGATGCCTGGTTCACAGGTCCAGGATTGGGACGCCGCAGTGGCCGGCGCTCCAGGGGACA
TTGCCCGTTTCAGGAGACGAACCAGGCAGATCCTGCTGGCGAACCCGCAAGGGATAGTCGCCGTGAACGGCGTCAGGCCCGCCGCCATGCCGGAG
TCTTGACTCAGTTTGTCGAGATGATGACCAACTTGCCGCTGAACACAACAACGGCCACGGCACCAGCCGAACCGCAGAAACCGAAGGCTGCAGAA
CAAACTGAAAGTCCTCCACAAGCTGAGCCCACTGTTACCGCTGAAAAGGCAGCTGAATCCGAGGCCAAACCAACTGAGCCGAAGAAGGTTAACAC
TGATCAAAGTGTCCCTAGAACCGAAGATCCAGTGACGACTCCACGTTCCACTCAGCCAACTACTCCAGTGATTAATCTGGATAACATTTCGCAGA
TTGTGCCACCCGAGTACATGAGTGCTGGCATCGAAATCCTTAATAACTTCAGCGAAATGTTTTCCAAGATTATCGATACCACTGAGGGCGGTGAT

TCGGGAATTTTTGCGCCCTCAACGACTCCCAGTGCTGAGAATAAGAAACCAGAAGAGCAGGGTCAATCCAGTGGCCAGTCGGGGGCATCCTCGGC
CAACCAGTCAGCTGTTCCCTCTGCCGCTCCATCGGCTAATCAGTCTAATGTCCCATCTGCTAACCAGTCGGCCACTCCATCAATTTCTGGTTCGA
TCCCTGATGCTCAGCTTGAGACAGAGCCCCTGAATCCTAAGCCATCGGAAACCACCACCGAAACAGAGCAGGAAAGACGCCGTTCAGACAGCTTG
GATCCAGAGTGGCAGCTTATTGACAATGCATACTCTGCAAACAATAGTAACTTGATCAATCTGGACACAACCAATCCCACTGCTGCTCCTCAGGA
GCCGGTGCGTGATTTTGGTCAGCTGGGCGAACTATTGCGTCAGCACATGAATGAGGAGGCTCGCGTGGAGCAGGCTTCGGCCAACACCCAGACTG
CTCAAGTTGATACGGTGAGTACATCGACCTCGACCACATCGGTGACCACCAATAGCGTCGGCACCTCCCCAGCAGCTCCCGACGACAAGCGCACG
GTCCCCGTCTACCACACTGATGAAAGCATCAATAAATCGATCCATGCCATGATGGCCATGGGTTTCAGCAACGAGGGCGCCTGGCTAACCCAGCT
CCTAGAGTCGGTTCAGGGCAATATCTCAGCTGCCTTGGACGTAATGAACGTATCGCAGAACCGCAACTAAATATTCATATTCAATATCGATATAT
CTACAATGTATCTTCAATATCTATAGAACCCAATGAAAAAGGGATTTTACTTTATCGTATCAGTTTACTACGTAGCTTAGTTTTTCTGTGGTGCT
AGATTTATCTCGTAGCCAAAATAAATGTGAAAATAGATATATGTTATGTTTTAAATAATCAACAAAATGTTATCGTATATATATGTATGTGTGAA
ATTGCAATAAAGGCACAAAGTAAAATGATTTAAAATGCCTGCTTTATACCTGATATGGTTTTGTTTAGTAGAGTACGATTGACAGACAACAAAAG
CCTCCTCCACTTAGATAATGTGTTTATACGTATGGTATAAATCGATTCTGGTTTTTCAGAGTTCAAATCCGCAAAGCACTCGAATTATTTCTTGA
GTGATACACAAATCCACAATACTGTGTTTCGGAATTCGATTCGTTTCCTGTAGTATTGATATTCCAGTGTGAACACTACTCGCTTGTCGAAAGAG
C
(SEQ ID NO: 1511)

Start ATG: 361

MPEKLLKITYQGAGPQKKINAYLRMPSQNYTILRREIELYLFQERQLPKCDVRTFWIDADKDEIEIVNQNDYEIFLAKCESNMHVQVAPLAPVEE
PKATKQEGSSANAEAPSVDDPSNFTIHDAVECDGCGLAPLIGFRYKCVQCSNYDLCQKCELAHKHPEHLMLRMPTNNGPGMVDAWFTGPGLGRRS
GRRSRGHCPFQETNQADPAGEPARDSRRERRQARRHAGVLTQFVEMMTNLPLNTTTATAPAEPQKPKAAEQTESPPQAEPTVTAEKAAESEAKPT
EPKKVNTDQSVPRTEDPVTTPRSTQPTTPVINLDNISQIVPPEYMSAGIEILNNFSEMFSKIIDTTEGGDSGIFAPSTTPSAENKKPEEQGQSSG
QSGASSANQSAVPSAAPSANQSNVPSANQSATPSISGSIPDAQLETEPLNPKPSETTTETEQERRRSDSLDPEWQLIDNAYSANNSNLINLDTTN
PTAAPQEPVRDFGQLGELLRQHMNEEARVEQASANTQTAQVDTVSTSTSTTSVTTNSVGTSPAAPDDKRTVPVYHTDESINKSIHAMMAMGFSNE
GAWLTQLLESVQGNISAALDVMNVSQNRN*
(SEQ ID NO: 1512)

Classification: known_flybase_gene
Gene Symbol: ref(2)P
FlyBase ID: FBgn0003231

Celera Sequence No. : 142000013384598
ATGATTTAGATGTTGGCTTACAAAAAAACATGTTTTATTACGGACCCGGTTGGCCCCAATCCATTCTGTCTAAATTCCTCCGATGCGAATACACT
TTGTTTTCTTCTAAACCACTTTTAAGACTTCTTTTTAGTTTACATATATTAATTCTCCATATGACGCTTCTCAAGCTTAATATATTTGAGTGAAT
TTTAAATGAATGTTTTCCACTTATGAACACGCTAGTTACACACAAGGTGTTAGGATTGAATCACCTCCTCGCAGAGCCAATACCAAGTGAAGAAC
GGATCCACCTTGCACTTTGTAGTCCGCCGCGGTTTTATCGTCATTCCTGGGGGGGATCGCATGCGAAATAAGCTAAAATCAATGACCAATAGCCA
GAAAGACTCACATTTGCTTGCCGGAGAAAATAAGACGCTGTTGCTGGGGCGGAATGCCTTCCTTTTCCTCCACGCGCTCCTTGATGCGATCTACC
TTGTCCGTGGGCTCAATGTCGATCTCGATTTCCTTGCCGGTCAGGGTCTAATGGAAAGATAATACATATTTACATTAATAATCCAGCCACACATA
TATTGACTGTAATATTCGACGATTTTGTTGTTGTTCAAAGTGCCCGCTGGGCACGATGGCTGTGATTTATCTTTATCCTACTTTTTTGCTACTCC
ATATCTTCCACACTAACCTTCACTTTGATCAACATTTTGTGTGTATTTAACTAGGCGCTCCTGTACAAATTCAAAATTGCCGAAATTTTTGCAAA
TCTCCACAGCTGGTTCTCTTTTTTGGCTGTCACTTTCGGCGTTGGTACGACTGGCAACTATCGATAGTACTGTCGATGACCATCGATTGTTTTCC
ACACTATTACAAATATAGTATTTTCTCCATCATTCCATCTCTACACAATTCACGTGTAAAAAAATACATTTCGAAAAAGGAGAACTTAATTTATG
TAAATTTTTTGTAGCTTGATTTATAGTGTGCCCATTACGGTTAGAAGTCTCACATATTTAGAATTCAAATTCTCCTTAAATTATTTTACTCATGA
GATGCAAAAATCCATTGAATGCCATTACTACATTTTTTAACTTTTGAAAAAAATGGAAGGCGTCACTTTTGAGGGATTTGAATTAAGAGCAATTT
GTTTATTAATGTTTTATCTCGGATCTTAGAAAATTAAAAAGTATTTTTTTGTCTTTTGTCTTTTCTGTTTTATTAAAATAAGTTGTATGCCTTAA
TAACTAAATACATTTATTTACAGTACTAAATGGATAACTACTTTGTTCTTTTCGAAGGTACTGAGATCCCCAGCTTAGAAGTTCATCCCTATGAG
AGCTTCTTCAGTTTGTTCCAGTCGCGAATGGCCTCCCCGATGTGGCGTATATCCCTCGCATAAGTGCGACAGCATCCCCCAATGACCTTGGCCCC
CAGTTGCGCCCACTCCGGAACGTAGTTCGCCAAGGGCACACAGTGCTCCCTTCCCTGCCAGCCGTTGACCACGTCGTATACCTCTCCGCTATTGG
GGTACACCACCAACGGTATCTGCTCACCCACTTCGCGGTCACCATTCAAACTCTTAAAGAGCGGGGTCACAAACTTCGGATGCACACAATTTACT
CCGATGGCCAGGCACTTATCCTGGGCATTTCGTTCAGCCAAGAGGTCCCAAATAGCATTCGCCGCGTCCGCAAAGGTTTCTCCATGCGCCAGGGT
ATTCTCATCCTTGCACTGGAAGGCCACCCAGAACTTCACATCCGGATAATCATCGCACAGCATCTCCACCAGGGCCTCCGCCTCCATTTGACAGG
GAATCGTCTCGATGGCCAGCGCATCCACACCAGCCTCCAAGCACGCTTCGATCCTCACGCGATGCCAGTCCGTAATCTCCTTGGCCGGCACAAAG
TCGGCATAGCTACCGGTGTACTCGGAGCCATCGTGCAGGTGGGCCCCAAAGGGTCCAATGGAGGCAATGATCAAAGGGTATCCTTTAAAAACAAT
AAATTGGAATATATAATTGGTAAATATTACTATATATAAAATAAAGTATTAAAGAAAGTATTAAAAGTAATGACCCTACCACATCATTCACTTGA
CCACAATCTAAATTAATCCCGCCCGAGCTGGACCTCATGGATGTCAACTTACCCTCCTGCACCGACAGCTGCGCCTGATAGCACTCGGTGAGATA
GCGTTCCTTGGCGATGTGGGCCAGGCGGACCGTGTTCTTTATCAGCTCGATGCTCTGCTCCTCGTCCAGCTCCAGGTACTCCATGTAACCATCGA
CACTGGACTGGTAGGTGTTGGTCAAAATGATATCGGCACCATCTGGTGTTGTCAAGGGGAAAATTCAGTTAGTATGTTGCCAATTGCTACCGGAA
AACAATTGCTTACTCTGCAAAAAGTCCAGGTGGGTGCTGATAATGGCCGCCGGATTGGTGGCATTGAAGCGGGCACTCCATAGCGGATCCCCATC
CACAGAGTCACCCACATGGACGGTCATCTGGGTGCCGAAACCGCCATCCTTCACCAGCACGCGCGTCAAACCCATGATTGAAAGATTACTAAGAG
GGGTGGAGGATGATCCGTTGAAAATTGATTATTAGTTACATTTCTACGTCAGCGGGCTGCGAGATAATTAAATATGTATATTGCGTCTGCCACCT
GGATTCCACTGCACTCAGGGCGATGTTATACAATGTATCGGAAGAACTAATCTCTATTTTTCAGTTCAACGAACTTGGCAGAACAAAAGACCAGT
GGCTTAATCTAAAAAACACACTGAGAAAAACAGCTCAAAGTTCTTTAGCTAAGATATATGTTATATGAGTCTTATGATTTATTATAAAAAAGATT
TAATTCTAGGAGTATTCAGCTTTCACTGAATAGTATACAAATTTAAAACCAAGGTCACATTTTTACGTATCTCAATAAATGGCGAGTTAAAAGCC
TGAAACATTTTATTCTGTATACGCTAAATTCAAAATATACATCAGCTCTTTAAAATTTGGCAACAATTTTTGAGAAATATATATCTTTTAAAGTG
AATCATTTATTACGTTTCAAGATCTATTCTTGTTCCAAATTAAAAAATATATTAATATTTAATATATGTAAGTATTCCAAGCATAACATTTTTAG
ATTGCTTATAAGATCCCTTTGTTGCACTTTTAAGCATACTCCTTGGATAGTGTATACACCGTCTGTCATCAAAATCTATCGGTAGGGAAGCGAAA
AACACACGATAAGGTCTCGCACTCACCTTGACAGCTTGTTTATGGATCTTGTAAATGGGCAAATTCAATAACAACTTTATTAGACACTAGACTGG
CTGGTTGGTTATCAAGTGGTTATCACAAATCTTTCGGAACGGTGGATATGATCAGTCGCAATGGACGCTCGACGAACGTTTAAATGTTTCACGTA
TCGTCGAGGGGCTTTTATACTTTCCGAAGGGCCACTCAGCTGTGCGGCTCGGCTTATCAGGGCGAAATTTATAATATTTATAATAATTTATAACA
AAACAAAACGGCAAACACAAACATGAGAGTGCCCCCACCAAGTGGGTGATAAGCCCGGTGCACAGCTGCCAGACGCTGGCCAGCCAGATTGGATT

GTCCGGGTGGACTGCGACTCCCCCTCCACGAGGCTGATGAAGCTGATGAAATCGTCAAAGCGCCGCTGTGCGTGGTTCTGGCTTCCGAGTGACTC
TGCTCGGGATGTCGCATCTGCTAAGTCGACGCCGATAACCTCTGGACGCCGCCTAGGACCAACACTTCAAGATGTACTTGGTTGTTGACTCTGTC
CTCCTTAAAGGAAAATGGGTGAGCTTCCGACCGCACTCAATAGATTATGGTCCAAAAATAGGTCTACTGATGTCAAAGAGAAAAACAACATTTAA
CCCCTATTCTGGTAAACAAATCGCTAATGAACAGGAAATAAGACATAAGATATATCAAATAAAATCTCCTCTAAAAGAGATGAGCTTAAAGTGAT
GATTGTTATTAATATTTGGACAAAAAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAAGTAAAATGTAAAGTAAGAGATTGACCGACAAAAGGCTTTC
AATTTGAAAATGGCCGTTAAAATCATGTTTTTTGAACGAAGTATCCGATTAGGCTGATTGCCAGATTGGGTCAGAGTGCAATAGGTGGACATGTG
GCTCCACCATCCTCAAAAGCTTCAACAGCCAAAAATGTAAGTACTCTTTTAAAAATGCGGTATGAAGTTCCAAAAAATTTTGAAATATCTTTCAT
AGTGATAAAGTCGAGAACCGCAAGAATAGAAGGGCATACCCTTCTCTATAAAGTACCTTGCGTACCAGAAGGCGTTTGCCTTGGTACATATGTAA
GAAGTGATTAGATTTGATGAATCT
(SEQ ID NO: 1513)

Exon: 3394..3257
Exon: 2558..2389
Exon: 2322..2143
Exon: 1982..1001
Start ATG: 2545 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT29750
AGCGTCCATTGCGACTGATCATATCCACCGTTCCGAAAGATTTGTGATAACCACTTGATAACCAACCAGCCAGTCTAGTGTCTAATAAAGTTGTT
ATTGAATTTGCCCATTTACAAGATCCATAAACAAGCTGTCAAGTAATCTTTCAATCATGGGTTTGACGCGCGTGCTGGTGAAGGATGGCGGTTTC
GGCACCCAGATGACCGTCCATGTGGGTGACTCTGTGGATGGGGATCCGCTATGGAGTGCCCGCTTCAATGCCACCAATCCGGCGGCCATTATCAG
CACCCACCTGGACTTTTTGCAGAATGGTGCCGATATCATTTTGACCAACACCTACCAGTCCAGTGTCGATGGTTACATGGAGTACCTGGAGCTGG
ACGAGGAGCAGAGCATCGAGCTGATAAAGAACACGGTCCGCCTGGCCCACATCGCCAAGGAACGCTATCTCACCGAGTGCTATCAGGCGCAGCTG
TCGGTGCAGGAGGGATACCCTTTGATCATTGCCTCCATTGGACCCTTTGGGGCCCACCTGCACGATGGCTCCGAGTACACCGGTAGCTATGCCGA
CTTTGTGCCGGCCAAGGAGATTACGGACTGGCATCGCGTGAGGATCGAAGCGTGCTTGGAGGCTGGTGTGGATGCGCTGGCCATCGAGACGATTC
CCTGTCAAATGGAGGCGGAGGCCCTGGTGGAGATGCTGTGCGATGATTATCCGGATGTGAAGTTCTGGGTGGCCTTCCAGTGCAAGGATGAGAAT
ACCCTGGCGCATGGAGAAACCTTTGCGGACGCGGCGAATGCTATTTGGGACCTCTTGGCTGAACGAAATGCCCAGGATAAGTGCCTGGCCATCGG
AGTAAATTGTGTGCATCCGAAGTTTGTGACCCCGCTCTTTAAGAGTTTGAATGGTGACCGCGAAGTGGGTGAGCAGATACCGTTGGTGGTGTACC
CCAATAGCGGAGAGGTATACGACGTGGTCAACGGCTGGCAGGGAAGGGAGCACTGTGTGCCCTTGGCGAACTACGTTCCGGAGTGGGCGCAACTG
GGGGCCAAGGTCATTGGGGGATGCTGTCGCACTTATGCGAGGGATATACGCCACATCGGGGAGGCCATTCGCGACTGGAACAAACTGAAGAAGCT
CTCATAGGGATGAACTTCTAAGCTGGGGATCTCAGTACCTTCGAAAAGAACAAAGTAGTTATCCATTTAGTACTGTAAATAAATGTATTTAGTTA
TTAAGGCATACAACTTATTTTAATAAAACAGAAAAGACAAAAGACAAAAAAATACTTTTTAATTTTCTAAGATCCGAGATAAAACATTAATAAAC
AAATTGCTCTTAATTCAAATCCCTCAAAAGTGACGCCTTCCATTTTTTTCAAAAGTTAAAAAATGTAGTAATGGCATTCAATGGATTTTTGCATC
TCATGAGTAAAATAATTTAAGGAGAATTTGAATTCTAAATATGTG
(SEQ ID NO: 1514)

Start ATG: 152 (Reverse strand: CAT)

MGLTRVLVKDGGFGTQMTVHVGDSVDGDPLWSARFNATNPAAIISTHLDFLQNGADIILTNTYQSSVDGYMEYLELDEEQSIELIKNTVRLAHIA
KERYLTECYQAQLSVQEGYPLIIASIGPFGAHLHDGSEYTGSYADFVPAKEITDWHRVRIEACLEAGVDALAIETIPCQMEAEALVEMLCDDYPD
VKFWVAFQCKDENTLAHGETFADAANAIWDLLAERNAQDKCLAIGVNCVHPKFVTPLFKSLNGDREVGEQIPLVVYPNSGEVYDVVNGWQGREHC
VPLANYVPEWAQLGAKVIGGCCRTYARDIRHIGEAIRDWNKLKKLS*
(SEQ ID NO: 1515)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384637
TGCGGCAGCAGGAGCAGGTGTTTCTGCAGTCTTTTTAGCCTGGGCTTCCGTATCATCCTCGGCTTCCTCAGCCAAACTGCTACGCTGCGGCTGAA
CTTCGGCGTAAATGGCGGGAAACTGCGACTGTAGCTTCTGCTTGATGATCCGTATCTTGCGGAATATGTAATCCAGATCCTTCTTCATTTCGCTC
AGGCATTTCACGTGTCTTTTGAAATCCTCGCTGGCACTTTTCAAACGACTCTGCGATAAGGCATTGCAGTTGAGCAGCATCTCGTTGGTTTCTC
AAAGCGTTGCAGCCTGTGGGATATATTTTGGATGTTTATTATAATCTCTGGTTAAATGAAATGGCTTACATTTGCTTTTGAGCCCGTATCATGGT
CTCCACATCGCCCTGATTCACCATTCCTGCGAGACTTTGAATGAAGGCCTCGGCGGCGGAGTTGCCGAAGCCAGTGAAGGATTCCAGGTCAGGAG
TGGCATCCTCGGACTGGTGCACATCCGCAAGGCCCAAGTGGCTCATTGTAGCCTAGAATTTATTTGTTTATAATAAGGGAGAACACAAAAATTGA
TTTGTTTACTTGCTTTTCAAGGTCTCAAGGTTTCTTTGCGACAACTTGAACTCTGCTTTGTGTGCGTTTGCTGGCAGTTTTAGTTTTTTCTATTT
TTATTTACGTTTTCAAATGGATCTCATGTTTCCATCTATTTTAAAAGTTCTTTTGTTTAGATTTCTTAAAAAAAAAAGATATTTTCGTAACAGCTG
TTTAAGTACTAGTTATAAACCAGTGCTGCAAGCTGCCAAAATGCAAAAGCACTGCCGTAATTAAATTTGAACATTTTACTTTTTAACATAAAATT
AACACTGTTTTATGACAACATTTGTTCCTATTTAATATAAATCAAAGTTTCTTTAGCTATTTAAACACTTAAAAATATTTAAATAATAAAGCTTA
GCAGAATGGCATTGGGTATTTTTACGCAAAGCCGTTTTGGTCACACTATGCTCACCGGCTTTTTTTTTATTAAGCGATTGAATTTCCTTATTTAT
TCTTGATTTAAACGTGCAAAATGAAGCTCGCTCCGACTGTTAAGCTAAACAATGGCTACGAGATGCCAATTCTGGGCCTAGGAACCTACAATGTA
AGTCCTTATCATCGGCGATGCTAATAAATCAGCAGGCAGAAATTGTTTATGGAAATTTCTACCATTCAATTCCAATTAAGTGCAATTGTGAAATT
GAAAGTTAATTATGTTATCTGTAGTTAAAGAAGTCTCGCTGTGAGGCTGCCGTGTGCCACGCCCTCGAAATGGGCTATCGGCATATAGACACCGC
ATATCTGTACAGGAATGAAGGCATTATAGGCAAGGTTTTAGCTAAACTTATTGGCGACCAGAAACTGAAACGCGAACAGGTGTTTCTGGTCACAA
AGGTAGGATATAGTACAGATGGGTTATATATAGTTACCAGCACATGTAAATAGATCGAAAATCAATATCCAATTAGCTGTGGGACATATACCACG
AACCCAAGATGGTGAAATACGCCTGTGATATGCAATTAAAGCTACTGGGCGTGGACTATATAGATCTATATCTGATGCATTCGCCGGTGGGCGTG
GACTACATCTCTGATGAAGATCTGATGCCCCACGAGAATGGCCAGCTGAGGACCAAGTGAGTTTGGGATACAACTAAACATACATAGTTTAGATT
CAAGAAGCTTAAAGAAACTGATCTTTGGAACTTATAGCGATGTGGACTATGTGGACACCTACAGAAGTATGGAGCAACTGGTGCATCTGGGGCTG
GTGCGCAGCTTGGGATTGTCCAACTTTAATGCCAATCAGCTGAAGAGATTACTGGAAAACTGCCAAATCAAGCCGGCAAACCTACAAATAGAATG
TCATCCGGAATTGGTGCAAGTCCCATTAATTGAGCTCTGTAAATTTCACAATATCACCGTGGTTGCCTATTCGCCACTGGGGCGTCCCAAAGCCT
GCAATCCGCTGCCCGATTACTACACTGATTCCAAGCTACTGGCGTTGGCAGCGAAATACGGCAAGACACCAGCTCAAATCATCCTAAGATACTTG
GTATAAACGACCTTAGAATTGTAAAGTGATAAAGATATTTATTGGCTAAAAATCTACAGATCGATATTGGCACGGTACCTATTCCAAAAGCTGCC

CAGCGAGCCCATCTCGTAGAGAATCTGGATATATTTGATTTCCACCTAACGCCGGAGGAGTTGCTCCAAATGAAGACCTTTAATACAGGGCGCAG
AATCTGGAAATTCGATAAAGCGAAGAATCATCAGTACTATCCGTACTAGCAAGAGATATTTAGTGTTCGGAAAAAAAGTGTAACTATGTAAATGT
ATAAGATAGAATCTCGTTAGATAGTTTAGTTTTTACGTTAGTTTTTTTTTAGTACAATATTACAATGTTATAAAATGTCATCATATCAATCGTTA
TCATATATAAATATACTATATTTTGTGCTAGATATGATCCTATTAACATTTTAAGTGCTCACCTGGGGAAATAATTATTTGTATCTCTCTAAATG
TCTCTATCAAAGTTTATCGAATCTTTCGTGTGCCTTGCGACGTTGATCAGTTGTATAATTTCGGATATTGTTTCGATTTGTCAATTCGCGGCTCT
CCGATATGCTCACAATTTCCTGGCCGAAACGAACGTGTTGCTGTGGTCGAAAATAACAATATACTGATCTCAAGAGTCGCATTATAAAACACATA
TTTGATTCTGTCAGAAAGGAGAAAGGTTAATGATGAATTTGATATTCTCTATTTGCAGTCGAAGGACAACGAAGGCGAAGCCGCTGTGAAACATG
CGATTGATGTGGGCTATCGTCATATAGATACGGCCTATTTCTACCAAAACGAGGCCGAAGTGGGCAAGGCGATTCGGGACAAGATCGCAGAAGGT
GTGGTCAAGCGAGAGGATATATTTTTGGTCACTAAGGTAAATGCCATGATGATATGTTCTAGATCTATCAATAAGATTATATTTTTGCGCAGCTT
TGGAACATTTTCCACGATCCAGAGCGCGTTGAGGGCATTTGCCGCAAGCAGTTAAGCAATTTTGGCTTGGACTATATCGATCTGTATCTGATGCA
TATGCCAGTGGGCTACAAATATGTAGATGACAACACCCTGCTGCCCAAAAATGAGGACGATGTGCTCCAACTGAGCGATGTCGACTATCTGGATA
CGTACAAAGCCATGGAAAAGCTGGTAAAACTGGGCCTGGTGCGCAGCATCGGAGTATCCAACTTCAACAGCGAGCAGCTGGCACGAGTTTTGGCC
AACTGCGAGATCAAACCCGTCACTAACCAGGTGGAGTGCTCGCCTGCGCTCAACCAGAAGGCTTTGACAGCCTTCTGCAAGAAGAACGACGTCAC
CTTGACGGGCTACACGCCTTTGGGAAAGCCCAAGCCGGATATTCAGAAGCCGGACTTTATCTATTCGCCGGAGGTGGCTGTTATTGCCAAAAAAT
ATGGCAAGACTACACCGCAGATTGTGCTGCGTTACCTGGTAATTGAGGCATCAACCTGACCTCAGCGACAGCATCTAATTAAAATCTCTCTTTTC
GCAGGTTGGTCTGGGTGTCATTCCCATTCCAAAGTCATCGAATACTAACCGAATTTCTGAGAACTTCGATATCTTCGATTTTGAGCTGACAGCCG
AGGAAATGGCCGTTCTCGATGGTTATCACACTGGCGAACGGGTGGTGCCATTAAATTTGATTAAGGGCCTCAACCACAAGTACTACCCCTTTTCA
ATTGAGTTTTAAACCAGATGAGCGCCTTGTTGCTGTATCACGAATATAATGTAATAAATTTGTCATTACATCAATCTCTATGACAACAAATTGAA
TGCACGAATGTATCTGCATACTTATTCCAAACCCAAATCCAACACAAAGCTCTTAGTGCCTTGATGTTCTCCATGAAATCCGTCCAGTTGCCAAC
GATCCGATCCGCACCCCACCGTGGAACTTATTCCCAGAAATGAGGAGCAAATGGAAGCATCGATCTTTGGCACGGCACGTTTGACATCCAAGCTA
AAAGGTGAAAATGTTTGAATAAGACCGAAATATTAAGTATTAAGCTTTTACGACCAATGGTAATGCGAAGTGCTCAAACTTGGAGATCACCAATG
GAGATTCAAATTTAAGTTACATGTGGAAAAAACTGTATACCTGCATTATTTCAATCATTTCAATAGTTGTTCAGCTTAGACATTGATTAATGAAC
TAGTGATATTTTTAGAAGGTGCTTCAAGCTTTTCTACAGTAACTTTAGATATAGAAAATAGAAAAAAGTTTAGTAAGTAAATAAGACGTAAAAAA
GCATATGGATTTAAGATGGATATGTGATTTAAAAAACGTTCTTTTAGAAGAACTTGTGCTGATTGCCAGCTGTTAGCCTAAATTGCTACATCAAT
TTTAAGGACGCATTTTTTGTTTGCCAACATTCTCTTATCAATGGATCTTCTATTCTGATGTATGGCCAAAAAATATCACGCGGAAGCTATTAGTT
GCGCCAACCGCAGAAATGAAGCATGAAAGTATTATGGCTATTAGTTGATGTACCTATTACGCCCGACAGGCTAATTATCTTTGGATTGTTGGGTA
CATTTTGGGTTAATCGCGCCGCCGTAGACCTTTGTAAATAGCACCTCGGCCTGTGGGGTGACGTCAGAGCCAGCCAAGATGAGCACGGGCTGAAT
GAAATTGGGGTCGTCTAGCCTTTGAGCTGCCCCAAAATAGTGCATGGATGAGTGAATTAAATAGCGGACCGGACTTGGACTTACGTGCTGCTCCA
CGAGTCGATTAGAGGAGAATCTGTGGC
(SEQ ID NO: 1516)

Exon: 1001..1137
Exon: 2814..2981
Exon: 3038..3553
Exon: 3615..3872
Start ATG: 1066

Transcript No. : CT29792
CTCACCGGCTTTTTTTTTATTAAGCGATTGAATTTCCTTATTTATTCTTGATTTAAACGTGCAAAATGAAGCTCGCTCCGACTGTTAAGCTAAAC
AATGGCTACGAGATGCCAATTCTGGGCCTAGGAACCTACAATTCGAAGGACAACGAAGGCGAAGCCGCTGTGAAACATGCGATTGATGTGGGCTA
TCGTCATATAGATACGGCCTATTTCTACCAAAACGAGGCCGAAGTGGGCAAGGCGATTCGGGACAAGATCGCAGAAGGTGTGGTCAAGCGAGAGG
ATATATTTTTGGTCACTAAGCTTTGGAACATTTTCCACGATCCAGAGCGCGTTGAGGGCATTTGCCGCAAGCAGTTAAGCAATTTTGGCTTGGAC
TATATCGATCTGTATCTGATGCATATGCCAGTGGGCTACAAATATGTAGATGACAACACCCTGCTGCCCAAAAATGAGGACGATGTGCTCCAACT
GAGCGATGTCGACTATCTGGATACGTACAAAGCCATGGAAAAGCTGGTAAAACTGGGCCTGGTGCGCAGCATCGGAGTATCCAACTTCAACAGCG
AGCAGCTGGCACGAGTTTTGGCCAACTGCGAGATCAAACCCGTCACTAACCAGGTGGAGTGCTCGCCTGCGCTCAACCAGAAGGCTTTGACAGCC
TTCTGCAAGAAGAACGACGTCACCTTGACGGGCTACACGCCTTTGGGAAAGCCCAAGCCGGATATTCAGAAGCCGGACTTTATCTATTCGCCGGA
GGTGGCTGTTATTGCCAAAAAATATGGCAAGACTACACCGCAGATTGTGCTGCGTTACCTGGTTGGTCTGGGTGTCATTCCCATTCCAAAGTCAT
CGAATACTAACCGAATTTCTGAGAACTTCGATATCTTCGATTTTGAGCTGACAGCCGAGGAAATGGCCGTTCTCGATGGTTATCACACTGGCGAA
CGGGTGGTGCCATTAAATTTGATTAAGGGCCTCAACCACAAGTACTACCCCTTTTCAATTGAGTTTTAAACCAGATGAGCGCCTTGTTGCTGTAT
CACGAATATAATGTAATAAATTTGTCATTACATC
(SEQ ID NO: 1517)

Start ATG: 66

MKLAPTVKLNNGYEMPILGLGTYNSKDNEGEAAVKHAIDVGYRHIDTAYFYQNEAEVGKAIRDKIAEGVVKREDIFLVTKLWNIFHDPERVEGIC
RKQLSNFGLDYIDLYLMHMPVGYKYVDDNTLLPKNEDDVLQLSDVDYLDTYKAMEKLVKLGLVRSIGVSNFNSEQLARVLANCEIKPVTNQVECS
PALNQKALTAFCKKNDVTLTGYTPLGKPKPDIQKPDFIYSPEVAVIAKKYGKTTPQIVLRYLVGLGVIPIPKSSNTNRISENFDIFDFELTAEEM
AVLDGYHTGERVVPLNLIKGLNHKYYPFSIEF*
(SEQ ID NO: 1518)

Name: ALDOSE REDUCTASE LIKE
Classification: enzyme

Celera Sequence No. : 142000013384351
GTTGCAGTTGCTCTTCCTTGGTACACAACTGCTGGCTCTTTTCCGTTATCAGACCCTCCAGCTCGATAATCTTGTCCGCTTGTTCTGACACTCGT
TCCGCCAGCATCTGATACTGCAGGGCTAAGCCCTCCTTATCCCGTTGCAGGCGACGCATACGCTCGTCGGAATCCTGACGAGGTATGTGCGTCTC
CAGCCAGTCGCTGATAATGGCCGCCGTGACAGGATCCGGTGCTGGAGCAGCCAGTCCGACCTAAAGTGATAAGCGTAAGTGTAAGCCCTCCGTTT
CTAGACCTTATCATAGTCAGTGTGACTCACCTGTTGCAGGGCGAGAGCCAAAGTCTTAGCTGTTGACAAAACATTAGTGGCCGAAATTAAGTTGC
GTTCGCTGAGTGTCAGGGAAGACCCTGCTCCGGATATAGAAACGGATCCCGCCTGTGTCGCGGTACTCGATATAAGGCCGTCCATTTGCTGTAAT
GCTGCCTCGAGCATTTTGCTGCCCTCCGCCACAGTCGCCATGAAGTCCAAATCAAAGTCTCGCTAATCCCGGGTGATCGATGTGTGGTGTGCTTA

TTGCGCGACTAGTGCATTGTTATGTAAGCAGGTCAGGCAGGGCACGTCATTTTGCACTGGTTTAGGGGAAAATGGCATTTATGGTTATTAATTTC
AGCACTAATTGGGGAAAACTATCACGAAAATAGAAGCTGCTGCACCGTTCTGCTTCTTCTTCTCGCACACCAGCCCAGCCACTTATCGATAGTCA
GCGAACGCAGAATTGTGTGTAGGAGCAACATCCGATAGTTTGCTAGATGGTCTAAAGTCTACAAAACAAATTTTAAAACAAAATTAATTTTAAGT
AACGTATAAAAATGCCTAAACACATTTTAATTACATTTTTTGGGGACAAAGTATGCAATATATCTAGATGTGTACAGCTATATTTGGTTTTCCAT
ACCCGATATCTACTGTACAAAAAAGATACCATCACTAATAAGCAGGTGGAACGGTGGAGTCACGAAAGATGTGTCATCTCCAGCCAGAGCCACAA
CAAAACAAATATTAAGGATAAAATAACAAATATCTGAAATGAATCGCTTCGCTTATGTGGAGGCCCGTCTGAGTCCCAATGAATCCTTCGTCAGC
CGCGACAACAGGGTAAAAATATACGATGGCGACCAAAAGGTGAGCAGCTAGTGAATTCGCACAATACGAAACCGGGTCTTTATTAGACTCAAATC
CTTTCAGACGGACTTTGAAGACGGCGAAGTGGTGCTCACCACACACCGACTGTTTTGGGGTCGCCCTGGAGAGATTGCCCGGGCCGCCGTAACAC
TTTGCCTGCCACTCAGCTATGTGATATCCGTCAGCGAAGAGACTACTGCCTCTAACTTCTTTGGCCGCAAGACTCGCATAATCATGCATCTGCAT
CCTCCAACGTCGGACAAAGGACCCGGCCCACTGGACACCAGTCGCGCCACCCACATCAAACTGTCGGGCAAGAATGGCCTGAGTGTCGAGTTCCA
CAGTGCCTTGCGGGAGACTCTAAATGCCCGCGTCTGGGAAATCCTCTTGACCAGCGAGATCATCATCAATGGCGTGGCCAGCAGTCCAACCTTGG
AGCCTGCCAACGACAGGCTGGCCCGCATTCAGAAGAGGACAGGAATTGGGGGCATCGAACGGCATTTGGAGGCAAAAGCCAAGGCCACGGATGAG
AACATAGCACTTGCCTTTCAGGATCTCAGTGTTCTAATGGCCATGGCCAAGGACATGGTAGGAGTGTCCAAGACAATAAGCAGCAAGATACGCGA
ACAGAAGGGAGAAATATCTGACGATGAAACGGTGCGTTTCAAATCCTACCTCATGAGCCTGGGCATCGATGATCCCGTCACGCGGGACAACTTTA
CCAGCAATTCTGCCTACTTCAGTAGCCTGGCCCGACAGATTTGCGAAATGCTGCTGGATCCTATCGAGGTAGGAACTGTATTAAAAAGTTATACT
TTGTATTGACACTTACTTTATTACCCCTTAGGAGCAAGGTGGCATGATGTCCTTGGCTGATGTCTACTGTCGTGTAAACCGCGCTCGTGGTCTGG
AACTGCTATCGCCTGAGGACTTGCTGCACGCCTGCGAGCAGCTTAGTGGTCCAATACGCCTGCGCAGCTTTCCCAGTGGCGCTAGAGTGCTACAA
CTGGAGTCCCACGATGATGCCCTAATTGCCGTTGACACATTGGAGAAGGTGGAGGCTGCCGAGTCTCTGGCTGTGGAGGAACTGGCCAAGCAGCT
GGGAATTTCACTCCTGCTGGCCAAGGAGCGATTGCTAGTGGCCGAACGTTTGGGCAAGGTGTGTCGCGACGAGTCCGTAGAGGGACTGCGGTTCT
ATCCAAATCTTCTGCTAGGCCGGGACTAATTTCAATGTGAATGTGTGCTTGTTGTTATGGTTAATAAAGATATTTGACTTTTTATTTAAAGCAGG
AGTTTTGAGTAGAAAGTGAATATCCTTTAAAGGTCCTTACCATTTCAGTTCCATCGCAATGACAAGACTGAGTTCTTAATTTCATTTCACACTT
TATTGATTAACGGAGCTTCTGCTTTGACTTTGTCGGCGCTTCATTAAGTTATTTTGGTTTTGTCGTGATTATTTTCATTTTTGTTTAGTATTCTC
AAGAGTTTTATTCGTAATCAGTTTAATGAAAAGTTTCTACAGTCAGGTATTTTGATAAGCAGTTATTGAATTGAAATTACACATTTATATTAATA
GTGGTTTTCGTGTTTACATATATATAAATATATTATGCTGCTGCTTAGATTGCTCCGCATTACATTAATAAATCTTTGAATTACGTTTCAATAAC
CATTTGATCAGGCCACATTACCGCGCATGTATGTATATAACTTTCGTACTCAGGATTTTGGCCAATTGCTTGAGTAACATTTTCCCACTTCGTTA
TGCTTTCAATCATTCATTCGGTTTACGTAGTACCATGCTTTCATTTTCGTTTATTCATCTTAAATCACATTTATTAATTAATATTAACATTGAGT
AGTTTATGCTTGAGTGTGTGTTGGATACGGTAGGGAGTACGGGTAGTGGTGAGGTTAATTTGTGTTTTATTTCTTGCTGGCTGAAGAGGTTTATG
CAGAGGTTTACTTTAAGTGCTGCGCAGCTGAATCAAACAATGATAAACAAGTACAGCACTCTAGGCGGTAGTAACATAATAAAATCGTTACTTAA
ATAAATAATGTCCATCTACAAAAAAACTGGCTTAGGTGAAAAACAAATATGCTTTGTCGAAAGCGACACTTTTACACATTACTCGACTCGAGTTG
GCAACTTTTCCATCGTCCAAGCTCATTCAGCTGCTCCTGTCTCTAGTTTCATTGTACATTGAGCTATTACAAATAAATT
(SEQ ID NO: 1519)

Exon: 1001..1179
Exon: 1243..1968
Exon: 2027..2404
Start ATG: 1084

Transcript No. : CT30019
ACGGTGGAGTCACGAAAGATGTGTCATCTCCAGCCAGAGCCACAACAAAACAAATATTAAGGATAAAATAACAAATATCTGAAATGAATCGCTTC
GCTTATGTGGAGGCCCGTCTGAGTCCCAATGAATCCTTCGTCAGCCGCGACAACAGGGTAAAAATATACGATGGCGACCAAAAGACGGACTTTGA
AGACGGCGAAGTGGTGCTCACCACACACCGACTGTTTTGGGGTCGCCCTGGAGAGATTGCCCGGGCCGCCGTAACACTTTGCCTGCCACTCAGCT
ATGTGATATCCGTCAGCGAAGAGACTACTGCCTCTAACTTCTTTGGCCGCAAGACTCGCATAATCATGCATCTGCATCCTCCAACGTCGGACAAA
GGACCCGGCCCACTGGACACCAGTCGCGCCACCCACATCAAACTGTCGGGCAAGAATGGCCTGAGTGTCGAGTTCCACAGTGCCTTGCGGGAGAC
TCTAAATGCCCGCGTCTGGGAAATCCTCTTGACCAGCGAGATCATCATCAATGGCGTGGCCAGCAGTCCAACCTTGGAGCCTGCCAACGACAGGC
TGGCCCGCATTCAGAAGAGGACAGGAATTGGGGGCATCGAACGGCATTTGGAGGCAAAAGCCAAGGCCACGGATGAGAACATAGCACTTGCCTTT
CAGGATCTCAGTGTTCTAATGGCCATGGCCAAGGACATGGTAGGAGTGTCCAAGACAATAAGCAGCAAGATACGCGAACAGAAGGGAGAAATATC
TGACGATGAAACGGTGCGTTTCAAATCCTACCTCATGAGCCTGGGCATCGATGATCCCGTCACGCGGGACAACTTTACCAGCAATTCTGCCTACT
TCAGTAGCCTGGCCCGACAGATTTGCGAAATGCTGCTGGATCCTATCGAGGAGCAAGGTGGCATGATGTCCTTGGCTGATGTCTACTGTCGTGTA
AACCGCGCTCGTGGTCTGGAACTGCTATCGCCTGAGGACTTGCTGCACGCCTGCGAGCAGCTTAGTGGTCCAATACGCCTGCGCAGCTTTCCCAG
TGGCGCTAGAGTGCTACAACTGGAGTCCCACGATGATGCCCTAATTGCCGTTGACACATTGGAGAAGGTGGAGGCTGCCGAGTCTCTGGCTGTGG
AGGAACTGGCCAAGCAGCTGGGAATTTCACTCCTGCTGGCCAAGGAGCGATTGCTAGTGGCCGAACGTTTGGGCAAGGTGTGTCGCGACGAGTCC
GTAGAGGGACTGCGGTTCTATCCAAATCTTCTGCTAGGCCGGGACTAA
(SEQ ID NO: 1520)

Start ATG: 84

MNRFAYVEARLSPNESFVSRDNRVKIYDGDQKTDFEDGEVVLTTHRLFWGRPGEIARAAVTLCLPLSYVISVSEETTASNFFGRKTRIIMHLHPP
TSDKGPGPLDTSRATHIKLSGKNGLSVEFHSALRETLNARVWEILLTSEIIINGVASSPTLEPANDRLARIQKRTGIGGIERHLEAKAKATDENI
ALAFQDLSVLMAMAKDMVGVSKTISSKIREQKGEISDDETVRFKSYLMSLGIDDPVTRDNFTSNSAYFSSLARQICEMLLDPIEEQGGMMSLADV
YCRVNRARGLELLSPEDLLHACEQLSGPIRLRSFPSGARVLQLESHDDALIAVDTLEKVEAAESLAVEELAKQLGISLLLAKERLLVAERLGKVC
RDESVEGLRFYPNLLLGRD*
(SEQ ID NO: 1521)

Classification: hypothetical

Celera Sequence No. : 142000013384603
TATAGTTGTGTCCGTGGCCGTGGAAATTGTTGCACTTGCCGAAGACTTCCAGATTCTCGGCGTCGCTCAATTGGGGACTGAAGAGAAAATAGATG
CAGCAATCAATTTAAATCGAACTGAATTGGTTTGCCAGCCGTGATTGAATCAGGCAATTGAATGATTCAATTTGATTCAATCTAATTACCTATGG
AGACGATGGCAGGCGCTGAAAGTTTCGCGACGGGTTAAAAAGGCAACAGGTTGCTGCGACATTTCAAGTCCGATTTATACTATATATCTGGATCT
GTATCTGGATGTGGATTTATATATGCGGCTGATCAGCTGCGCGCTTTGGCAATGTTTTACAATGAATGCAAAACCTGCTTTTGAGCCGCGCTTAT

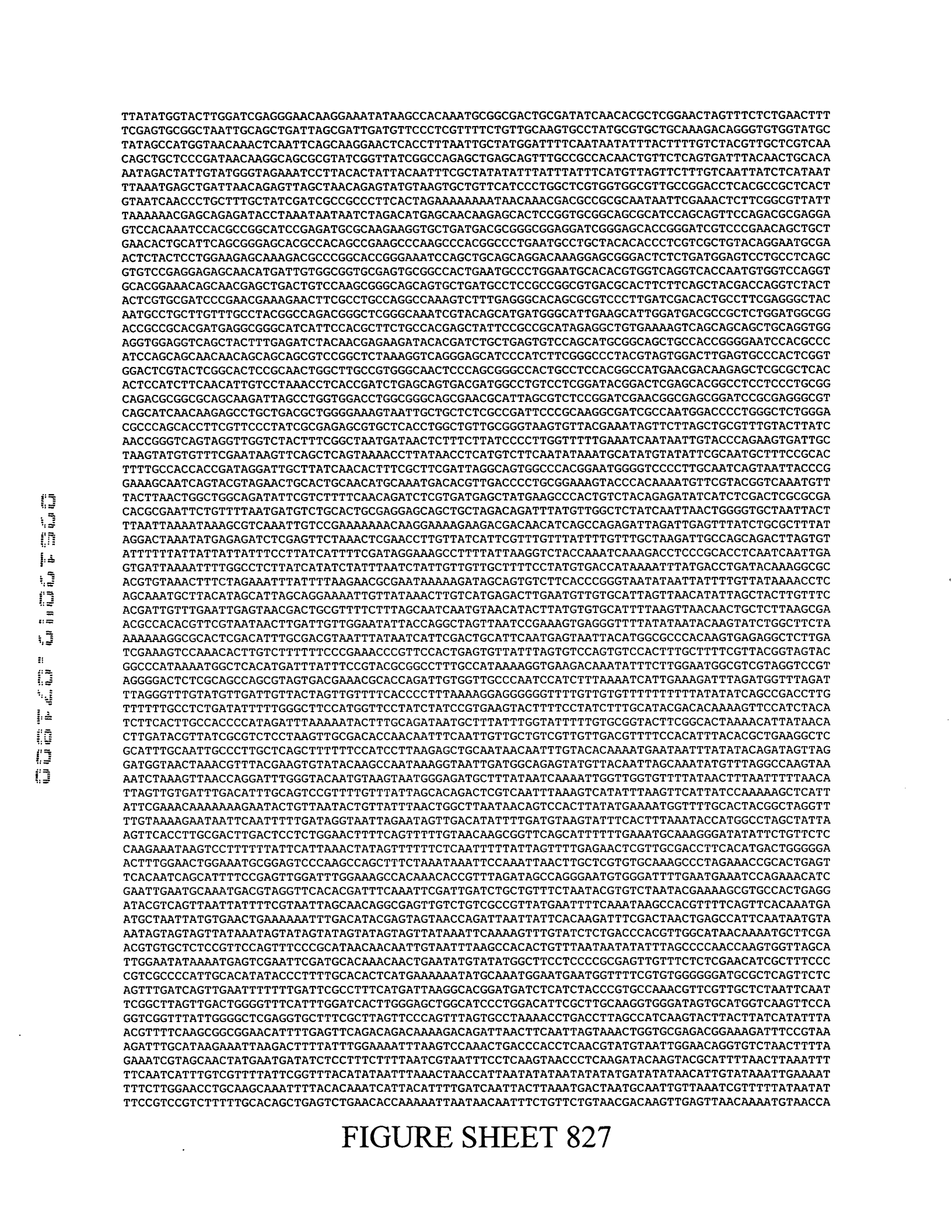
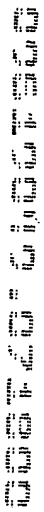


FIGURE SHEET 827



GGCATAAACTTTTGAACAATTTCAACTTTTACATACATATTTCGATTTGATTTCATTTTGACACTTGCTCGGACTGTGCAACGCTCAGTTGGTAT
TACAATAAATATAGGGGAATGTCTAATATAGACAAGGATACAATAAAAATCGGGGTCCAAAGTATGTACTACGCATATATCGAGAAAATAACAGT
TGCAAAACCTTGATTGATCGTTATAGTTTTCATTATTTCTTTCTTATATGGTAATACCTGTAACTGATCCAATTGGGTCCAAACTAAAGCAACGA
AAATAACAAAAATTTCGCTTAAAAATTTTCTACTGCAATTTACTCAGTCTCGTATGCAAAATAGAAAATTCAGTTTTTGCTTCCCTTGTGTTACA
TATATAATTTTTTTTTTTTTTTTTTGCCTAAGGTCAAAAAATGCGTTGGTCAAGCGGGGCAGGTTTTCGTTACTTGATTTTTTCGTCGTGCGCTA
TTGTTTGTCGGTAAACAAAGTGCCGTTTGTAGTTGTACATAACTGCGAAGTTGGTGTAAAAACGAAGGGCTAGATAATGAAAAAGGTAGTTGTAA
ATTGGTATCAAGTGGTTCTGGCTTTTGTAAATGGTAGTGTATTCGCAACGCGGAAATGCTGGGCAACCATTTAAAAAAAAATAGGGGTACAGTTG
CCTTAGATTATTGTAGCTGCAGGCTGCTGTCTCGCTCTCTCGCGCAATCTTCGTCTTCGACAGCTTTTTCTCTTTTCTCCTCGGGTTTTCTTTGT
TTTTGTTTTTGTTCTTACTCTTTCAGGTTTCCTTTCTTCTGGGTTAGGTTACACATCTGTATACATATATGGCATTTCGCGAATGCTGCGGGCAC
CGTCCGCAGTAGATTCGTCTCGCTCCCACTCACACCTTGCAGCTTTGCGGGGCGGCAAGGACGGTCGACTGGCTGTGATTGTGGGTGTGCTCCAG
CTCATGCTCGTGCTCGTGCATGTCCTCCTCGTCCTCGCAGATGCTGTCATGGTGCTTCCTTTGCTCCCGCTTGCGCATGTAGTTGATGAGCGGCC
GCTTCTTGTGCTCCTTGCAGAATGGGCAGTCCTTGCGCATCTGCTTCTCGGACTTTATCTGCTTGCACTTTTCTGCAATGGGAGCAATGTGATAG
GTCACCGGTTAGTGAAGGTCGGCACTGAATGTTCACCCTCGTCTGTTGTTTCCCGCATTCGCTTCCACTCTGCCTTTTAGCCTACGTGCCCTTCT
GGGCCGTCGAACAGCTGATTTGACTACGTGACGTCGCTGCGTCTACGTTCACGACGTCGCCACCGATGGCGCCCCTCCCCACGCTCGCAC
AATTTTTCCCGCTACTCGACGTGTGACCCTGTGACGGAGGCAGCTATATATTTAATATTATCATGCACTGGATTTTAGAAACCTATTTTAAAAAG
TTGAATCTATCTAATCTTTGGTTTTAATGAAAACATTGTTGTCTTTCGACGACTGTAACACAACTACTACATTGAGCACAACTGTACTTACAGCT
TGTGTGCTTTTGTGACCTGCCTCCGTTAATTAAACCATTGCTTTGATTGCTCAATTGACCGTGTTAAAAGCTAAACGGTTATTATTGATTAAAGC
CCAGCCGATCCATGAGGAAAGTCTATTTATAGCCGCCGATAAGCGACCTTGCATAATCTCTAAATGTGTTCCACACTGGGGGAAAAAAGTGCTTT
ATAAACTGGATATTTACACACATATGCATGCTACCATTCAAATACGAATTGAGTTGTGTATGTACAGACATGTGAATCTAAAGTTTAAAGTAAGC
TAGATATTTGCCTTGCATAATTTTTCACTTGTTTTTTTTTTATTTCTCTGCAACCCGATAATGCACTACGCGTATATGTATACTATATGGACGAA
AACAGCACGAAGGTTTAACATTTACACACCTCAGTTTCGTTATTGCGCTTCAGTTTTGGCACTCAAACACAATGAAACCCTGCTTTGTTTGTTCT
TCCCTATAAAAGAATCCATTGTGCGACCACCTGCTTAACTTTTGAGAGCCGATTCTGGAGGTACAGCCAAGTCTTAGTGCTTGCTTAGTTGTCTG
TGTAATTAATAATCGTAAAGTATTCGAGTGCAGAGTGTGTCTTAATGGACTTGAGTAGTGACCTCGATAAGAGCGGGTTTAACCACCTCTGAAAT
TGCCACAAAAAGTATATCTTTGCCTTTTATGATTTTCCACGAGTGACAAAGTAACGATATACTCTTTTTGTATGCCCATCTGAATTGCGCTTTAA
CTTTGGAATGCCGGAAATTCGTAAGGAACCTTGTGGGCTTTTAGCCGCTTTGTGTGTGCAATTAAGCGCGAATATCTTTAGCACGTGGATTCAAG
CCGTAAATAAAAACAAAATCGAGGGGGTGTGGAACCTACTTGATAAGGTGACTTGCGCCGCGAAACTTTGGACACCCTGTGCTTGTGCGCAAAAA
TTAAGGCGTGTTCTACACACACACACGCACACACACACTTATGCACATGGGGCTAAGAAATCAGGCTGGCTATTTATAAATGGTTGCAAAAAC
AACAAAACAACACACGCAATACACAAAAACAAGTGAGAAACGCGTCTGCTTTCAATCTCGCCCCTTTTTTGCCAGTGCATTCTGAGCGCTATCTG
TTTTTTCGCCAAAAATTACCTTGCACTCGACTGTAGCAGTCCTTGACCGCGTGTGAGGAAGTGGTGGACTCCAGGGTACCATAGGGGAACTCCTC
GTAGTCGCGGTAGTAGCCGCTGCGCATGGACCCGCCATATGCCATTGTGGTGTCGCTGACGCAGAATCCCCAAACATCCATGTCTGTGCTGTGCG
GTGTTTCGTTACTATTTTTGCGAACTGCAGTGCCAATCAACGGGATGTGAATTGTGTTTGTAATGTGGGTGTGTGTTTTTCTTTCTTTCTCTCTT
TTTGCGCGCGTTGTGCGAGGTCGTTTCACTTTGTCTCTCGATTGGCTCGGGCGTCCAATGAACCTGGCTTTTAAAATCACTTTGTTTTGTTTTTT
TAACAACGCTTTTTGGTGCACTTTTGCGTGGAGGTGACTCGCAGAGGTTTTCCTTCTTTCTTCTTCTTGAGCTGCAAATCTCTCGCCGAAATTCG
ATGTATTCTGTTGGAGGTCTCTCGTGAAACTGAAAGCCGAACACTAGAATTACTGCATTTTTGTAGCTCTCGTGCGCTGGCGATACTTCGGCTCT
TGTTTTGCTGCCCACTTCGGGTCTCCCCTATATTTACTTCTCATGTGCCTACGTGTGAATGTGTGTGGACAGTCGCGGGAAAACGTTTAGGGCAC
GTGTATATGAATGAATGGACTTTAATTTGTTTTAAATATTCTTTAATGTCTGTAGTACTTGGAATAGGTGTATATACTATGCTGCCCGCACTTGT
ACTAAAATATTTGTGTGCCTGGTTGTAAACACGTATGTGTGGCATTGTGTTTTGTTGTGTTTTCGCGTCTCGTGCTTTTGTCAGAGTTTCACCTT
CCACCCGACCCCTCCCCTTTCGAGTGCCACACACCTCTCGCTTGGGGCACATTGGTTCGCTACTCTCGAAATCACCTCTGCCGTGGAAGCAAGCA
TTTTCCAAGTGATTCACCCTGTGTTAGTTTGAAAATTTTTAATAAATATTAATTAGCCGGGGCATGAGGAATACTCTTGGAAGTTTTTCTTATTA
GCGGCGAATCGCTAATGCCGCGGAGATGACGAAAAAGTAATCATGAGAGTGATCGGACGGATGTTCGACGGCTGATCATCTGGAGGATGGGATGG
ACATTTGTGTTTTTATAAGCTGCGCTAATCACGGTCTAGACTGCAGGCCGACCATGCCGTGATTTAGCCTTATTTCTGAAACCAAATTTGGTTGC
CAAGCGGATTGAACACTTTTGAGAGCCCAAATTGGAGTGTTCTTTTTTTTTATAAACTTTCCATGGTCAAAATGGACTGTATTTCCAGCGTGTGG
CATTCTAGGCGTGTAAACCACCAGCTGCACTTTTTCACTACTTTGCCTAGAGGTTTTTGAACATTTGAAAAATTTGTTTAAATCTAGTGTTAATT
GGCAGTCTACGTCATTTTAGCCGGTTCCGATCAAGGTTTTGCTGTTTTGGCTCAAAAAGCATACCGCCTATATTAGCGCCTTCCTGCGGTTTATG
TTTTGGTGCACGCTCATTTCAGTTACTTTTGAGGAGATCGTGACTGATTTCTAAAGGTGGGAGGACGTAGAGGGCTATATTTAGGAAAAAAGATT
TTTTTTAATGTGGTACGCTTTGGTACGTGAATGACTAACAGAGAGTGTCGCCATTAATTGTATTAATTTGCGGTTAACGGACCACGGACCCAGAT
TCTGACCAGACGACACTGACGGGCCCCTAAGGTCACCTATGGTAGCTGTTTTTCAAGGCATATTTCTGCACTTGCGACCACTGTGCACGCCTACG
CCGCTGCTGCTGCGCAGTTTGTGTAATCAACCATCCTCTTTTCGGTGCCCGCTCTTGTTTGGCCCACGGTGCTGACCTGCTTAATCAAACAAGTG
TCACTTACGCACACTGCCAAGAATGTGTGCTAACTAGCTAATACGAAGCTTTATTTGAATACATACATATATACATACGTATGCATACACTACAC
TACAAAAAAAAAAAAAACTATCAGATAAAAATGCAACGGATGGCCAATGCATTTGTAATTAGGTAAACAAATATCTTACTAAACGAATATGTAACC
AACATTTTGAAAGCACTGCGATGCACCAATTAGTGAGTTTTATTTCTGAGCCTATTTCTTCCGTGTACTTGCATGTGGATGCATTTTGTTTGCAC
AACAACTTTTCGATTCCCGCACAGCGGTTGCTGATAACGACCATCAGTAGGTGCCTTTGTCACGGTAGCTTTACGCAAACAGTTGGGCGTTGTCT
TATCATTTCGTCCCTCCTTATCGCACCGAGTCCACAATCGAAGCACACACTCGAAGGTTTAGATTGTCAATTTTCCATTCCTTGAAATTTTCACA
CATCTGTTCTGAGTGCTTTCGAGTGCATTATAGTGTTCACCGATGATCGATAATCATCGTACCTCTTGCATAGTGGGGTATATTCCTTTTTGCCA
CATATGTATGCATATAGGGTTGGTGTGAAAAACCACTTTCCTTATCAACTTGGGTGCCCATCCAGTTCTTTAATTGATTGGAAAATATGTTTATT
GGGATTTCTGTTTTATTTTCTTCAGTCCATTAAATCATTATTATCACATTGAGATTAAATGGACCATTTCCAATAACAATTCCATACAGGAACCA
TTAGGATTATATATATCGGTTTATGTTGTTCCTTAAAAGATATTCAGCCGACTCTATAAGCTACTAAAAGTAGTGCATTCAAAATGCCTGATTTA
TTCATCAATGAAATGTTGTTTCGGTTTTACGTGCTAGATTAAAATAAAATGCATATAAAAATTATATTTAGGTTTATACTACTGTTACTG
ATTCACATGCCCTTGTTTGTGATTTATTTCATTTTAAAAGGTGTTAAAAAATATTGTTATGAATGTGAGAAAGCCAAGCTACACGTTGTATACCA
CAGCCATTTGCCATATTGACCCTGCCAATAATAAATAACTTGATTTACCCCAGATATTAACATCAAAACAATACAATTACTCACCCAATCCAAAG
ATGCATCACAGAGCTTTTAATATAACTGACGTTGTTCCTTCATTCCAGGAAAACCTCGGCGGGAACTCGAAGACGGTCATGTTGGCCACCATTTC
ACCGGCCAGCATCCATGCGGATGAGACCCTAGCCACTTTGCGTTACGCCTGCAAGGCGCGTTCCATCGTCAACCGGGTGAAGGTAAACGAATCCC
CCCACGACAAGATCATACGGGATCTGCGCGCCGAGGTGGATCGCCTGAAGTCGCTGAGGAACGAGTACGAGCGCCAGCGGCGCTTGTCCGGCAAT
AGTAACAATCCCGTGCCACGTAAGATCATCATTGAAACCTCCGTGGACGAGACCGAGGTGGAGGCACTGCGTCAGCAGCTGGCAGAACGGGAAAG
GGAGCTGAGTCGAGCGCAAAAGTCATGGATGGAGAAGCTCAAGGAGGCGGAGGATCAGCGCAAATCGGAACTTCGTGTCCTGAAACGCCGGGGAT
TGGCTCTGGAACTAACTGCTGAGCAGAAGCAGGCCTGTCTGGTTAATTTAACAGCGGATCCCATACTAAGTGGCACCCTGTTCTATCTGTTGCCC
CAAGGACTAGTGCGGATAGGACGAGGTCGTCTGCCAGGAGGGAGTTCTAGTTCGCAGCCTGATATTGTACTGGATGGTCCACTGGTGGCCTTGCA
GCACTGCAGCATCGAGCATGAACGTGGTGGCAAGTTGTATGTCATCCCCGGCAGCGAGGACTTCGAGACCTACGTGAACGGAGAACTACTGAAGG
ATCGTCGCCAGCTGTTTCATGGCGACCGTCTCGTCATAGGTGGCTCCCACTACTTTCGCATTTCCAATCCCTTCTGCTCGCAAAGAGGCAAGGCC
GATCATCCGGTAGATTTCCAGCTGGCCCATCAGGAGATTTTGCAAAAGCAGGAGCAGCAACTTCGCTCCGAATTGGAGGCGGAAAAGCGAGCCGC
TCTCACGAAGATTGAACAGGAGCGGGCGCAGCATGCCCGGGACTTTGAGGAGCGTCTGCAGTGCCTCGAACTAGAGCAGTTCAAGTACAAATGCA

ACAGCGAGATGCTGGAGACGGAACGCCAGGCCTTGGCCTTGGCCCAACAACAGGAACACACTCCGCTAAGGCATGAAGATGCAGTATCAACTCCA
GCACAGAAGTCGACTATACTGGAGGACATTCAACGCATCATGCTGAATCCCTCGGAGGAGAGTCTTCACAAGACCCAGTTGATGGTCAAAGAGGC
CACCCAGCGTTGTCGCCAGTTGGACCTGCCATTGGAGTTCCGGCAAACTCAGACGCCAGATGAATTTGGTCTCCTGCGCACTGTTATCTTGATTC
TGGATAAGCAGCGGGGATTGAAGGCCGAGTGGCCCACAGCTAGACTGGGTGTGTGGTTGGATTTGGTCAGGGATAATGCTGAACAGCAGGAAAAG
CTGAACGCTACAACCATTTTCCAGAGTGTTGAGGTGGATTGGGAGCCACTGGACGCGGATCTCAATGAGACACTGAGTGACACACACAACTCCAG
TCGCATTGCCCTTAATCTGAGTGCCATGAAGGATGTTCTGTTGAATAAACCGCTGAAACGCCTGCTCAACGCATCCAGCAGCAAGAGCAATACAC
CGCGACAGACATCCACTCCCTCACCTGGAAGCCAGCTGGTGCACTTCACCAAACGCCTGCTGACCTACGATCCGGAGGAGATACCTGAAAGCCAG
AGTAGTTTCACAACGCTCGTCCAGCAGGAGCTGCAAATCATGCAGCGATCCGCCCAGCGTTTACGGCGACACTGCGAGGCTGCCCTACTCGAGCG
TGAAAACCATCAGGACAACGGCGTCCTGGCCGTCAGCCTGCAGGAGGCTCTGGCACGAATGGACACCGTGCTGAACGGGATGCACACTTCGTTGG
CGAGAGCGGAGGCCACTGCATGTGTCACCTCGCCGACGAAAACACAGAAGGCTGTGCGCTTTCTTATCGATTGACGGAGATTAGTTCGCACCTTG
GACTAGATTTTAATGCTGCAATGTGCTTTGTGTTGTTTTTATGTTTTTAAATATATATTTTTTGTATATTGATTTTTAACAATAAAATGTATTGA
TAGCACCTTCAAGTGAAACTGGCTTTTGGGAAATATTTTAAAGTGGCGGTACAAAAAAAGACTTTTCAATTAGTTTATCAAATAAATCACTAGCT
TTAGTTTGTTTTTGTAATGATTTTCTGGTCTTACATAACTTAATATCCAAATCATGCTTGTACGTAAGTGACATAATAGTTTGCTCTGGCATTAA
AATAATTATTTACTTCATTATCACCTCTTCGAAAGTTTATCACGGTTTTCGAACAACTTTGTGTCAACATCCAAATATTGGTTTATAAAAATATT
AAAAGTACCGCAGGCTAATAACCATGTGTTCCCTCTGCCTTTCTTGTGGAAATCTTCAACCTTGGGCCTCCTCCTCTTCCACGCCTTCAGTGGAC
TCCAGCTCCTTATCGCCAGCCAATTGCTCAAGTAGTTTTGTGTTCAGATCAACTACCCAATCGCAGAACTGTCCGCCCTTTAGGCTTACGAAGTC
GGCCAGGAACACGTTTACCCTTGGCTCGTCCTTTGGCTCGAAGGGACCTGGAATCTGTTCCTGAATCCAAGGCTGCAGCTTCTTGTCCACCCGTT
TGGCTGTGCTCTTCAGGGTGAAGAAGAGCCGGAAGGCGATATAGCGACCAGTGGGCGTGATAAGGCACTGGGAGACATAACCCTGTTGGGGCTGT
CGCGAGAGTAGGGAATCCTCCAGAAAGGACTGCAGCTTCTTGACACTCGCTTTATTGGGCCACGGTGTGGGCCACGCATAACTGGGCCAGAATCT
CAGCGGCAGTGGAATGGGACATCGCCTGTAGATGATCACCACGCTGCGCTGCATTTCCAAGCATCTATTCAGAGTACAATCCTTGAGTGAACCAT
CCACTGTGGAGTACAGACGATGGGCGAAGAACTGGATCAGATCCTTGTGCAGCTTCTGGTGATGAGCCACTGTCATGGCGTAAAAGTGCTGCAGA
TCCAGGATTACCACCTCCTCTGGATGGGTGTCCACGAACTGGCGAATCTCCAGAAGTGGCTCAAAAAT
(SEQ ID NO: 1522)

Exon: 1001..2523
Exon: 12874..14933
Start ATG: 1084

Transcript No. : CT30035
TAACAAACGACGCCGCGCAATAATTCGAAACTCTTCGGCGTTATTTAAAAAACGAGCAGAGATACCTAAATAATAATCTAGACATGAGCAACAAG
AGCACTCCGGTGCGGCAGCGCATCCAGCAGTTCCAGACGCGAGGAGTCCACAAATCCACGCCGGCATCCGAGATGCGCAAGAAGGTGCTGATGAC
GCGGGCGGAGGATCGGGAGCACCGGGATCGTCCCGAACAGCTGCTGAACACTGCATTCAGCGGGAGCACGCCACAGCCGAAGCCCAAGCCCACGG
CCCTGAATGCCTGCTACACACCCTCGTCGCTGTACAGGAATGCGAACTCTACTCCTGGAAGAGCAAAGACGCCCGGCACCGGGAAATCCAGCTGC
AGCAGGACAAAGGAGCGGGACTCTCTGATGGAGTCCTGCCTCAGCGTGTCCGAGGAGAGCAACATGATTGTGGCGGTGCGAGTGCGGCCACTGAA
TGCCCTGGAATGCACACGTGGTCAGGTCACCAATGTGGTCCAGGTGCACGGAAACAGCAACGAGCTGACTGTCCAAGCGGGCAGCAGTGCTGATG
CCTCCGCCGGCGTGACGCACTTCTTCAGCTACGACCAGGTCTACTACTCGTGCGATCCCGAACGAAAGAACTTCGCCTGCCAGGCCAAAGTCTTT
GAGGGCACAGCGCGTCCCTTGATCGACACTGCCTTCGAGGGCTACAATGCCTGCTTGTTTGCCTACGGCCAGACGGGCTCGGGCAAATCGTACAG
CATGATGGGCATTGAAGCATTGGATGACGCCGCTCTGGATGGCGGACCGCCGCACGATGAGGCGGGCATCATTCCACGCTTCTGCCACGAGCTAT
TCCGCCGCATAGAGGCTGTGAAAAGTCAGCAGCAGCTGCAGGTGGAGGTGGAGGTCAGCTACTTTGAGATCTACAACGAGAAGATACACGATCTG
CTGAGTGTCCAGCATGCGGCAGCTGCCACCGGGGAATCCACGCCCATCCAGCAGCAACAACAGCAGCAGCGTCCGGCTCTAAAGGTCAGGGAGCA
TCCCATCTTCGGGCCCTACGTAGTGGACTTGAGTGCCCACTCGGTGGACTCGTACTCGGCACTCCGCAACTGGCTTGCCGTGGGCAACTCCCAGC
GGGCCACTGCCTCCACGGCCATGAACGACAAGAGCTCGCGCTCACACTCCATCTTCAACATTGTCCTAAACCTCACCGATCTGAGCAGTGACGAT
GGCCTGTCCTCGGATACGGACTCGAGCACGGCCTCCTCCCTGCGGCAGACGCGGCGCAGCAAGATTAGCCTGGTGGACCTGGCGGGCAGCGAACG
CATTAGCGTCTCCGGATCGAACGGCGAGCGGATCCGCGAGGGCGTCAGCATCAACAAGAGCCTGCTGACGCTGGGGAAAGTAATTGCTGCTCTCG
CCGATTCCCGCAAGGCGATCGCCAATGGACCCCTGGGCTCTGGGACGCCCAGCACCTTCGTTCCCTATCGCGAGAGCGTGCTCACCTGGCTGTTG
CGGGAAAACCTCGGCGGGAACTCGAAGACGGTCATGTTGGCCACCATTTCACCGGCCAGCATCCATGCGGATGAGACCCTAGCCACTTTGCGTTA
CGCCTGCAAGGCGCGTTCCATCGTCAACCGGGTGAAGGTAAACGAATCCCCCCACGACAAGATCATACGGGATCTGCGCGCCGAGGTGGATCGCC
TGAAGTCGCTGAGGAACGAGTACGAGCGCCAGCGGCGCTTGTCCGGCAATAGTAACAATCCCGTGCCACGTAAGATCATCATTGAAACCTCCGTG
GACGAGACCGAGGTGGAGGCACTGCGTCAGCAGCTGGCAGAACGGGAAAGGGAGCTGAGTCGAGCGCAAAAGTCATGGATGGAGAAGCTCAAGGA
GGCGGAGGATCAGCGCAAATCGGAACTTCGTGTCCTGAAACGCCGGGGATTGGCTCTGGAACTAACTGCTGAGCAGAAGCAGGCCTGTCTGGTTA
ATTTAACAGCGGATCCCATACTAAGTGGCACCCTGTTCTATCTGTTGCCCCAAGGACTAGTGCGGATAGGACGAGGTCGTCTGCCAGGAGGGAGT
TCTAGTTCGCAGCCTGATATTGTACTGGATGGTCCACTGGTGGCCTTGCAGCACTGCAGCATCGAGCATGAACGTGGTGGCAAGTTGTATGTCAT
CCCCGGCAGCGAGGACTTCGAGACCTACGTGAACGGAGAACTACTGAAGGATCGTCGCCAGCTGTTTCATGGCGACCGTCTCGTCATAGGTGGCT
CCCACTACTTTCGCATTTCCAATCCCTTCTGCTCGCAAAGAGGCAAGGCCGATCATCCGGTAGATTTCCAGCTGGCCCATCAGGAGATTTTGCAA
AAGCAGGAGCAGCAACTTCGCTCCGAATTGGAGGCGGAAAAGCGAGCCGCTCTCACGAAGATTGAACAGGAGCGGGCGCAGCATGCCCGGGACTT
TGAGGAGCGTCTGCAGTGCCTCGAACTAGAGCAGTTCAAGTACAAATGCAACAGCGAGATGCTGGAGACGGAACGCCAGGCCTTGGCCTTGGCCC
AACAACAGGAACACACTCCGCTAAGGCATGAAGATGCAGTATCAACTCCAGCACAGAAGTCGACTATACTGGAGGACATTCAACGCATCATGCTG
AATCCCTCGGAGGAGAGTCTTCACAAGACCCAGTTGATGGTCAAAGAGGCCACCCAGCGTTGTCGCCAGTTGGACCTGCCATTGGAGTTCCGGCA
AACTCAGACGCCAGATGAATTTGGTCTCCTGCGCACTGTTATCTTGATTCTGGATAAGCAGCGGGGATTGAAGGCCGAGTGGCCCACAGCTAGAC
TGGGTGTGTGGTTGGATTTGGTCAGGGATAATGCTGAACAGCAGGAAAAGCTGAACGCTACAACCATTTTCCAGAGTGTTGAGGTGGATTGGGAG
CCACTGGACGCGGATCTCAATGAGACACTGAGTGACACACACAACTCCAGTCGCATTGCCCTTAATCTGAGTGCCATGAAGGATGTTCTGTTGAA
TAAACCGCTGAAACGCCTGCTCAACGCATCCAGCAGCAAGAGCAATACACCGCGACAGACATCCACTCCCTCACCTGGAAGCCAGCTGGTGCACT
TCACCAAACGCCTGCTGACCTACGATCCGGAGGAGATACCTGAAAGCCAGAGTAGTTTCACAACGCTCGTCCAGCAGGAGCTGCAAATCATGCAG
CGATCCGCCCAGCGTTTACGGCGACACTGCGAGGCTGCCCTACTCGAGCGTGAAAACCATCAGGACAACGGCGTCCTGGCCGTCAGCCTGCAGGA
GGCTCTGGCACGAATGGACACCGTGCTGAACGGGATGCACACTTCGTTGGCGAGAGCGGAGGCCACTGCATGTGTCACCTCGCCGACGAAAACAC
AGAAGGCTGTGCGCTTTCTTATCGATTGACGGAGATTAGTTCGCACCTTGGACTAGATTTTAATGCTGCAATGTGCTTTGTGTTGTTTTTATGTT
TTTAAATATATATTTTTTGTATATTGATTTTTAACAATAAAATGTATTGATAGCACCTTCAAGTGAAA
(SEQ ID NO: 1523)

Start ATG: 84

MSNKSTPVRQRIQQFQTRGVHKSTPASEMRKKVLMTRAEDREHRDRPEQLLNTAFSGSTPQPKPKPTALNACYTPSSLYRNANSTPGRAKTPGTG
KSSCSRTKERDSLMESCLSVSEESNMIVAVRVRPLNALECTRGQVTNVVQVHGNSNELTVQAGSSADASAGVTHFFSYDQVYYSCDPERKNFACQ
AKVFEGTARPLIDTAFEGYNACLFAYGQTGSGKSYSMMGIEALDDAALDGGPPHDEAGIIPRFCHELFRRIEAVKSQQQLQVEVEVSYFEIYNEK
IHDLLSVQHAAAATGESTPIQQQQQQQRPALKVREHPIFGPYVVDLSAHSVDSYSALRNWLAVGNSQRATASTAMNDKSSRSHSIFNIVLNLTDL
SSDDGLSSDTDSSTASSLRQTRRSKISLVDLAGSERISVSGSNGERIREGVSINKSLLTLGKVIAALADSRKAIANGPLGSGTPSTFVPYRESVL
TWLLRENLGGNSKTVMLATISPASIHADETLATLRYACKARSIVNRVKVNESPHDKIIRDLRAEVDRLKSLRNEYERQRRLSGNSNNPVPRKIII
ETSVDETEVEALRQQLAERERELSRAQKSWMEKLKEAEDQRKSELRVLKRRGLALELTAEQKQACLVNLTADPILSGTLFYLLPQGLVRIGRGRL
PGGSSSSQPDIVLDGPLVALQHCSIEHERGGKLYVIPGSEDFETYVNGELLKDRRQLFHGDRLVIGGSHYFRISNPFCSQRGKADHPVDFQLAHQ
EILQKQEQQLRSELEAEKRAALTKIEQERAQHARDFEERLQCLELEQFKYKCNSEMLETERQALALAQQQEHTPLRHEDAVSTPAQKSTILEDIQ
RIMLNPSEESLHKTQLMVKEATQRCRQLDLPLEFRQTQTPDEFGLLRTVILILDKQRGLKAEWPTARLGVWLDLVRDNAEQQEKLNATTIFQSVE
VDWEPLDADLNETLSDTHNSSRIALNLSAMKDVLLNKPLKRLLNASSSKSNTPRQTSTPSPGSQLVHFTKRLLTYDPEEIPESQSSFTTLVQQEL
QIMQRSAQRLRRHCEAALLERENHQDNGVLAVSLQEALARMDTVLNGMHTSLARAEATACVTSPTKTQKAVRFLID*
(SEQ ID NO: 1524)

Name: KINESIN MOTOR PROTEIN
Classification: motor_protein
Gene Symbol: neb
FlyBase ID: FBgn0004374

Celera Sequence No. : 142000013384351
AATGTTTTTTTGTATTGAAAGTATATTTAAAATATCTCAAGTTCAAACTTTGATTTTTGTAAGAAAGATTACGCTCTTCGTTATTTTTTGACATC
TAGCCCCATTATTTTACCACTAAGTATGATCGGATTTTTTAACAATGTCAGAGGAGCCAATTTTCATCACCCACTCATGAGGTGCCCAACATATG
AATATGTCAACTTTTAGTCCCACCGAAACCAACGTCTTAGACCCGGCTGTGATAATTAGCGCAATTCGTTTTTCGTCTTCTGCACTCGAGCGCCT
TTCTAGCTATCTTAATTTATGTACTTACGTTTAGCACAATTTACGTTTATTTTTTCTGAAACTTTAGCAACCTCCGAGGCTCTCAAACTGCAAGT
TACAAACACAATCCTTTCGCTTTCACGCTCTCTCACAAGCACACGTCCACACATTCTAGTAATCTAAGCCAAGTTTTTATAAATATTGTAATTAT
ACACCTGAACACGCACACACACTTGCACACAAAAAGACAGGGTGAAGACCTACCAAACCAAAAAAAAAAAAAAACACAATTTTCAAAGGAATAAA
TGTTTAAGAAGCCAAAGAAATTGTGCGTGTTTAGCTAATTTTCCCGATCGCAACCAAATGGAGAAAAGTAATCGGCGAGCTATGCAAAAACTAGT
ATATTTCATTTCATAATACAATAATTTATGTACGCTGGCGTACTTTACATATCTTTGTGTTTCCTTTCGTAGTTCGTAGTTCCAGTAGTATAAAA
ATTGTTCGAAAAACACATACGAAAATGATAGTGGGGCAAAGTAGTTGAATATCCATGATATGATGATTAGCAAACACTTTGGCTTAAAATTAAA
GACATGACATGAGGTGTGCGGGGAGGGCGGGGAAAAAGACATAAATATCTAAATGTAAACTGTTGCACTTAAATGAAATGAAGCCAGGGCGCTGC
TGGCTGCTCTCCCTGGATAAGTATAAAAATATGCTTCACGGCCGGCGCATTTAAATGTTTTCCACGTGCCACACCTTGGTGTTGCAGTCCTGTCC
GGTGGAGATCACAGTGTTATTGTCCAGCCAGACCAACCGAGTGATTTGCGACTGCGGATGGGCATCTGGAGTGGGCAGAAAACAATATGTCAGAT
ATCGCTTAAAGCTTACTACTCTTTTTGAAATACTTACTCTTGATGATAGTATGTTTGGCCGGATTGGCCACGGACCAGATAATGATAGTAGTGTC
CAATGATCCACTAGCAACCAGCAGCGAGTTGGGCGACCAGGCCACCGTATTTACGCGAGCACTGTGGAAGCCCCACTCCTTGTTGTGTGCAGGCT
TTTAAAATACACTCGATTAGTAATGGAATTAAGACATTTATGATTCCTTAATACCTTGTACTCCTCCACTGAGTAGAGCACCACCTTGCGATGGG
CATCGCAAGCCACCAAATACTTCAAGTCCGGCGAATAAGAAACATCCGTGACAGCTCCCAAGTGATCCAGCTCCACTTTGGGCTCCAATACTCCG
CCCTTCAGGGTGTAGATGTGCAACTTTTGGTCATCCCCGCCGACAGCAACATCGGAAGTGTCCGCATTAACGGCAATCGAGCTAGCCTCGTACTT
AATGGGCAGCGAAAAGATCTTCTTCTGGTCCTGCACGAGAGTCAACTCTTTGATGCAAGCAAGTGCAATGATGTTCTCGTTGCGCAAAATGGCCA
AGCCACGTGGCTGGCAGTTAAGCTTCACCACATAGTCCGTGTAGGAGTTGCCCTCCACGCTGAACTGGCGTAGGCTGTCGTCGATGCCACAGGTA
TAGACAAAGTCACCCCAGGCGGCAATGCCGTTGATCTGGTTTCCGTGTCCAGTGCCCGTGATGCGATCGTTGGTGCCGCTGCCCGAGTTCCAGTT
GGTCACCACGCCATCGTGGCTACCCGTGTATATGGTGCTGCGGTCATCGCTCAGTCCCAGCACGGTGATGGGCTTATTGTGGCCCTTCACCACAC
GCAGCGGTTTCGAGGGATCCGCCACATTGAGGTAGGTGATCACGCCCGAAAGCGAGACGGTGATTAGGTTGTCTCCTTGCCACAAGCAGGACACC
TGCTGGTCGTCCACAGTGGTGCCCATCACAAACTCGCTAACCAGCTCGCGCGACTCCACTGTCCAAAGGCGGCACGTCTTGTCGCCGGAGCAGGT
TAGCAGTTGGGTGCTGTCTGGTTTCCAGGCCAATGCGTAAACGCCGCCCTTGTGGGCAGGAGATCCAAATTCGCCCACCAGTTCAGAGCTGGTGC
CATCGTACAGAAAGACTTTGCCATCAAAGCCGGCGGAGGCGAAGAATTTGCCATCGGGCGAGTAGCGCACAGCCTGGACGAAGCGAGAGTGATCC
TGCTTGGTCATCTTGAACTTGAACGGGGGTCCCTCGAACACGGCGATAGTATTGTCTTCGCTGCCTGTAATAACAAGTGTGTGTGTGTAAGTAAG
TTTATTGCATTTTGGGACTATTATGTGAACTCACCCGTAACAATGCGGAATGGCCTGGCTGGCCGGAAGTCCGCCGAGTTAATAGACTTGGACTG
GCCACTGATCTCGCCCACAGACGTGCCGGTTTCAGACATAAAGACATGACCGAAACGTTCGCGTCCTTCACCCACGGCAACGATGCGCTGATTGT
CTGGCGACCAGCTAATATCCTTGATGGGTCCTGCAATGGGCTGGAACTCATTTTTAAGCAGGTGCTCCTTGTTGACCGTGTCCCAAATGCGAATC
TTGCCGGAGGCGTCTGGTGAGAAGAGGAGAAAGCCAAATAAATAACATTGCTCGCTTCAAAACCGCAGATAAGATAAAGAAACCGCTCCAAATAA
GGAAATGCTAATCATGACCGTGGCGTGACTCATAGTGGTCACGATTTTTATGCTCTGTTGCCGAAAGCCGGGTGCTCCAAGTGTGAAATTGCTGG
GCGAGACTTACCACCAGATGCAATATAAAATCCGCTGGGCGAGTACTTGGCCACGTTCACTGCACACGAGTGCTCCGTGTAGACATCGGCAATGG
CTGGATTCTATGGTGCGGAAGAAAGGGAAAAGCATACATACATATTTTAGAGACACTTTTAGCAAATTAAAACAAATTAATGGTAAATGGGATCC
TAATTATGAACATAGGTGTTTGGTTTTGAATTTGTTATGTATGTTTCCTTCATTAACATTTCATTTTCCAGAACCTGAATATCTTTTGGCGGAAG
ATTTTATTTCTTGATCATTAAAGATACCATAGAAGTGGCGGGATTATCGGGACAAAAGACAAAGAAACATGGAAATATTTTGAATTTATACCGAT
TCAATGGGTGAAAGATAGGCAAACACATAGCTGCTGTGAAGAATCACTTTGACCAGATGAAAACATCATAATGATGATGCGTGGGCGGCAAACAA
GAAATGTATCTATGTGCCAGTCTGTGTTTTGCCGGTTGGCCTGTGGAATGGGAATCTGTGTTTTGCGCCTTATATACTGTACATATATATATAAA
TAAATATAGAACAGCTGCCCGAAAGCCAGAAAGCACACACAAACTGGCAACAGAAACTGCAGCCTGTCCAAAAATAAAACACCATTTGGACGTAA
ATGCCATGGATTTATGGCAGGAACGGAGCAGCAGGCTGCAGCATATATCAGCTTACCTCGATGTTCCGGATGATCACAGAGTTTCCATTGGTGTA
CAGGAAGTTCTTGCCCTTGGGATCGGCACCCAAAACGATGGGTTGGCCGCGTTGGGTGCGCGGCAGAGTTGCGTAGATGTTTTCTGCAATTAAGC
GATTATTTCGATTAGAAATGGGCTGTGACTGCTGCTACTCAGATAACGCCGGCAAATTGGAGTGGGTGGAAAATAGGGTGCGGCTTCGTTTTTGG
GGAGCGAACGGGAACGGGGTCGCTCCAACGGCTCCACACGCGCCTCCTCTTACTGCTTAAAAAGGTCTTTCATATGCATCTATGCCCATTTATGG
GCATAATCACGGTGCTTCCGGCGATTGCTTTCTGCTTTTACCGTTTTTCGCCTGTTGACTCATCCCCCTCTCTACGTATCACATTCGGAGTGGGA
TCGGATTCATGACTCCAGTTTATCTCTGTGGGATTCCAACTCACTGTTTTCGTACGCCGGTGGTTGGGGTTGTGCCATTCTGGTGATTTCTCGGT
GCTCCTGAAGCCTTTACTAATTAGTGCGAAATTCCGCGGATAAATGAAAACACCAAACTCAAGTTCGCCGACGATTAGTGGTGGGCTAAGATCGA
TGTTTTCACCATCGTCGTCATCGATGGTTTTTTCTTTGCTTTATATCGACTTTGCGCTGCGTTTACCCCTTTTTAACAGCGAAGTGAACTGGAAG
GAAATTAAAAATATATTGTTCTGTGTTTTATACTAACAGTAACTACTAATTGCTACCGTTTTTAATTATACACTAAAAAATTGTTTTTTTTTTTG
GGATTGAGTTTTCAATTTCCTATATTTGAAAAGGAAATATATAATCAAAATTGTATTTTTATCTAATTTAATAAAATGTATATTTTTCAAAAACT
ATCTAAATATCGATAAATTGCGCCAAATAAATTAATCGGTCTCTGTGGTTCCCCACCTCTACCATTGTTTATATTTTTCATTTTCCGCAAGAATG
ATGCAAAGATTTCCGACGCAGGCGACCGTGGAGAATCCACGTTATGGACAGCTAATCATAGGACCTCCTGGTTCTGGGAAAACCACCTATTGCGG

Confidential - Subject to Protective Order

FIGURE SHEET 830

TGAGGCCCTTAAGTTCTATCGCGAACTGGGCCGTCAGGTGGGCGTTGTGAATCTGGATCCAGCCAACGAAAACATGTCCTACGAACCGGTGCTAA
GTGTGATGGAGCTAATCACTGTGGAGGATTGCATGGAGCACCTGAAGCTGGGACCAAACGGAGCTCTAATGCACTGCGCTGAGTATCTGGCCGAC
CATTTGGAGGATTGGCTGTTGCCGGCACTGCGCAAACTAAGCGCCACTTACAACTACTTCCTGTTCGACTGTCCCGGCCAAGTTGAGCTATATAC
CCATCACAACGCTATGGCCCGGATTTTCGAGCGTTTGGAGCGTGAAAGATATAGCCTGGTCACCGTTAACCTTATAGATTCCCATTACTGCTCGG
AGCCTGCCAAATTCATTGCCACTTTGCTGATGGCATTGAACACCATGTTGCGGATGAGTCTACCCCACGTTAATGTGCTTTCCAAGGCCGATCTG
CTAAAGAAGCACGAGACCAAGT
(SEQ ID NO: 1525)

Exon: 4247..4130
Exon: 3788..3667
Exon: 3047..2957
Exon: 2768..2505
Exon: 2439..1385
Exon: 1328..1178
Exon: 1110..1001
Start ATG: 4163 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT30041
CGAACTTGAGTTTGGTGTTTTCATTTATCCGCGGAATTTCGCACTAATTAGTAAAGGCTTCAGGAGCACCGAGAAATCACCAGAATGGCACAACC
CCAACCACCGGCGTACGAAAACAAAAACATCTACGCAACTCTGCCGCGCACCCAACGCGGCCAACCCATCGTTTTGGGTGCCGATCCCAAGGGCA
AGAACTTCCTGTACACCAATGGAAACTCTGTGATCATCCGGAACATCGAGAATCCAGCCATTGCCGATGTCTACACGGAGCACTCGTGTGCAGTG
AACGTGGCCAAGTACTCGCCCAGCGGATTTTATATTGCATCTGGTGACGCCTCCGGCAAGATTCGCATTTGGGACACGGTCAACAAGGAGCACCT
GCTTAAAAATGAGTTCCAGCCCATTGCAGGACCCATCAAGGATATTAGCTGGTCGCCAGACAATCAGCGCATCGTTGCCGTGGGTGAAGGACGCG
AACGTTTCGGTCATGTCTTTATGTCTGAAACCGGCACGTCTGTGGGCGAGATCAGTGGCCAGTCCAAGTCTATTAACTCGGCGGACTTCCGGCCA
GCCAGGCCATTCCGCATTGTTACGGGCAGCGAAGACAATACTATCGCCGTGTTCGAGGGACCCCCGTTCAAGTTCAAGATGACCAAGCAGGATCA
CTCTCGCTTCGTCCAGGCTGTGCGCTACTCGCCCGATGGCAAATTCTTCGCCTCCGCCGGCTTTGATGGCAAAGTCTTTCTGTACGATGGCACCA
GCTCTGAACTGGTGGGCGAATTTGGATCTCCTGCCCACAAGGGCGGCGTTTACGCATTGGCCTGGAAACCAGACAGCACCCAACTGCTAACCTGC
TCCGGCGACAAGACGTGCCGCCTTTGGACAGTGGAGTCGCGCGAGCTGGTTAGCGAGTTTGTGATGGGCACCACTGTGGACGACCAGCAGGTGTC
CTGCTTGTGGCAAGGAGACAACCTAATCACCGTCTCGCTTTCGGGCGTGATCACCTACCTCAATGTGGCGGATCCCTCGAAACCGCTGCGTGTGG
TGAAGGGCCACAATAAGCCCATCACCGTGCTGGGACTGAGCGATGACCGCAGCACCATATACACGGGTAGCCACGATGGCGTGGTGACCAACTGG
AACTCGGGCAGCGGCACCAACGATCGCATCACGGGCACTGGACACGGAAACCAGATCAACGGCATTGCCGCCTGGGGTGACTTTGTCTATACCTG
TGGCATCGACGACAGCCTACGCCAGTTCAGCGTGGAGGGCAACTCCTACACGGACTATGTGGTGAAGCTTAACTGCCAGCCACGTGGCTTGGCCA
TTTTGCGCAACGAGAACATCATTGCACTTGCTTGCATCAAAGAGTTGACTCTCGTGCAGGACCAGAAGAAGATCTTTTCGCTGCCCATTAAGTAC
GAGGCTAGCTCGATTGCCGTTAATGCGGACACTTCCGATGTTGCTGTCGGCGGGGATGACCAAAAGTTGCACATCTACACCCTGAAGGGCGGAGT
ATTGGAGCCCAAAGTGGAGCTGGATCACTTGGGAGCTGTCACGGATGTTTCTTATTCGCCGGACTTGAAGTATTTGGTGGCTTGCGATGCCCATC
GCAAGGTGGTGCTCTACTCAGTGGAGGAGTACAAGCCTGCACACAACAAGGAGTGGGGCTTCCACAGTGCTCGCGTAAATACGGTGGCCTGGTCG
CCCAACTCGCTGCTGGTTGCTAGTGGATCATTGGACACTACTATCATTATCTGGTCCGTGGCCAATCCGGCCAAACATACTATCATCAAGAATGC
CCATCCGCAGTCGCAAATCACTCGGTTGGTCTGGCTGGACAATAACACTGTGATCTCCACCGGACAGGACTGCAACACCAAGGTGTGGCACGTGG
AAAACATTTAA
(SEQ ID NO: 1526)

Start ATG: 85 (Reverse strand: CAT)

MAQPQPPAYENKNIYATLPRTQRGQPIVLGADPKGKNFLYTNGNSVIIRNIENPAIADVYTEHSCAVNVAKYSPSGFYIASGDASGKIRIWDTVN
KEHLLKNEFQPIAGPIKDISWSPDNQRIVAVGEGRERFGHVFMSETGTSVGEISGQSKSINSADFRPARPFRIVTGSEDNTIAVFEGPPFKFKMT
KQDHSRFVQAVRYSPDGKFFASAGFDGKVFLYDGTSSELVGEFGSPAHKGGVYALAWKPDSTQLLTCSGDKTCRLWTVESRELVSEFVMGTTVDD
QQVSCLWQGDNLITVSLSGVITYLNVADPSKPLRVVKGHNKPITVLGLSDDRSTIYTGSHDGVVTNWNSGSGTNDRITGTGHGNQINGIAAWGDF
VYTCGIDDSLRQFSVEGNSYTDYVVKLNCQPRGLAILRNENIIALACIKELTLVQDQKKIFSLPIKYEASSIAVNADTSDVAVGGDDQKLHIYTL
KGGVLEPKVELDHLGAVTDVSYSPDLKYLVACDAHRKVVLYSVEEYKPAHNKEWGFHSARVNTVAWSPNSLLVASGSLDTTIIIWSVANPAKHTI
IKNAHPQSQITRLVWLDNNTVISTGQDCNTKVWHVENI*
(SEQ ID NO: 1527)

Name: ACTIN-INTERACTING PROTEIN?
Classification: actin_binding

Celera Sequence No. : 142000013384599
TCTAATTCGGCATACGCCAGTGATTTTTTAAATATAAACAATGGTTTCGTCTAGCTGAAACTAGCTTCCTTTCTGATTTTTAATTATACAAATTC
CAAAATTCATTGGAAAACAAAATGTTCCGAAACTCAAAAGAATGAAAATTTTGGAAGCCCATATTAAAAAAAAAAACGAGACCTGTAATCATTTC
CAGTTCTGGTTCCCATTCAATTGATGACACTTGTGCGAAATCAGAGTTTATGCGAATACAAATAATCGTTTATTGCGAAACAAACCCGAAAATAA
ACGCGGATGATAATCTTTTGACTCACTGCACTGGTTCTATGCATGGGGCTTAGCCCCCAAAAAATGGCTAGATAGTACAAGTTACCCCACGACCA
GTGGCGCGGTTTCCACTGCTTCCGCTCTTTGTAGCCCTTTTTCGGGCTCTTCTGCTGCGCTTCGTTCTTCGTTCGTGCTTCTTCTTCTCCGACTT
CATCGCCGCCGTCTCCTTTGCCGCTCTCTTTGTAAGTGCAGCTCACTCCCACTCGCATATGTACATACAGAGCCCGGAATACTTGGAGTGCACTG
CTCCCTCGCGCAATTTATGTTCTGTTCGAGTACATATGCCGCATACATATGTACGTGTGCGAGTGTAGGAGGTTGTCAGAGGTCAGTCTCATCGC
CGCATGTATGTAGGTATGTACATGCATACAAACACCCGTTCCAATTGCCAATCCATTCCCCGTGGCGTTCTGCAGAAACTAGATTTCCCGCTCTC
TCTCGGTCCCGTTCGCTGGTTCTTTGTCTCTCTCGCTCTCCCGCTGGCTAAAACTGGTTGAGTGAGTTTTTTCGGCTGGCCGCTTTTGTCGGCTT
GGTTCGTTCGTTCCGTTCCCGTTCGTTTCCGTTCCTCGTTCCGCGTCTTGTAAAATTCTTCTTCGCCATGCTGGTTCATTCTCATTCAGTTCTTA
ACACTCGCCGGATAAACAACAGTTTGGCGCTTGTTCGCGTTCACTTCCCGTCGCGTTCAGAGAGAATACACTACTACTGCTGCTGCTAGTGTGTG
TGCGTGCGTGTGAACTGTGCGAAAAGAAGCAATATAAAGTATTAATACTAGTGGAATATTAAGTAAATCTAAGTGCAACAGAAACATACACATAC
CTAGCCTATGTACGTATGCTACAAGATATACATATCTGCAGCAAATAAATGTTAACTCAGTATACAAGCGAACAAAAGCACCAGAAACAAATTGT
TTAGTTTTGCTGCTCATTCTTCTTCTTCCACCGATGCCGTAGAGTTCATCAACTTGTTTAGAATCGCGTACGTGACTGTATGTATGCCTGTGTGA



GTGAGTGACAGTGTGTTGGTGCTGCCTTTTTCCTGCTGCGCTTCCTCTTGCTCGTGCATCTATCTCTTTCTGGCGGCGCATCACTTGCATTGTTG
CTGTTGCTGTTTGTTGCAATGCAACAAAACATTTTATTCTTGCCTTTTCCCCCTCCTGGTCTTCGCCTCCTTTGGCGTTTGTTTATGAGCGTGTT
TGTGTATGTGTGTTTGTTCTTTTCGACGTCCGCGCGCATTGTTGTTATTTGCTTGCATTAACTTCTACGTTTCTACGCTTTTGTTATTATTATCT
CATTTCTTATTTAGCTCTGCGCCACAGTCTGCTCTCCACAGTCACGGCCAGCAGTTGGTGTAAAAGTGTAATGTTGATGCTCGCCAAAGACATAA
ATAAAATAAGAGTGAAAAATGTAGAAAATCTAAGATATTTTTTCAGTTTGTGCAATACTACAAATTCGCTTGTACATATCCCCTCGACCTTAACT
TTGCTTTCATATTCTCTTTCTGCGGAATACTATTCTGTATATTCCCCTGGTCAATAACCACTGTATTTGCAAGAGCAAACAATAATCTGATAATG
ATGAAATGGTTTATCAACCTCTGAAGCCTAGAGGTGTGCACACTTCCTTCAACTCCAATGCGCGACGACCTTCCCCCGGCCAAAAAGTCCGAAAG
TCGAGCCTATTTATCGCGACACAACTGTTCAAACAATTCCCCAACAACATTCGATTCGCGTCGGCAGCGACTGTGTTCATGGGTATTGTTGTGGA
TATCGTTATTGTTATTGCATTTGTTGTTGCTGTTGCCGCTGCGATGCGGAAGAATAAAACACGAGTTTGTTTTCTTGTTTCTGTGTGTATTTTAA
ACCAAAATTATTACGGCAATGTTCTTTAAACTTAATCACTGTAGACTGACAGACTGATCGACGTGCAAACCACGCTTGGGGCTTCTCATTAATAT
ACGAACTGCCGGTTCGAGTGAGTTAGTGAGTGCCTGTTTTATTTACGCCGAAAGCAAAAACACAAGAGGCGAAAACAAAACCGAAACCAAAATCT
AAAAACGTGTTTCAAATTTGTTCCTATCTGTGTTGTGTCTCTGGGTCCAGTATTTGGGGTTTGGCGTACAAGCATGTGGATATGGATACGAGCAG
AACGGAAAGACGAAACATAACATATCGAATGCTATTTACTCCATGTGTCTTGTTTCACGCTCGATTTGCGTCGCCAGCAGAGCTAAGAAATAAAA
AACTACGCTTACTGATTAAAAAAGCTGTCGCCGGGCTTTATATTTTGCGTCGAACTGATTGTGTGCAGTGATTACTCGGAAGCGGGAATTAGAAA
GGACCCCGGCCAGATATTTATTTGATTAAAAAATGCAAAAGCATGCTGCTAGCAACAGAAAAGAAGATTGTTTAAATTAATCATAAAATTGCACT
AGTTTTTGCACTAGTTTACACTTTATACTTTATCGTAAACACCAGCTCGGGCAACCTTTTTGAAAACTCGAGAATTTACTGTTTATAAATAGGTA
CAACTGTACCCTAAACAAACAGAAGGGTTGAACAATTATAATTTTATGTTTTTTTCCTTGTTTTTCTAGCTCGTTACTGTATTGTTTGGAGCAGT
CGAAAGTAATCTTCTTGGGTTTACCTAAAGACTTACAAGTCTGATCTAATTCACTTTTATTCGCATTCGCCCAGTGATCACTGTAGATTACCAGC
TGCTTTGAAGATTTTCTGATTTACAATTCAGATACAATTGACAACGATCCTTCTTTTATCAACAGCGATTTGGGCCATCTCCAATCGATTCGCCA
TCGCAACCCGAACGCCTTGTGTAAATGCGTTTCCTGTGCTGTTTTGTTACTTTCTGAGATTTTCTAGAACTCGGTCGGGGTCGTTCTTCTTCCCT
CTTCTGTCCCCGCCAATCTTTGTCGTACCAATTTCGTTGTGTTTTGCTCTGCTTTGTTTTGGGTTCATGTGCGAGTTTTCATTATCAGAGAGCGT
TGCTTACCACCACGTAATAGATAACGCAGGCAACCCGAAGTTGGTACATCTCTAATTGAAAATGTTAAAGTAGATAGCAAATATTTATCGAAAGT
TAACACGAAAATGAGGCGTACAGAGAACACGTTCCAATTGATTAGATGATGTTGCACCACAAGACGATGGCATGTGCATCTGCGTTTAAACTTCC
TTTATGAGGTGAAATATTTAGGGCCTATTTAAGCTTGTAGATACTTTTAGTTAATTTGATCTTTTGCACACTTGGAAATACAGTTTGCTCTCACA
TCTAACCTTGGAAAAAAACAAAGGAAGTGAGTTTGCTCTCGACTATTTTGAAGTAAAGAGTGCGCGAATCTACATAGAAAGTCCTTATATGGTAT
TTCGTTTTACTTGACCAAAATTCTGAATGGAATGGAATATTCCCAGCCGACACTGTACCTGTGCAAGGTTGCGTCGATATTTTCTACCACCACTG
TGCAGGACACACAGACACTTGCCATCTCGCTCGCCCTCGCTCACAGTGCAGCAGGAGAGTGGGGGAAGAAGCGGCAACTAACGAACCACAGACAC
TACAAAGCGCAGTAAGAAAGAAAAATGTTGTGCAGAATGAAAAAAAAAACAAGAACAGACAACAGAAACGAAAAAGAACAAGAACTGCAATGAC
GACGCCGTTGACCTGCGGGGCCTTTGATGCGAGTGGGAAAGAGAAGGAGATGGATGGTCGTGGGAGAACGGCCCGTGGAGAAGAGCGAGCGGAGA
GTGTGAAAGAGGCAGAGGAGAGGAGCGTCTGGGATCTCGGGACCCTCTGCTAAATTGGATGCTGCTATTCTTCTTCTTCTGCTTTACCTCTTCCT
TCATTCCCTCGCCACCCATGCATCGCGCGACTACAATAAAACTCTCTTGTGCAGATTTTGTTGTTCTTGGATTTTCGCCCATTGTCTCCTTCAAT
AAAATGCGTCAAGTCAATTTCATTCACCAGCAGCTGCTGCTTTGGGGGTCGCTTCGCTGCTGACGCATCGCTGGCGTCGTCTGATAAAAAAAAAT
TCAACAAAAACCCAAAAACAAAAAAATACCAGAGAAGCAATCGTCGCAGAATTCGACGAAATTCACAAGGGAAAACAGTAAAATAGTTAGGCAAG
AACAGGAGATACATTCCAGTACCCCTTCCCTGTCACTTGTCTTGAGTCAACTTGTCTTACCTAGCTCACGAAACGCAAAACAATATAAAGACTGG
AGATATGAAATTACATCCGTTCAATAATAAAAGTTTACATATGCTAAGTTATAAGATGAAGACGAGGAGCAACGACATGATAAAGGATTAAAAGA
TTCTAATACCAACCAATGGTGGTATTAATCGGATTAGACTTTTGAAATACTTTGTTCTTTCCAATCCTAACCGAATTTTCGTTCACAATGATTA
ACATCAAAAGAAGAAGATTCATGATAATATTGATATCCAGATCCTATCTTAAAAACATTTGCTCTTTGCCAATATCTACTGTAGCGTAATTTGCA
TCAAACCAAGGCAGCTGCGGTCGTGATGCTGGCGGTGCCTTTGCGATGAAATCGAGGATGCGAATGGAATGGGATGGTCGCTGTAGGATGGGATG
AAGATTGGAATTGGGATCGGGACGGATATTTTATCTGCCGAGCGACGGCATTTTTGCTGCTGTCTCGCTTAGAAGAGTGTGTGTATGTATTTGTG
GATTTGTGTGCCTGTCAAGCAGGTAAAGGTAGTTTCTTTGTTCTGTTTTATGGCTTGCTCTTTGTGCTGGGCTTCTTTTACTTTTCGCTGCATTT
GAGTACGTCTGTATCCTCGACATAAAGTTGCGGTCAGAATATTGGGACTAAATCACTGAATGATGTTTAAGTGGTTGCAAGAGCACCATATACAG
CTGAATGTTGCAAAGTAATTTATATATTATTTTAAAACGAGATTCGCTCTCATTAGCTTTTAATATTAAACATGTATAGAGACCATTCAACTGTT
CGATAAATCGTAAACAAGTGTAAATCTATTTTTCTATTAAAACTTGGGACTATTTTGCATTTTGACATACGCACCGCACAATATTATGCCCACCA
CTGTTGGCAGTGGGTGTGTGTGTCATGGTAATTGCCTTTGTTTTTGCTGCCGCTATTGCTGCTTTTGGTACCATTGAACTCTGCTGCAGTTGCAA
CCCCAAAAACATTCCGCAGGGGAATGCATGGAAGTTGAACACAGCCTTGTTTATTTTGCTGCACAACCAGAACGAACGCCCTGCCTCCTCTAGCC
CCATCTCTTTGTAGTTGTTTTTGTGGGTTTATGCATTTTTGCGGAATTACAGTGAAGCCTCATAAAATCGTCTAAAATTCTCATAAGTCTTTTCA
AAGATGTAAAGCACTGTACAGTAGGGTGCACCATCGATGACTGGTTCTAAGTTCACGATAGGAGCGTTCCACTGTTGTTTCACGTACAGTCAGCA
CCCCCTATTTTCTCCCACACACCATCTTGATTTGGCTTGAACTTGGTGCTGCGCGCTCTTGTTCCCGATCATTATTTTTTCCATAATCATCGTCA
TCAGCAGCACATCGCAATGCCTCGCTTTGTTTTCTCTTCAGTTCTTCTGAGCCATGAAATTTATAATCTTGTACAAATTGTTTTGCATTAGTAAT
GCCTGTGCGCAGTTTGTTCCACTTCTCACATGGGGTAACCACGTCGGTTCTTTAGCTCCGCTTCGCTTTGCTCCCTTTCTTGTATTCTTATTCGT
TCTTCCGCCGTCCCTCGGTTCTTCTTCTTTTCTTCTCGTGCTTAATTATGGTGGGAGGAGGGCGGCAGGGTGTTCGGGCACGCCCTCAGTGCACT
GCACTCGCATTTCTGATTATTAGCCCGCTCTATTTTTAAACACTTTTACAAGCGGTCTGGAATTTGTCCGTACACCCCCTGCTACACTTCCATCC
ATCCACCAAAAAAAAAAAATACTGCTAAGTAAAACATATGGCACAGACATTGAGCTCCACTCCCTCTTCTCGAAAAGTGGAGGCGATTCCATTCT
TCTGATGGACTCGTGGCCCCAAATGATATTAATCTTGTCATGATATACAATACCAACTGTCAGTTTGATTTGGCCCGAACCGTTTTACCACTCTT
CCGTTTGTTCTCCGTCAACTAGTCAACTATCTCCCAAAATTTGCTAATCTAATCGATAGACAACTCGTTCATTATCAATTCCCCTCGTTCCCCCC
GCCAAGAAACGCTAAATTATTGTTTTTGATGCTCTAATTAGGGGTGTTGCACTTTTGACATGTTGGAAGTGTGTATTTTAGACGCCTAACTAAAT
ATAGTATAGCAGGTTTACTTACATAAAGATTATAATAACTTTATTAATCAATTATACTATAAATAAAATAATAGGTTAATATAATAGAATAAAGT
CAGAGTAAAGTGAATTTTTGTGATTCAAGGGTATTTCAGAAGTTCATGAAGAAAAAAACCCATGTTTATGTTTGGTTTCCACTTTGAACGGTGAC
GTTTTGGTGCTATTCTTGTATTTATTAACTAATTTGTTGAAATTACCGGTGGTAGATTTATGAGTCAGGTTTTTTTTTTATTCCTACGCTCATGT
ATGTGCGTTTCAGGTGTGATCGATACCTTTTGAAGATCACCGCTTGTTTTTTTGTTGCCCTCCCTCATTTTCCGCGATTCGCAACAGCTCGTAAT
GTTGCAGAAGCAACATTAAAATGCCGCTATTTTACACGTGTAAATTTGTATTTCTTTTGAATGTGTGTGTGCGAATTTATGTGCCTGTCGTCTGG
CTATTTTCCCCTCATCTCTTCCGCTCTTCGCCCTCTTGGGTCTTTTGTCTCTTTTCCGCTGCCGCCTTTGTCGGTATACAGAAATTTTCGCTATG
CAGTTATGTTGATGAGATGTGAATGCGATGATGCTGCTGCAACGTCATTTCTAGCATACTTGTCTCCTCTCTTCCTCTCGAAAGTTCTGCGGCAA
CATAGAACAGAGAAATGCTGAGTGAAAGGAATAGGCAAAGCAGAGGGAGAGAGGCTGGTGGCCGAGAGAACGTTTGGTTGTTATTGCTTTTGGAT
GCGGTCGTTGCCCAAATTGGAAAAAAACATGCGCACAGAGTACACTGAAAAGAACCAGTTTTGTAATATAAATAAAAGTCGATATTATTTGGCAT
AGAGAATATTTTGATTTTTGATTAGAGTATGGGAAAAAATTTGCATTAAGATATACTCTCCTATTTTAATGTATCTTTTATCAACACGGGATGAA
ATTTCTTTTCGCAAAGTCTGCTACGTTTTTGCTGTGTGTATTTATCGTTTATCGCTTCCTGCTTTTGTTGCGCTTTTCTCTTGACACTCGCTCTT
CGCTGCTCTCTCCACGCTCTCTTTCGTTCTCTCACGCAACCTGTAGCGCGCGCAAAAAAAAGTGTATTTTGGCGTGGAAAATTGTTGCTCTTTCT
GGGGGGAAGTTTCCTCTTTTTATTTATTTTGTTGTGGGTGACTCGCCGCCATATTGTTTTAGGGGTTGCTAAAACATAAGCGCAATGGGGGTGGT
GATGTGTGCAGTTGTATTGTTGCTTTTGCAGCCGGCATTCAACAGTTCGGCAAAAAGAGCGCTCATTTTGGGAATCGTCTCGCGTTGGTCGCTCT
CTTAGTAAACGTAAATAGGGTGTATTGATTTTTCCCGGGTTTTTCGCCACTTTGTTTTCCTGTCTTTCTGGAAGTTGCTCGGTTAACAGGCAGCC



AAAAAATTCTCAGACTGTCTGTGGAGTGTGACATTGCATTGCATGGCTGCAGTTGCGGAGTAGTTGTTGTTGCTGGGAGCTGGAAAATCCCCAGG
ACATTTGCAGCTCTCTGTCGCTCCGCTGTCGCGGCCACTGCCGGCGTCGCTGCTTTTGCGGGGACCTGAGCTTTACCCGGGTCGCTGCATTATGC
GCAGAGTTAGTTTTGCAGGGAGCCGCGTAGCATTCACGTCACGCAATTTGTACATAACTAGCGAAGATTTTAACATTACATTAGTTTGCAGTGTC
CTTGCCGACGCACGACGTCACTGTAATGCATAAAATAAACCAAAAACAAGAGCTCTCAATTAACCTTGCATTCAATTATCCTTCCTAATAACCAT
TTTTCTCTCTCTTCCCATTGCAGCCTTTTGTGCGCGCGACGCAATTATCTGACAGCACTTGAAAGTATGCTACACAAATTTGTTTCAACTTGTTA
CTGCAACAATAACAACAACCAAAACAACGGCAACCATCCCACGCAATTTATCATATAGACTGCGTAGCAAGCAAGAGCGAGACAGCAACACGGCG
CAACCAGCAGCGAGAAACAACAACAACAAGCAGAAATCAGGAAACCAGGAAACGAACTGGAATATATAGAAAATTCTACAACAAACTACAACAAC
AAAGCAGTAAAGGTAAGTCGGCTTATCTCCGTTTAATGAGTTTTACGTTTAGTTTTCGTCGTTGCACAGTTTTCCCTTTGTTGGAAATTTACCGG
TAGATATATTTTACATACATACATTCATATATGCAGCTCTTTATCAGGGATTTCTCGCGCCCATATTTGGTATAGCTATTCAGATTAGGCGGCAA
CTAAACTGTAAATATAATTTAGCTTTATAATTTGAAGTCCCTAATTATTTGCACAGGAACTGGAAGTTGGAGATAAATGTTTTTATTCTTGTAAA
TTAAATAATTATTTACCTTTATTTACCGTTATTTACCTTTAATGGCCTTCCGTATTCTTCTTTTTATTTGTAACAAACTTACTATTCCAATGTTT
CTAAGAATGGATTAGCATACCTGTACCTACGCCTAGAGGGCTATTTTGGGCAACCCAATTAACCTCAAAGTTAAACAAAGTAATATCCTTCACGA
CGAAAAAGTGAATATTTGTGGAGCTAGAAAGGACTTTCTAGGGAGCATTGGGAAAAGGCATTAGGTCTGGGTGTATGTGCATGATAAATGTACAT
CCAGTCTAGACAGTTGCAGTCACCCTTCCCATCCCTCTGACATATACAACCTTCCCCCCTTGGGCGCATTTTTCGGGGTTGATTTTCAGCTGCCT
CTCTTTGCTTTCACTTGGATTGCCTTTATGTTGGCTTTCTTGTTGACGAAAGTTTCGCCTGGTCTGGAAATCTAGAGAAGTTTCTCCGGGGCTCC
ACAGTTTTCCTTATTTTGTTTTTTTTTTTTGTTTACTTTTTTGCGACGGGGGCTTGTTGTGAAACTCCCCGTTCGTTTTCCCTGCTTTTACTGCTC
GCATTCTACCCAACTTCAGATTCGCCGTCCTTCTCGAAGGCAACGAACCGCGAAGGCAGCGAAAAGGGGAAGTAAAATTATGATTACGGGGTGTC
CTGTCCTGTCCTGTCCTGTCCGTCTGTCTGTCTGTGCGTGCGTTTATTGCATTTGTGTCCGTCTCCGCGCAAAGGATAAAGGTTAGGGGGTAGTA
GATGTAGACGGGCAGCGATTTCCTCCCCGGTCAAAGTCCTTTTATCCAGGCGTACAGCTTCACTTTTAGCCCCGCTTCTTCACTCTGCCGTAAGA
AATTGGAATTGTGTTTAAAAGCATTCGGTGGGGGCGCGAATCCTAGTTTGATTCGATTCAGTCTGTTGGGCTGGGGAAATAGTAATACCAAGGGG
AATACACAAGCCACATACCTTTCAACTGTCGTCTTCGAAAATGTTTAATAAAACACGGTTCACAGCTGTCGCGCTTTGGGGGATTAGATGGAGCA
TGGAGCAGGATGAAAGCAGGATTGGAAGGAGGCAATTAACTACAAATTATGATAACAAAGGGGATGACTAAGGAAAAGGGGCCGTTGTTTGTGGG
GTGTGGCACATTTGTTTGTTTGGAGGGGCCATGGAAATGCCACAACGTTTTGGTTCAAGTGGAGGAAATGCTGACTCACAAGGATAAAAGACAAG
GACCGCAGGTGACTCATGGGTCAGTCGATTTGAGGGGCGAAAGTGGCGGAGAGTAGGCGAAAAAAAAACACGTGGTTGGCACAGGAAGCATTGAA
ACCATTGCTAAGATTATTCACCTTCGTTGTGGGGAACTTAAATCGATTAGATTATAAGTCCGTATTTTCCAATAAATGTATTCATTGTCTACATT
GTTTAATTAATCCCTCCACTTGTTCTTTCTCCTTGCAGCTGTTACTCCTAAAGGTAAACGGAGCCACCGACGGCACTTACAACATAAAGATGGCG
TCCTCACCGACACCATCTCTGGACTCGATGCGGGGCGGGGCGAACTCGATTGAATCGTACGAACACGCCGGCTATCTATCAGACTCTCCGCTCAC
GTTGAGCGGTTCATCGCCACCGGCAAGCGATTCGGCAATCTGCAGTGATGAGTACACGGGCGGCAGCAGCGTTAAATCACGCTCTGAGGTGACTG
TAATCAATGGCCATCATCCCATTTCGGCCTCCGTATCGTCCAGCTCTTCGGCCAGCTCTTCATCCTGCTCGTCGTCATCGTCCTCATCCTCGTCT
TCGTCATCGTCCAGCTCCTCGACCAGCGGCCTCAGCGGTTGCGGCAGTACCAGCAGCAGTGTGATCAGCGCCAACAACGTTGCGAGCAGCAATGG
ACCAGGCGTTATCGGCAGCAATCTTCAGTCCTCAAACAATGGCGGCAACTCGGGCATCAGCAGTCTGGTCGTGGGTGCGGGCAAGGGAAGCAACA
GCAGCAGCAACAGCTCCTCGAGCAACACATCCGCCAATGGATCTCCGCCACGTTGCACCGCCTGCAAGAGCAAGTGCAGCGATGCGGTGGCCAAG
TGCTTCGAATGCCAGAGCTACCTGTGCGCCAATTGTGTAACTGCTCATGAGTTCATGCACTGCTTCAACGGACACAATGTGTGCCTGATTAAGGG
TTTTGAGGCGAGCACCACTGGCACTCCGCTGTCGGTTGGATCGCCTAGCAACAATCCGGCGTCGAATGAGTTCAAGTACGCCAGTTCGCTGACCA
TGATGCTGCAGCAGCAGCAACAGCTCGACTCGCAACAACAGCAACAGCAGCAACAATTGCTGCCGGCGCAGCCTATGTCGCAACTCTCGAAGATT
GTACTGGCAGCCGCCGCGCAGGCAAATTCCCAGGAGCAACAGCGAGAGGATAGCATCTATGGTTCACTGCACCCACAACAACAACAACAGCAGCA
GCAACAGCAGCAGCGACAACTCTTCTGCCCCCGACACAAACAGGAGCTGCTCAAGTTCAGTTGCCGCACCTGCTGCATCCTGGTGTGCAAGGAGT
GCATTGTACTGGAGCACTCCACAGGTCTCCACGAACTGGAGAACGTGCAGTCCCCCGGAATGACAACCTCTACGGGATCCACAGCCAACGAGTCA
GCTTTGCAGACTCTGCTCGCCGATATGCGTGGCAAAATTGGCGAGATTGTCGGCATTGCTGGAAACTCGGACCAGAATCTCACCAAGGTGAAGCT
GCAGTACCAAAAGGCTCACAACGAGCTGAACGAGACGCACCAGTTCTTCGCTTCCATGCTGGACGAGCGCAAGACCGAATTGCTCAAGGAACTGG
AGACGCTGTACACGGCCAAGGTTAACAGCAACAATTCGTGGCAGCAACGCTCCCGCGACTTGATCGACAAGGGACTGGCCACCTGCGAGGCGGTC
GAGCGGAGTCCTGCTCCGCCATCATCCTTGCTGACAGAGGCCCTTCTCCTGCGCAAATCCCTGGAGCAACAACTACAGACGGGCATTCAGGAGAT
GCAGCTACCATTCGAGATCGAATTTATGTCCAACTATCAGTCGATTCAGGCCGGCGTGCGCAACACCTTTGGTTACATTCGGGCAAACAGCTCAG
ATGGTGGACCTACTGGCATGAGCCTGACGAGCAATGGCCACGGAAAGCAGCCGCCAATTGCCCGACCAACACAGAGCGCCAGCAACAGCAGTGCG
AGCAGCGCGGGCAGTGGTCACCATGGCCACCACCAACAGTCACACCATCATGGCCACCACAATCATCACCAGACGGCCCATCATCAACAGCTGCA
GGCGCAATCGTCGCTGCATGGCTTGGGTCTTGGATTGAGTGGCGCCAGTTTGTTGGATAGCAGCTCTAGCGCAGGCGGAGCAGTGGGAGCCTTCA
GCAACGGAGGACTTCTGCTGGGCGGTCGCGATCGGAACGCTCTGGCAGTGGAACAGCATTTCGGTGAGCTGATGCCCAAGCGAGGAGGAGGTGGC
TACACGGGCAGCAATGGATCGGCCACCAGTGCCGTGGCCCACTACAATCCCTACGAGAAGTGGAGCAACGGCGGTAGCGACAATCTGTTTTCATC
GGTGACAAGCGGCGTGTCCGGTAGCTCTGCAGTGGCCGATGCATTTGCCAGCCTGTCTGCTGTTGGAGGATCCGTGGTTAGTGGCGCTGGAGCTG
GCGGAAGTACTGTGAGCTCAGAGTCGTTGCTGGACCTCACCAACAAGCTGCTTTCGGCCACTATCTATCCGCCCAAGTCGCAGATCAAGCGACAG
AAGATGATTTACCACTGCAAGTTTGGCGAATTCGGCGTGATGGAGGGCCAGTTCACGGAGCCCAGCGGTGTGGCGGTAAATGCCCAGAATGACAT
CATTGTTGCGGATACGAACAACCATCGCATTCAGATCTTCGACAAGGAGGGACGCTTCAAGTTCCAGTTTGGCGAGTGCGGCAAGCGTGACTCGC
AGCTGCTCTATCCGAACCGCGTGGCCGTGGTGCGCAATTCCGGCGATATTATTGTCACCGAGCGCTCGCCCACACACCAGATACAGATCTACAAT
CAGTACGGCCAGTTTGTGAGGAAATTCGGGGCCACCATTCTGCAGCATCCTCGCGGCGTGACCGTGGACAACAAGGGACGGATCATTGTGGTGGA
ATGCAAGGTGATGCGTGTGATCATCTTTGATCAGAACGGCAATGTGCTGCACAAGTTCGGGTGCTCTAAGCACCTCGAGTTCCCCAACGGCGTGG
TGGTCAACGACAAGCAGGAGATCTTCATCAGCGACAATCGGGCGCACTGTGTCAAGGTGTTCAACTACGAGGGCCAGTATCTGCGGCAGATTGGC
GGCGAGGGTATTACCAACTACCCAATTGGCGTCGGGATCAACTCGAACGGGGAGATCCTCATCGCGGACAACCACAACAACTTCAACCTGACGAT
CTTCACGCAGGACGGGCAGCTGATCTCGGCGCTCGAGTCGAAGGTGAAGCACGCGCAGTGCTTCGATGTGGCGCTCATGGACGACGGCAGTGTGG
TGCTGGCCAGCAAGGACTATCGGCTCTACATATATCGCTATGTCCAACTGGCGCCAGTGGGTATGTAAACACACAGACACACACACTCCATGGAT
GTGAGTCCGGAAAGGAGGAGGATCTGTGGTCCGGCACTCACTACTTCTATAGGCTAAGTTCTCAATAGTCTGACTTGCTCGGTCTCTCCAGCTCT
AATTCTAAATCTACACAATCGAAGTTGAAATCGAAATCTATAAGATCCCTACTATCTCCCCCGATCTGTCATCTCTCATAGCCTTAGACTTTGCT
CGCTATGTAATAACACACACGCACACTGTTGGAATGATTTTTATTATCTTTTAAATTATTGTTGAATTTTGTTTTATTTTTTTTATATATATTTA
CACTGTTAAGCTTAGTTTTTATTTGTGCGTACTTGTTTATGATAAATATATATTATGTGTATTCATGTTCATGTTCAAATCGGATAGTGCCGCCG
CCTCTCTATATCTTTGCACACTTCTCACTTCAAACCCTCGTATCTCTATCTCGCGTGCAAGTCGTATTTTCAACAAACACAAGCAAACAACCGAA
ACAAACAAAAAAAATGACACTTTTTAACTATATATAGTAGATACCAGAAGAAATCCCTCCACTTTTTTTATGTTCGTTGCCGACTGCAAGGAAAA
AAAAGGAAAAAAATTATGAAAAAAAGAAGTTGGTATAAAATAAACTTAACAAATAACCGCCAACAAAATGGAGCCGCGTATCGAGCATTAATTAA
TTAATAATTGATTGTAATTTTTAGATATATGATTGCGCAAATTGTTTGTTATTATTATTTTTGATTGCATAAACATTTGATACATTATATATTAT
ATAGCTGTTTTTTACGTTTATAAATTATTTTTGATTATACCACTTATTGATTACTGATTATTTATATTTATATACATTAATTAATTATCCTCTAA
GACATGTTTGCTACTTTTATACGAAATCAACCGAACCCAAAACCGAACCGCGACACAAACAACAATTCACAATTTTTATACTCGCTTAGAATTTA
TGTTTTCCATTGTTTTATTGTAACCACGACAGCGGAAAGAAAAGATGGAATTACCTACCTACACCGTAATAATAATGCAGACAAAAACCCACTGG
CGATTCTTTAATTTAATTTAAACAAAAACAACTGAACGCACTGAGAATAGTTGAAATTTTTGTTCTTGATTGTTGAACTATTTTTTGTTTAGGCA

TTTATATTTTAAAATAATTTCTTCGTTCGCAAGGAAGACGGACGAATTTGTTGTTTTGCCCCAAAATATATTACTATATTATATGCGAAAATTAT
TTGTTGTCAAATTGAATTTAAATAAACATGGAAAAATGTGTATATCAAACGAAAACAAGGCGATATTTATGTGCACCAAGTTAGTTAGTGGTAAC
TTCGAGTGCGAATTCAAAGTATCTTGAGGATGTGTGTGCATAGATCTAATTGAGTATTTAAAAGTAACATTTAACTAAAAGTTGGCAATCAGCGC
AGAAGACTTGAAACATTTATAACTATTATAATTATACAATTAAAGTATGTCTATTAATATACGATAAACACTTAAATCAGTAAATCAAAAATCTC
AAATAATTGAATAGTTATAAAGAGAAACCGCGAATAGGGAAACAACATCCCAGCCAAGCCAGACCAATCGCCCACTTATGTTTACTTCCTTGACA
GAAATAGGGACTAAATACGAAAGCCACACGGTGGGCAACAATCAGGATATGGTACTCGAAGGAATCGTCACATATCCTCTTGATCTGTTGCGCAC
CGTGTGCACATGGACTTCTAATTGCAATGATTTAGTTAAAGCATTTACTTGGATAGGCCTCAAATGATGATTGCAGAGCTAACAAAAGTGTTCTT
TAAGTAAGGGTTAGTTAAAAGCAGTTAGGACGTTAGATATTTAAAGTGAACATACTATTAAGGCAAGGAAACACAACTTTTTGAGACTACAAACG
CAACATTAACAGGAACAGCATTTAAAAAATGTTTATTTTGTAATTTTAAAAGTAATCACTATGTATTTTTGTTGGTTTTGCTTGGAACGCGACGC
GAACCCCGCCCCCTTGACCCCATTGACACGCCCACACGTAAGCAGGTATTAGATTTCTTGAATATAATTTAACAATATTGTATTAAACACGTAGT
ATTTAACTAATATAGTTTCCCCCCTTCCTCATCCTCTTTATATTCCCTTGTTTGTTTTGAAAAAACGCCTTGCTCTGTGTAATTTCTGATTTGCT
TGACCTATTATTTTAATTATTTGATAATTACCTATGTTTTGTGTGTATCTACTTAAGTGAGATTATTAAATATACGAAAATATATTTTTTAGTTC
TTTCTT
(SEQ ID NO: 1528)

Exon: 1001..1388
Exon: 8472..8752
Exon: 10540..14966
Start ATG: 10540

Transcript No. : CT30047
TCGCGTTCAGAGAGAATACACTACTACTGCTGCTGCTAGTGTGTGTGCGTGCGTGTGAACTGTGCGAAAAGAAGCAATATAAAGTATTAATACTA
GTGGAATATTAAGTAAATCTAAGTGCAACAGAAACATACACATACCTAGCCTATGTACGTATGCTACAAGATATACATATCTGCAGCAAATAAAT
GTTAACTCAGTATACAAGCGAACAAAAGCACCAGAAACAAATTGTTTAGTTTTGCTGCTCATTCTTCTTCTTCCACCGATGCCGTAGAGTTCATC
AACTTGTTTAGAATCGCGTACGTGACTGTATGTATGCCTGTGTGAGTGAGTGACAGTGTGTTGGTGCTGCCTTTTTCCTGCTGCGCTTCCTCTTG
CTCGTGCAATTGCAGCCTTTTGTGCGCGCGACGCAATTATCTGACAGCACTTGAAAGTATGCTACACAAATTTGTTTCAACTTGTTACTGCAACA
ATAACAACAACCAAAACAACGGCAACCATCCCACGCAATTTATCATATAGACTGCGTAGCAAGCAAGAGCGAGACAGCAACACGGCGCAACCAGC
AGCGAGAAACAACAACAACAAGCAGAAATCAGGAAACCAGGAAACGAACTGGAATATATAGAAAATTCTACAACAAACTACAACAACAAAGCAGT
AAAGATGGCGTCCTCACCGACACCATCTCTGGACTCGATGCGGGGCGGGGCGAACTCGATTGAATCGTACGAACACGCCGGCTATCTATCAGACT
CTCCGCTCACGTTGAGCGGTTCATCGCCACCGGCAAGCGATTCGGCAATCTGCAGTGATGAGTACACGGGCGGCAGCAGCGTTAAATCACGCTCT
GAGGTGACTGTAATCAATGGCCATCATCCCATTTCGGCCTCCGTATCGTCCAGCTCTTCGGCCAGCTCTTCATCCTGCTCGTCGTCATCGTCCTC
ATCCTCGTCTTCGTCATCGTCCAGCTCCTCGACCAGCGGCCTCAGCGGTTGCGGCAGTACCAGCAGCAGTGTGATCAGCGCCAACAACGTTGCGA
GCAGCAATGGACCAGGCGTTATCGGCAGCAATCTTCAGTCCTCAAACAATGGCGGCAACTCGGGCATCAGCAGTCTGGTCGTGGGTGCGGGCAAG
GGAAGCAACAGCAGCAGCAACAGCTCCTCGAGCAACACATCCGCCAATGGATCTCCGCCACGTTGCACCGCCTGCAAGAGCAAGTGCAGCGATGC
GGTGGCCAAGTGCTTCGAATGCCAGAGCTACCTGTGCGCCAATTGTGTAACTGCTCATGAGTTCATGCACTGCTTCAACGGACACAATGTGTGCC
TGATTAAGGGTTTTGAGGCGAGCACCACTGGCACTCCGCTGTCGGTTGGATCGCCTAGCAACAATCCGGCGTCGAATGAGTTCAAGTACGCCAGT
TCGCTGACCATGATGCTGCAGCAGCAGCAACAGCTCGACTCGCAACAACAGCAACAGCAGCAACAATTGCTGCCGGCGCAGCCTATGTCGCAACT
CTCGAAGATTGTACTGGCAGCCGCCGCGCAGGCAAATTCCCAGGAGCAACAGCGAGAGGATAGCATCTATGGTTCACTGCACCCACAACAACAAC
AACAGCAGCAGCAACAGCAGCAGCGACAACTCTTCTGCCCCCGACACAAACAGGAGCTGCTCAAGTTCAGTTGCCGCACCTGCTGCATCCTGGTG
TGCAAGGAGTGCATTGTACTGGAGCACTCCACAGGTCTCCACGAACTGGAGAACGTGCAGTCCCCCGGAATGACAACCTCTACGGGATCCACAGC
CAACGAGTCAGCTTTGCAGACTCTGCTCGCCGATATGCGTGGCAAAATTGGCGAGATTGTCGGCATTGCTGGAAACTCGGACCAGAATCTCACCA
AGGTGAAGCTGCAGTACCAAAAGGCTCACAACGAGCTGAACGAGACGCACCAGTTCTTCGCTTCCATGCTGGACGAGCGCAAGACCGAATTGCTC
AAGGAACTGGAGACGCTGTACACGGCCAAGGTTAACAGCAACAATTCGTGGCAGCAACGCTCCCGCGACTTGATCGACAAGGGACTGGCCACCTG
CGAGGCGGTCGAGCGGAGTCCTGCTCCGCCATCATCCTTGCTGACAGAGGCCCTTCTCCTGCGCAAATCCCTGGAGCAACAACTACAGACGGGCA
TTCAGGAGATGCAGCTACCATTCGAGATCGAATTTATGTCCAACTATCAGTCGATTCAGGCCGGCGTGCGCAACACCTTTGGTTACATTCGGGCA
AACAGCTCAGATGGTGGACCTACTGGCATGAGCCTGACGAGCAATGGCCACGGAAAGCAGCCGCCAATTGCCCGACCAACACAGAGCGCCAGCAA
CAGCAGTGCGAGCAGCGCGGGCAGTGGTCACCATGGCCACCACCAACAGTCACACCATCATGGCCACCACAATCATCACCAGACGGCCCATCATC
AACAGCTGCAGGCGCAATCGTCGCTGCATGGCTTGGGTCTTGGATTGAGTGGCGCCAGTTTGTTGGATAGCAGCTCTAGCGCAGGCGGAGCAGTG
GGAGCCTTCAGCAACGGAGGACTTCTGCTGGGCGGTCGCGATCGGAACGCTCTGGCAGTGGAACAGCATTTCGGTGAGCTGATGCCCAAGCGAGG
AGGAGGTGGCTACACGGGCAGCAATGGATCGGCCACCAGTGCCGTGGCCCACTACAATCCCTACGAGAAGTGGAGCAACGGCGGTAGCGACAATC
TGTTTTCATCGGTGACAAGCGGCGTGTCCGGTAGCTCTGCAGTGGCCGATGCATTTGCCAGCCTGTCTGCTGTTGGAGGATCCGTGGTTAGTGGC
GCTGGAGCTGGCGGAAGTACTGTGAGCTCAGAGTCGTTGCTGGACCTCACCAACAAGCTGCTTTCGGCCACTATCTATCCGCCCAAGTCGCAGAT
CAAGCGACAGAAGATGATTTACCACTGCAAGTTTGGCGAATTCGGCGTGATGGAGGGCCAGTTCACGGAGCCCAGCGGTGTGGCGGTAAATGCCC
AGAATGACATCATTGTTGCGGATACGAACAACCATCGCATTCAGATCTTCGACAAGGAGGGACGCTTCAAGTTCCAGTTTGGCGAGTGCGGCAAG
CGTGACTCGCAGCTGCTCTATCCGAACCGCGTGGCCGTGGTGCGCAATTCCGGCGATATTATTGTCACCGAGCGCTCGCCCACACACCAGATACA
GATCTACAATCAGTACGGCCAGTTTGTGAGGAAATTCGGGGCCACCATTCTGCAGCATCCTCGCGGCGTGACCGTGGACAACAAGGGACGGATCA
TTGTGGTGGAATGCAAGGTGATGCGTGTGATCATCTTTGATCAGAACGGCAATGTGCTGCACAAGTTCGGGTGCTCTAAGCACCTCGAGTTCCCC
AACGGCGTGGTGGTCAACGACAAGCAGGAGATCTTCATCAGCGACAATCGGGCGCACTGTGTCAAGGTGTTCAACTACGAGGGCCAGTATCTGCG
GCAGATTGGCGGCGAGGGTATTACCAACTACCCAATTGGCGTCGGGATCAACTCGAACGGGGAGATCCTCATCGCGGACAACCACAACAACTTCA
ACCTGACGATCTTCACGCAGGACGGGCAGCTGATCTCGGCGCTCGAGTCGAAGGTGAAGCACGCGCAGTGCTTCGATGTGGCGCTCATGGACGAC
GGCAGTGTGGTGCTGGCCAGCAAGGACTATCGGCTCTACATATATCGCTATGTCCAACTGGCGCCAGTGGGTATGTAAACACACAGACACACACA
CTCCATGGATGTGAGTCCGGAAAGGAGGAGGATCTGTGGTCCGGCACTCACTACTTCTATAGGCTAAGTTCTCAATAGTCTGACTTGCTCGGTCT
CTCCAGCTCTAATTCTAAATCTACACAATCGAAGTTGAAATCGAAATCTATAAGATCCCTACTATCTCCCCCGATCTGTCATCTCTCATAGCCTT
AGACTTTGCTCGCTATGTAATAACACACACGCACACTGTTGGAATGATTTTTATTATCTTTTAAATTATTGTTGAATTTTGTTTTATTTTTTTTA
TATATATTTACACTGTTAAGCTTAGTTTTTTATTTGTGCGTACTTGTTTATGATAAATATATATTATGTGTATTCATGTTCAAATCGGAT
AGTGCCGCCGCCTCTCTATATCTTTGCACACTTCTCACTTCAAACCCTCGTATCTCTATCTCGCGTGCAAGTCGTATTTTCAACAAACACAAGCA
AACAACCGAAACAAACAAAAAAAATGACACTTTTTAACTATATATAGTAGATACCAGAAGAAATCCCTCCACTTTTTTTATGTTCGTTGCCGACT
GCAAGGAAAAAAAAGGAAAAAAATTATGAAAAAAAGAAGTTGGTATAAAATAAACTTAACAAATAACCGCCAACAAAATGGAGCCGCGTATCGAG
CATTAATTAATTAATAATTGATTGTAATTTTTAGATATATGATTGCGCAAATTGTTTGTTATTATTATTTTTGATTGCATAAACATTTGATACAT
TATATATTATATAGCTGTTTTTTACGTTTATAAATTATTTTTGATTATACCACTTATTGATTACTGATTATTTATATTTATATACATTAATTAAT
TATCCTCTAAGACATGTTTGCTACTTTTATACGAAATCAACCGAACCCAAAACCGAACCGCGACACAAACAACAATTCACAATTTTTATACTCGC

TTAGAATTTATGTTTTCCATTGTTTTATTGTAACCACGACAGCGGAAAGAAAAGATGGAATTACCTACCTACACCGTAATAATAATGCAGACAAA
AACCCACTGGCGATTCTTTAATTTAATTTAAACAAAAACAACTGAACGCACTGAGAATAGTTGAAATTTTTGTTCTTGATTGTTGAACTATTTTT
TGTTTAGGCATTTATATTTTAAAATAATTTCTTCGTTCGCAAGGAAGACGGACGAATTTGTTGTTTTGCCCCAAAATATATTACTATATTATATG
CGAAAATTATTTGTTGTCAAATTGAATTTAAATAAACATGGAAAAATGTGTATATCAAACG
(SEQ ID NO: 1529)

Start ATG: 670

MASSPTPSLDSMRGGANSIESYEHAGYLSDSPLTLSGSSPPASDSAICSDEYTGGSSVKSRSEVTVINGHHPISASVSSSSSASSSSCSSSSSSS
SSSSSSSSSTSGLSGCGSTSSSVISANNVASSNGPGVIGSNLQSSNNGGNSGISSLVVGAGKGSNSSSNSSSSNTSANGSPPRCTACKSKCSDAV
AKCFECQSYLCANCVTAHEFMHCFNGHNVCLIKGFEASTTGTPLSVGSPSNNPASNEFKYASSLTMMLQQQQQLDSQQQQQQQQLLPAQPMSQLS
KIVLAAAAQANSQEQQREDSIYGSLHPQQQQQQQQQQQRQLFCPRHKQELLKFSCRTCCILVCKECIVLEHSTGLHELENVQSPGMTTSTGSTAN
ESALQTLLADMRGKIGEIVGIAGNSDQNLTKVKLQYQKAHNELNETHQFFASMLDERKTELLKELETLYTAKVNSNNSWQQRSRDLIDKGLATCE
AVERSPAPPSSLLTEALLLRKSLEQQLQTGIQEMQLPFEIEFMSNYQSIQAGVRNTFGYIRANSSDGGPTGMSLTSNGHGKQPPIARPTQSASNS
SASSAGSGHHGHHQQSHHHGHHNHHQTAHHQQLQAQSSLHGLGLGLSGASLLDSSSSAGGAVGAFSNGGLLLGGRDRNALAVEQHFGELMPKRGG
GGYTGSNGSATSAVAHYNPYEKWSNGGSDNLFSSVTSGVSGSSAVADAFASLSAVGGSVVSGAGAGGSTVSSESLLDLTNKLLSATIYPPKSQIK
RQKMIYHCKFGEFGVMEGQFTEPSGVAVNAQNDIIVADTNNHRIQIFDKEGRFKFQFGECGKRDSQLLYPNRVAVVRNSGDIIVTERSPTHQIQI
YNQYGQFVRKFGATILQHPRGVTVDNKGRIIVVECKVMRVIIFDQNGNVLHKFGCSKHLEFPNGVVVNDKQEIFISDNRAHCVKVFNYEGQYLRQ
IGGEGITNYPIGVGINSNGEILIADNHNNFNLTIFTQDGQLISALESKVKHAQCFDVALMDDGSVVLASKDYRLYIYRYVQLAPVGM*
(SEQ ID NO: 1530)

Name: BRAIN TUMOR
Classification: transcription_factor
Gene Symbol: brat
FlyBase ID: FBgn0010300

Celera Sequence No. : 142000013384351
AAAGCTGGAGAAAACCTTCAAAGAGAAAGGCTTTCTCATCCAAACCCAGCAGCTTCAATCCGCCGAAGGTGCTACCTATTGCAAATTTAGACAGC
TAAAGAAGTTCACGCGCTACCTTTTCCGCAACTGGAAGGATCACATACCCGAGAGCGATCTGGCCAAGCACCAAAATGCCTCGCGGGAGGATAGG
CTGCCAAATCTGGAAACCCAAACCGCCAACCAGACGACATAGAGCTGCGGCCAGGACATTCAGGAAACATCCACACACAGCACTGCCAAAGATTT
AAGTTTAAGATCAGCTAATGGCCGGCCCAGCTTCGGTTGCGGTTGCCAGTTGAGGGTGGAGAACAGCAACCCATGCCGATTCCGTCCATGCGGGC
TGTCCAACAACGCGATCAATGATCCTCAGCCACGCTTCCTAGTCGTTCATCAGTTTTTTTAGTGCCTAATAAAATGTTATTGTTAACAAATAAAC
TCAATGTTTAACCATATGCAAATGTATATTGTTTGGTTGTAAAAGGCATCGTAGTATGTATTTTACAAAATATCCGTCAATACAGTTATGTGTTA
GTACAAAAGATAAACTCCAAAATGGGCGATAAGTCTATAGGGGTTATGCTCGCTCTCAAGGTCGTTTCAATGCCATTGCGAATACTTCTTGTTAT
CATCGTTATATGCTTATTTAGAAGATGTCATTACATCCCGTTTCCAGATTAGCCTAAATGTTAGTTACAGATAATATAAAAATTTCCAAAATGTT
TGCTGGTATGCTTAGGTCGACGAAAGAATTTTGACTCGAATTCATTCGAAAGATGTTTGGAAGTTTGGGCGTGGCCTTGATAAGATAAATTCTCA
CTAATATTGTCAATTTTGTGGATTTGGTTGCATAATTGGTTCAGGTGGCAGTTCATTCAGTTTGGGGATCCTTGGCCAGGTTTTGGGCTTACAAC
TAAAAAACATATTTGCTTTCAATCGATTTGTGCTCCTTTCGACTTCGTCTTTAGTTCGAACTCATGGAGCTCTCATGCTCCTTAGCCGTATCAGC
TAGATATGTCTCCGGCACACTGGCATTCATGGGACACACGTACTCCGTCCAGTCTACGTCACTCTGGCTCTTCGAGCTCTTGCGACGCTTTAACG
AAAACTGTGTGCGTTTCACCGGCTTCAGCTTAGCTGTAATGCTTAGCGGTTGGTACCCGGGTGCCGATTCGGCATCTCGCTTACTCAAGATCACT
GGCCGACCGACTAGCTCCTTAAAGTGCATGGCCAGGTGGCGACGCAGCAGGGACTTGCTCGGTGGTATCGACAGCAGGTCGGCAAGCAAGTCAGC
ATTGAAACGCGGTTCATAAAGCATCAGAGCCCCGTGGACACCAGCACCACGCAGATTGGGCGTGTATTCAGACAGGTCGATGGTCTGCAGCCATC
CCATAATGCGATGCGCTGTCCACAGCTCCACATTGTCTCTGTCGGGAGTGGCTGCGGCTTCATCTTCACTGACAACTTTAATGGAGCGTCGAATT
AGACCTTCCGCGTTCCACGATAAGCGGCGCATGCATAAGATTCCCGCTCGCAAGGAGGCTATGTGCAAACAAGAGCTGACGTGCAATTGGGAGAG
GTCCTCGAGGGTGAGACGATGCAGCATTCGACCGTCAATCTTGGCCTGCATAAAGTAATCTTTATACTGTGGCAAGCCGATGTCATCCAGCCAGC
GTAGAACCCATGTCACATCCAAGCTGGATGCCTTCAGTGTCAGGTCATCAAACTCCTTCCCAGTTAGGTCGTCGATGGCCAACAAGATTTTTTTC
CGATGAAGTGGCATCTTTAGGTTTAGCTCTCGTTCGATGTCGACAGGCGAGGCGGTGAAGAACGACACTGATGGATTGGCATTCAACCACTTTCT
GTAGGCGGAAATTGTATTTAGTAACTGGGTTCTTCTTGGATTTTGATGACAAAACTTACCGGCAATTGTCCTCATAGCAGCCTAGACCCATGTAT
GCCAACCAATTGCACACCTCCTGCGCTCCCCAGGTTGTCCAATGTTTTTCATTCTCACCGAACAACGGAGTCTGAGCACTCCACTCAATTCGACC
GCCTGCCGTAGCTCGGGCTCCTCCTCGTCGAAACTCGGGCTCTGCCTGCTCCAAGGCGGTCAGCTCGCAGTTGCTGCTGTTGCTGCGTCGTAGCT
TACCAAGTATGTTGCGCAAGCCACGGGCAGATCTTTCCCTCAGCTTTGGTGAGGGTGTAAACTGCGACATAAAGCTGGAAGTCATTGCATCCTCC
GCTTGATGATGATTGTCATCAATCAAAATGTGTTCGTTCGAAGCAAAGGCCACGTTTCGCTGCTTGCCGCTGCTGTTGGCATTGACGTCTAAGGC
ACGATTGTTATTGTTGTTCACAAACTTGCCATGCGATCTTGGCAGGCTGTGGAACTGCGGTTTGATTTGGTGCCGCAGTGCAGAGGGCGGTGTCT
TGGGCGATCCCATAAAGGCCTTCTGATTAATGTTGCTCAAACTGCCGTAAGGAATATTGGCGGAAATGGCGCTACCTCCATCGTTAGCCTGCTCT
AATGCAGTACGGTGCAGTTTTAGTTCACTTAAGGCACTCATTAGCTCCAGCTTTTGCGTCTCGAGGGCGGAACTAGAAATCATCTGTCGTTGCAG
TTGCTCTTCCTTGGTACACAACTGCTGGCTCTTTTCCGTTATCAGACCCTCCAGCTCGATAATCTTGTCCGCTTGTTCTGACACTCGTTCCGCCA
GCATCTGATACTGCAGGGCTAAGCCCTCCTTATCCCGTTGCAGGCGACGCATACGCTCGTCGGAATCCTGACGAGGTATGTGCGTCTCCAGCCAG
TCGCTGATAATGGCCGCCGTGACAGGATCCGGTGCTGGAGCAGCCAGTCCGACCTAAAGTGATAAGCGTAAGTGTAAGCCCTCCGTTTCTAGACC
TTATCATAGTCAGTGTGACTCACCTGTTGCAGGGCGAGAGCCAAAGTCTTAGCTGTTGACAAAACATTAGTGGCCGAAATTAAGTTGCGTTCGCT
GAGTGTCAGGGAAGACCCTGCTCCGGATATAGAAACGGATCCCGCCTGTGTCGCGGTACTCGATATAAGGCCGTCCATTTGCTGTAATGCTGCCT
CGAGCATTTTGCTGCCCTCCGCCACAGTCGCCATGAAGTCCAAATCAAAGTCTCGCTAATCCCGGGTGATCGATGTGTGGTGTGCTTATTGCGCG
ACTAGTGCATTGTTATGTAAGCAGGTCAGGCAGGGCACGTCATTTTGCACTGGTTTAGGGGAAAATGGCATTTATGGTTATTAATTTCAGCACTA
ATTGGGGAAAACTATCACGAAAATAGAAGCTGCTGCACCGTTCTGCTTCTTCTTCTCGCACACCAGCCCAGCCACTTATCGATAGTCAGCGAACG
CAGAATTGTGTGTAGGAGCAACATCCGATAGTTTGCTAGATGGTCTAAAGTCTACAAAACAAATTTTAAAACAAAATTAATTTTAAGTAACGTAT
AAAAATGCCTAAACACATTTTAATTACATTTTTTGGGGACAAAGTATGCAATATATCTAGATGTGTACAGCTATATTTGGTTTTCCATACCCGAT
ATCTACTGTACAAAAAAGATACCATCACTAATAAGCAGGTGGAACGGTGGAGTCACGAAAGATGTGTCATCTCCAGCCAGAGCCACAACAAAACA
AATATTAAGGATAAAATAACAAATATCTGAAATGAATCGCTTCGCTTATGTGGAGGCCCGTCTGAGTCCCAATGAATCCTTCGTCAGCCGCGACA
ACAGGGTAAAAATATACGATGGCGACCAAAAGGTGAGCAGCTAGTGAATTCGCACAATACGAAACCGGGTCTTTATTAGACTCAAATCCTTTCAG
ACGGACTTTGAAGACGGCGAAGTGGTGCTCACCACACACCGACTGTTTTGGGGTCGCCCTGGAGAGATTGCCCGGGCCGCCGTAACACTTTGCCT
GCCACTCAGCTATGTGATATCCGTCAGCGAAGAGACTACTGCCTCTAACTTCTTTGGCCGCAAGACTCGCATAATCATGCATCTGCATCCTCCAA

FIGURE SHEET 835

CGTCGGACAAAGGACCCGGCCCACTGGACACCAGTCGCGCCACCCACATCAAACTGTCGGGCAAGAATGGCCTGAGTGTCGAGTTCCACAGTGCC
TTGCGGGAGACTCTAAATGCCCGCGTCTGGGAAATCCTCTTGACCAGCGAGATCATCATCAATGGCGTGGCCAGCAGTCCAACCTTGGAGCCTGC
CAACGACAGGCTGGCCCGCATTCAGAAGAGGACAGGAATTGGGGGCATCGAACGGCATTTGGAGGCAAAAGCCAAGGCCACGGATGAGAACATAG
CACTTGCCTTT
(SEQ ID NO: 1531)

Exon: 3381..2969
Exon: 2903..1960
Exon: 1898..1001
Start ATG: 3169 (Reverse strand: CAT)

Transcript No. : CT30105
AGAAGAAGAAGCAGAACGGTGCAGCAGCTTCTATTTTCGTGATAGTTTTCCCCAATTAGTGCTGAAATTAATAACCATAAATGCCATTTTCCCCT
AAACCAGTGCAAAATGACGTGCCCTGCCTGACCTGCTTACATAACAATGCACTAGTCGCGCAATAAGCACACCACACATCGATCACCCGGGATTA
GCGAGACTTTGATTTGGACTTCATGGCGACTGTGGCGGAGGGCAGCAAAATGCTCGAGGCAGCATTACAGCAAATGGACGGCCTTATATCGAGTA
CCGCGACACAGGCGGGATCCGTTTCTATATCCGGAGCAGGGTCTTCCCTGACACTCAGCGAACGCAACTTAATTTCGGCCACTAATGTTTTGTCA
ACAGCTAAGACTTTGGCTCTCGCCCTGCAACAGGTCGGACTGGCTGCTCCAGCACCGGATCCTGTCACGGCGGCCATTATCAGCGACTGGCTGGA
GACGCACATACCTCGTCAGGATTCCGACGAGCGTATGCGTCGCCTGCAACGGGATAAGGAGGGCTTAGCCCTGCAGTATCAGATGCTGGCGGAAC
GAGTGTCAGAACAAGCGGACAAGATTATCGAGCTGGAGGGTCTGATAACGGAAAAGAGCCAGCAGTTGTGTACCAAGGAAGAGCAACTGCAACGA
CAGATGATTTCTAGTTCCGCCCTCGAGACGCAAAAGCTGGAGCTAATGAGTGCCTTAAGTGAACTAAAACTGCACCGTACTGCATTAGAGCAGGC
TAACGATGGAGGTAGCGCCATTTCCGCCAATATTCCTTACGGCAGTTTGAGCAACATTAATCAGAAGGCCTTTATGGGATCGCCCAAGACACCGC
CCTCTGCACTGCGGCACCAAATCAAACCGCAGTTCCACAGCCTGCCAAGATCGCATGGCAAGTTTGTGAACAACAATAACAATCGTGCCTTAGAC
GTCAATGCCAACAGCAGCGGCAAGCAGCGAAACGTGGCCTTTGCTTCGAACGAACACATTTTGATTGATGACAATCATCATCAAGCGGAGGATGC
AATGACTTCCAGCTTTATGTCGCAGTTTACACCCTCACCAAAGCTGAGGGAAAGATCTGCCCGTGGCTTGCGCAACATACTTGGTAAGCTACGAC
GCAGCAACAGCAGCAACTGCGAGCTGACCGCCTTGGAGCAGGCAGAGCCCGAGTTTCGACGAGGAGGAGCCCGAGCTACGGCAGGCGGTCGAATT
GAGTGGAGTGCTCAGACTCCGTTGTTCGGTGAGAATGAAAAACATTGGACAACCTGGGGAGCGCAGGAGGTGTGCAATTGGTTGGCATACATGGG
TCTAGGCTGCTATGAGGACAATTGCCGAAAGTGGTTGAATGCCAATCCATCAGTGTCGTTCTTCACCGCCTCGCCTGTCGACATCGAACGAGAGC
TAAACCTAAAGATGCCACTTCATCGGAAAAAAAATCTTGTTGGCCATCGACGACCTAACTGGGAAGGAGTTTGATGACCTGACACTGAAGGCATCC
AGCTTGGATGTGACATGGGTTCTACGCTGGCTGGATGACATCGGCTTGCCACAGTATAAAGATTACTTTATGCAGGCCAAGATTGACGGTCGAAT
GCTGCATCGTCTCACCCTCGAGGACCTCTCCCAATTGCACGTCAGCTCTTGTTTGCACATAGCCTCCTTGCGAGCGGGAATCTTATGCATGCGCC
GCTTATCGTGGAACGCGGAAGGTCTAATTCGACGCTCCATTAAAGTTGTCAGTGAAGATGAAGCCGCAGCCACTCCCGACAGAGACAATGTGGAG
CTGTGGACAGCGCATCGCATTATGGGATGGCTGCAGACCATCGACCTGTCTGAATACACGCCCAATCTGCGTGGTGCTGGTGTCCACGGGGCTCT
GATGCTTTATGAACCGCGTTTCAATGCTGACTTGCTTGCCGACCTGCTGTCGATACCACCGAGCAAGTCCCTGCTGCGTCGCCACCTGGCCATGC
ACTTTAAGGAGCTAGTCGGTCGGCCAGTGATCTTGAGTAAGCGAGATGCCGAATCGGCACCCGGGTACCAACCGCTAAGCATTACAGCTAAGCTG
AAGCCGGTGAAACGCACACAGTTTTCGTTAAAGCGTCGCAAGAGCTCGAAGAGCCAGAGTGACGTAGACTGGACGGAGTACGTGTGTCCCATGAA
TGCCAGTGTGCCGGAGACATATCTAGCTGATACGGCTAAGGAGCATGAGAGCTCCATGAGTTCGAACTAA
(SEQ ID NO: 1532)

Start ATG: 213 (Reverse strand: CAT)

MATVAEGSKMLEAALQQMDGLISSTATQAGSVSISGAGSSLTLSERNLISATNVLSTAKTLALALQQVGLAAPAPDPVTAAIISDWLETHIPRQD
SDERMRRLQRDKEGLALQYQMLAERVSEQADKIIELEGLITEKSQQLCTKEEQLQRQMISSSALETQKLELMSALSELKLHRTALEQANDGGSAI
SANIPYGSLSNINQKAFMGSPKTPPSALRHQIKPQFHSLPRSHGKFVNNNNNRALDVNANSSGKQRNVAFASNEHILIDDNHHQAEDAMTSSFMS
QFTPSPKLRERSARGLRNILGKLRRSNSSNCELTALEQAEPEFRRGGARATAGGRIEWSAQTPLFGENEKHWTTWGAQEVCNWLAYMGLGCYEDN
CRKWLNANPSVSFFTASPVDIERELNLKMPLHRKKILLAIDDLTGKEFDDLTLKASSLDVTWVLRWLDDIGLPQYKDYFMQAKIDGRMLHRLTLE
DLSQLHVSSCLHIASLRAGILCMRRLSWNAEGLIRRSIKVVSEDEAAATPDRDNVELWTAHRIMGWLQTIDLSEYTPNLRGAGVHGALMLYEPRF
NADLLADLLSIPPSKSLLRRHLAMHFKELVGRPVILSKRDAESAPGYQPLSITAKLKPVKRTQFSLKRRKSSKSQSDVDWTEYVCPMNASVPETY
LADTAKEHESSMSSN*
(SEQ ID NO: 1533)

Name: LIPRIN-BETA1
Classification: cell_adhesion

FIGURE SHEET 836